

**JOÃO DE ANDRADE DUTRA FILHO**

**AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA E GENÉTICA EM GENÓTIPOS  
DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E  
SSR**

**RECIFE  
2010**

**JOÃO DE ANDRADE DUTRA FILHO**

**AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA E GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E SSR**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas.

**COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:**

Professor Dr. Gerson Quirino Bastos – Orientador – UFRPE

Professor Dr<sup>a</sup>. Luciane Vilela Resende – Co-orientador – UFLA

RECIFE  
2010

Ficha catalográfica

D978a Dutra Filho, João de Andrade  
Avaliação da variabilidade fenotípica e genética em  
genótipos de cana-de-açúcar utilizando marcadores  
moleculares RAPD e SSR / João de Andrade Dutra Filho. -  
2010.  
153 f. : il.

Orientador: Gerson Quirino Bastos  
Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético de  
Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco.  
Departamento de Agronomia, Recife, 2010.  
Inclui referência e anexo

1. *Saccharum* spp 2. Seleção 3. SSR 4. Autofecundação  
Polimorfismo genético I. Bastos, Gerson Quirino II. Título

CDD 631.53

**AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA E GENÉTICA EM GENÓTIPOS  
DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR**

**JOÃO DE ANDRADE DUTRA FILHO**

Dissertação defendida e aprovada pela Banca Examinadora em: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

**ORIENTADOR:**

---

**Profº Dr. Gerson Quirino Bastos – UFRPE**

**EXAMINADORES:**

---

**Profº Dr. Clodoaldo José da Anunciação Filho – UFRPE**

---

**Profº Dr. Reginaldo de Carvalho – UFRPE**

---

**Dr. José Nildo Tabosa – IPA**

**RECIFE  
2010**

Ao meu pai, João de Andrade Dutra (*in memoriam*) e de maneira toda especial e carinhosa a minha amada mãe Maria Braz de Almeida Dutra (*in memoriam*) por sua dedicação e persistência na minha educação. Sempre amarei vocês.

## OFEREÇO

A Deus por Sua fidelidade, por me sustentar, com Seu Santo Espírito, em todos os momentos de dores e tribulações em minha vida, por nunca desistir de mim, pois mesmo *se formos infiéis... Ele continua fiel, e não pode desdizer-se (2Tm 2, 13)*. Sua fidelidade é fruto do amor incondicional que Ele tem pelos seus filhos *Quem nos separará do amor de Cristo? A tribulação? A angústia? A perseguição? A fome? A nudez? O perigo? A espada? Mas, em todas essas coisas, somos mais que vencedores pela virtude daquele que nos amou. Pois estou persuadido de que nem a morte, nem a vida, nem os anjos, nem os principados, nem o presente, nem o futuro, nem as potestades, nem as alturas, nem os abismos, nem outra qualquer criatura nos poderá apartar do amor que Deus nos testemunha em Cristo Jesus, nosso Senhor (Rm 8, 35. 37-39)*. E a todos os meus irmãos da comunidade Resgate e de caminhada cristã por suas orações.

## DEDICO

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por capacitar-me a superar todas as dificuldades e estar sempre ao meu lado durante o curso, inspirando novas idéias e ampliando meu conhecimento. *Tudo foi feito por ele, e sem ele nada foi feito (Jo 1, 3).*

A Natália Gomes dos Reis, companheira, amiga e, sobretudo mulher de Deus por todas as suas orações e amor que me sustentaram nos momentos difíceis que passei, quando minha fé quase esmoreceu.

A comunidade Católica Resgate, na pessoa do fundador Sérgio Erilson Maciel e sua Esposa Ana Lúcia Silva Maciel por toda a sincera amizade e apoio.

Ao professor Dr. Gerson Quirino Bastos por sua orientação. Por ensinar-me com sabedoria e dedicação o que de fato é um fitomelhorista e sua importância no cenário econômico, científico e social.

A professora Dr<sup>a</sup>. Luciane Vilela Rezende por sua co-orientação, carinho e confiança no potencial de seus orientados.

Ao professor Dr. João Bosco dos Santos por sua acolhida e ensinamentos no campo da genética molecular.

Aos coordenadores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Melhoramento genético de plantas), prof<sup>o</sup>. Dr. Dimas Menezes e prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> Vivian Loges pela dedicação ao programa e disponibilidade em sempre ajudar os alunos.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas), pelos preciosos ensinamentos.

A Bernadete Lemos secretária do Programa e grande amiga.

Aos diretores, agrônomos e técnicos da Usina Santa Tereza pelo apoio aos trabalhos de campo.

Ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), pela concessão da bolsa de estudos, e ao PROCAD - CAPES (Programa nacional de cooperação acadêmica) pelo intercâmbio com a Universidade Federal de Lavras para conclusão de pesquisa.

A EECAC (Estação Experimental de cana-de-açúcar de Carpina PMGCA/UFRPE/RIDESA), pelo apoio indispensável à realização da pesquisa, na pessoa representada por Dr. Djalma Euzébio Simões Neto.

Ao pesquisador MSc. Luiz José Oliveira Tavares de Melo, todos os técnicos e funcionários da EECAC pela amizade e apoio nos trabalhos.

A UFRPE (Universidade Federal Rural de Pernambuco) onde comecei toda minha vida profissional e bem mais sucedido na educação superior continuada.

A UFLA (Universidade Federal de Lavras) pelo acolhimento e apoio nas pesquisas de laboratório pertinentes ao Projeto de Pesquisa.

Aos colegas da turma: Eva Maria, Júlio Oliveira, Jaislanny Medeiros, Maria Isabel, Rômulo Moraes, Manuela Granja, Marina Medeiros, Romero Lima, Paula Guimarães e Jacqueline Wanessa pela amizade e momentos de alegria e crescimento que passamos juntos.

E a todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho, Deus abençoe a todos.

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO I – INTRODUÇÃO GERAL

Páginas

**Tabela 1.** Classificação botânica da cana-de-açúcar.....28

### CAPÍTULO II – SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA.

**Tabela 1.** Identificação das seis progênies de cana-de-açúcar *Saccharum spp.* quanto aos genitores e procedência.....73

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância dos caracteres, toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR), a açúcar total recuperável (ATR), avaliados aos quatorze meses de idade em cana planta, em experimento conduzido na Zona Canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2006/2007.....73

**Tabela 3.** Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR), a açúcar total recuperável (ATR) avaliados aos quatorze meses de idade em cana planta, em experimento conduzido na Zona Canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2006/2007.....74

<b>Tabela 4.</b> Agrupamento de médias referente às variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).....	74
<b>Tabela 5.</b> Índices de seleção construídos com base na porcentagem de indivíduos selecionados nas fases T1, T2 e T3 do melhoramento da cana-de-açúcar de acordo com o programa da RIDESA (EECAC / UFRPE).....	75
<b>Tabela 6.</b> Índices de seleção construídos com base na correlação de caracteres agronômicos (Fonte: PILLAI, S.V.; ETHIRAJAN, A.S. Selection índices for sugarcane improvement at three stages of selection. <b>Euphytica</b> , v. 71, 1993. p. 155-159.).....	75
<b>Tabela 7.</b> Índices de seleção estimados com base na porcentagem de indivíduos selecionados no programa de melhoramento de cana-de-açúcar da RIDESA conduzidos na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do carpina (EECAC – UFRPE). .....	76
<b>Tabela 8.</b> Medidas de dissimilaridade entre seis progênies de cana-de-açúcar. Abaixo da diagonal estão apresentados os valores referentes à distância Euclidiana Média Padronizada e na parte superior da diagonal os da distância de Rogers.....	77
<b>Tabela 9.</b> Correlação de Matrizes pelo teste de Mantel.....	77

### **CAPÍTULO III – APLICAÇÃO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR.**

<b>Tabela 1.</b> Identificação das seis progênies de cana-de-açúcar quanto aos genitores e procedência.....	83
---	----

<b>Tabela 2.</b> Resumo da análise de variância, das características avaliadas na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.....	86
<b>Tabela 3.</b> Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres avaliados na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.....	87
<b>Tabela 4.</b> Agrupamento de médias referente às variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra, pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).....	89
<b>Tabela 5.</b> Medidas de dissimilaridade entre seis progênies de cana-de-açúcar quantificadas pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).....	90
<b>Tabela 6.</b> Grupos de dissimilaridade formados pelo método de otimização de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis.....	91

#### **CAPÍTULO IV – DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E MICROSSATÉLITES**

<b>Tabela 1.</b> Identificação das seis progênies de cana-de-açúcar quanto aos genitores e procedência.....	120
<b>Tabela 2.</b> Marcadores RAPD, com suas respectivas sequencias, utilizados na análise molecular em genótipos de cana-de-açúcar.....	121

<b>Tabela 3.</b> Marcadores Microsatélites, com suas respectivas sequencias e temperaturas de anelamento, utilizados na análise molecular em genótipos de cana-de-açúcar.....	121
<b>Tabela 4.</b> Resumo da análise de variância das características avaliadas na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.....	122
<b>Tabela 5.</b> Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres avaliados na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.....	122
<b>Tabela 6.</b> Agrupamento de médias referente às variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra, pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).....	123
<b>Tabela 7.</b> Medidas de dissimilaridade entre 23 genótipos de cana-de-açúcar. Abaixo da diagonal estão apresentados os valores referentes ao complemento aritmético do coeficiente de Coincidência Simples e na parte superior da diagonal os do coeficiente de Jaccard.....	124
<b>Tabela 8.</b> Correlação de Matrizes pelo teste de Mantel.....	125
<b>Tabela 9.</b> Grupos de dissimilaridade formados pelo método de otimização de Tocher, baseado no complemento aritmético do Coeficiente de Jaccard.....	126

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO I – INTRODUÇÃO GERAL

Páginas

- Figura 1.** Diagrama representativo da origem e evolução da cana-de-açúcar.....30
- Figura 2.** Diagrama representativo do gênero *Saccharum*, esquematizando a composição do genoma das variedades comerciais de cana-de-açúcar cultivadas atualmente.....31
- Figura 3.** Constituição cromossômica das variedades comerciais de cana-de-açúcar cultivadas atualmente. Onde predomina 70% dos cromossomos de *S. officinarum*, 10% dos cromossomos de *S. spontaneum*, 10% dos cromossomos de *S. barberi*, *S. sinense*, *S.robustum* e 10% resultam da recombinação de cromossomos dos ancestrais.....32

### CAPÍTULO II – SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA.

- Figura 1.** Campânulas utilizadas para o controle efetivo da autofecundação das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129.....78
- Figura 2.** Gráfico ilustrativo da relação entre a Distância Euclidiana Média Padronizada e a Distância de Rogers entre seis progênies de cana-de-açúcar, obtida a partir da avaliação de oito caracteres agroindustriais.....78

### **CAPÍTULO III – APLICAÇÃO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR.**

**Figura 1.** Campânulas utilizadas para o controle efetivo da autofecundação das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129.....84

**Figura 2.** Dendrograma representativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método hierárquico das ligações médias (UPGMA), baseado na distância generalizada de Mahalanobis para as seis progênies de cana-de-açúcar.....92

### **CAPÍTULO IV – DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E MICROSSATÉLITES**

**Figura 1.** Campânulas utilizadas para o controle efetivo da autofecundação das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129.....120

**Figura 2.** Detecção de polimorfismo genético em genótipos de cana-de-açúcar. Em A, detecção de polimorfismo por meio do marcador RAPD OPAX 19. Em B, detecção por meio do marcador microsatélite SCA10. 1 a 23 genótipos avaliados.....123

**Figura 3.** Gráfico ilustrativo da relação entre o coeficiente de Jaccard e o coeficiente de Coincidência Simples (Simple Matching) entre 23 genótipos de cana-de-açúcar, obtida a partir do polimorfismo de marcadores RAPD e Microsatélites.....125

**Figura 4.** Dendrograma representativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método hierárquico das ligações médias (UPGMA), baseado no complemento aritmético do coeficiente de Jaccard em 23 genótipos de cana-de-açúcar.....126

**Figura 5.** (Modificado de Bremer 1961) – Em A. Uma série de três novas nobilizações realizadas por Bremer. Observe que na primeira nobilização o número

de cromossomos do gameta masculino da variedade POJ 2875, produzida por Jeswiet, se duplicou, gerando um híbrido com 166 cromossomos ao fertilizar o gameta feminino de *Saccharum spontaneum*. Na segunda, a variedade POJ 2878, da antiga nobilização, quando usada como progenitor feminino, produziu gametas haplóides. Em B. Outra série de três novas nobilizações, na segunda a variedade S.W.3, da antiga nobilização, usada como progenitor feminino agora produz gametas diplóides, já o gameta masculino do novo híbrido S3 1047, usado como progenitor masculino, apresenta constituição haplóide.....111

## LISTA DE QUADROS

### CAPÍTULO I – INTRODUÇÃO GERAL

Páginas

**Quadro 1.** Crescimento da exportação do açúcar.....33

**Quadro 2.** Crescimento da exportação do álcool.....34

## LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

AR – Açúcares redutores;  
ATR – Açúcar total recuperável;  
bj – é o efeito do j-ésimo bloco;  
BRIX – Teor de sólidos solúveis;  
CAPES – Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior;  
COPERSUCAR – Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo;  
CNPq – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico;  
CTC – Centro de Tecnologia Canavieira;  
CV – Canavialis;  
CV% - Coeficiente de variação  
CVe – Coeficiente de variação experimental;  
CVg(%) – Coeficiente de variação genético;  
Cvg / CVe – Razão do coeficiente de variação genético pelo coeficiente de variação experimental;  
D<sup>2</sup> - Distância generalizada de Mahalanobis;  
DEPA – Departamento de Agronomia da UFRPE;  
DNA – Ácido desoxirribonucléico;  
EDTA – Ácido etilenodiamino tetra-acético;  
 $\epsilon_{ij}$  – é o componente aleatório;  
EECAC – Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina;  
EST's – Sequencias Expressas;  
FAO – Food and Agriculture Organization;  
FIB – Fibra;  
F.V – Fonte de variação;  
G – Genótipos;  
G.L – Grau de liberdade;  
 $h_m^2(\%)$  – Herdabilidade média;  
IAC – Instituto Agrônomo de Campinas;  
kg – kilogramas;  
M – molar;

mM – milimolar;

$\mu$  - média geral; gi: é o efeito do i-ésimo genótipo;

$\mu\text{g.ml}$  – Microgramas por mililitro;

$\mu\text{l}$  – Microlitros;

NaOH – Hidróxido de Sódio;

ng.ml – nanogramas por mililitros;

$P < 0,01$  – Significativo a 1% de probabilidade;

PCC – pol% corrigida;

pH – Potência de hidrogênio;

PROCAD – Programa Nacional de Cooperação Acadêmica;

PZA – Pureza;

RAPD – Random Amplified Polymorphic DNA (DNA Polimórfico Amplificado ao Acaso);

RIDESA – Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro;

SIDRA – Sistema IBGE de recuperação automática;

SSR – Simple Sequence Repeats (Sequências Simples Repetidas);

SUCEST – Sugarcane EST's Project; (Projeto de sequências expressas da cana-de-açúcar);

Taq pol – *Thermus aquaticus* polimerase;

TBE – Tris-Borato-EDTA;

TCH – Toneladas de cana por hectare;

TNT – Tecido não tecido (é um tecido classificado como um não tecido. É produzido a partir de fibras desorientadas que são aglomeradas e fixadas, não passando pelos processos têxteis mais comuns que são fiação e tecelagem);

TPH – Toneladas de pol por hectare;

T1 – Primeira fase de seleção no melhoramento da cana-de-açúcar;

T2 – Segunda fase de seleção no melhoramento da cana-de-açúcar;

T3 – Terceira fase de seleção no melhoramento da cana-de-açúcar;

UNICA – União da Indústria de Cana-de-açúcar;

UFRPE – Universidade Federal Rural de Pernambuco;

UPGMA – Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages (Método das ligações médias entre grupos);

UPOV – União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas;

Ve – Variância ambiental;

VF – Variância fenotípica;

VG – Variância genética;

$Y_{ij}$  – é a observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

$\delta = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$ , sendo:  $d_j = Y_{ij} - \bar{Y}_i$ ;

$\bar{Y}_i$  – é a média do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima variável.

$\Psi$  – matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\sigma_g^2$  – Variância genética;

$\sigma_e^2$  – Variância ambiental;

## SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	vii
LISTA DE FIGURAS.....	xi
LISTA DE QUADROS.....	xiv
LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS.....	xv
RESUMO.....	xx
ABSTRACT.....	xxii
CAPÍTULO I - INTRODUÇÃO GERAL.....	24
REFERÊNCIAS.....	45
CAPITULO II – SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA.....	54
RESUMO.....	56
ABSTRACT.....	57
INTRODUÇÃO.....	58
MATERIAIS E MÉTODOS.....	59
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	61
CONCLUSÕES.....	67
REFERÊNCIAS.....	69
CAPÍTULO III – APLICAÇÃO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR.....	79
RESUMO.....	80
ABSTRACT.....	81
INTRODUÇÃO.....	81
MATERIAL E MÉTODOS .....	83
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	86
CONCLUSÕES.....	93
REFERÊNCIAS.....	93
CAPÍTULO IV – DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E MICROSSATÉLITES.....	96
RESUMO.....	97
ABSTRACT.....	98

<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>99</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>102</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>105</b>
<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>113</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>115</b>
<b>ANEXOS.....</b>	<b>127</b>
<b>NORMAS DA REVISTA BRAGANTIA.....</b>	<b>128</b>
<b>NORMAS DA REVISTA CIÊNCIA AGRONÔMICA.....</b>	<b>134</b>
<b>NORMAS DA REVISTA PAB.....</b>	<b>140</b>
<b>CORRENPONDÊNCIA DE RECEBIMENTO DOS TRABALHOS PELAS REVISTAS.....</b>	<b>152</b>

## RESUMO

Objetivou-se com este trabalho: (1) selecionar progênies de cana-de-açúcar com base no desempenho agroindustrial, índices de seleção e dissimilaridade genética. (2) avaliar a divergência genética em progênies de cana-de-açúcar, através de técnicas multivariadas, com base em oito caracteres agroindustriais. (3) avaliar a divergência genética em genótipos de cana-de-açúcar utilizando marcadores moleculares RAPD e Microsatélites. O experimento foi conduzido em duas etapas. A primeira foi realizada na zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco na área agrícola da Usina Santa Tereza, Engenho Terra Rica, município de Goiana, com coordenadas geográficas (07°33' S e 35°00' W) e altitude de 13 m, durante o ano agrícola 2006 a 2008 em argissolo vermelho-amarelo de textura arenosa. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com cinco repetições. Foram avaliadas seis progênies, constituídas de 200 indivíduos cada, sendo três consideradas padrões, oriundas de multiplicação clonal das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129 e três de autofecundação dessas mesmas variedades. Para o controle efetivo da autofecundação utilizaram-se campânulas de TNT, medindo 0,50 cm de raio e 1,20 m de comprimento totalmente fechadas. Cada parcela experimental foi constituída por 5 linhas de 8 m, espaçadas de 1,20 m com 8 seedlings por linha com 1 m entre plantas, totalizando assim 40 seedlings por parcela. As variáveis analisadas foram: Toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR), açúcares totais recuperáveis (ATR). Realizou-se a análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos, a distância euclidiana média padronizada e a distância de Rogers serviram para estimar a dissimilaridade entre progênies cujas matrizes foram correlacionadas pelo teste de Mantel. A distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada para quantificar a divergência genética. Foram utilizados o método hierárquico de ligações médias (UPGMA) e o método de otimização de Tocher. A segunda etapa foi realizada no Laboratório de Genética Molecular do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA) em Minas Gerais. Para a análise molecular foram selecionados 23 genótipos das famílias avaliadas na primeira etapa do experimento, sendo três variedades

comerciais RB943365, RB867515 e RB863129 e 20 selecionados ao acaso das famílias oriundas da autofecundação dessas variedades comerciais (seleção massal estratificada em famílias). A divergência genética foi estimada com base no polimorfismo gerado por meio de marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e SSR (Simple Sequence Repeats). O complemento aritmético do Coeficiente de Coincidência Simples e do Coeficiente de Jaccard foram utilizados como medidas de dissimilaridade, cujas matrizes foram correlacionadas pelo teste de Mantel. Foram aplicados o método de otimização de Tocher e o método hierárquico das ligações médias (UPGMA). A metodologia aplicada permitiu a identificação de progênies de maior divergência genética proporcionando aos fitomelhoristas maior segurança na escolha dos cruzamentos a serem realizados.

Palavras-chave: *Saccharum spp.*, Seleção, SSR, Autofecundação, Polimorfismo genético.

## ABSTRACT

The work had as aimed: (1) selecting progeny of sugarcane performance-based agronomic, index selection and genetic dissimilarity. (2) assess the genetic diversity in progenies of sugarcane by means of multivariate techniques based on eight characters agribusiness. (3) assess the genetic divergence in genotypes of sugarcane using molecular markers and microsatellites. The experiment was conducted in two stages. The first was held in the sugarcane zone of the North Coast of Pernambuco in the agricultural area of Usina Santa Teresa, Engenho Terra Rica, municipality of Goiana, with geographic coordinates (07°33' S e 35°00' W) and altitude of 13 m during the agricultural year 2006 to 2008 in red-yellow podzolic sandy texture. The experimental design was a randomized block design with five replications. Six progenies were evaluated, consisting of 200 individuals each, three standards considered, arising from clonal proliferation of commercial varieties RB943365, RB867515 and RB863129 and three of those self-pollinated varieties. For effective control of fertilization were used bells of TNT, measuring 0.50 cm in radius and 1.20 m long sealed. Each plot consisted of 5 rows of 8 m, spaced 1.20 m with 8 seedlings per line with 1 m between plants, thus totaling 40 seedlings per plot. The variables analyzed were: pol tons per hectare (PTH), sugarcane tons per hectere (STH), fiber (FB), correted pol% (CPP), purity (PTY), brix (BX), reducing sugar (RS), total retrievable sugar (TRS). Carried out the analysis of variance and estimation of genetic parameters, the standard Euclidean distance and the distance of Rogers were used as measures of dissimilarity matrices which were correlated by the Mantel test. The Mahalanobis distance was used to quantify the genetic divergence. Were used the method of hierarchical links averages (UPGMA) method and the optimization procedure. The second stage was performed at the Laboratory of Molecular Genetics, Department of Biology, Federal University of Lavras (UFLA) in Minas Gerais. For molecular analysis were selected 23 genotypes of the families surveyed in the first stage of the experiment. And three commercial varieties RB943365, RB867515 and RB863129 and 20 randomly selected families originating from selfing of commercial varieties (stratified mass selection in families). The genetic divergence was estimated based on the polymorphism generated by RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) and SSR (Simple Sequence Repeats). The arithmetic complement of the Simple Matching coefficient and Jaccard coefficient

were used as measures of dissimilarity whose headquarters were correlated by the Mantel test. We applied the optimization method of Tocher and the hierarchical method of links averages (UPGMA). The methodology allowed the identification of progeny of higher genetic diversity in plant breeding by providing a safer choice of crosses to be made.

Keywords: *Saccharum* spp., Selection, SSR, Self-pollination, Genetic polymorphism.

## **CAPÍTULO I**

---

### **INTRODUÇÃO GERAL**

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

A cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), é responsável por 65 % da produção mundial de açúcar, sendo utilizada também para produção de etanol, produtos farmacêuticos e outros compostos de relevante importância econômica. No Brasil, maior produtor mundial, é amplamente cultivada em todas as regiões, em aproximadamente oito milhões novecentos e oitenta mil hectares (ANUÁRIO, 2008), sendo umas das principais fontes de rendimento, e uma forma barata de energia para a população (MATSUOKA et al., 2005).

Dados estatísticos informando o fechamento da safra de cana-de-açúcar, da temporada 2008/2009 mostraram uma produção de 571,4 milhões de toneladas, com um aumento significativo de 13,9 % em relação aos 501,5 milhões de toneladas processadas na safra anterior. Isto significa para o açúcar e o etanol, produtos de maior importância, um aumento expressivo de 32,1 milhões de toneladas, 2,6 % a mais que a safra passada e em relação à fabricação do álcool esse número é ainda maior 26,6 bilhões de litros, um aumento de 15,7 % na produção nacional (CONAB, 2008).

Estima-se que a produção da cana-de-açúcar no Brasil em 2009 deva alcançar um valor aproximado de 660 milhões de toneladas (SIDRA, 2009). Esse crescimento expressivo supracitado, na produção e conseqüentemente na rentabilidade do setor sucro-alcooleiro, deve-se a muitos fatores tais como: técnicas de manejo, planejamento, desenvolvimento e implantação de uma moderna tecnologia agrícola. Entretanto merece maior destaque o melhoramento genético que num processo contínuo de substituição vem desenvolvendo novas variedades mais produtivas, resistentes a pragas e doenças e com caracteres agrônômicos favoráveis (MAMEDE et al., 2002).

Pesquisas no campo do melhoramento da cana-de-açúcar, visando o desenvolvimento de novas variedades, são imprescindíveis, pois se sabe que com o passar do tempo as variedades comerciais apresentam sinais da degenerescência, que atingem a capacidade produtiva das mesmas (BOVI et.al., 1985). Além disso, o desenvolvimento dessas variedades tem como meta a solução de problemas de interesse local e/ou regional das diferentes áreas canavieiras, a obtenção de aumentos significativos no rendimento e na qualidade para atender o consumo

interno e crescente do etanol e do açúcar, bem como as exportações (MELO, 2005; MORAES, 2008).

A variabilidade genética é matéria prima para o fitomelhoramento. Dentro de um programa é necessário haver variabilidade satisfatória a fim de atender as necessidades do mesmo, como: aumento da produtividade, aumento da produção pela incorporação em novas áreas agrícolas, aumento da qualidade, variedades resistentes a pragas e doenças, entre outros. Do mesmo modo diante de um programa de melhoramento por hibridação, a fim de desenvolver uma nova variedade, primeiramente é necessário que se tenha variabilidade genética dos progenitores envolvidos para melhor selecioná-los. (SILVA, 2006).

Em cana-de-açúcar, a variabilidade genética disponível para seleção provém de cruzamentos sexuais realizados entre genitores de interesse, com boa performance *per se*, o que é normalmente conseguido pelo uso de variedades comerciais ou pré-comerciais, por já apresentarem um conjunto de genes de interesse (SOUZA JR, C.L, 1995).

Na seleção de variedades superiores que possam ser usadas como genitores elites é fundamental estimar a divergência genética entre elas, para que através dos cruzamentos aumente-se a possibilidade de obtenção de indivíduos com excelente potencial heterótico. De acordo com Shimoya et. al. (2002), essa divergência pode ser avaliada através de métodos preditivos que levam em consideração caracteres agronômicos, fisiológicos, morfológicos e moleculares.

Os descritores morfo-agronômicos, devido a sua facilidade de aplicação, têm sido os mais empregados na caracterização de germoplasma e na identificação de genótipos e cultivares em catálogos usados nos estudos de distinção, homogeneidade e estabilidade como os do Ministério da Agricultura e da UPOV – União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas.

A descrição morfo-agronômica baseia-se no fenótipo da planta e necessita de um grande número de descritores. Além disso, é facilmente influenciada pelo ambiente. Por outro lado, os descritores de DNA apresentam a vantagem de representarem o genótipo, mantendo consistência nos resultados, evitando o problema da avaliação dos dados e da expressão do fenótipo (WUNSCH et al., 2002).

O uso de marcadores moleculares na seleção de genitores com caracteres desejáveis é uma estratégia amplamente utilizada em programas de melhoramento

genético, por reduzir gastos na manutenção de populações experimentais, por acelerar o processo de obtenção dos genótipos desejáveis e por ser uma técnica mais eficiente, já que os marcadores estão fisicamente ligados a locos que determinam as características de interesse, e não são influenciados pelo ambiente. (ALZATE-MARIN et al., 2005; FUGANTI et al., 2004). Diversas técnicas de marcadores moleculares têm permitido indicar com precisão as variações genéticas presentes no DNA de um organismo qualquer. Dentre essas técnicas destacam-se os marcadores RAPD, SSR, AFLP, ISSR, SSR EST's.

Em Pernambuco o programa de melhoramento da cana-de-açúcar tem sido conduzido pela Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), que congrega atualmente dez universidades brasileiras, entre elas a Universidade Federal Rural de Pernambuco, cujas pesquisas são conduzidas na Estação Experimental da Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC). Nesse contexto, a região nordeste ocupa a segunda posição na produção nacional e Pernambuco se destaca com uma produção de aproximadamente 19,11 milhões de toneladas destinadas à indústria sucroalcooleira, cuja produção atual classifica-o como segundo maior produtor do Nordeste (CONAB 2008).

A seleção de novas variedades para o Nordeste, particularmente para a Zona da Mata de Pernambuco, reveste-se de grande importância face à globalização da economia, dos mercados altamente competitivos, dos incrementos na produtividade agrícola atual e da regulamentação da lei de proteção de cultivares no Brasil.

Juntamente com a RIDESA e a EECAC, o Departamento de Agronomia (DEPA) da Universidade Federal Rural de Pernambuco vem desenvolvendo muitas pesquisas na área de concentração em melhoramento genético de plantas, e através de seus projetos está contribuindo consideravelmente para o desenvolvimento de métodos e estratégias no melhoramento genético de espécies cultivadas na região tropical, dando um enfoque especial na cana-de-açúcar. Os objetivos deste trabalho foram: (1) selecionar progênies de cana-de-açúcar com base no desempenho agroindustrial, índices de seleção e dissimilaridade genética. (2) avaliar a divergência genética em progênies de cana-de-açúcar, através de técnicas multivariadas, com base em oito caracteres agroindustriais. (3) avaliar a divergência genética em genótipos de cana-de-açúcar utilizando marcadores moleculares RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e Microssatélites (SSR).

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Classificação botânica e características gerais da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma gramínea perene que se reproduz sexuadamente por alogamia, pertence à família Poaceae, tribo Andropogeneae e ao gênero *Saccharum* (MATSUOKA et. al., 2005). A classificação mais aceita pelos taxonomistas e por aqueles que estão envolvidos no melhoramento desta cultura é a citada por Almeida et.al. (1995), identificada na tabela 1:

Tabela 1: Classificação botânica da cana-de-açúcar.

Reino	Plantae
Divisão	Embryophyta siphonogama
Subdivisão	Angiospermae
Classe	Monocotyledoneae
Ordem	Glumiflorae
Família	Poaceae
Tribo	Andropogeneae
Subtribo	Sacchareae
Gênero	<i>Saccharum</i>

No cultivo extensivo, a cana-de-açúcar é semiperene, requerendo um novo plantio a cada quatro ou cinco colheitas. Apresenta a capacidade de formar rizomas e touceiras, suas raízes são fasciculadas, o que é característico das gramíneas, e podem ser de dois tipos: adventícias e permanentes. A primeira tem a função de absorver água e a segunda de sustentação, fixação e suporte desse vegetal (BACCHI, 1983).

Outra característica é a capacidade de formar perfilhos, estes quando crescem são transformados em colmos que são órgãos de reserva destinados ao armazenamento da sacarose, podendo ser decumbentes ou eretos (ARANHA &

YAHN 1987). O colmo apresenta vários internódios e cada internódio possui uma gema, a partir dela surgem novos brotos (perfilhos), o primeiro que surge é chamado de primário, destes originam-se os secundários e dos secundários tem origem os terciários (MATSUOKA et al., 2009). Todo este processo é chamado de perfilhamento.

As folhas são lanceoladas se dispendo de maneira alternada ao longo do colmo, variando de meio metro a mais de um metro e meio (BACCHI, 1983). As flores são hermafroditas.

## **2.2. Origem, evolução, domesticação e dispersão**

Inicialmente Daniels & Roach (1987) propuseram que os gêneros *Saccharum*, *Erianthus sect.*, *Ripidium*, *Sclerostachya* e *Narenga* formaram um grupo de intercruzamentos muito próximos, denominados de Complexo *Saccharum* que estaria envolvido na origem da cana-de-açúcar. Posteriormente, esses mesmos autores sustentaram a hipótese que se deveriam acrescentar os gêneros *Miscanthus sect.* e *Diandra Keng* visto que, com a inclusão destes dois gêneros, este complexo apresentaria todas as características botânicas que permitiriam o aparecimento das espécies que compõem o gênero *Saccharum*.

D'Hont et. al. (2008), citado por Matsuoka et. al. (2009), propuseram um esquema, apresentado na figura 1, para um melhor entendimento da origem e evolução da cana-de-açúcar.

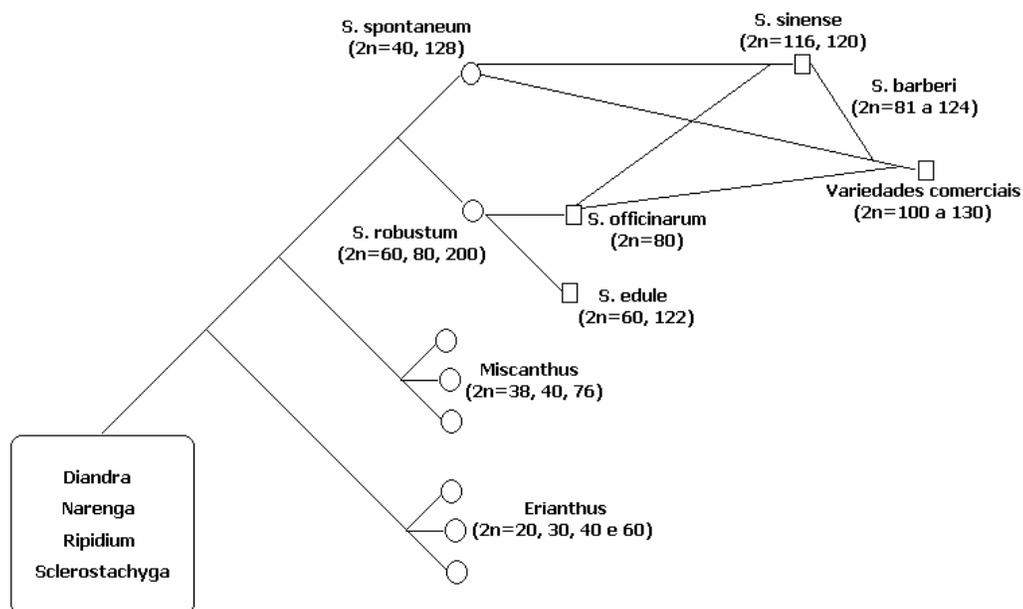


Figura 1 – (Modificado de Matsuoka et.al., 2009) Diagrama representativo da origem e evolução da cana-de-açúcar.

Brandes (1956) afirma que a domesticação da cana-de-açúcar ocorreu nas regiões da Indonésia e da Nova Guiné a mais ou menos (2500 a.C.), pelos nativos que ali habitavam e que utilizavam seus colmos para construção de cercados e também para apreciar seu caldo açucarado. Observa-se que de maneira inconsciente os nativos dessa região praticavam a seleção massal que de certa maneira, contribuiu para a conservação de genes relacionados a caracteres favoráveis.

Com a migração desses povos, a cana-de-açúcar foi disseminada para as ilhas do Pacífico Sul, Índia e China. Na época das grandes navegações foi introduzida nas Américas por Cristovão Colombo em 1493 (DEER, 1921).

### 2.3. Base genética

De acordo com Daniels & Roach (1987), no gênero *Saccharum*, caracterizado por um alto grau de poliploidia e aneuploidia, ocorrem seis espécies: *S. officinarum* L. (2n = 80), *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl (2n = 60-205), *S. barberi*

Jeswiet ( $2n = 111-120$ ), *S. sinense* Roxb. ( $2n = 81-124$ ), *S. spontaneum* L. ( $2n = 40-128$ ) e *S. edule* Hassk. ( $2n = 60-80$ ). Os primeiros híbridos interespecíficos artificiais foram produzidos na Índia envolvendo especialmente, *S. officinarum*, *S. spontaneum* e *S. barberi*. Até o final do século XIX, *S. officinarum* juntamente com *S. barberi* e *S. sinensis*, forneceram a maioria das variedades comerciais.

Os genomas de todas, exceto de *S. edule*, podem participar, ainda que parcialmente, dos híbridos interespecíficos atualmente cultivados, classificados como *Saccharum spp.* (MATSUOKA et. al., 2005). Encontra-se, na figura 2, um esquema representativo da composição do genoma das variedades comerciais cultivadas atualmente.

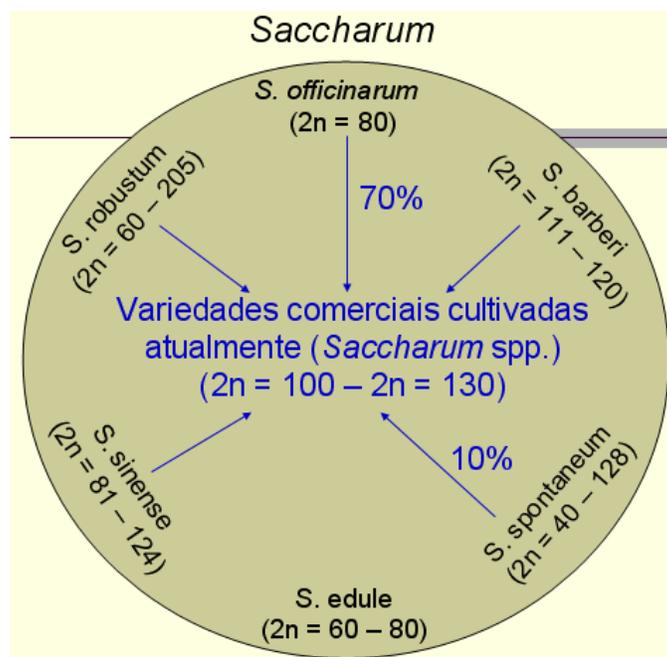


Figura 2 – Diagrama representativo do gênero *Saccharum*, esquematizando a composição do genoma das variedades comerciais de cana-de-açúcar cultivadas atualmente.

Citogeneticamente, estas variedades ou híbridos, são derivados de cruzamentos naturais ou artificiais, e apresentam variação numérica entre  $2n=100$  e  $2n=130$  cromossomos com presença de aproximadamente 10% do genoma de *S. spontaneum*. Embora este número seja questionado por vários autores.

Além de *S. spontaneum*, *S. officinarum* é reconhecidamente a espécie que tem contribuído com a maior porção do genoma presente nas variedades, atualmente utilizadas na produção de açúcar. De acordo com Gheller et.al. (1995), *Saccharum spontaneum* possui ampla variabilidade de números cromossômicos apresentando desde  $2n=40$  até  $2n=128$ , tendo como possível número básico  $x=8$ . *Saccharum officinarum* apresenta cariótipo com  $2n=80$  e número básico  $x=10$  (Figura 3).

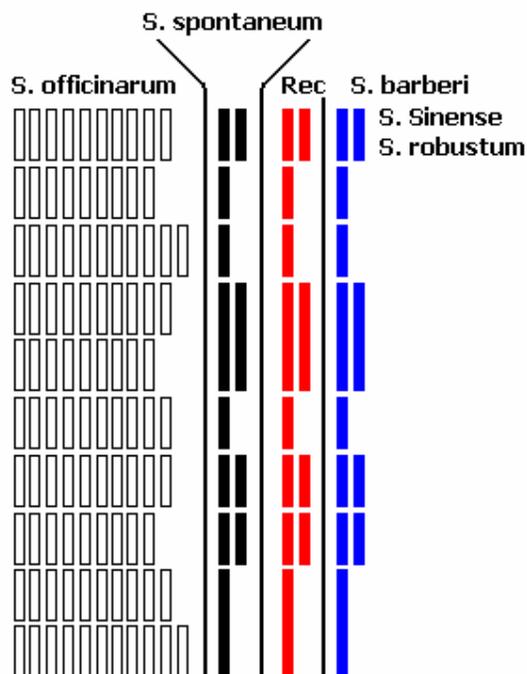


Figura 3 – (Modificado de Matsuoka et. al., 2009). Constituição cromossômica das variedades comerciais de cana-de-açúcar cultivadas atualmente. Onde predomina 70% dos cromossomos de *S. officinarum*, 10% dos cromossomos de *S. spontaneum*, 10% dos cromossomos de *S. barberi*, *S. sinense*, *S. robustum* e 10% resultam da recombinação de cromossomos dos ancestrais.

A recuperação de híbridos produtores de grande quantidade de açúcar só foi conseguida após vários ciclos de retrocruzamentos com *S. officinarum*, sendo esta utilizada como parental feminina (BROWN, 1969).

As variedades comerciais são propagadas comercialmente através da reprodução assexuada, por meio da brotação de suas gemas. Já o processo de

reprodução sexuada, que se dá por meio da germinação de suas sementes, é uma estratégia utilizada pelos programas de melhoramento com o intuito de obter variabilidade genética e, conseqüentemente, novas variedades (CESNIK & MIOQUE, 2004).

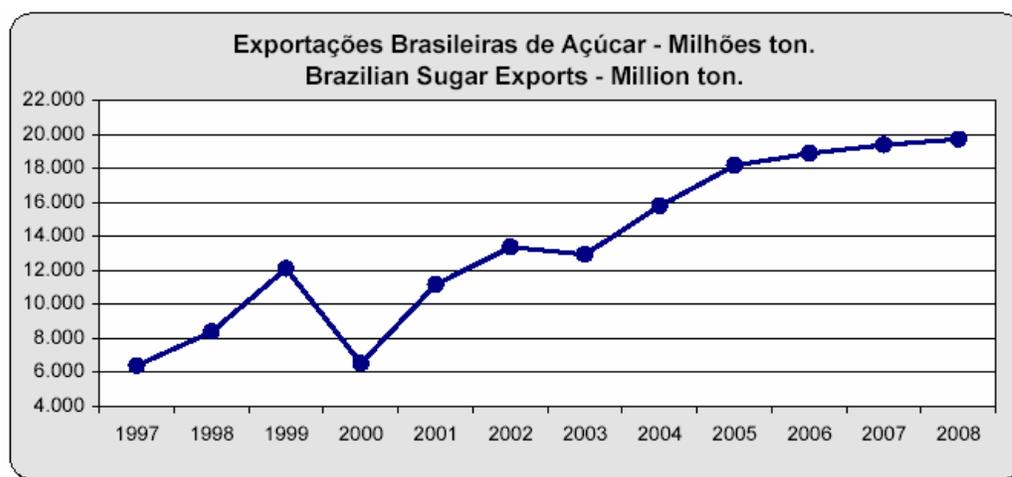
#### 2.4. Importância da cana-de-açúcar no cenário sócio-econômico e tecnológico.

Segundo dados da FAO (2009), o Brasil permanece no topo do ranking mundial como maior produtor de cana-de-açúcar a mais de 28 anos.

A cana-de-açúcar é utilizada como matéria prima para a fabricação de diversos compostos como: aguardente, fermento, proteína, produtos farmacêuticos etc., além de ser usada também na produção de forragem para alimentação de bovinos (MENDONÇA et. al. 2004; SILVA, 2006). Entretanto os principais produtos formados são o açúcar e o álcool, pois esses são os que têm trazido maior rentabilidade.

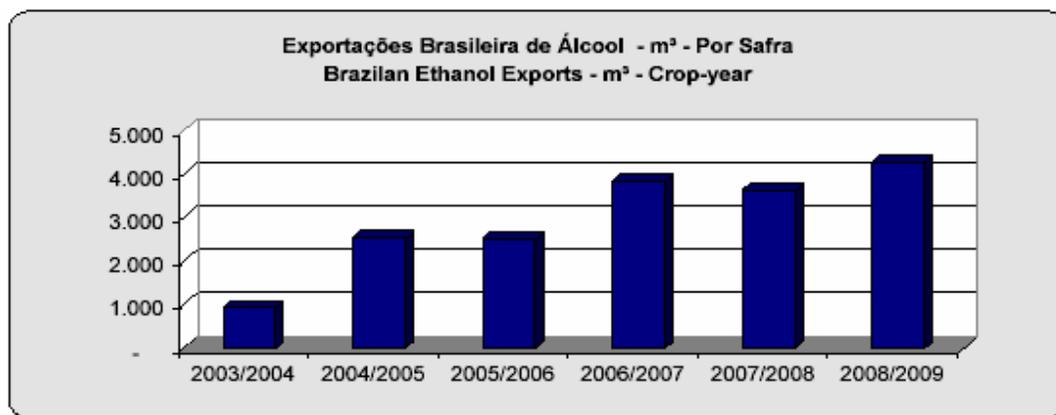
Estatísticas do ministério da agricultura mostram que as exportações do açúcar e do álcool têm crescido consideravelmente ao longo de alguns anos recentes.

QUADRO 1 – Crescimento da exportação do açúcar.



FONTE: Ministério da Agricultura (2009).

QUADRO 2 – Crescimento da exportação do álcool.



**FONTE: Ministério da Agricultura (2009).**

Atualmente as expectativas em torno do crescimento do setor sucroalcooleiro são as melhores possíveis. Estimativas indicam que a área cultivada com cana-de-açúcar deve ultrapassar 15 milhões de hectares em 2020, elevando a produção anual para um bilhão de toneladas (UNICA, 2009). Segundo o Centro de Tecnologia Canavieira, em 2015 será produzido o etanol celulósico a partir do bagaço e da palha da cana-de-açúcar, podendo haver a ampliação em até 37 litros por tonelada de cana. Nesse contexto, as variedades melhoradas geneticamente poderão proporcionar um aumento no açúcar de até 20 %, gerando assim mais etanol por hectare (CTC, 2009). Outra excelente notícia é que o bagaço utilizado pelas usinas para geração da bioeletricidade, através de caldeiras de alta eficiência, permitirá o fornecimento, por parte das usinas, às distribuidoras de energia elétrica (UNICA, 2009).

Com o advento da biotecnologia, o potencial da cana-de-açúcar é cada vez mais explorado. Em 2010, possivelmente será produzido óleo diesel a partir da cana-de-açúcar, pois a empresa norte americana Amyris em sociedade com a Votorantin Novos Negócios e a Usina Santa Elisa desenvolveu uma levedura geneticamente modificada para, no momento da fermentação, produzir diesel ao invés de álcool, com a vantagem de ser livre do enxofre, reduzindo a poluição ao

meio ambiente (BIODIESELBR, 2009). Já a empresa Braskem e a Toyota Tsusho iniciarão, em 2011, a comercialização do bioplástico produzido a partir do etanol da cana-de-açúcar, com a vantagem de ser biodegradável e favorecer o combate ao efeito estufa (UNICA, 2009).

## **2.5. O melhoramento genético da cana-de-açúcar.**

Em virtude da relevância que assume a cana-de-açúcar no cenário sócio-econômico e tecnológico, a contribuição do melhoramento genético no desenvolvimento de novas variedades será de fundamental importância para atender à crescente demanda interna do açúcar e do álcool, em decorrência do aumento da população e do sucesso dos veículos flex fuel, bem como as exportações desses produtos e também ao desenvolvimento das novas tecnologias (UNICA, 2009). Deve-se salientar também a necessidade de substituição das variedades comerciais que com o tempo apresentam perda de vigor, capacidade produtiva comprometida, além de um declínio nos rendimentos agrícola e industrial, devido a um processo conhecido como degenerescência varietal (ESPIRONELO et. al., 1988).

Para Silva (2008a), esse problema ainda persiste e a vida útil de algumas variedades comerciais tem sido cada vez menor. Para superar esta limitação, clones promissores são cruzados anualmente visando à produção de uma população de seedlings ou plântulas. De acordo com Calija et. al. (2001), a seleção é um processo oneroso, demorado e de alto custo que consiste em várias etapas (iniciais, intermediárias e finais de seleção). Em cada uma dessas etapas, avaliações agronômicas e tecnológicas são realizadas para a identificação de genótipos promissores, entretanto, de acordo com Landell et.al. (1999), somente uma pequena porcentagem alcança as etapas finais, os índices de seleção tem se mostrado baixos.

Assim, o tempo gasto para a realização de cruzamentos e a liberação de novas variedades tem variado entre 12 a 15 anos (LANDELL et. al., 1999).

Bressiani (2001) enfatiza que o principal objetivo de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar é desenvolver novas variedades que sejam mais rentáveis aos produtores, aumentando a produtividade e reduzindo perdas

econômicas. Nesse contexto, vários caracteres são importantes como: rápida brotação, vigor e soqueira prolongados, tolerâncias a estresses abióticos como seca e frio, hábito de crescimento ereto, resistência a pragas e doenças, todavia, as características de maior relevância, a serem melhoradas são a elevação da produção de açúcar e de cana por hectare (TPH e TCH), tais caracteres são os de maior interesse para a indústria e o comércio (SILVA, 2008).

Objetivando atender as necessidades supracitadas, existem no Brasil diversos programas de melhoramento como: o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), o da Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR) e o CANAVIALIS criado pelo Grupo Votorantin, no Estado de São Paulo, que desenvolve variedades de sigla CV.

Em Pernambuco, o programa de melhoramento da cana-de-açúcar tem sido conduzido pela Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), um dos principais programas de melhoramento do país, que congrega atualmente dez universidades brasileiras, entre elas a Universidade Federal Rural de Pernambuco, cujas pesquisas são conduzidas na Estação Experimental da Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC). A seleção de novas variedades para o Nordeste, particularmente para a Zona da Mata de Pernambuco, se reveste de grande importância face à globalização da economia, dos mercados altamente competitivos, dos incrementos na produtividade agrícola atual e da regulamentação da lei de proteção de cultivares no Brasil.

Juntamente com a RIDESA e a EECAC, o Departamento de Agronomia (DEPA) da Universidade Federal Rural de Pernambuco vem desenvolvendo muitas pesquisas na área de concentração em melhoramento genético de plantas, e através de seus projetos está contribuindo consideravelmente para o desenvolvimento de métodos e estratégias no melhoramento genético de espécies cultivadas na região tropical, dando um enfoque especial na cana-de-açúcar.

O sucesso de um programa de melhoramento depende inicialmente da variabilidade genética disponível. Para o melhoramento da cana-de-açúcar, a variabilidade genética disponível para seleção, provém dos cruzamentos sexuais realizados entre genitores de interesse que já apresentam um conjunto de genes relacionados a importantes componentes de produção (SOUZA JR, C.L, 1995), através: dos cruzamentos simples, dos policruzamentos e da polinização livre. No primeiro são utilizados dois genitores conhecidos, no segundo um grande número de

genitores são selecionados e intercruzados, entretanto, não se conhece a fonte de origem do pólen, e no terceiro coleta-se as sementes de plantas que crescem livremente (MATSUOKA et. al., 2005).

O segundo passo seria conhecer a diversidade genética existente, a fim de explorá-la e assim selecionar os indivíduos mais divergentes que apresentem caracteres agronômicos superiores (PEREIRA et. al., 2008). Para maximizar a eficiência deste processo, deve-se quantificar a variabilidade genética do material e os efeitos ambientais na expressão de cada caráter sob seleção (MELO et. al., 2006). Isto pode ser feito avaliando descritores morfo-agronômicos e industriais.

Os descritores morfológicos, agronômicos e industriais baseiam-se no fenótipo da planta, no caso da cana-de-açúcar a identificação de genitores superiores com base nesses tipos de descritores é realizado, avaliando os seguintes caracteres: altura da planta, perfilhamento, tipo de despalhe, altura, diâmetro e número de colmos, comprimento de entrenós, tipo de gemas, toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH), teor de sólidos solúveis no caldo (BRIX) entre outros. Apesar de serem amplamente utilizados nos programas de melhoramento, estes descritores apresentam a limitação de serem facilmente influenciados pelo ambiente. O que significa dizer, por exemplo, que algum caráter de interesse para a indústria como número de colmos, esteja aparecendo em condições favoráveis devido à interação genótipo-ambiente.

## **2.6. Variâncias e parâmetros genéticos.**

Na identificação de genótipos superiores, com base nos caracteres morfológicos, agronômicos e industriais, a fim de serem usados como genitores em um programa de melhoramento, se faz necessário o conhecimento de alguns parâmetros genéticos que possam auxiliar o fitomelhorista. Conhecer os processos de predição de médias, variâncias, covariâncias, bem como os parâmetros genéticos de um caráter quantitativo, auxilia o fitomelhorista na seleção de bons genótipos, além de proporcionar economia de tempo, trabalho e recursos financeiros (FERREIRA, 2006).

A variação biológica total de um caráter em observação, a variação fenotípica, é descrita, na estatística, como variância fenotípica. Sendo composta pela variância

genética e ambiental:  $V_F = V_G + V_E$ . (BREWBAKER, 1969). Esta última, também chamada de variação (variância) não-genética, atua contra os interesses do melhorista, podendo favorecer a expressão de um determinado caráter de interesse econômico, em outras palavras, o ambiente pode estar mascarando o verdadeiro potencial genético do caráter (BORÉM, 2001). A parte aproveitável, durante um processo de seleção é a variância genética, ela determinará o quanto do caráter em observação é de origem genética, visto que ela origina-se da segregação e interação dos genes, facilitando assim a identificação de indivíduos geneticamente superiores com base nos caracteres morfológicos, agrônômicos e industriais (BREWBAKER, 1969; RAMALHO et. al., 2001). É justamente a análise da variância quem irá medir a variabilidade de um caráter biológico (FERREIRA, 2006).

Além da variância genética, o coeficiente de herdabilidade, definido como, a proporção da variabilidade total que é de natureza genética (ALLARD, 1971), é outro parâmetro de vital importância para a identificação de genótipos superiores. Para Falconer (1987), a importância do coeficiente de herdabilidade provém do fato de a partir dele, obter-se a proporção da variância total atribuída aos efeitos médios dos genes. Assim é possível prever a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genético.

Existem dois tipos de herdabilidade, amplo e restrito. O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito é o de maior interesse para o melhorista, pois o mesmo expressa a variância que é devida aos efeitos de interações alélicas aditivas dos genes. Tal efeito dessas interações são transmitidas as gerações seguintes (BORÉM, 2001). O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, além das interações aditivas e não aditivas, exhibe também, as interações alélicas de dominância e sobredominância dos genes envolvidos na expressão do caráter em observação. Estas interações são devidas exclusivamente a novas combinações dos genes que se segregaram.

Como a propagação vegetativa também é uma estratégia para multiplicar indivíduos que, durante a formação, foram beneficiados com uma excelente recombinação, adquirindo um alto grau de heterose. E que dificilmente essa recombinação, com elevado potencial heterótico, se repetirá na formação de um novo indivíduo, em virtude das inúmeras combinações que podem ocorrer na meiose. A herdabilidade no sentido amplo torna-se a mais indicada em plantas que

comercialmente se propagam de maneira vegetativa como é o caso da cana-de-açúcar.

Juntamente com a variância genética e o coeficiente de herdabilidade, os índices de variação ( $CV_g / CV_e$ ), usados para expressar o grau de variabilidade entre progênies e a possibilidade de sucesso na seleção, proporcionam ao fitomelhorista maior segurança na avaliação da variabilidade genética por meio de caracteres morfológicos, agrônômicos e industriais (VENCOVSKY, 1992).

Diversos trabalhos realizados com cana-de-açúcar, com base na obtenção de parâmetros genéticos, tiveram resultados bem significativos: Silva et. al. (1999) estimaram parâmetros genéticos para avaliar o desempenho agroindustrial de clones IAC com seus respectivos parentais, e concluíram que IAC85-3017 apresentou maior valor entre os demais em relação a variável produtividade de cana (TCH). Já o clone IAC85-3229 apresentou maior teor de sacarose. Quanto ao número de colmos destacaram-se IAC85-3017, IAC85-3014 e IAC85-3015. Silva (2008b) estudando a interação genótipos x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar, também estimou alguns parâmetros genéticos e concluiu que a variável número de colmos por metro foi a mais afetada pela interação genótipo ambiente. Moraes (2008) através da estimativa da herdabilidade concluíram que as variáveis TPH, TCH, FB, PCC, BX e ATR apresentaram valores elevados indicando predominância do componente genético em relação ao ambiental, significando possibilidade de sucesso para seleção com base nessas variáveis.

## **2.7. Divergência genética utilizando técnicas multivariadas.**

Além de avaliar o desempenho agrônômico e industrial para a identificação de genótipos promissores é fundamental que se tenha variabilidade genética dos mesmos para melhor selecioná-los (SILVA, 2006). Em seguida, é necessário quantificar a divergência genética existente entre eles para que através dos cruzamentos aumente-se a possibilidade de obtenção de indivíduos com excelente potencial heterótico.

Para Palomino et. al. (2005), o conhecimento da diversidade genética entre variedades comerciais é de fundamental importância na organização de recursos

genéticos a fim de utilizá-los no desenvolvimento de novas variedades mais produtivas e com caracteres agronômicos favoráveis. De acordo com Shimoya et. al. (2002), essa divergência pode ser avaliada através de métodos preditivos que levam em consideração caracteres agronômicos, fisiológicos, morfológicos e moleculares.

As técnicas multivariadas têm sido amplamente utilizadas no estudo da divergência genética, dentre elas destacam-se a análise de componentes principais, as variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos (MIRANDA et. al., 2001). Segundo Cruz et. al. (2004), tais técnicas tomam por base as diferenças morfológicas, agronômicas e fisiológicas. E estas diferenças são quantificadas por uma medida de dissimilaridade que entre as mais utilizadas está a distância generalizada de Mahalanobis, sendo ela, preferível em relação a distância Euclidiana, pois leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas, possíveis de serem quantificadas quando as avaliações são realizadas em genótipos avaliados em delineamentos experimentais (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

Ao utilizar medidas de dissimilaridade, o número de estimativas obtidas é muito grande tornando impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual destas estimativas. Por este motivo, o melhorista utiliza os métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, tomando por base as coordenadas obtidas a partir da medida de dissimilaridade escolhida (CRUZ & CARNEIRO, 2006).

Os métodos de agrupamento podem ser divididos em hierárquicos e de otimização, entre os métodos de otimização mais utilizados na área de melhoramento vegetal destaca-se o de Tocher descrito por Rao (RAO, 1952). Neste método adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ, 2005).

Entre os métodos hierárquicos pode-se citar aquele do vizinho mais próximo, o do vizinho mais distante, o da ligação média entre outros. Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de um dendrograma (CRUZ, 2005). Silva (2008a), afirma que a suposição básica de sua interpretação é quanto menor a distância entre os pontos, maior a semelhança entre as amostras.

As técnicas multivariadas têm sido utilizadas com sucesso para estimar divergência genética em alface (OLIVEIRA et. al., 2004), em milho (FERREIRA et. al., 1995), em coqueiro gigante (RIBEIRO et. al., 1999), em pimentão (MIRANDA et. al., 1988). Em cana-de-açúcar pode-se citar o trabalho de Azevedo et. al. (2003).

## **2.8. Biotecnologia aplicada ao melhoramento genético da cana-de-açúcar.**

O uso de marcadores moleculares na seleção de genitores com caracteres desejáveis é uma estratégia amplamente utilizada em programas de melhoramento genético, por reduzir gastos na manutenção de populações experimentais, por acelerar o processo de obtenção dos genótipos desejáveis e por ser uma técnica mais eficiente, já que os marcadores estão fisicamente ligados a locos que determinam as características de interesse, e não são influenciados pelo ambiente (ALZATE-MARIN et al., 2005; FUGANTI et al., 2004). Diversas técnicas de marcadores moleculares têm permitido indicar com precisão as variações genéticas presentes no DNA de um organismo qualquer.

Estabelecer quais genitores deverão ser cruzados é um dos pontos mais importantes na condução de um programa de melhoramento por hibridação, já que o número de genótipos disponíveis para realizar os cruzamentos é muito grande, especialmente quando se pretende obter populações segregantes úteis para obter híbridos mais produtivos a partir do cruzamento entre genitores elites, que, conseqüentemente possuem altos níveis de produtividade (PEREIRA et al., 2007). Este pode ser considerado o terceiro ponto a ser cumprido e assim obter o devido sucesso.

Os marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) que significa DNA polimórfico amplificado ao acaso, consiste de iniciadores arbitrários que são sintetizados em larga escala e não dependem do seqüenciamento prévio do genoma da espécie na qual vai ser aplicado. Trata-se de uma técnica de baixo custo e de fácil execução. A utilização desses marcadores tem sido eficiente na caracterização de genótipos de várias espécies antes que as características fenotípicas sejam expressas. Apesar de serem considerados marcadores de baixa reprodutibilidade os iniciadores RAPD, de acordo com Zimback et. al. (2003), constituem uma

metodologia mais rápida que os RFLP e produz um maior número de marcadores quando comparados com as isoenzimas.

Os marcadores RAPD vem sendo utilizados em estudos de divergência genética de várias espécies e apresentam resultados satisfatórios. Silva (2006), avaliando a divergência genética em cana-de-açúcar, detectou a presença de polimorfismo genético por meio de marcadores RAPD, o que permitiu estimar com precisão genótipos divergentes.

Entretanto, os marcadores RAPD apresentam como característica básica a dominância, não sendo possível diferenciar, numa análise molecular, os indivíduos homozigotos dos heterozigotos, o que constitui uma grande limitação, sobretudo para cana-de-açúcar em virtude dos vários níveis de ploidia que essa espécie apresenta.

Já os marcadores microssatélites ou SSR que apresentam o caráter co-dominante, podendo diferenciar os homozigotos dos heterozigotos, são facilmente reproduzíveis e povoam densamente os genomas eucariotos consistindo de um a seis nucleotídeos repetidos em tandem (CAIXETA et al., 2006) são mais bem distribuídos ao acaso formando locos genéticos muito mais polimórficos (FERREIRA & GRATTAPAGLIA, 1998).

Caixeta et. al. (2006) afirmam que cada microssatélite constitui um loco genético altamente variável, multialélico, de grande conteúdo informativo. Essa natureza informativa combinada com a especificidade e rapidez da tecnologia do PCR faz desses marcadores uma eficiente ferramenta para estudo de variabilidade genética, identificação de genótipos, proteção de variedades, certificação de cruzamentos etc.

Com os microssatélites pode-se obter polimorfismo em populações multiparentais e em populações derivadas de híbridos de genótipos relacionados a partir do alto nível de diversidade alélica, além de distinguir acessos de germoplasma diretamente relacionados. Graças a esta hipervariabilidade, os microssatélites podem ser utilizados em qualquer população segregante, tornando-os marcadores ideais para o mapeamento genético (Caixeta et. al., 2006). É importante salientar que os marcadores microssatélites apresentam algumas limitações, dentre as quais pode-se destacar a necessidade de conhecer as regiões que flanqueiam os microssatélites para que os oligonucleotídeos possam ser desenhados.

Todavia em cana-de-açúcar este problema foi contornado em virtude dessa espécie ter suas ESTs (seqüências expressas) seqüenciadas e disponíveis em bancos de dados do SUCEST, o que significa um grande potencial para o desenvolvimento de marcadores microssatélites. Costa et. al. (2008) afirmaram que uma busca feita no banco de dados foi possível identificar 2005 clusters contendo seqüências repetitivas (SSRs), revelando uma significável fonte para desenvolvimento de marcadores moleculares. Na literatura, já se encontram trabalhos envolvendo variedades de cana-de-açúcar com marcadores microssatélites como o de Gonçalves et. al. (2008).

Diversos estudos de análise da divergência genética, por meio de marcadores microssatélites, têm sido realizados em diferentes espécies e os resultados mostram-se satisfatórios. Duarte Filho et. al. (2008) afirmaram que os marcadores microssatélites se mostraram eficientes para estimar a variabilidade genética em acessos de cana-de-açúcar com ampla variação no número de alelos.

Assim sendo, concluí-se que a utilização conjunta dos marcadores RAPD e SSR permite uma maior cobertura do genoma da cana-de-açúcar e, conseqüentemente, uma maior consistência na estimativa da diversidade genética, tendo em vista o seu tamanho e complexidade.

## **2.9. Divergência genética estimada por meio de marcadores moleculares.**

Atualmente a tendência do melhoramento genético é integrar aos métodos tradicionais às modernas técnicas biotecnológicas. Assim, para uma excelente caracterização molecular, além da escolha apropriada dos marcadores moleculares, dos protocolos de extração de DNA e das reações de amplificação, é indispensável à utilização de um método de inferência filogenética baseado na análise de distâncias, no intuito de aprimorar cada vez mais os indicativos da existência de diferenciação ou similaridade genética entre os genótipos avaliados. E assim obter complementariedade satisfatória entre os resultados de uma divergência genética baseada em descritores morfo-agronômicos e moleculares.

O índice de similaridade de Jaccard tem se mostrado bastante eficiente na análise de distâncias, pelo fácil entendimento e por comparar o número de

presenças de bandas comuns e o número total de bandas envolvidas, excluindo o número de ausências conjuntas (MEYER, 2002).

O agrupamento do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages) traduzido como método da ligação média entre grupos desenvolvido por Sokal & Michener (1958), está entre os mais utilizados na análise de diversidade genética. É o método algorítmico mais simples e de fácil entendimento. As distâncias avaliadas possibilitam, a partir desse método, a construção de um dendrograma de similaridade com um grande conteúdo informativo (ARRIEL et. al., 2006).

É amplamente conhecido na literatura trabalhos de análise da diversidade genética que utilizaram o coeficiente de Jaccard e o método UPGMA. Nunes et.al. (2008), utilizando marcadores do tipo RAPD em uma caracterização molecular de butiazeiro, com o auxílio do método UPGMA, conseguiu uma clara separação dos genótipos avaliados em dois grupos principais. Capeloto (2003) também utilizaram marcadores RAPD, o coeficiente de Jaccard e o método UPGMA para a caracterização molecular de melancia e, entre os 18 genótipos, avaliados observaram a formação de dois grupos distintos. Santos et. al. (2008) através do estudo da diversidade genética em jenipapo, obtiveram três grupos distintos mediante a utilização do coeficiente de Jaccard e do agrupamento UPGMA.

Considerando os exemplos acima citados, os geneticistas e melhoristas dispõem de um método eficaz e de fácil execução, podendo ser aplicado no estudo de diversidade genética de qualquer cultura que se deseje efetuar algum trabalho de melhoramento.

## REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.

ANUÁRIO BRASILEIRO DA CANA-DE-AÇÚCAR, 2008. Disponível em: <<http://www.anuarios.com.br>> Acesso em: 14, Abr. 2009.

ALMEIDA, M.; ROCHELLE, L.A.; CROCOMO, O.J. Chave analítica para determinação de dez variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*). **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 52, n. 2, p.16-19, 1995.

ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, G.D.L.; MOREIRA, M.A. & BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n.4, p. 222-342, 2005.

ARANHA, C.; YAHN, C.A. Botânica da cana-de-açúcar. In: PARANHOS, S.B. (Ed.). **Cana-de-açúcar cultivo e utilização**. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 3-19.

ARRIEL, N.H.C.; COSTA, M.M.; TREVISOLI, S.H.U.; MAURO, A.O. Di. Outras aplicações dos marcadores. In: CAIXETA, E.T.; BORÉM, A. (Eds.). **Marcadores Moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. p. 145-204.

AZEVEDO, J.A.G.; PEREIRA, J.C.; CARNEIRO, P.C.S.; QUEIROZ, A.C.DE.; BARBOSA, M.H.P.; FERNANDES, A.M.; RENNÓ, F.P. Avaliação da divergência nutricional de variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 3, p. 1431-1442, 2003.

BACCHI, O.O.S. Botânica da cana-de-açúcar. In: FILHO, J.O. (Ed.). **Nutrição e adubação da cana-de-açúcar no Brasil**. Piracicaba: Instituto do açúcar e do álcool, 1983. p. 25-37.

BIODIESELBR, 2009. Disponível em: <<http://www.biodieselbr.com/noticias/em-foco/brasil-produzir-diesel-cana-acucar-partir-2010-15-10-08.htm>>. Acesso em: 16, Abr. 2009.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.

BOVI, V.; CIONE, J.; CAMARGO, A.P. Cana-de-açúcar: Comportamento de variedades em Piracicaba, SP. **Bragantia**, Campinas, v. 44, n. 2, p. 723-727, 1985.

BRANDES, E.W. Original, dispersal and use in breeding of the Melanesian garden sugarcane and their derivatives *Saccharum officinarum* L. In: PROCEEDINGS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGIST CONGRESS, 9., 1956, Índia. **Proceedings**. India, 1956. p. 709-756.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

BREWBAKER, J.L. **Genética na agricultura**. São Paulo, Polígono, 1969. 217p.

BROWN, A.H.D.; DANIELS, J.; LATTER, B.D.H. Quantitative genetics of sugarcane. II. Correlation analysis of continuous characters in relation to hybrid sugarcane breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, Germany, v.39, p.1-10. 1969.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N.S. Tipos de Marcadores moleculares. In: In: CAIXETA, E.T.; BORÉM, A. (Eds.). **Marcadores Moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. p. 9-78.

CALIJA, V.; HIGGINS, A.J.; JACKSON, P.A.; BIELING, L.M.; COOMANS, D. An operations research approach to the problem of the sugarcane selection. **Annals of Operations Research**, Netherlands, v. 108, p. 123-142, 2001.

CAPELATO, A. **Caracterização molecular entre e dentro de acessos de melancia através de RAPD-PCR**. 2003. 62p. Dissertação (Mestrado em Genética e

melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

CESNIK, R. MIOCQUE, J. **Melhoramento da Cana-de-açúcar**. Brasília: Embrapa informação Tecnológica, 2004, 307p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2008. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/conabweb/>>. Acesso em 16, Abr. 2009.

COSTA, E.A.; MARCONI, T.G.; OLIVEIRA, K.M.; VAZ, T.R.; RODRIGUES, A.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, A.P. Desenvolvimento de marcadores moleculares do tipo microssatélite a partir de EST's em cana-de-açúcar. In: Congresso Brasileiro de Genética, 54., 2008, Salvador. **Anais...2008**. Suplemento CD-ROM.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.Ed. Viçosa: UFV, 2004, 460p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA, 2009. Disponível em: <http://www.ctc.com.br>>. Acesso em: 16, Abr. 2009.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D.J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 7-84.

DEER, N. **Cane Sugar**. 2.ed. Norman Rodger, London, 1921. 644p.

DUARTE FILHO, L.S.C.; SILVA, P.P.; SANTOS, J.M.; BARBOSA, G.V.S.; ALMEIDA, C.C.S. Variabilidade genética em cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), estimada por meio de marcadores moleculares microssatélites (SSR). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 54., 2008, Salvador. **Anais... 2008**. Suplemento CD-ROM.

ESPIRONELO, A.; POMMER, C.V.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; IGUE, T. Avaliação de variedades IAC de cana-de-açúcar das séries de 1965 e 1966 e de outras cultivadas no estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 47, n. 1, p. 83-92, 1988.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FAO. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION, 2009. Disponível em: <<http://www.fao.org>>. Acesso em 16, Abr. 2009

FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C.; SANTOS, M.X.DOS.; 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, 1995.

FERREIRA, P.V. **Melhoramento de Plantas 3**: estimação de parâmetros genéticos. Maceió: EDUFAL, 2006. p.191-279.

FERREIRA, M.E.; GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3.ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220p.

FUGANTI, R.; BENEVENTI, M.A.; SILVA, J.F.V.; ARIAS, C.A.A.; MARIN, S.R.R.; BINNECK, E. & NEPOMUCENO, A.L. Identificação de Marcadores Moleculares de Microssatélites para Seleção de Genótipos de Soja Resistentes a *Meloidogyne javanica*. **Nematologia Brasileira**, Piracicaba, v. 28, n. 2, p. 125-130, 2004.

GHELLER, A.C.A. GARCIA, A.A.F.; MENDES, J.M. Variedades RB: Comportamento de variedades comerciais e clones promissores na Região Norte do Estado de São Paulo, em três épocas de colheita. In: CONGRESSO NACIONAL DA SOCIEDADE DOS TÉCNICOS AÇUCAREIRO E ALCOOLEIROS DO BRASIL, 6., 1995, Maceió. **Anais...** 1995. Suplemento CD-ROM.

GONÇALVES, B.S.; LEITE, D.C.; FÁVERO, T.M.; DE ROSA JR, B.E.; CRESTE, S.; SOUZA, A.P.; LANDELL, M.G.A.; PINTO, L.R. Avaliação do polimorfismo de marcadores do tipo microssatélites entre os genitores de uma população segregante de cana-de-açúcar. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 54., 2008, Salvador. **Anais...** 2008. Suplemento CD-ROM.

LANDELL, M. G. A.; ALVAREZ R.; ZIMBACK, L.; CAMPANA M. P., SILA, M. A.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; PERECIN D.; GALLO, P. B.; MARTINS, A. L. M.; KANTHACK, A.; FIGUEIREDO P.; VASCONCELOS C. M. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em latossolo roxo da Região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n.2, p.1-13, 1999.

MAMEDE, R. Q.; BASSINELLO, A.I.; CASA GRANDE, A.A.; MIOCQUE, J.Y.J. Potencial produtivo de clones RB de cana-de-açúcar no Município de Nova Europa-SP. **STAB – Açúcar, Álcool e Subprodutos**, Piracicaba, v. 20, n. 3, p.32-35, 2002.

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

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; BRESSIANI, J.; MACCHERONI, W. Hibridação da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Hibridação artificial de plantas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2009. p. 251-304.

MELO, L.J.O.T. **Análise agrônômica e genética de genótipos de cana-de-açúcar nas regiões litoral sul e mata norte de Pernambuco**. 2005. 92p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

MELO, L.J.O.T.; OLIVEIRA, F.J.; BASTOS, G.Q.; ANUNCIÇÃO FILHO, C.J.; REIS, O.V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n.2, p. 197-205, 2006.

MENDONÇA, S.S.; CAMPOS, J.M.S.; VALADARES FILHO, S.C.; VALADARES, R.F.D.; SOARES, C.A.; LANA, R.P.; QUEIROZ, A.C.; ASSIS, A.J.; PEREIRA, M.L.A. Consumo, Digestibilidade Aparente, Produção e Composição do Leite e Variáveis Ruminais em Vacas Leiteiras Alimentadas com Dietas à Base de Cana-de-Açúcar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.2, p.481-492, 2004.

MEYER, A.S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002. 106p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Estatística e Experimentação Agrônômica) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade Federal de São Paulo, Piracicaba.

MIRANDA, G.V.; SEDIYAMA, C.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D. Genetic diversity among elite Brazilian soybean cultivars with Arrow genetic base. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.1, n.2, p. 115-123, 2001.

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

MORAES, M.F. **Avaliação de progênes da fase inicial T1, para indicação de genitores elites de cana-de-açúcar para Pernambuco**. 2008. 81p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

NUNES, A.M.; BIANCHI, V.J.; FACHINELO, J.C.; CARVALHO, A.; CARDOZO, G. Caracterização molecular de butiazeiro por meio de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.30, n. 3, p. 702-707, 2008.

OLIVEIRA, A.C.B.; SEDIYAMA, M.A.N.; PEDROZA, M.W.; GARCIA, N.C.P.; GARCIA, S.L.R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada

sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.26, n. 2, p. 211-217, 2004.

PALOMINO, E.C.; MORI, E.S.; ZIMBACK, L.; TAMBARUSSI, E.V.; MORAES, C.B. Genetic diversity of common bean genotypes of carioca commercial group using RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, p. 80-85, 2005.

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B.; COUTO, K.R. Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 42, n.5, p. 713, 2007.

PEREIRA, A.V.; MACHADO, M.A.; AZEVEDO, A.L.S.; NASCIMENTO, C.S.; CAMPOS, A.L.; LÉDO, F.J.S. Diversidade genética entre acessos de capim-elefante obtida com marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 7, p. 1216-1221, 2008.

RAMALHO, M.A.P. SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. 3. ed. Lavras: ULFA, 2001. 472p.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 390p.

RIBEIRO, F.E.; SOARES, A.R.; RAMALHO, M.A.P. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 9, p. 1615-1622, 1999.

SANTOS, A.R.F.; SILVA-MANN, R.; FERREIRA, R.A.; CARVALHO, S.V.A.; GOIS, I.B.; SOUZA, E.M.; SILVA, A.V.C. Diversidade genética de jenipapo (*Genipa americana*) em trecho de mata ciliar do baixo curso do rio São Francisco sergipano. In: Congresso Brasileiro de Fruticultura, 20., 2008, Vitória. **Anais...2008**. Suplemento CD-ROM.

SHIMOYA, A. et al. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 971-980, 2002.

SIDRA. SISTEMA IBGE DE RECUPERAÇÃO AUTOMÁTICA, 2009. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/prevsaf/default.asp?z=t&o=24&i=P>>. Acesso em: 20, abr. 2009.

SILVA, P.P. **Divergência genética em genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) através de caracteres morfoagronômicos e por marcadores moleculares**. 2006. 96p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal de Alagoas, Maceió.

SILVA, G.C. **Seleção de clones RB de cana-de-açúcar no litoral sul da zona da mata de Pernambuco utilizando técnicas multivariadas**. 2008. 109p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

SILVA, M.A.; CAMPANA, M.P.; LANDELL, M.G.A.; ZIMBACK, L.; FIGUEIREDO, P. Avaliação de clones de híbridos IAC de cana-de-açúcar, série 1985, na região de jaú (SP). **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 335-340, 1999.

SILVA, M.A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 109-117, 2008.

SOKAL, R.R.; MICHENER, D. A statistical method for evaluation systematic relationships. **University of Kansas Scientific Bulletin**, Kansas, v.38, p. 1409-1438, 1958.

SOUZA JR., C.L. **Componentes de variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1995. 134p.

UNIÃO DA INDÚSTRIA DE CANA-DE-AÇÚCAR, 2009. Disponível em: <http://www.unica.com.br/>. Acesso em: 16, abr. 2009.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**.  
Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

WUNSCH, A.; HORMAZA, J. I. Cultivar identification and genetic fingerprinting of temperate fruit tree species using DNA markers. **Euphytica**, v.125, n. 1, p.59-67, 2002.

ZIMBACK, L.; BARBOSA, W.; MORI, E.S.; VEIGA, R.F.A. Caracterização e identificação das cultivares de pessegueiro tropical e douradão através de marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 25, n. 2, p. 352-354, 2003.

## **CAPÍTULO II**

---

### **SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA.**

Artigo enviado para publicação na revista de  
Ciências Agrônômicas "Bragantia".

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO  
DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
DISSIMILARIDADE GENÉTICA.**

JOÃO DE ANDRADE DUTRA FILHO <sup>(1)</sup>, LUIZ JOSÉ OLIVEIRA TAVARES DE MELO  
<sup>(2)</sup>, LUCIANE VILELA RESENDE <sup>(3)</sup> CLODOALDO JOSÉ DA ANUNCIACÃO FILHO <sup>(4)</sup>  
E GERSON QUIRINO BASTOS <sup>(4)</sup>

<sup>(1)</sup> Biólogo. Aluno do curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento Genético de Plantas” da UFRPE. Rua Dom Manuel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife – PE, E-mail: [filho-dutra@ig.com.br](mailto:filho-dutra@ig.com.br), Autor correspondente. Bolsista CNPq. Fone: (81) 9649-7833.

<sup>(2)</sup> Pesquisador. Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina da UFRPE, Rua Juscelino Kubtscheck de Oliveira, s/n, Bairro Novo, CEP 55810-000, Carpina – PE, E-mail: [luizjose@hotmail.com](mailto:luizjose@hotmail.com). Fone: (81) 8834-1890.

<sup>(3)</sup> Professor Dr. Do Departamento de Agricultura da UFLA. Campus Universitário, CEP 37200-000, Lavras – MG, E-mail: [luciane.vilela@ufla.br](mailto:luciane.vilela@ufla.br). Fone: (35) 3829-1005.

<sup>(4)</sup> Professor Dr. Do Departamento de Agronomia da UFRPE. Rua Dom Manuel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife – PE, E-mail: [bastosgq@hotmail.com](mailto:bastosgq@hotmail.com); [cjose@ufrpe.br](mailto:cjose@ufrpe.br). Fone: (81) 3320-6245.

Número de páginas: 25

Número de tabelas: 09

Número de figuras: 02

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO  
DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E  
DISSIMILARIDADE GENÉTICA.**

JOÃO DE ANDRADE DUTRA FILHO <sup>(1)</sup>, LUIZ JOSÉ OLIVEIRA TAVARES DE MELO  
<sup>(2)</sup>, LUCIANE VILELA RESENDE <sup>(3)</sup> CLODOALDO JOSÉ DA ANUNCIAÇÃO FILHO <sup>(4)</sup>  
E GERSON QUIRINO BASTOS <sup>(4)</sup>

**RESUMO**

Objetivou-se com este trabalho selecionar progênies de cana-de-açúcar com base no desempenho agroindustrial, índices de seleção e dissimilaridade genética. O experimento foi conduzido na área agrícola da Usina Santa Tereza, Goiana – PE, durante o ano agrícola 2006/2007. Utilizou-se como delineamento experimental os blocos casualizados com cinco repetições, as variáveis analisadas foram: TPH, TCH, FIB, PCC, PZA, BRIX, AR e ATR. Realizou-se a análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos, a distância euclidiana média padronizada e a distância de Rogers foram usadas como medidas de dissimilaridade cujas matrizes foram correlacionadas pelo teste de Mantel. O Teste F revelou significância e alta estimativa de herdabilidade média para as variáveis TPH e TCH, indicando possibilidade de sucesso na seleção com base nesses caracteres. As medidas de dissimilaridade utilizadas no presente trabalho permitiram a identificação de progênies divergentes proporcionando aos programas fitomelhoristas canavieiros maior segurança na escolha dos cruzamentos a serem realizados.

Palavras chave: Correlação de matrizes, Distância genética, Híbridação, *Saccharum* spp.

---

<sup>(1)</sup> Biólogo. Aluno do curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento Genético de Plantas” da UFRPE. Rua Dom Manuel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife – PE, E-mail: [filho-dutra@ig.com.br](mailto:filho-dutra@ig.com.br), Autor correspondente. Bolsista CNPq. <sup>(2)</sup> Pesquisador. Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina da UFRPE, Rua Juscelino Kubtscheck de Oliveira, s/n, Bairro Novo, CEP 55810-000, Carpina – PE, E-mail: [luijose@hotmail.com](mailto:luijose@hotmail.com) <sup>(3)</sup> Professor Dr. do Departamento de Agricultura da UFLA. Campus Universitário, CEP 37200-000, Lavras – MG, E-mail: [luciane.vilela@ufla.br](mailto:luciane.vilela@ufla.br) <sup>(4)</sup> Professor Dr. do Departamento de Agronomia da UFRPE. Rua Dom Manuel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife – PE, E-mail: [bastosgq@hotmail.com](mailto:bastosgq@hotmail.com); [cjose@ufrpe.br](mailto:cjose@ufrpe.br).

**SELECTION OF PROGENY OF SUGARCANE BASED IN PERFORMANCE  
AGROINDUSTRIAL, INDEX SELECTION AND GENETIC DISSIMILARITY.**

**ABSTRACT**

The objective of this work was to select progenies of sugarcane performance-based agribusiness, index selection and genetic dissimilarity. The experiment was conducted in the agricultural area of Usina Santa Tereza, Goiana - PE, during the agricultural year 2006/2007. Were used as the randomized block design with five repetitions, the variables analyzed were: pol tons per hectare (PTH), sugarcane tons per hectare (STH), fiber (FB), corrected pol % (CPP), purity (PTY), content soluble solids (BX), reducing sugar (RS) and total retrievable sugar (TRS). Carried out the analysis of variance and estimation of genetic parameters, the standardized mean Euclidean distance and the distance of Rogers were used as measures of dissimilarity matrices which were correlated by the Mantel test. The F-test showed a significant and high estimate of average heritability for variables PTH and STH indicating the possibility of success in selection for these characters. The dissimilarity measures used in this study allowed the identification of different progenies providing sugarcane plant breeding programs safer choice of crosses to be made.

Keywords: Correlation matrix, Genetic distance, Hybridization, *Saccharum spp.*

## 1. INTRODUÇÃO

Entre as espécies cultivadas de grande valor comercial está a cana-de-açúcar que é produzida em larga escala por diversos países. Nesse contexto, destaca-se o Brasil como maior produtor mundial a mais de 28 anos.

De acordo com MAMEDE et al. (2002), as variedades comerciais de cana-de-açúcar apresentam, com o passar do tempo, um declínio nos rendimentos agrícola e industrial devido a um processo conhecido como degenerescência varietal.

Para SILVA (2008), esse problema ainda persiste e a vida útil de algumas variedades comerciais tem sido cada vez menor. Por este motivo é fundamental avaliar o desempenho agrícola e industrial de progênies elites que apresentam elevado potencial para seleção de genitores com boa performance *per se* a serem utilizados em trabalhos de hibridação.

Na fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar, denominada de fase T1, a seleção realizada entre progênies é superior àquela entre plantas individuais, devendo-se proceder à seleção com base na avaliação das médias das progênies (MATSUOKA et al., 2005). Este procedimento tem sido empregado com sucesso pelos fitomelhoristas, sobretudo para a seleção com base em caracteres que apresentam baixa herdabilidade (SKINNER et al., 1987).

O objetivo primordial dos programas de melhoramento é chegar à obtenção de indivíduos superiores com excelente potencial heterótico para substituição das variedades comerciais em virtude do problema supracitado. Para superar esta limitação, indivíduos promissores são cruzados anualmente. Assim sendo, após a avaliação das progênies e identificação daquelas que apresentam médias fenotípicas superiores é importante quantificar a divergência genética existente entre elas na tentativa maximizar a heterose com a escolha de genitores divergentes.

Quantificada a divergência genética entre as progênies avaliadas é possível, por meio do teste de Mantel, correlacionar às matrizes de distâncias. Tal procedimento proporciona ao

fitomelhorista uma maior consistência nos resultados visto que, por meio deste procedimento pode ser testada a eficiência de duas medidas de dissimilaridade, observar a concordância entre elas e, conseqüentemente, ter maior segurança na escolha dos cruzamentos a serem realizados (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

Assim sendo, este trabalho teve por objetivo selecionar novas progênies de cana-de-açúcar com base no desempenho agroindustrial, índices de seleção e dissimilaridade genética.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, classificado por KOFFLER et al. (1986), na área agrícola da Usina Santa Tereza, Engenho Terra Rica, município de Goiana, com coordenadas geográficas (07°33' S e 35°00' W) e altitude de 13 m, durante o ano agrícola 2006/2007 em argissolo vermelho-amarelo de textura arenosa.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com cinco repetições. Foram avaliadas seis progênies, constituídas de 200 indivíduos cada, sendo três consideradas padrões, oriundas de multiplicação clonal das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129 e três de autofecundação dessas mesmas variedades conforme identificado (Tabela 1). Para o controle efetivo da autofecundação utilizaram-se campânulas de TNT, medindo 0,50 cm de raio e 1,20 m de comprimento totalmente fechadas (Figura 1).

Cada parcela experimental foi constituída por 5 linhas de 8 m, espaçadas de 1,20 m com 8 plântulas por linha com 1 m entre plantas, totalizando assim 40 plântulas por parcela. As correções de pH do solo e adubações do campo foram realizadas conforme o sistema de produção canavieira da empresa agroindustrial.

O corte de cana planta foi realizado no décimo quarto mês. As variáveis analisadas foram: toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR), a açúcar total recuperável (ATR).

A produtividade por área (TCH) foi estimada efetuando-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, transformando-os posteriormente em TCH. Toneladas de pol por hectare (TPH) foi obtido por meio da multiplicação do peso de cana por hectare (TCH) pelo percentual de sacarose aparente. O teor de sólidos solúveis (BRIX) foi mensurado com refratômetro de campo, representado por uma leitura de amostra homogênea do caldo de dez colmos retirados ao acaso de cada parcela. Para calcular as variáveis fibra, pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR), seguiu-se a metodologia proposta por Fernandes (FERNANDES, 2003).

A análise de variância foi realizada segundo a metodologia descrita por GOMES (1990), de acordo com o modelo matemático fixo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Onde:  $Y_{ij}$ : é a observação do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco;

$\mu$ : média geral;  $g_i$ : é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo;

$b_j$ : é o efeito do  $j$ -ésimo bloco;

$\varepsilon_{ij}$ : é o componente aleatório.

As médias foram agrupadas pelo Teste de Scott & Knott, ao nível de 1% de probabilidade ( $p < 0,01$ ).

Os parâmetros genéticos foram estimados de acordo com o modelo proposto por VENCOVSKY e BARRIGA (1992), obtendo-se a variância genética e ambiental, os coeficientes de variação genética e ambiental e a herdabilidade média.

Os índices de seleção foram construídos com base na porcentagem de indivíduos selecionados (seleção massal) nas fases T1, T2 e T3, de acordo com o programa de melhoramento da RIDESA. Indiretamente, procedeu-se a seleção em caracteres secundários como hábito de crescimento, tipo de despalhe, pragas, doenças, florescimento, rachadura e chochamento. Tendo o Brix e o número de colmos os caracteres principais a serem selecionados (PEDROZO et al., 2006).

Na fase T2, utilizou-se o delineamento de blocos aumentados de Federer com quatro blocos constituídos por tratamentos comuns (variedades padrão: RB943365, RB867515 e RB863129) e tratamentos regulares (indivíduos selecionados em T1). Cada clone foi representado por 2 linhas de 5 m, sendo cada bloco constituído por 8 clones e 3 testemunhas. Na fase T3, utilizou-se o mesmo delineamento com três blocos, sendo cada um constituído por 3 testemunhas e 5 clones cada um representado por 2 linhas de 5 m.

Para quantificar a divergência genética entre as progênes avaliadas, utilizou-se como medidas de dissimilaridade a distância Euclidiana média padronizada e a distância de Rogers.

As matrizes de distâncias, geradas pelas medidas de dissimilaridade, foram correlacionadas pelo Teste de Mantel. As análises genético-estatísticas foram processadas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2006).

### **3. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

A análise de variância (Tabela 2) detectou diferenças significativas, pelo teste F, a 1 % de probabilidade ( $p < 0,01$ ) para as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH) e toneladas de cana por hectare (TCH). Este resultado evidencia a ocorrência de uma alta magnitude de variabilidade genética entre as progênes avaliadas, para esses dois caracteres, que são

considerados os mais importantes componentes de produção em cana-de-açúcar (SILVA, 2008). MELO et al. (2006) apresentaram resultados concordantes para essas duas variáveis.

Os coeficientes de variação (CV%), de acordo com a classificação proposta por GOMES (1990), oscilaram entre baixo e médio, variando de 3,16 % para a variável pureza (PZA) a 19,20 % para a variável toneladas de pol por hectare (TPH), confirmando uma boa precisão experimental. BRESSIANI (2001) apresentou semelhante faixa de valores para o coeficiente de variação em relação ao teor de sólidos solúveis (BRIX) e toneladas de cana por hectare (TCH), estimados em torno de 2,6 % e 12,8 %, respectivamente, cuja oscilação desses valores foi classificado como baixo e médio, sendo, portanto, concordante com os resultados apresentados no presente trabalho. Entretanto para a variável açúcares redutores (AR), o coeficiente de variação foi considerado alto, estimado em torno de 24,96 %. RAMALHO et.al. (1993) ressaltam que essa alteração pode ser atribuída a diversos fatores, dentre os quais se podem citar: problemas de amostragem, diferenças existentes entre populações e diferenças de ambiente.

Em relação aos parâmetros genéticos identificados na Tabela 3, observa-se variância genética elevada e altamente superior a variância ambiental para as variáveis TPH e TCH, indicando que a expressão desses importantes componentes de produção, em sua maior parte são devidos aos efeitos genéticos, sugerindo assim, possibilidade de sucesso de seleção neste ambiente.

O índice b que expressa a razão entre o coeficiente de variação genética (CVg) e o coeficiente de variação experimental (CVe), apresentou valores de magnitudes satisfatórias para as variáveis TPH e TCH, estimados em 1,53 e 1,84 respectivamente. Para FERREIRA (2006), quando o índice b atinge valor igual ou superior a 1, indica uma situação muito favorável para seleção e um grande potencial das progênies para fins de melhoramento.

Os valores da herdabilidade média foram elevados para as variáveis TPH (92,15 %) e TCH (94,43 %), mostrando predominância do componente genético sobre o ambiental. Conforme descreve FALCONER (1987), a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genético neste ambiente foi altamente satisfatório e, conseqüentemente, proporciona ao fitomelhorista perspectivas favoráveis para uma seleção com base nesses caracteres, além de um indicativo de sucesso na recombinação das progênies avaliadas.

Para BORÉM (2001) este resultado assume fundamental importância para o fitomelhorista, sobretudo no que diz respeito à escolha dos métodos de melhoramento mais adequados para as progênies avaliadas com perspectivas de ganhos significativos na seleção. RAMALHO et al. (2001) complementando este entendimento, afirma que através do conhecimento da variabilidade decorrente das diferenças genéticas existentes, manifestadas pelos caracteres agrônômicos, é possível conhecer o potencial da população para a seleção. Sendo a herdabilidade a porção herdável da variabilidade total, com estes valores elevados para os caracteres TPH e TCH, confirma-se um elevado potencial para a seleção de indivíduos superiores nas progênies em apreço.

Estes elevados valores da herdabilidade média para as variáveis TPH e TCH confirmam a eficiência em se realizar a seleção com base na média das progênies para caracteres de baixa herdabilidade. MORAES (2008) obteve valores satisfatórios para esses mesmos caracteres quando realizou a seleção com base na média das progênies. OLIVEIRA et al. (2008), ao selecionarem progênies superiores, em cana-de-açúcar, para a produção de biomassa, observaram que a herdabilidade individual para a variável TCH apresentou média magnitude, em contrapartida, ao estimarem a herdabilidade média em nível de progênies, esses mesmos autores observaram uma alta magnitude para a variável TCH.

O agrupamento de médias pelo teste de Scott & Knott (Tabela 4), a 1% de probabilidade ( $p < 0,01$ ), possibilitou a formação de grupos, de progênies, superiores para as variáveis TPH e

TCH. Constatou-se que as progênies provenientes da autofecundação foram estatisticamente inferiores às variedades consideradas padrões. Inicialmente, poder-se-ia afirmar que esta inferioridade, em relação à produtividade, observada nas progênies oriundas da autofecundação, seria proveniente da depressão por endogamia. Todavia, é importante salientar o destaque que foi exposto anteriormente na metodologia deste trabalho, pois as parcelas experimentais formadas pelas variedades padrões foram constituídas, nos cinco blocos do experimento, por clones das variedades comerciais. Isto significa que a variância observada dentro das parcelas constituídas pelas variedades padrões é puramente de natureza ambiental, pois se trata de indivíduos geneticamente idênticos.

De acordo com SILVA (2008), as variedades comerciais de cana-de-açúcar utilizadas como genitores em programas de melhoramento são altamente heterozigóticas, sendo assim, na primeira geração após uma hibridação ou uma autofecundação, ocorre uma ampla segregação. Sendo a segregação obtida por autofecundação de menor amplitude. E como se trata de um complexo poliplóide, as progênies originadas de uma autofecundação, de um indivíduo heterozigoto, constituem uma série heteroplóide, isto é, com vários níveis de ploidia e que apresentam números cromossômicos variáveis.

STEVENSON (1953) estudando uma progênie obtida pela autopolinização de *Saccharum officinarum*, observou a presença do mesmo número de cromossomos nos seus descendentes,  $2n=80$ . Quando observou os descendentes da autofecundação da variedade B 4362 verificou uma redução no número de cromossomos de 118 para 87 e, por fim, analisando indivíduos resultantes da autopolinização da variedade B37161, concluiu que o número de cromossomos havia aumentado. Obviamente, com esta segregação complexa da cana-de-açúcar, que é uma espécie aloploplóide, é de se esperar que as progênies originadas pela autofecundação sejam constituídas por indivíduos geneticamente superiores e inferiores. Estes últimos possivelmente contribuíram para uma diminuição na média da produtividade das progênies de

autofecundação, já que para se estimar a produtividade por área (TCH), por exemplo, efetua-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, transformando-os posteriormente em TCH, não havendo seleção dos melhores indivíduos a serem mensurados.

Neste contexto, é importante avaliar os índices de seleção das progênies de autofecundação (Tabela 5) em todas as etapas de seleção até a fase experimental. Em geral os índices de seleção tem se mostrado baixos e na literatura são poucos os trabalhos que empregam esta metodologia, já que os mais conhecidos são os trabalhos de MILLER et al. (1978); SINGH e KHAN (1998). Estes autores estimaram os índices de seleção a partir de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método da análise de variância e afirmaram que os índices de seleção foram considerados baixos. Para contornar esta situação eles utilizaram combinações de caracteres agrônômicos com importantes componentes de produção. Para PEDROZO et al. (2009) esta metodologia de seleção correlacionada pode se mostrar inadequada, tendo em vista que, podem ser observadas correlações negativas entre os caracteres de interesse.

PILLAI e ETHIRAJAN (1993), estimando índices de seleção em três estágios de seleção em cana-de-açúcar, obtiveram resultados, na fase de seedlings, que oscilaram segundo a tendência mostrada na Tabela 6. Esses autores concluíram que as variáveis produção de cana, número de colmos e massa de colmos foram as que mais contribuíram para a construção dos índices de seleção.

De maneira análoga, SINGH e KAHN (1998) estimaram os índices de seleção para produção de cana, observaram baixas correlações positivas e muitas correlações negativas entre os caracteres tidos como importantes componentes de produção. No entanto, sugeriram que para melhorar a seleção para produção de cana, os caracteres que mais contribuíram foi número de cana moída e produção de cana.

Retomando a avaliação dos índices de seleção das progênies de autofecundação (Tabela 5), observa-se elevados valores nas três fases de seleção do melhoramento da cana-de-açúcar. É importante salientar que se trata de uma seleção baseada simplesmente no teor de sólidos solúveis (BRIX), número de colmos e caracteres morfológicos gerais. E que os valores estimados dos índices de seleção, no programa de melhoramento da RIDESA, conduzidos na EECAC, atingiam na fase T1 uma média de 0,18 % (Tabela 7). Desta forma, concluí-se que a autofecundação evidenciou maiores possibilidades para a seleção de indivíduos promissores.

Na Tabela 8, encontram-se as estimativas de dissimilaridade, com base na distância Euclidiana Média Padronizada e na Distância de Rogers, das progênies de cana-de-açúcar avaliadas no presente trabalho. Observa-se que as duas medidas de dissimilaridade foram concordantes em apresentarem como mais distantes geneticamente as progênies 2 e 3, cujas distâncias foram estimadas em torno de 2,07 e 4,90 para as distâncias Euclidiana Média Padronizada e a Distância de Rogers, respectivamente. Medidas de dissimilaridade satisfatórias foram observadas também entre as progênies 4 e 3 e entre as progênies 5 e 3 cujos valores foram estimados em torno de 4,07 e 4,68 pela distância de Rogers e 1,88 e 2,03 pela distância Euclidiana Média Padronizada.

Deve ser ressaltado que a distância genética observada da progênie 3 com relação a progênie 4, sendo a progênie 3 proveniente da autofecundação da variedade comercial RB867515 e a progênie 4 constituída de clones da variedade comercial RB867515, pode ser explicada devido ao fato das variedades comerciais, que são híbridos interespecíficos, apresentarem uma organização cromossômica complexa. Apresentando as progênies, um genoma complexo, derivado de cinco espécies pertencentes ao gênero *Saccharum*, conforme menciona MATSUOKA et al. (2005) e vários níveis de ploidia, em virtude da segregação altamente complexa de poliplóides durante a meiose, este resultado é perfeitamente possível e esperado tal como ficou constatado.

Pelo Teste de Mantel (Tabela 9), reforça-se a certeza de que há grande concordância entre as medidas de dissimilaridade, visto que, a correlação entre as medidas de dissimilaridade foi significativa a 1% de probabilidade, tendo um valor estimado em torno de 0,99 conforme ilustra a figura 2.

Assim sendo, o fitomelhoramento pode ter a sua disposição resultados favoráveis com base nas medidas de dissimilaridade que foram utilizadas, podendo se escolher com maior segurança os cruzamentos a serem realizados e, conseqüentemente, com perspectivas favoráveis de obtenção de indivíduos desejáveis.

#### 4. CONCLUSÕES

Em virtude dos resultados discutidos e apresentados no presente trabalho, pode-se afirmar que:

1. As altas estimativas de herdabilidade média para as variáveis TPH e TCH indicam possibilidade de sucesso na seleção com base nesses caracteres.
2. A autofecundação revela-se como uma alternativa positiva para uma maior obtenção de indivíduos promissores a serem selecionados nas fases iniciais de qualquer programa fitomelhorista canavieiro.
3. Cruzamentos entre as progênies 2 (RB943365), 4 (RB867515) e 5 (RB863129AUTO) com a progênie 3 (RB867515AUTO) podem sim, resultar em novas combinações de alelos favoráveis com perspectivas de obtenção de novos indivíduos geneticamente superiores.

## **AGRADECIMENTOS**

A Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) e a Usina Santa Tereza por todo o apoio concedido e viabilização da pesquisa e, especialmente, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

**REFERÊNCIAS**

- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.
- BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2006. 442p.
- FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2. ed. Piracicaba: EME, 2003. 240p.
- FERREIRA, P.V. **Melhoramento de Plantas 3: estimacão de parâmetros genéticos**. Maceió: EDUFAL, 2006. p.191-279.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: USP, 1990. 467p

KOFFLER, N.F.; LIMA, J.F.W.F.; LACERDA, M.F. DE; SANTANA, J.F.; SILVA, M.A.

**Caracterização edafo-climática das regiões canavieiras do Brasil: Pernambuco.**

Piracicaba: Ed. Planalsucar, 1986. 78p.

MAMEDE, R.Q.; BASSINELO, A.I.; CASA GRANDE, A, A. MIOQUE, J.Y.J. Potencial produtivo de clones RB de cana-de-açúcar no município de Nova Europa – SP. **STAB:**

açúcar, álcool e subprodutos, v. 20, p. 32-35, 2002.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In:

BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 2005. p.225-274.

MELO, L.J.O.T.; OLIVEIRA, F.J.; BASTOS, G.Q.; ANUNCIACÃO FILHO, C.J.; REIS,

O.V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, v. 65, p. 197-205, 2006.

MILLER, J.D.; JAMES, N.I.; LYRENE, P.M. Selection indices in sugarcane. **Crop Science**,

v. 18, p. 369-372. 1978.

MORAES, M.F. **Avaliação de progênies da fase inicial T1, para indicação de genitores**

**elites de cana-de-açúcar para Pernambuco.** 2008. 81f. Dissertação (Mestrado em

Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de

Pernambuco. Recife.

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

PEDROZO, C.A. **Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. 2006. 109f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa

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

PILLAI, S.V.; ETHIRAJAN, A.S. Selection indices for sugarcane improvement at three stages of selection. **Euphytica**, v. 71, p. 155-159, 1993.

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

RAMALHO, M.A.P. SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. Lavras: ULFA, 2001. 472p.

SILVA, G.C. **Seleção de clones RB de cana-de-açúcar no litoral sul da zona da mata de Pernambuco utilizando técnicas multivariadas**. 2008. 109f. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife.

SINGH, S.P.; KHAN, Q. Selection indices for cane yield in sugarcane. **Indian journal genetics**, v. 58, p. 353-357, 1998.

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

STEVENSON, G.C. The use of selfing and inbreeding with sugarcane. In: PROCEEDINGS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGIST CONGRESS, 8., 1953, British West Indies. **Proceedings**. British West Indies, 1953. p. 509-521.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

**Tabela 1.** Identificação das seis progênes de cana-de-açúcar *Saccharum spp.* quanto aos genitores e procedência.

Progênes	Genitores			Procedência
	Feminino		Masculino	
1. RB943365 AUTO	RB943365		RB943365	RIDESA
2. RB943365	ROC3	X	RB83100	RIDESA
3. RB867515 AUTO	RB867515		RB867515	RIDESA
4. RB867515	RB72545	X	?	RIDESA
5. RB863129 AUTO	RB863129		RB863129	RIDESA
6. RB863129	RB763411	X	?	RIDESA

Nota: ? Policruzamentos

**Tabela 2.** Resumo da análise de variância dos caracteres, toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR), a açúcar total recuperável (ATR), avaliados aos quatorze meses de idade em cana planta, em experimento conduzido na Zona Canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2006/2007.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios							
		TPH	TCH	FIB	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
Blocos	4	2,81	117,95	0,73	0,29	1,08	0,58	0,01	27,07
Trat	5	36,40**	1766,41**	0,08 <sup>ns</sup>	1,08 <sup>ns</sup>	8,59 <sup>ns</sup>	1,08 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	63,39 <sup>ns</sup>
Resíduo	20	2,86	98,42	0,51	0,69	7,06	1,20	0,05	47,80
Média		8,80	61,52	13,60	14,29	84,02	20,65	0,93	142,11
CV(%)		19,20	16,13	5,27	5,81	3,16	5,30	24,96	4,86

\*\* e \* significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F

ns não significativo, pelo teste F

**Tabela 3.** Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR), a açúcar total recuperável (ATR) avaliados aos quatorze meses de idade em cana planta, em experimento conduzido na Zona Canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2006/2007.

Parâmetros Genéticos	TPH	TCH	FIBRA	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
$\sigma_g^2$	6,71	333,60	-0,08	0,08	0,31	-0,02	0,00	3,12
$\sigma_e^2$	2,86	98,42	0,51	0,69	7,06	1,20	0,05	47,80
CVg(%)	29,42	29,69	-99,00	1,97	0,66	-99,00	5,02	1,24
CVg/CVe	1,53	1,84	-99,00	0,34	0,21	-99,00	0,20	0,26
$hm^2(\%)$	92,15	94,43	-522,68	36,57	17,78	-10,76	16,82	24,60

$\sigma_g^2$  Variância genética    CVg Coeficiente de variação genética     $hm^2$  Herdabilidade Média

$\sigma_e^2$  Variância ambiental    CVe Coeficiente de variação ambiental

**Tabela 4.** Agrupamento de médias referente às variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra, pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).

P	Variáveis							
	TPH	TCH	FIBRA	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
1	6,31 b	43,40 b	13,59 a	14,50 a	83,72 a	21,04 a	0,95 a	144,37 a
2*	9,85 a	67,36 a	13,81 a	14,61 a	84,59 a	21,06 a	0,88 a	144,69 a
3	7,51 b	55,90 b	13,58 a	13,38 a	81,73 a	19,88 a	1,12 a	135,35 a
4*	12,07a	84,20 a	13,48 a	14,30 a	85,31 a	20,32 a	0,82 a	141,28 a
5	5,66 b	38,54 b	13,66 a	14,61 a	85,09 a	20,88 a	0,84 a	144,32 a
6*	11,42a	79,69 a	13,45 a	14,31 a	83,69 a	20,72 a	0,96 a	142,66 a

Médias seguidas da mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott & knott, ao nível de 1% de probabilidade.

\* Variedades Padrões. P. Progenies

**Tabela 5.** Índices de seleção construídos com base na porcentagem de indivíduos selecionados nas fases T1, T2 e T3 do melhoramento da cana-de-açúcar de acordo com o programa da RIDESA (EECAC / UFRPE).

Fases de Seleção	Progênes	Total de indivíduos	Índices de seleção %
T1	RB863129 AUTO	200	2,0 (4)
	RB867515 AUTO	200	6,5 (13)
	RB943365 AUTO	200	8,0 (16)
T2	RB863129 AUTO	4	50,0 (2)
	RB867515 AUTO	13	30,8 (4)
	RB943365 AUTO	16	50,0 (8)
T3	RB863129 AUTO	2	0 (0)
	RB867515 AUTO	4	75,0 (3)
	RB943365 AUTO	8	25,0 (2)

**Tabela 6.** Índices de seleção construídos com base na correlação de caracteres agronômicos (Fonte: PILLAI, S.V.; ETHIRAJAN, A.S. Selection índices for sugarcane improvement at three stages of selection. *Euphytica*, v. 71, 1993. p. 155-159.).

Índices de seleção
$I1 = 3,7406Y + 0,7784N + 0,8296W$
$I2 = 3,9146Y + 0,5875N + 0,8144W + 0,0569L + 0,6519D$
$I3 = 7,5598Y + 2,8031N + 0,3389W + 0,8589L + 0,6517D + 0,6519B$
$I4 = 0,3754N + 0,1445W + 0,6804L - 0,5560D + 0,3442B$
$I5 = 8,7295N + 0,1225L - 8,6620D + 1,3782B$

Nota: Y = Produção de cana

N = Número de colmos

B = Brix

L = Comprimento de colmos

D = Diâmetro de colmos

W = Massa de colmos

**Tabela 7.** Índices de seleção estimados com base na porcentagem de indivíduos selecionados no programa de melhoramento de cana-de-açúcar da RIDESA conduzidos na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do carpina (EECAC – UFRPE).

Série	Fases de seleção					
	T1	%	T2	%	T3	%
1991	5,915	3,52	208	43,27	90	54,44
1993	2,808	2,07	58	65,52	38	26,32
1994	55,000	1,45	795	11,45	91	46,15
1995	70,156	0,51	358	27,09	97	53,61
1996	91,444	0,73	669	33,33	223	25,56
1997	93,519	0,22	203	38,42	78	64,10
1998	76,584	0,14	170	43,53	74	98,65
1999	67,944	0,46	94	95,74	90	92,22
2000	70,128	0,89	321	34,58	111	86,49
2001	65,316	1,08	581	47,16	274	35,40
2002	72,642	0,39	782	43,61	341	32,84
2003	75,355	0,15	297	17,17	51	37,25
2004	162,006	0,33	248	16,53	41	65,85
2005	432,105	0,28	1,441	10,96	158	AS
2006	477,734	AS	1,354	AS	AS	AS
2007	671,865	AS	AS	AS	AS	AS
<b>Total</b>	<b>2,490,521</b>	<b>0,18</b>	<b>4,536</b>	<b>34,35</b>	<b>1,558</b>	<b>49,23</b>

Nota: AS. Ausência de seleção

**Tabela 8.** Medidas de dissimilaridade entre seis progênies de cana-de-açúcar. Abaixo da diagonal estão apresentados os valores referentes à distância Euclidiana Média Padronizada e na parte superior da diagonal os da distância de Rogers.

Progênies	1	2	3	4	5	6
1		1,06	3,46	2,60	<b>0,38</b>	1,56
2	0,94		<b>4,90</b>	1,74	1,04	1,46
3	1,72	<b>2,07</b>		4,07	4,68	3,05
4	1,43	1,24	1,88		2,66	0,59
5	<b>0,59</b>	0,89	2,03	1,42		2,40
6	1,09	1,16	1,60	0,72	1,38	

Nota: 1. RB943365 AUTO

2. RB943365

3. RB867515 AUTO

4. RB867515

5. RB863129 AUTO

6. RB863129

**Tabela 9.** Correlação de Matrizes pelo teste de Mantel

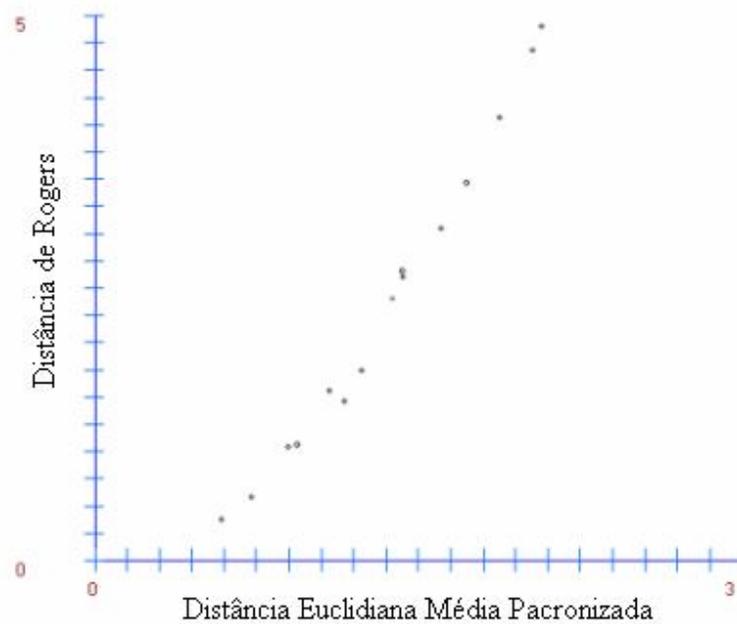
Correlação	0,99147	Teste de Mantel	
N.dados	15	Níveis críticos 1%	0,55283
Valor de t	27,43561	Níveis críticos 5%	0,52057
Significância (%)	0,00001**	Significância	++

\*\*, \* : Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste t.

++, + : Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste de Mantel baseado em 1000 simulações.



**Figura 1.** Campânulas utilizadas para o controle efetivo da autofecundação das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129.



**Figura 2.** Gráfico ilustrativo da relação entre a Distância Euclidiana Média Padronizada e a Distância de Rogers entre as seis progênes de cana-de-açúcar, obtida a partir da avaliação de oito caracteres agroindustriais.

### **CAPÍTULO III**

---

## **APLICAÇÃO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR.**

Artigo enviado para publicação na revista  
Ciência Agrônômica “UFC”.

## **Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar<sup>1</sup>**

Application of multivariate techniques in the study of genetic diversity in sugarcane.

**João de Andrade Dutra Filho<sup>2\*</sup>, Luiz José Oliveira Tavares de Melo<sup>3</sup>, Luciane Vilela Resende<sup>4</sup>, Clodoaldo José da Anunciação Filho<sup>5</sup> e Gerson Quirino Bastos<sup>5</sup>**

**Resumo** – Neste trabalho, objetivou-se avaliar a divergência genética em progênies de cana-de-açúcar, através de técnicas multivariadas, com base em oito caracteres agroindustriais. O trabalho foi conduzido na área agrícola da Usina Santa Tereza, município de Goiana (PE), durante o ano agrícola 2007/2008. Utilizou-se como delineamento experimental os blocos casualizados com cinco repetições, as variáveis analisadas foram: TPH, TCH, FIB, PCC, PZA, BRIX, AR e ATR. Realizou-se a análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos, a distância generalizada de Mahalanobis foi utilizada como medida de dissimilaridade. Foram utilizados o método hierárquico de ligações médias (UPGMA) e o método de otimização de Tocher.

**Palavras chave** – Dissimilaridade. Híbridação. Melhoramento Genético. *Saccharum spp.*

---

\* Autor para correspondência

<sup>1</sup> Extraído da dissertação de mestrado apresentada pelo primeiro autor ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento genético de Plantas” da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

<sup>2</sup> Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia PPGAMGP/UFRPE, Rua Dom Manuel de Medeiros s/n, Dois Irmãos CEP 52171-Recife – PE, Brasil, [filho-dutra@ig.com.br](mailto:filho-dutra@ig.com.br).

<sup>3</sup> Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina EECAC/UFRPE, CEP 55810-000, Carpina – PE, Brasil, [luizjose@hotmail.com](mailto:luizjose@hotmail.com)

<sup>4</sup> Departamento de Agricultura, DAG/UFLA, CEP 37200-000, Lavras – MG, Brasil, [luciane.vilela@ufla.br](mailto:luciane.vilela@ufla.br)

<sup>5</sup> Departamento de Agronomia, DEPA/UFRPE, CEP 52171-Recife – PE, Brasil, [cjose@ufrpe.br](mailto:cjose@ufrpe.br); [bastosgq@hotmail.com](mailto:bastosgq@hotmail.com)

O coeficiente de herdabilidade média foi de alta magnitude para as variáveis TPH e TCH, indicando possibilidade de sucesso na seleção com base nesses caracteres. A metodologia aplicada permitiu a identificação de progênies de maior divergência genética proporcionando ao fitomelhoramento canavieiro da RIDESA sugestão de cruzamentos a serem realizados futuramente.

**Abstract** – This study aimed to evaluate the genetic diversity in progenies of cane sugar by means of multivariate techniques based on eight characters agribusiness. The work was conducted in the agricultural area of Usina Santa Teresa, Goiana (PE), during the agricultural year 2007/2008. Was used as the randomized block design with five repetitions, the variables analyzed were: pol tons per hectare (PTH), sugarcane tons per hectare (STH), fiber (FB), corrected pol % (CPP), purity (PTY), content soluble solids (BX), reducing sugar (RS) and total retrievable sugar (TRS). Carried out the analysis of variance and estimation of genetic parameters, the Mahalanobis distance was used as a measure of dissimilarity. We used the method of hierarchical links averages (UPGMA) method and the optimization method of Tocher. The average coefficient of heritability was high magnitude for the variables TPH and TCH indicating the possibility of success in selection for these characters. The methodology allowed the identification of progenies of providing greater genetic divergence of the sugarcane plant breeding RIDESA suggestion crosses to be made in the future.

**Keywords** – Dissimilarity, Hybridization, Genetic Improvement, *Saccharum spp.*

## **Introdução**

A variabilidade genética disponível para seleção, em cana-de-açúcar, provém de cruzamentos realizados entre genitores de interesse que já apresentam um conjunto de genes relacionados a caracteres tidos como importantes componentes de produção.

Diante de um programa de melhoramento por hibridação, a fim de desenvolver uma nova variedade, primeiramente é necessário que se tenha variabilidade genética dos progenitores envolvidos para melhor selecioná-los.

A grande probabilidade de obtenção de uma nova variedade se dá quando se efetuam seleção e cruzamentos entre genitores que apresentam caracteres agrônômicos favoráveis (PEDROZO et al., 2009). Nesse contexto, é fundamental avaliar a divergência genética entre os genitores envolvidos, para que através dos cruzamentos realizados aumente-se a possibilidade de obtenção de indivíduos com excelente potencial heterótico.

De acordo com Shimoya et al. (2002), essa divergência genética pode ser quantificada através de métodos preditivos que levam em consideração caracteres agrônômicos, fisiológicos, morfológicos e moleculares. Entre as medidas de dissimilaridade mais utilizadas nos estudos de divergência genética está a distância generalizada de Mahalanobis. Esta leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas, possíveis de serem quantificadas, quando os genótipos se encontram em experimentos desenvolvidos em delineamentos experimentais (AMORIM et al., 2007).

Ao utilizar medidas de dissimilaridade, o número de estimativas obtidas é muito grande, tornando impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual destas estimativas. Por este motivo, o melhorista utiliza os métodos de agrupamento ou de projeções de distâncias em gráficos bidimensionais, tomando por base as coordenadas obtidas a partir da medida de dissimilaridade escolhida (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Os métodos de agrupamento podem ser divididos em hierárquicos e de otimização, entre os métodos de otimização mais utilizados na área de melhoramento vegetal destaca-se o

de Tocher. Neste método adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ, 2005).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de um dendrograma de alto conteúdo informativo (CRUZ, 2005).

Com este trabalho objetivou-se avaliar a divergência genética em progênies de cana-de-açúcar oriundas de autofecundação, através de técnicas multivariadas, com base em oito caracteres agroindustriais.

## Material e Métodos

O experimento foi conduzido na zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco classificado por Koffler et al. (1986), na área agrícola da Usina Santa Tereza, Engenho Terra Rica, município de Goiana, com coordenadas geográficas (07°33' S e 35°00' W) e altitude de 13 m, durante o ano agrícola 2007/2008, em argissolo vermelho-amarelo de textura arenosa.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com cinco repetições. Foram avaliadas seis progênies, constituídas de 200 indivíduos cada, sendo três consideradas padrões, oriundas de multiplicação clonal das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129 e três de autofecundação dessas mesmas variedades conforme identificado (Tabela 1).

**Tabela 1** – Identificação das seis progênies de cana-de-açúcar quanto aos genitores e procedência.

Progênies	Genitores			Procedência
	Feminino		Masculino	
1. RB943365 AUTO	RB943365		RB943365	RIDESA
2. RB943365	ROC3	X	RB83100	RIDESA
3. RB867515 AUTO	RB867515		RB867515	RIDESA
4. RB867515	RB72545	X	?	RIDESA
5. RB863129 AUTO	RB863129		RB863129	RIDESA
6. RB863129	RB763411	X	?	RIDESA

Para o controle efetivo da autofecundação utilizaram-se campânulas de TNT, medindo 0,50 cm de raio e 1,20 m de comprimento, totalmente fechadas (Figura 1).



**Figura 1** – Campânulas utilizadas para o controle efetivo da autofecundação das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129.

Cada parcela experimental foi constituída por 5 linhas de 8 m, espaçadas de 1,20 m com 8 plântulas por linha com 1 m entre plantas, totalizando assim 40 plântulas por parcela. As correções de pH do solo e adubações do campo foram realizadas conforme o sistema de produção canavieira da empresa agroindustrial.

O corte foi realizado na fase T1 cana soca. As variáveis analisadas foram: toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra (FIB), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).

A produtividade por área (TCH) foi estimada efetuando-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, transformando-os posteriormente em TCH. Toneladas de pol por hectare (TPH) foi obtido por meio da multiplicação do peso de cana por hectare (TCH) pelo percentual de sacarose aparente. O teor de sólidos solúveis (BRIX) foi mensurado com refratômetro de campo representado por uma leitura de amostra homogênea do caldo de dez colmos, retirados ao acaso de cada parcela. Para calcular as variáveis fibra, pol % corrigida

(PCC), pureza (PZA), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR), seguiu-se a metodologia proposta por Fernandes (FERNANDES, 2003).

A análise de variância foi realizada segundo a metodologia descrita por Gomes (1990), de acordo com o modelo matemático fixo:  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \epsilon_{ij}$ , onde,  $Y_{ij}$ : é a observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;  $\mu$ : média geral;  $g_i$ : é o efeito do i-ésimo genótipo;  $b_j$ : é o efeito do j-ésimo bloco;  $\epsilon_{ij}$ : é o componente aleatório. As médias foram agrupadas pelo Teste de Scott & Knott, ao nível de 1% de probabilidade.

Os parâmetros genéticos foram estimados de acordo com o modelo proposto por Vencovsky e BARRIGA (1992), obtendo-se a variância genética e ambiental, os coeficientes de variação genética e a herdabilidade média.

Para quantificar a divergência genética entre as progênies avaliadas, utilizou-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis, obtida por meio da expressão:

$$D^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta .$$

Onde:

$D_{ii}^2$ : é a distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\Psi$ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$ , sendo:  $d_j = Y_{ij} - Y_i'$ ;

$Y_{ij}$ : é a média do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima variável.

Como técnica de agrupamento empregou-se o método de otimização de Tocher e para a construção do dendrograma utilizou-se o método hierárquico do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages), desenvolvido por Sokal & Michener (SOKAL; MICHENER, 1958).

As análises genético-estatísticas foram processadas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2006).

## Resultados e Discussão

Constata-se, pelo teste F, que a análise de variância (Tabela 2), detectou diferenças significativas a 1% de probabilidade ( $P < 0,01$ ) para as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH) e toneladas de cana por hectare (TCH).

**Tabela 2** – Resumo da análise de variância das características avaliadas na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios							
		TPH	TCH	FIB	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
Blocos	4	2,30	50,27	1,65	1,35	6,69	1,27	0,04	102,00
Tratamentos	5	37,21**	1705,05**	0,73 <sup>ns</sup>	1,14 <sup>ns</sup>	2,64 <sup>ns</sup>	1,50 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	92,93 <sup>ns</sup>
Resíduo	20	0,99	40,00	0,63	0,74	14,34	1,25	0,10	49,41
Média		7,08	48,70	14,67	14,43	88,05	20,28	0,57	140,21
CV(%)		14,09	12,99	5,39	5,95	4,30	5,51	55,85	5,01

\*\* e \* significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F  
ns não significativo, pelo teste F

Este resultado evidencia a ocorrência de uma alta magnitude de variabilidade genética entre as progênies avaliadas, para esses dois caracteres, que são considerados os mais importantes componentes de produção em cana-de-açúcar (BASTOS et al., 2003). Melo et al. (2009) apresentaram resultados concordantes para essas duas variáveis.

Os valores do coeficiente de variação (CV%) oscilaram entre baixo e médio, de acordo com a classificação proposta por Gomes (1990), variando de 4,30% para a variável pureza (PZA) a 14,09% para a variável toneladas de pol por hectare (TPH), confirmando assim boa precisão experimental. Bressiani (2002) apresentou semelhante faixa de valores para o coeficiente de variação em relação ao teor de sólidos solúveis (BRIX) e toneladas de cana por hectare (TCH) estimados em torno de 2,6% e 12,8% respectivamente, cuja oscilação desses

valores foi classificado como baixo e médio. Estudando a repetibilidade de caracteres agroindustriais em cana-de-açúcar, Santos et al. (2004), obteve um coeficiente de variação em torno de 11,81% para a variável TPH, classificado também como médio, sendo, portanto, concordante com os resultados apresentados no presente trabalho. Para a variável açúcares redutores (AR) o coeficiente de variação foi considerado alto, estimado em torno de 55,85%. Ramalho et al. (1993) ressaltam que essa alteração pode ser atribuída a diversos fatores, dentre os quais se podem citar: problemas de amostragem, diferenças existentes entre populações e diferenças de ambiente.

Os parâmetros genéticos estimados no presente trabalho estão identificados na Tabela 3.

**Tabela 3** – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres avaliados na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.

Parâmetros Genéticos	TPH	TCH	FIBRA	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
$\sigma_g^2$	7,24	333,01	0,02	0,08	-2,34	0,05	-0,02	8,70
$\sigma_e^2$	0,99	40,01	0,63	0,74	14,34	1,25	0,11	49,41
CVg(%)	38,02	37,47	0,96	1,98	-99,00	1,11	-99,00	2,10
CVg/CVe	2,70	2,89	0,18	0,33	-99,00	0,20	-99,00	0,42
$h_m^2$ (%)	97,33	97,65	13,77	35,63	-442,84	16,77	-485,07	46,83

$\sigma_g^2$  Variância genética

$\sigma_e^2$  Variância ambiental

CVg Coeficiente de variação genética

CVe Coeficiente de variação ambiental

$h_m^2$  Herdabilidade Média

Para as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH) e toneladas de cana por hectare (TCH), a variância genética foi elevada e altamente superior a variância ambiental indicando que a expressão desses importantes componentes de produção, em sua maior parte, são devidos aos efeitos genéticos, sugerindo assim possibilidade de sucesso para a seleção neste ambiente.

Os valores expressos pelos coeficientes de herdabilidade média foram elevados para as variáveis TPH (97,33%) e TCH (97,65%) mostrando predominância do componente genético sobre o ambiental. Conforme descreve Falconer (1987), a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genético neste ambiente foi altamente satisfatório e conseqüentemente proporciona ao fitomelhorista perspectivas favoráveis para uma seleção com base nesses caracteres, além de um indicativo de sucesso na recombinação das progênies avaliadas. Estes resultados são ainda mais elevados do que os registrados por Melo et al. (2006) que obtiveram valores de herdabilidade média estimados em 92,4% para TPH e 94,6% para TCH na fase de cana soca em experimento conduzido na região da Mata Norte de Pernambuco.

Os coeficientes de variação genética para as variáveis TPH e TCH tiveram valores estimados em torno de 38,02% e 37,47% respectivamente, evidenciando presença de variabilidade genética e grande possibilidade de êxito na seleção. Acima de 10%, os coeficientes de variação genética são considerados altos de acordo com Oliveira et al. (2008) que obtiveram resultados semelhantes. Bastos et al. (2007) obtiveram valores estimados acima de 10% para o coeficiente de variação genética e afirmaram existir a presença de variabilidade genética considerável, sendo o maior valor estimado em torno de 20% para o caráter toneladas de brix por hectare (TBH). Com os coeficientes de variação genética estimados em valores acima de 30%, no presente trabalho, reforça-se ainda mais a possibilidade de se praticar uma seleção mais efetiva entre as progênies avaliadas.

O agrupamento de médias pelo teste de Scott & Knott (Tabela 4) a 1% de probabilidade ( $P < 0,01$ ) possibilitou a formação de grupos, de progênies, superiores para as variáveis TPH e TCH.

**Tabela 4** – Agrupamento de médias referente às variáveis toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra, pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).

Progênes	Variáveis							
	TPH	TCH	FIBRA	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
1	4,99 b	35,42 c	15,10 a	13,97 a	86,74 a	20,10 a	0,67 a	136,898 a
2*	8,11 a	53,30 b	14,06 a	15,07 a	88,47 a	20,86 a	0,54 a	145,926 a
3	6,65 b	46,88 b	14,96 a	14,17 a	88,90 a	19,84 a	0,50 a	137,17 a
4*	9,86 a	65,80 a	14,66 a	14,99 a	88,14 a	21,04 a	0,56 a	145,452 a
5	3,04 c	21,01 d	14,83 a	14,28 a	87,92 a	20,16 a	0,58 a	138,916 a
6*	9,83 a	69,79 a	14,42 a	14,08 a	88,13 a	19,70 a	0,56 a	136,91 a

Médias seguidas da mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott, ao nível de 1% de probabilidade.

\* Variedades Padrões

Constata-se que as progênes provenientes da autofecundação foram estatisticamente inferiores as variedades consideradas padrões. Inicialmente poder-se-ia afirmar que esta inferioridade, em relação à produtividade, observada nas progênes oriundas da autofecundação, seria proveniente da depressão por endogamia. Todavia é importante salientar o que foi exposto anteriormente na metodologia deste trabalho já que as parcelas experimentais formadas pelas variedades padrões foram constituídas, nos cinco blocos do experimento, por clones das variedades comerciais. Isto significa que a variância observada dentro das parcelas constituídas pelas variedades padrões é puramente de natureza ambiental, pois se trata de indivíduos geneticamente idênticos.

Com a segregação complexa da cana-de-açúcar, que é uma espécie aloploplóide, é de se esperar que as progênes originadas pela autofecundação sejam constituídas por indivíduos geneticamente superiores e inferiores. Estes últimos possivelmente contribuíram para uma diminuição na média da produtividade das progênes de autofecundação, já que para se estimar a produtividade por área (TCH), por exemplo, efetua-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, transformando-os posteriormente em TCH, não havendo seleção dos melhores indivíduos a serem mensurados. Mesmo assim, observa-se que a progênie oriunda

da autofecundação da variedade comercial RB867515 não diferiu estatisticamente do padrão RB943365 com relação a variável TCH.

Na Tabela 5, encontram-se as estimativas de dissimilaridade, com base na Distância Generalizada de Mahalanobis das progênies de cana-de-açúcar avaliadas no presente trabalho.

**Tabela 5** – Medidas de dissimilaridade entre seis progênies de cana-de-açúcar quantificadas pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ )

Progênies	Distância entre progênies					
	1	2	3	4	5	6
1	0	13,68	4,46	27,04	7,45	31,76
2		0	7,64	6,70	31,30	10,47
3			0	12,70	21,75	15,29
4				0	57,11	<b>3,12</b>
5					0	<b>64,42</b>
6						0

Nota: 1. RB943365 AUTO  
 2. RB943365  
 3. RB867515 AUTO  
 4. RB867515  
 5. RB863129 AUTO  
 6. RB863129

Pode ser observada maior divergência genética entre as progênies 5 e 6, cuja distância foi estimada em ( $D^2=64,42$ ).

Deve ser ressaltado que essa divergência genética observada na progênie 5 com relação a progênie 6, sendo a progênie 5 proveniente da autofecundação da variedade comercial RB863129 e a progênie 6 constituída de clones da variedade comercial RB863129, pode ser explicada devido ao fato das variedades comerciais, que são híbridos interespecíficos, apresentarem uma organização cromossômica complexa. Apresentando as progênies, um genoma complexo, derivado de cinco espécies pertencentes ao gênero *Saccharum*, somado

aos vários níveis de ploidia e múltiplos alelos segregando num mesmo loco conforme menciona Houral et al. (2001), este resultado é perfeitamente possível e esperado.

Observa-se ainda divergência genética satisfatória entre as progênes 4 e 5, com um valor estimado em torno de ( $D^2=57,11$ ). A maior similaridade genética ( $D^2=3,12$ ) foi observada entre as progênes 4 e 6.

O método de otimização de Tocher (Tabela 6), com base na distância generalizada de Mahalanobis, agrupou as seis progênes avaliadas em quatro grupos distintos.

**Tabela 6** – Grupos de dissimilaridade formados pelo método de otimização de Tocher, baseado na distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Genótipos	%
I	4* 6*	33,3
II	1 3	33,3
III	2*	16,7
IV	5	16,7

\* Variedades Padrões

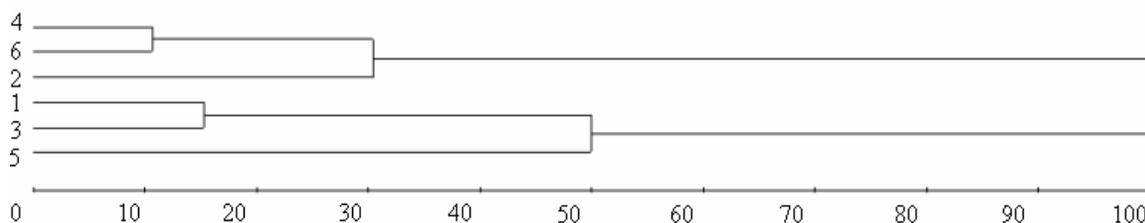
O grupo I foi formado por duas progênes constituídas de duas variedades comerciais RB867515 e RB863129. O grupo II foi formado por duas progênes oriundas de autofecundação das variedades RB943365 e RB867515. Isoladamente no grupo III e IV enquadraram-se a progênie constituída por clones da variedade comercial RB943365 e pela progênie oriunda da autofecundação da variedade RB863129 respectivamente.

Neste tipo de análise, é comum concentrarem-se nos primeiros grupos a maior parte dos indivíduos avaliados e os últimos grupos serem formados por um número menor. Elias et al. (2007), avaliando a variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto, afirmaram que o método de otimização de Tocher tem como princípio manter a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre os grupos, assim sendo, o maior número de indivíduos em um determinado grupo indica que eles apresentam maior

similaridade genética e os indivíduos enquadrados no último grupo apresentam maior divergência com aqueles que estão no primeiro grupo.

Silva (2005), utilizando técnicas multivariadas para avaliar a divergência genética em 129 clones de cana-de-açúcar em experimento conduzido em Paranaíba, observou, pelo método de Tocher, a formação de 7 grupos onde o primeiro foi constituído por 108 clones representando 83,72% dos que foram estudados. Do grupo 2 ao 7 foram enquadrados 9, 3, 3, 4, 1 e 1 clones, representando respectivamente 6,97%, 2,32%, 2,32%, 3,10%, 0,77% e 0,77% dos que foram avaliados.

O dendrograma de similaridade obtido pelo método UPGMA (Figura 2) possibilitou a formação de dois grandes grupos.



**Figura 2** – Dendrograma representativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método hierárquico das ligações médias (UPGMA), baseado na distância generalizada de Mahalanobis para as seis progênes de cana-de-açúcar.

O grupo I formado pelas progênes (4, 6 e 2) e o grupo II formado pelas progênes (1, 3 e 5). Observa-se ainda que no grupo I pode ser dividido em dois subgrupos. O subgrupo IA formado pelas progênes (4 e 6) e o subgrupo IB formado pela progênie (2). O grupo II também pode ser dividido em dois subgrupos. O subgrupo IIA formado pelas progênes (1 e 3) e o subgrupo IIB formado pela progênie (5). Concluí-se assim que o método hierárquico UPGMA agrupou de maneira similar ao método de otimização de Tocher as progênes avaliadas, sendo os subgrupos IB e IIB correspondentes aos grupos 3 e 4 do agrupamento pelo método de Tocher.

Estes resultados proporcionam ao programa fitomelhorista canavieiro uma maior segurança nos cruzamentos a serem realizados, com perspectivas favoráveis de obtenção de indivíduos desejáveis e com um excelente potencial heterótico.

### **Conclusões**

1. Os coeficientes de herdabilidade média de alta magnitude para as variáveis TPH e TCH indicam grande possibilidade de êxito na seleção com base nesses caracteres da cana-de-açúcar.
2. As técnicas multivariadas mostraram-se eficientes na identificação das progênies mais divergentes no material genético considerado.
3. Cruzamentos da progênie 5 (RB863129AUTO) com as progênies 4 (RB867515) e 6 (RB863129) podem resultar em novas combinações de alelos favoráveis com perspectivas de obtenção de indivíduos geneticamente superiores com excelente potencial heterótico.

### **Agradecimentos**

A Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) e a Usina Santa Tereza por todo o apoio concedido e viabilização da pesquisa e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

### **Referências**

AMORIM, E. P. et al. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, 2007.

BASTOS, I.T. et.al. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 62, n. 2, p. 199-206, 2003.

BASTOS, I.T. et.al. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, p.195-203. 2007.

BRESSIANI, J.A.; VENCovsky, R.; BURNQUIST, W.L. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, v. 61, n. 1, p. 1-10. 2002.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2006. 442p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

ELIAS, H.T. et.al. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 10, p. 1443-1449, 2007.

FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2. ed. Piracicaba: EME, 2003. 240p.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: USP, 1990. 467p.

HOARAU, J.Y. et.al. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum spp.*). I. Genome mapping with AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, n. 1, p. 84-97, 2001.

KOFFLER, N.F. et.al. **Caracterização edafo-climática das regiões canavieiras do Brasil: PERNAMBUCO**. Piracicaba: IAA/PLANALSUCAR, 1986. 78p.

MELO, L.J.O.T. et.al. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, v. 65, n.2, p. 197-205, 2006.

MELO, L.J.O.T. et.al. Desempenho agroindustrial de cultivares de cana-de-açúcar na zona da mata litoral sul de Pernambuco. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 33, n.3, p. 684-691, 2009.

OLIVEIRA, R.A. et.al. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agrária**, v. 9, n. 3, p.269-274, 2008.

PEDROZO, C.A. et.al. Eficiência de Índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agrária**, v. 10, n. 1, p. 031-036, 2009.

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

SANTOS, M.S.M. Repetibilidade de características agroindustriais em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 4, p. 301-306, 2004.

SHIMOYA, A. et al. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 971-980, 2002.

SILVA, C.M. et.al. Genetic diversity among sugarcane clones (*Saccharum spp.*). **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 27, n. 2, p. 315-319, 2005.

SOKAL, R.R.; MICHENER, D. A statistical method for evaluation systematic relationships. **University of Kansas Scientific Bulletin**, v.38, n.22, p. 1409-1438, 1958.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

#### **CAPÍTULO IV**

---

### **DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E SSR.**

Artigo será enviado para publicação na revista  
Pesquisa Agropecuária Brasileira “PAB”.

## **Divergência genética em cana-de-açúcar utilizando marcadores moleculares RAPD e SSR.**

João de Andrade Dutra Filho<sup>(1)</sup>; Luciane Vilela Resende<sup>(2)</sup>; Luiz José Oliveira Tavares de Melo<sup>(3)</sup>; Clodoaldo José da Anunciação Filho<sup>(1)</sup>; Gerson Quirino Bastos<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Departamento de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Melhoramento Genético de Plantas. Rua Dom Manuel de Medeiros s/n, Dois Irmãos, CEP 52171-900, Recife – PE, E-mail: [filho-dutra@ig.com.br](mailto:filho-dutra@ig.com.br), [cjose@ufrpe.br](mailto:cjose@ufrpe.br), [bastosgq@hotmail.com](mailto:bastosgq@hotmail.com) <sup>(2)</sup> Universidade Federal de Lavras, Departamento de Agricultura. Campus Universitário, CEP 37200-000, Lavras – MG, E-mail: [luciane.vilela@ufla.br](mailto:luciane.vilela@ufla.br) <sup>(3)</sup> Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina da UFRPE, Rua Juscelino Kubitschek de Oliveira, s/n, Bairro Novo, CEP 55810-000, Carpina – PE, E-mail: [luizjose@hotmail.com](mailto:luizjose@hotmail.com)

Resumo – Objetivou-se com este trabalho avaliar a divergência genética em genótipos de cana-de-açúcar com base no polimorfismo gerado por meio de marcadores moleculares RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e SSR (Simple Sequence Repeats). O trabalho foi conduzido no Laboratório de Genética Molecular do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em Minas Gerais. Foram avaliados 23 genótipos, sendo 20 oriundos da autofecundação e 3 variedades comerciais. A divergência genética foi estimada com base no polimorfismo gerado por meio de marcadores RAPD e SSR. O complemento aritmético do coeficiente de Coincidência Simples e do coeficiente de Jaccard foram utilizados como medidas de dissimilaridade, cujas matrizes foram correlacionadas pelo teste de Mantel. Foram aplicados o método de otimização de Tocher e o método hierárquico das ligações médias (UPGMA). Os iniciadores detectaram polimorfismo satisfatório, o teste de Mantel revelou a existência de uma correlação altamente positiva entre as matrizes de dissimilaridade. O método de otimização de Tocher e o método hierárquico das ligações médias (UPGMA), com base nas medidas de dissimilaridade dos coeficientes utilizados, permitem a identificação de genótipos de maior divergência genética a serem utilizados como genitores, num programa de melhoramento por hibridação.

Termos para indexação: Dissimilaridade, Polimorfismo, Hibridação, Melhoramento.

**Genetic divergence in sugarcane using molecular markers rapid and microsatellite.**

Abstract – The objective of this study was to evaluate the genetic divergence in genotypes of sugarcane based in polymorphism generated by RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) and SSR (Simple Sequence Repeats). The work was conducted at the Laboratory of Molecular Genetics, Department of Biology, Federal University of Lavras (UFLA) in Minas Gerais. Were evaluated 23 genotypes, with 20 coming from selfing-pollination and 3 commercial varieties. The genetic divergence was estimated based on the polymorphism generated by RAPD and SSR. The arithmetic complement of the Simple Matching coefficient and Jaccard's coefficient were used as measures of dissimilarity whose headquarters were correlated by the Mantel test. Were applied the method of optimization procedure and the method of hierarchical links averages (UPGMA). The primers detected polymorphism satisfactory, the Mantel test revealed a highly positive correlation between the dissimilarity matrix. The method of optimization procedure and the method of hierarchical links averages (UPGMA) based on the dissimilarity measures of the coefficients allow the identification of genotypes with the highest genetic diversity to be used as parents in a breeding program for hybridization.

Index terms: Dissimilarity, Polymorphism, Hybridization, Breeding.

## Introdução

A cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) tem contribuído significativamente para a economia nacional, sobretudo no que diz respeito à rentabilidade e desenvolvimento do setor sucroalcooleiro. De acordo com Mamede et al., (2002), o desenvolvimento contínuo de novas variedades, por intermédio do melhoramento genético, tem sido à base de sustentação deste setor, pois com o passar do tempo as variedades comerciais apresentam perda de vigor, capacidade produtiva comprometida, além de um declínio nos rendimentos agrícola e industrial, devido a um processo conhecido como degenerescência varietal.

Por este motivo, na seleção de variedades superiores que possam ser usadas como genitores elites é fundamental estimar a divergência genética entre elas, para que através dos cruzamentos realizados aumente-se a possibilidade de obtenção de indivíduos geneticamente superiores, que reúnam maior número de alelos favoráveis relacionados a produtividade e apresentem um excelente potencial heterótico. De acordo com Shimoya et al., (2002), essa divergência pode ser avaliada através de métodos preditivos que levam em consideração caracteres agrônômicos, fisiológicos, morfológicos e moleculares.

No caso específico da cana-de-açúcar, a divergência genética pode ser estimada avaliando os seguintes caracteres: altura da planta, perfilhamento, tipo de despalhe, diâmetro e número de colmos, comprimento de entrenós, tipo de gemas, toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH), teor de sólidos solúveis (BRIX) entre outros.

Apesar de serem amplamente utilizados nos programas de melhoramento, os descritores morfo-agronômicos e industriais apresentam a limitação de serem facilmente influenciados pelo ambiente. O que significa dizer, por exemplo, que algum caráter de interesse para a indústria como número de colmos, esteja aparecendo em condições favoráveis devido à interação genótipo-ambiente (Borém, 2001). Em outras palavras, o ambiente pode estar

mascarando o verdadeiro potencial genético do caráter em expressão que esteja sendo utilizado para estimar a divergência genética.

Atualmente, a tendência do melhoramento genético é integrar aos métodos tradicionais às modernas técnicas biotecnológicas. O uso de marcadores moleculares na estimativa da divergência genética e na seleção de genitores com caracteres desejáveis é uma estratégia amplamente utilizada em programas de melhoramento genético, por reduzir gastos na manutenção de populações experimentais, por acelerar o processo de obtenção dos genótipos desejáveis e por ser uma técnica mais eficiente, já que os marcadores podem estar fisicamente ligados a locos que determinam as características de interesse, e não são influenciados pelo ambiente (Alzate-marin et al., 2005; Fuganti et al., 2004).

A técnica do polimorfismo de DNA amplificado ao acaso (RAPD) possui baixo custo e fácil execução, podendo ser aplicada em qualquer cultura que se deseja efetuar algum trabalho de melhoramento. Deve-se ainda salientar que a elaboração deste tipo de marcador molecular não requer sequenciamento de nucleotídeos do indivíduo no qual vai ser aplicado (Caixeta et al., 2006).

Os marcadores microssatélites ou SSR apresentam o caráter co-dominante, podendo diferenciar os homozigotos dos heterozigotos, são facilmente reproduzíveis e povoam densamente os genomas eucariotos consistindo de um a seis nucleotídeos repetidos em tandem (Caixeta et al., 2006); são mais bem distribuídos ao acaso formando locos genéticos muito mais polimórficos (Ferreira & Grattapaglia, 1998).

O coeficiente de coincidência simples (Simple Matching) está entre os mais utilizados nos estudos de divergência genética, entretanto apresenta a limitação de considerarem a ausência conjunta de bandas como fator de similaridade. Já o coeficiente de similaridade de Jaccard, por sua vez, tem se mostrado bastante eficiente na análise de distâncias baseada em marcadores moleculares, pelo fácil entendimento e por comparar o número de presenças de

bandas comuns e o número total de bandas envolvidas, excluindo o número de ausências conjuntas (Meyer, 2002).

Ao utilizar medidas de dissimilaridade, o número de estimativas obtidas é muito grande, tornando impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual destas estimativas. Por este motivo, o melhorista utiliza os métodos de agrupamento tomando por base as coordenadas obtidas a partir da medida de dissimilaridade escolhida (Cruz & Carneiro, 2006).

Os métodos de agrupamento podem ser divididos em hierárquicos e de otimização, entre os métodos de otimização mais utilizados na área de melhoramento vegetal destaca-se o de Tocher descrito por Rao (Rao, 1952). Neste método, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (Cruz, 2005).

O agrupamento hierárquico do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages) traduzido como Método das médias da ligação média entre grupo desenvolvido por Sokal & Michener (1958), está entre os mais utilizados na análise de diversidade genética. É o método algorítmico mais simples e de fácil entendimento. As distâncias avaliadas possibilitam, a partir desse método, a construção de um dendrograma de similaridade com um grande conteúdo informativo (Arriel et al., 2006). Silva (2008) afirmou que a suposição básica de sua interpretação é quanto menor a distância entre os pontos, maior a semelhança entre as amostras.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética em cana-de-açúcar utilizando marcadores moleculares do tipo RAPD e Microsatélites (SSR) para direcionar os cruzamentos entre genitores elites com perspectivas favoráveis de obtenção de indivíduos com excelente potencial heterótico.

### **Material e Métodos**

A primeira etapa do experimento foi conduzida na zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, conforme Koffler et al., (1986), na área agrícola da Usina Santa Tereza, Engenho Terra Rica, município de Goiana (PE), com coordenadas geográficas (07°33' S e 35°00' W) e altitude de 13 m, durante o ano agrícola 2007/2008, em argissolo vermelho-amarelo de textura arenosa.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com cinco repetições. Foram avaliadas seis progênies, constituídas de 200 indivíduos cada, sendo três consideradas padrões, oriundas de multiplicação clonal das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129 e três oriundas da autofecundação dessas mesmas variedades conforme identificado (Tabela 1). Para o controle efetivo da autofecundação utilizaram-se campânulas de TNT, medindo 0,50 cm de raio e 1,20 m de comprimento totalmente fechadas (Figura 1).

Cada parcela experimental foi constituída por 5 linhas de 8 m, espaçadas de 1,20 m com 8 plântulas por linha com 1 m entre plantas, totalizando assim 40 plântulas por parcela. As correções de pH do solo e adubações do campo foram realizadas conforme o sistema de produção canavieira da empresa agroindustrial.

O corte foi realizado no décimo segundo mês, na fase T1 cana soca. As variáveis analisadas foram: toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH), fibra, pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).

A produtividade por área (TCH) foi estimada efetuando-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, transformando-os posteriormente em TCH. Toneladas de pol por hectare (TPH) foi obtido por meio da multiplicação do peso de cana por hectare (TCH) pelo percentual de sacarose aparente. O teor de sólidos solúveis (BRIX) foi mensurado com

refratômetro de campo representado por uma leitura de amostra homogênea do caldo de dez colmos retirados ao acaso de cada parcela. Para calcular as variáveis fibra, pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR), seguiu-se a metodologia proposta por Fernandes (Fernandes, 2003).

A análise de variância foi realizada seguindo a metodologia descrita por Gomes (1990), de acordo com o modelo matemático fixo:  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \epsilon_{ij}$ , onde,  $Y_{ij}$ : é a observação do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco;  $\mu$ : média geral;  $g_i$ : é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo;  $b_j$ : é o efeito do  $j$ -ésimo bloco;  $\epsilon_{ij}$ : é o componente aleatório. As médias foram agrupadas pelo Teste de Scott & Knott, ao nível de 1% de probabilidade.

Os parâmetros genéticos foram estimados de acordo com o modelo proposto por Vencovsky & Barriga (1992), obtendo-se a variância genética e ambiental, os coeficientes de variação genética e ambiental e a herdabilidade média.

A segunda etapa do experimento foi realizada no Laboratório de Genética Molecular do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA) em Minas Gerais. Para a análise molecular foram selecionados 23 genótipos das progênies avaliadas na primeira etapa do experimento. Sendo três variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129 e 20 selecionados ao acaso das progênies oriundas da autofecundação dessas variedades comerciais tal como uma seleção massal estratificada em famílias.

Os colmos desses indivíduos foram cortados em mini-toletes e enviados ao Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA) para a análise molecular, onde foram plantados em bandejas, em casa de vegetação, e, após o brotamento, foram coletadas folhas jovens para extração de DNA.

A extração de DNA seguiu o protocolo descrito por Pereira et al., (2007) modificado para cana-de-açúcar. Foram utilizados 11 marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) da Operon Technologies: OPN, OPAL, OPAX e OPAW (Tabela 2). As reações de

amplificação tiveram um volume final de 12,01  $\mu\text{l}$ , contendo: 4,49  $\mu\text{l}$  de água, 2,25  $\mu\text{l}$  de DNA (10  $\text{ng}\cdot\text{ml}^{-1}$ ), 0,66  $\mu\text{l}$  de dNTP, 2,25  $\mu\text{l}$  (0,4 mM) de um oligonucleotídeo iniciador, 1,0  $\mu\text{l}$  de tampão de reação, 0,96  $\mu\text{l}$  de Taq diluente e 0,4 unidades da enzima Taq polimerase. Em seguida as reações foram amplificadas em termociclador Eppendorf MasterCycler Gradiente 5331. Cada ciclo de amplificação correspondeu a: desnaturação a 94° C por dois minutos, anelamento a 37° C por 15 segundos e alongação a 72° C, por um minuto. Após 40 ciclos, procedeu-se a extensão final por dois minutos a 72° C.

Os produtos de amplificação foram separados em gel de agarose a 1 % imerso em tampão TBE (0,45 M de tris-borato, 0,01 M de EDTA pH 8,0) a 50 volts, durante 6 horas. Decorrido este tempo os géis foram tratados com solução de brometo de etídio a 0,5  $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$  por vinte minutos, visualizados em transluminador de luz ultravioleta e fotografados em câmara fotográfica EDA – 290, da Kodak.

Os marcadores microssatélites, com suas respectivas sequencias e temperaturas de anelamento, utilizados no presente trabalho, encontram-se identificados na Tabela 3.

As reações de amplificação para os marcadores microssatélites tiveram volume final de 12,01  $\mu\text{l}$ , contendo: 4,49  $\mu\text{l}$  de água, 2,25  $\mu\text{l}$  de DNA (10  $\text{ng}\cdot\text{ml}^{-1}$ ), 0,66  $\mu\text{l}$  de dNTP, 2,25  $\mu\text{l}$  (0,4 mM) dos oligonucleotídeo iniciador, 1,0  $\mu\text{l}$  de tampão de reação, 0,96  $\mu\text{l}$  de Taq diluente e 0,4 unidades da enzima Taq polimerase. Em seguida as reações foram amplificadas em termociclador Eppendorf MasterCycler Gradiente 5331. Após a desnaturação inicial a 94° C por dois minutos, cada ciclo de amplificação correspondeu a: desnaturação a 94° C por 45 s, 15 s de anelamento (conforme a temperatura de cada par de primers identificada através de um gradiente de temperatura variando de 42° C a 65° C) e alongação a 72° C, por 30 s. Após 34 ciclos, procedeu-se a extensão final por dois min a 72° C.

Os produtos de amplificação foram separados em gel de poliacrilamida a 8 % imerso em tampão TBE (0,45 M de tris-borato, 0,01 M de EDTA pH 8,0) a 130 volts, durante 2 h.

Decorrido este tempo, os géis foram tratados com solução fixadora (etanol 5 % e ácido acético 0,5 %), solução de nitrato de prata a 0,2 %, e solução reveladora (NaOH). Após dez minutos de tratamento em cada solução, os produtos de amplificação foram visualizados em transluminador de luz branca e fotografados em câmara fotográfica EDA – 290, da Kodak.

Os marcadores microssatélites foram considerados como marcadores dominantes, assim sendo, os fragmentos gerados pelas amplificações de ambos os marcadores moleculares foram analisados quanto à presença (1) ou ausência (0) de bandas construindo-se uma matriz binária, mas somente as bandas de intensidade visíveis foram consideradas na análise. Para a estimativa de dissimilaridade genética utilizou-se o complemento aritmético do coeficiente de Coincidência Simples (Simple Matching) e do coeficiente de Jaccard.

As matrizes de dissimilaridade provenientes do complemento aritmético do coeficiente de coincidência simples e do coeficiente de Jaccard foram correlacionadas pelo Teste de Mantel. Como técnica de agrupamento empregou-se o método de otimização de Tocher (Rao, 1952) e para construir o dendrograma utilizou-se o método hierárquico do tipo UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetical Averages), desenvolvido por Sokal e Michener (Sokal & Michener, 1958).

## **Resultados e Discussão**

Constatou-se, pelo teste F, que a análise de variância (Tabela 4), detectou diferenças significativas a 1 % de probabilidade para as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH) e toneladas de cana por hectare (TCH). Este resultado evidencia a ocorrência de uma alta magnitude de variabilidade genética entre as progênies avaliadas, para esses dois caracteres, que são considerados os mais importantes componentes de produção em cana-de-açúcar

(Silva 2008). Melo et al., (2006) apresentaram também resultados concordantes para as duas variáveis.

Os valores do coeficiente de variação (CV%) oscilaram entre baixo e médio, de acordo com a classificação proposta por Gomes (1990), variando de 4,30 % para a variável pureza (PZA) a 14,09 % para a variável toneladas de pol por hectare (TPH), confirmando assim boa precisão experimental. Bressiani (2001) apresentou semelhante faixa de valores para o coeficiente de variação em relação ao teor de sólidos solúveis (BRIX) e toneladas de cana por hectare (TCH), estimados em torno de 2,6 % e 12,8 %, respectivamente, cujos valores foram classificados como baixo e médio, sendo, portanto, concordante com os resultados apresentados no presente trabalho. Para a variável açúcares redutores (AR) o coeficiente de variação foi considerado alto, estimado em torno de 55,85 %. Ramalho et al., (1993) ressaltaram que essa alteração pode ser atribuída a diversos fatores, dentre os quais se podem citar: problemas de amostragem, diferenças existentes entre populações e diferenças de ambiente.

Os parâmetros genéticos estimados no presente trabalho estão identificados na Tabela 5. Para as variáveis toneladas de pol por hectare (TPH) e toneladas de cana por hectare (TCH) a variância genética foi elevada e altamente superior a variância ambiental indicando que a expressão desses importantes componentes de produção, em sua maior parte, são devidos aos efeitos genéticos, sugerindo assim, possibilidade de sucesso para a seleção neste ambiente.

Os valores expressos pelos coeficientes de herdabilidade média foram elevados para as variáveis TPH (97,33 %) e TCH (97,65 %) mostrando predominância do componente genético sobre o ambiental. Estes resultados são ainda mais elevados do que os registrados por Kang et al., (1983) e por Moraes (2008) que obteve valores de herdabilidade estimados em 77 % para TPH e 74,22 % para TCH.

O índice  $b$  que expressa a razão entre o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) e o coeficiente de variação experimental ( $CV_e$ ), apresentou valores de magnitudes satisfatórias para as variáveis TPH e TCH, estimados em 2,70 e 2,89 respectivamente. Para Ferreira (2006), quando o índice  $b$  atinge valor igual ou superior a 1, indica uma situação muito favorável para seleção e um grande potencial das progênies para fins de melhoramento.

O agrupamento de médias pelo teste de Scott & Knott (Tabela 6) a 1 % de probabilidade ( $P < 0,01$ ), possibilitou a formação de grupos de progênies superiores para as variáveis TPH e TCH. Constatou-se que as progênies provenientes da autofecundação foram estatisticamente inferiores as variedades consideradas padrões para essas duas variáveis. Inicialmente poder-se-ia afirmar que esta inferioridade, em relação à produtividade, observada nas progênies oriundas da autofecundação, seria proveniente da depressão por endogamia. Todavia é importante salientar aquilo que foi exposto anteriormente na metodologia deste trabalho destacando que as parcelas experimentais formadas pelas variedades padrões foram constituídas, nos cinco blocos do experimento, por clones das variedades comerciais. Isto significa que a variância observada dentro das parcelas constituídas pelas variedades padrões é puramente de natureza ambiental, pois se trata de indivíduos geneticamente idênticos.

Com a segregação complexa da cana-de-açúcar, que é uma espécie alopoliplóide, é de se esperar que as progênies originadas pela autofecundação sejam constituídas por indivíduos geneticamente superiores e inferiores, estes últimos contribuíram para uma diminuição na média da produtividade das progênies de autofecundação, já que para se estimar a produtividade por área (TCH), por exemplo, efetua-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela transformando-os posteriormente em TCH não havendo seleção dos melhores indivíduos a serem mensurados. Mesmo assim, observou-se que a progênie oriunda da autofecundação da variedade comercial RB867515 não diferiu estatisticamente do padrão RB943365 com relação a variável TCH.

Os oligonucleotídeos utilizados no presente estudo detectaram polimorfismo genético satisfatório (Figura 2), permitindo estimar com precisão genótipos divergentes a serem utilizados em trabalhos de hibridação.

Na Tabela 7 encontram-se as medidas de dissimilaridade, com base no complemento aritmético dos coeficientes de Coincidência Simples e de Jaccard.

Observou-se que os coeficientes utilizados são concordantes em apresentar como mais divergentes os genótipos 8 e 23, cujas medidas de dissimilaridade foram estimadas em torno de 0,72 e 0,52 pelos coeficientes de Jaccard e de Coincidência Simples respectivamente.

O teste de Mantel (Tabela 8) detectou significância a 1 % de probabilidade, mostrando que há grande concordância entre as medidas de dissimilaridade. A correlação entre as matrizes foi de 0,89 % (Figura 3), podendo ser considerada de magnitude altamente satisfatória.

O método de otimização de Tocher, fundamentado nas estimativas de dissimilaridade, expressas pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard, possibilitou a formação de quatro grupos (Tabela 9). O grupo I foi formado por 16 genótipos incluindo os três genitores que originaram as progênes de autofecundação. O número de indivíduos alocados no grupo I corresponde a 69,57% dos genótipos estudados. O grupo II englobou três indivíduos oriundos da autofecundação da variedade RB943365, correspondendo a 13,4% dos genótipos estudados. Os grupos III e IV englobaram dois indivíduos, cada um correspondendo a 8,70% dos genótipos estudados. Os genótipos incluídos no grupo III e IV são provenientes da autofecundação da variedade RB863129.

De acordo com Silva (2008), neste tipo de análise é comum concentrarem-se nos primeiros grupos a maior parte dos indivíduos avaliados e os últimos grupos serem formados por um número menor. Elias et al., (2007), avaliando a variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto afirmaram que o método de otimização de Tocher

tem como princípio manter a homogeneidade dentro dos grupos e a heterogeneidade entre os grupos. Assim sendo o maior número de indivíduos em um determinado grupo indica que eles apresentam maior similaridade genética e os indivíduos enquadrados no último grupo apresentam maior divergência com aqueles que estão no primeiro grupo.

Silva et al., (2005) avaliando o grau de similaridade genética em 129 clones de cana-de-açúcar em Paranavaí no estado do Paraná, observaram, pelo método de Tocher, a formação de sete grupos distintos onde o primeiro grupo foi formado por 83,72% dos clones avaliados.

O dendrograma de similaridade obtido pelo método hierárquico do tipo UPGMA (Figura 4) possibilitou a formação de dois grandes grupos. O primeiro formado pelos genótipos 3, 4, 2, 1, 5, 6, 7, 17, 19, 15, 16, 13, 14, 18, 8, 9, 11, 12 e 10. O segundo formado pelos genótipos 22, 23, 20 e 21. É importante salientar que o primeiro grupo pode ser dividido em dois sub-grupos. O subgrupo I formado pelos genótipos 3, 4, 2, 1, 5, 6, 7, 17, 19, 15, 16, 13, 14, 18, 8 e 9. E o subgrupo II formado pelos genótipos 11, 12 e 10.

O grupo II também pode ser dividido em dois sub-grupos. O subgrupo III formado pelos genótipos 22 e 23 e o subgrupo IV formado pelos genótipos 20 e 21, provenientes da autofecundação da variedade RB863129. É interessante observar que o método hierárquico UPGMA agrupou de maneira similar ao método de otimização de Tocher os genótipos avaliados sendo os subgrupos I, II, III e IV correspondentes aos grupos 1, 2, 3 e 4 do método de Tocher.

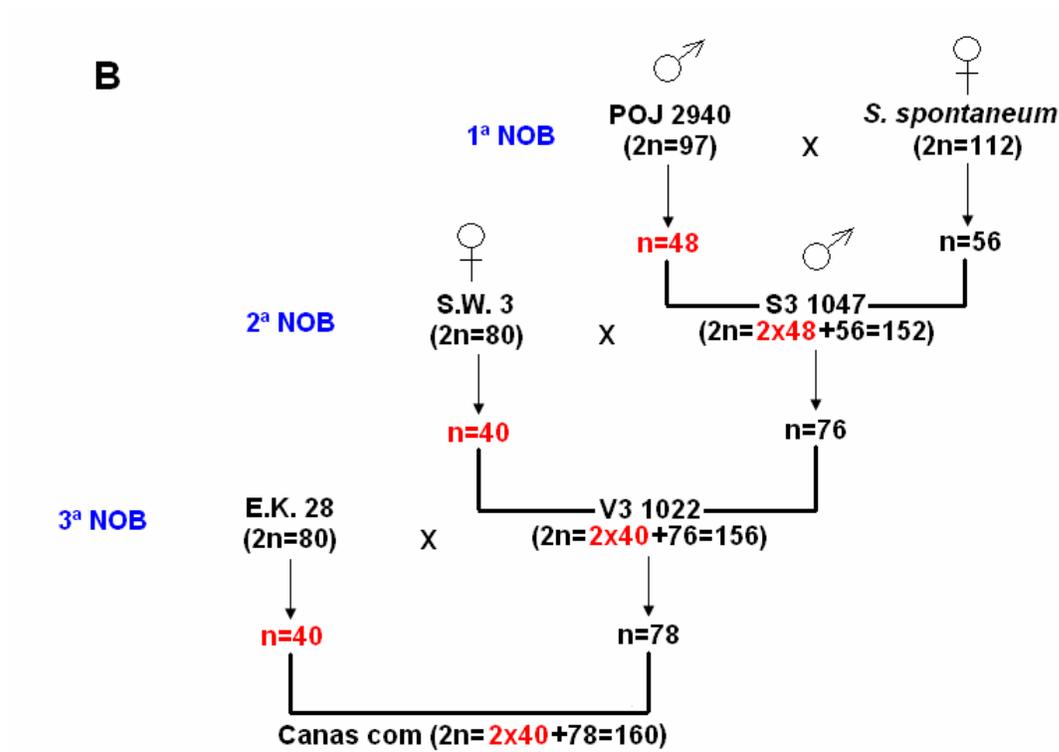
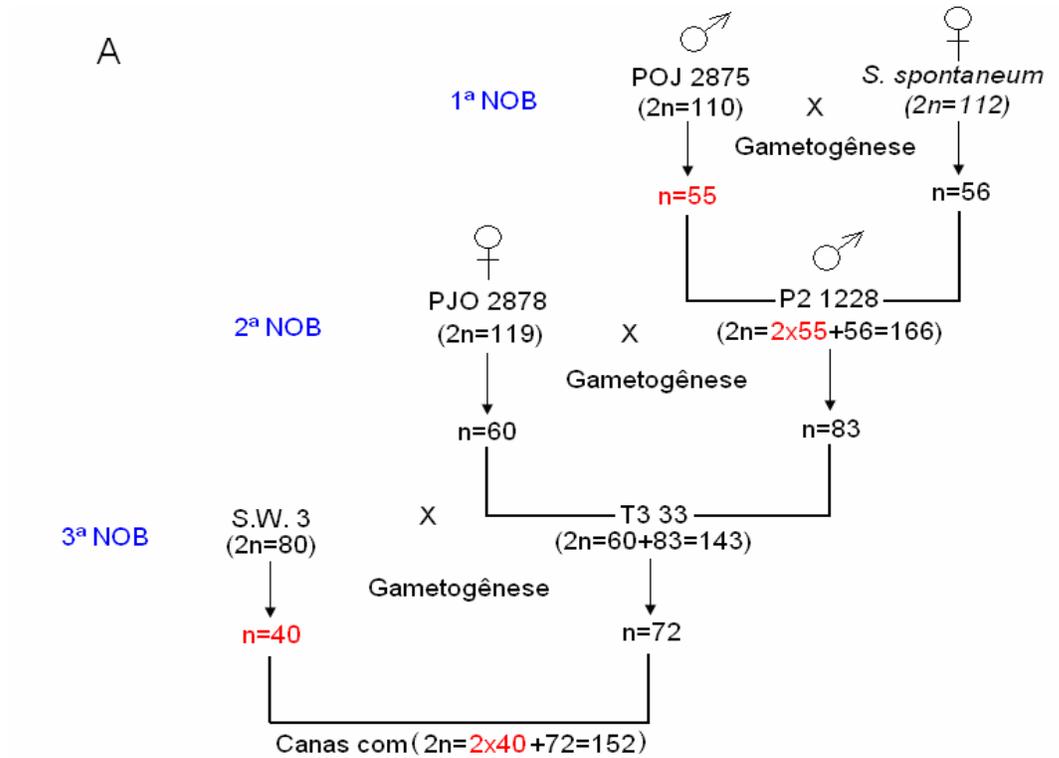
Deve ser ressaltado que essa alocação de genótipos oriundos da autofecundação da mesma variedade comercial, em grupos distintos, pode ser explicada devido ao fato das variedades comerciais, que são híbridos interespecíficos, apresentarem uma organização cromossômica complexa, um genoma derivado de cinco espécies pertencentes ao gênero *Saccharum* (Matsuoka et al., 2005). Sendo a cana-de-açúcar uma espécie alopoliplóide existem inúmeros alelos segregando num mesmo loco. Houral et al., (2001); Grivet & Arruda

(2001) ressaltam que esta segregação pode ser nuliplex, simplex, duplex, triplex, quadriplex e multiplex e ainda apresentar números irregulares de cromossomos em virtude de uma alta ocorrência de aneuploidias.

Bremer (1961) através da utilização de técnicas citogenéticas convencionais, estudou o número e o comportamento cromossômico de *Saccharum spontaneum*, das variedades comerciais produzidas, pela nobilitação, no melhoramento da ilha de Java, sob a liderança de Jeswiet, em 1917. E também de novos híbridos interespecíficos provenientes desses cruzamentos.

Ele realizou uma série de hibridações, as quais chamou de nova nobilitação, envolvendo *Saccharum spontaneum* com as variedades produzidas por Jeswiet, que ele chamou variedades da antiga nobilitação. O que Bremer constatou nesses novos híbridos foi um aumento e diminuição no número de seus cromossomos, porém, algo lhe chamou bastante atenção, duas variedades desenvolvidas por Jeswiet quando utilizadas por ele nas novas nobilitações, como progenitores femininos, apresentaram gametas na forma haplóide e diplóide. A variedade POJ 2875, da antiga nobilitação, ao ser usada como progenitor masculino produziu gametas diplóides e o híbrido S3 1047 proveniente da nova nobilitação produziu gametas haplóides quando utilizado como progenitor masculino.

Figura 5 – (Modificado de Bremer 1961) – Em A. Uma série de três novas nobilitações realizadas por Bremer. Observe que na primeira nobilitação o número de cromossomos do gameta masculino da variedade POJ 2875, produzida por Jeswiet, se duplicou, gerando um híbrido com 166 cromossomos ao fertilizar o gameta feminino de *Saccharum spontaneum*. Na segunda, a variedade POJ 2878, da antiga nobilitação, quando usada como progenitor feminino, produziu gametas haplóides. Em B. Outra série de três novas nobilitações, na segunda a variedade S.W.3, da antiga nobilitação, usada como progenitor feminino agora produz gametas diplóides, já o gameta masculino do novo híbrido S3 1047, usado como progenitor masculino, apresenta constituição haplóide.



FONTE: BREMER, G. Problems in breeding and cytology of sugarcane, III The cytological crossing research of sugarcane. **Euphytica**. Netherlands, v. 10, 1961. p. 229-243.

Essas constatações foram de grande importância, pois serviram como base para o levantamento de duas teorias. A primeira, chamada de teoria da endoduplicação, por meio dela Bremer afirmou que o gameta masculino ao entrar em contato com o gameta feminino sofre uma duplicação, o que ocasiona um aumento no número de cromossomos do novo indivíduo. Na segunda teoria, Bremer afirmou que a espécie *Saccharum officinarum* produz gametas masculinos e femininos tanto nas formas haplóides como diplóides. Além disso a ocorrência freqüente de aneuploidias provoca uma redução do número de cromossomos do novo indivíduo.

Stevenson (1953), estudando uma progênie obtida pela autopolinização de *Saccharum officinarum*, observou a presença do mesmo número de cromossomos nos seus descendentes,  $2n=80$ . Quando observou os descendentes da autofecundação da variedade B 4362, verificou uma redução no número de cromossomos de 118 para 87 e, por fim, analisando indivíduos resultantes da autopolinização da variedade B37161 concluiu que o número de cromossomos havia aumentado.

Em suma, todos esses fatores somados aos vários níveis de ploidia existentes nos híbridos interespecíficos cultivados atualmente contribuem para uma maior complexidade do genoma da cana-de-açúcar, ocasionando uma segregação altamente complexa desses poliplóides durante a meiose. Significando assim, que em uma análise molecular para estimar divergência genética envolvendo, por exemplo, uma variedade comercial com 120 cromossomos (cujos locos que mais proporcionaram a amplificação de fragmentos de DNA estão presentes nos cromossomos 101 a 120) e um genótipo proveniente da autofecundação dessa variedade. É de se esperar que no agrupamento de Tocher o genótipo proveniente da autofecundação esteja

enquadrado no mesmo grupo da variedade que lhe deu origem, se caso apresentar, o mesmo número de cromossomos.

Entretanto, se em virtude da complexa segregação meiótica e da freqüente ocorrência de aneuploidias, o genótipo proveniente da autofecundação, dessa variedade comercial com 120 cromossomos, apresentar 100. Tendo uma redução justamente nos cromossomos 101 a 120 que estavam presentes na variedade que lhe deu origem e que mais proporcionou a amplificação de fragmentos de DNA, o marcador molecular utilizado não irá se anelar aos fragmentos de DNA presentes nesses cromossomos, não ocorrendo amplificação desses fragmentos que não serão considerados na análise (como presença de bandas) e como consequência a variedade oriunda da autofecundação será enquadrada em um grupo distinto da variedade que lhe deu origem.

Sendo assim, concluí-se que este resultado, apresentando genótipos provenientes da autofecundação da mesma variedade comercial enquadrados em grupos distintos tanto no agrupamento de Tocher como no método hierárquico UPGMA, é possível e esperado. E que esta afirmação de estreitamento da base genética em cana-de-açúcar é perfeitamente questionável, apesar de ser uma afirmação especulativa muito difundida atualmente em trabalhos científicos que envolvem o melhoramento desta cultura.

### **Conclusões**

Em função dos resultados apresentados e discutidos no presente trabalho pode-se concluir que:

1. A alta magnitude dos coeficientes de herdabilidade média para as variáveis TPH e TCH indica grande possibilidade de êxito na seleção com base nesses caracteres para as progênies consideradas.

2. Os marcadores moleculares utilizados no presente trabalho detectaram polimorfismo satisfatório, o que permitiu estimar com precisão genótipos mais divergentes existentes no material estudado.
3. Conforme o agrupamento realizado pelo método de otimização de Tocher e pelo método hierárquico UPGMA, hibridações entre os genótipos RB867515 (1), RB867515AUTO (2, 3, 4, 5, 6, 7), RB943365 (8), RB943365AUTO (9, 13, 14, 15), RB863129 (16), RB863129AUTO (17, 18, 19) com os genótipos RB863129AUTO (20, 21, 22, 23) podem resultar em novas combinações de alelos favoráveis com perspectivas de obtenção de indivíduos geneticamente superiores com excelente potencial heterótico.

### **Agradecimentos**

À Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina (EECAC), Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), a Usina Santa Tereza, a Universidade Federal de Lavras por todo o apoio concedido e viabilização da pesquisa, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão do Mestrado Sanduíche através do Programa nacional de Cooperação Acadêmica (PROCAD).

### Referências

ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, G.D.L.; MOREIRA, M.A. & BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30, p. 222-342, 2005.

ARRIEL, N.H.C.; COSTA, M.M.; TREVISOLI, S.H.U.; MAURO, A.O. Di. Outras aplicações dos marcadores. In: CAIXETA, E.T.; BORÉM, A. (Eds.). **Marcadores Moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. p. 145-204.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2001. 500p.

BREMER, G. Problems in breeding and cytology of sugarcane. III the cytological crossing research of sugarcane. **Euphytica**, v. 10. p. 229-243, 1961.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKIYAMA, N.S. Tipos de Marcadores moleculares. In: In: CAIXETA, E.T.; BORÉM, A. (Eds.). **Marcadores Moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. p. 9-78.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

ELIAS, H.T.; VIDIGAL, M.C.G.; GONELA, A.; VOGT, G.A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 1443-1449, 2007.

FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2. ed. Piracicaba: EME, 2003. 240p.

FERREIRA, P.V. **Melhoramento de Plantas 3**: estimação de parâmetros genéticos. Maceió: EDUFAL, 2006. p.191-279.

FERREIRA, M.E. & GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3.ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220p.

FUGANTI, R.; BENEVENTI, M.A.; SILVA, J.F.V.; ARIAS, C.A.A.; MARIN, S.R.R.; BINNECK, E. & NEPOMUCENO, A.L. Identificação de Marcadores Moleculares de Microssatélites para Seleção de Genótipos de Soja Resistentes a *Meloidogyne javanica*. **Nematologia Brasileira**, v. 28, p. 125-130, 2004.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: USP, 1990. 467p.

GRIVET, L.; ARRUDA, P. Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an important tropical crop. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 5, p. 122-127, 2001.

HOARAU, J.Y.; OFFMAN, B.; D'HONT, A.; RISTERUCCI, A.M.; ROQUES, D.; GLASMANN, J.C.; GRIVET, L. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum spp.*). I. Genome mapping with AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, p. 84-97, 2001.

KANG, M.S.; MILLER, J.D.; TAI, P.Y.P. Genetic and phenotypic path analysis and heritability in sugarcane. **Crop Science**, v.23, p.643-647, 1983.

KOFFLER, N.F.; LIMA, J.F.W.F.; LACERDA, M.F. DE; SANTANA, J.F.; SILVA, M.A. Caracterização edafo-climática das regiões canavieiras do Brasil: PERNAMBUCO. **IAA/PLANALSUCAR**. Piracicaba, 1986. 78p.

MAMEDE, R.Q.; BASSINELO, A.I.; CASA GRANDE, A, A. MIOQUE, J.Y.J. Potencial produtivo de clones RB de cana-de-açúcar no município de Nova Europa – SP. **STAB: açúcar, álcool e subprodutos**, v. 20, p. 32-35, 2002.

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

MELO, L.J.O.T.; OLIVEIRA, F.J.; BASTOS, G.Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C.J.; REIS, O.V. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n.2, p. 197-205, 2006.

MEYER, A.S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes.** 2002. 106p. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade Federal de São Paulo, Piracicaba.

MORAES, M.F. **Avaliação de progênies da fase inicial T1, para indicação de genitores elites de cana-de-açúcar para Pernambuco.** 2008. 81p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

PEREIRA, H.S.; SANTOS, J.B.; ABREU, A.F.B.; COUTO, K.R. Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 42, p. -713, 2007.

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

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research.** New York: J. Wiley, 1952. 390p.

SHIMOYA, A. et al. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 7, p. 971-980, 2002.

SILVA, C.M.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; FILHO, P.S.V.; SCAPIM, C.A.; DAROS, E.; SILVERIO, L. Genetic diversity among sugarcane clones (**Saccharum spp.**). *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 27, p. 315-319, 2005.

SILVA, G.C. **Seleção de clones RB de cana-de-açúcar no litoral sul da zona da mata de Pernambuco utilizando técnicas multivariadas.** 2008. 109p. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

SOKAL, R.R.; MICHENER, D. A statistical method for evaluation systematic relationships. **University of Kansas Scientific Bulletin**, v.38, p. 1409-1438, 1958.

STEVENSON, G.C. The use of selfing and inbreeding with sugarcane. In: PROCEEDINGS OF INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGIST CONGRESS, 8., 1953, British West Indies. **Proceedings.** British West Indies, 1953. p. 509-521.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496p.

Tabela 1 – Identificação das seis progênies de cana-de-açúcar quanto aos genitores e procedência.

Genótipos	Genitores			Procedência
	Feminino		Masculino	
1. RB943365 AUTO	RB943365		RB943365	RIDESA
2. RB943365	ROC3	X	RB83100	RIDESA
3. RB867515 AUTO	RB867515		RB867515	RIDESA
4. RB867515	RB72545	X	?	RIDESA
5. RB863129 AUTO	RB863129		RB863129	RIDESA
6. RB863129	RB763411	X	?	RIDESA



Figura 1 – Campânulas utilizadas para o controle efetivo da autofecundação das variedades comerciais RB943365, RB867515 e RB863129.

Tabela 2 – Marcadores RAPD, com suas respectivas sequencias, utilizados na análise molecular em genótipos de cana-de-açúcar.

Oligonucleotídeos iniciadores	Sequencias
OPAL 09	TCGCTGGTGT
OPAN 20	GAGTCCTCAAC
OPAX 02	TTCCGCCACC
OPAX 09	GGTCTGGTTG
OPAX 11	GGAGCCTCAG
OPAX 12	TCGCCAGCCA
OPAX 16	CTCTGTTCGG
OPAX 17	GACACGGACC
OPAX 18	GACTAGGTGG
OPAX 19	TGGCAAGGCA
OPAW 12	TGGGCGAAAG

Tabela 3 – Marcadores Microssatélites, com suas respectivas sequencias e temperaturas de anelamento, utilizados na análise molecular em genótipos de cana-de-açúcar.

Oligonucleotídeos iniciadores	Sequencias	T.Anelamento
MCSA176C01	R CCATCGAGCAATCGAGCTGC F GTTTGACAGGCGGATGTTCTGA	42°C
SCC01	R GATGCTTGGGTCGTGATTC F TCGCGTCCACCAATGAACC	52°C
MCSA175G03	R GAGTCAGTTGGTGCCGAGATTG F CGAACAGGTTAAAGCCCATGTC	42°C
SCB07	R ACGAGAACCACAGCCACCAG F GGAGGTAGTCGGTGAAGTGC	54°C
MCSA205C07	R GCTACCAGCTCTCGGTGCTTC F GCACGGGCTAGAACCTGGAAGG	42°C
SCC04	R GGGGACCTGAAGATGACTGC F TCCTGCCTGCCTCATCATA	60°C
SCA07	R TTGCAATGGAGGCGAAACAC F CAGGAGTATGAGCAACAGAGCAG	50°C
MCSA005C204	R AGTAGTCACCACCATGTCTGGCA F CATCCTCCACGCATCTGTTTTCCA	42°C
SCC05	R TCGTCTTCCTCCTCTTGCTCTGGTC F CATCCTCCTCTGCTGCTCTCGTCTC	62°C
SCA08	R GGCAGGAGCGCGACAAGCCG F GCCGGATCGCCAGGTAGAAGAAAC	65°C
YCSA02047	R GCAGAGACAGGCGTCTTCGTA F GCGTTTCCGACCTGGATAACC	42°C
SCA10	R TCTAAGCCAAGCCGATTCCGTTC F CAGCAGCCCAACCCACAGTCG	65°C
YCSA24043	R CCAAAGCCCAACTGAAAGAGC F GAGGTTAGCGAAGTGGATCACG	42°C

Tabela 4 - Resumo da análise de variância das características avaliadas na fase T1 cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios							
		TPH	TCH	FIB	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
Blocos	4	2,30	50,27	1,65	1,35	6,69	1,27	0,04	102,00
Tratamentos	5	37,21**	1705,05**	0,73 <sup>ns</sup>	1,14 <sup>ns</sup>	2,64 <sup>ns</sup>	1,50 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	92,93 <sup>ns</sup>
Resíduo	20	0,99	40,00	0,63	0,74	14,34	1,25	0,10	49,41
Média		7,08	48,70	14,67	14,43	88,05	20,28	0,57	140,21
CV(%)		14,09	12,99	5,39	5,95	4,30	5,51	55,85	5,01

\*\* e \* significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F  
ns não significativo, pelo teste F

Tabela 5 – Estimativa de parâmetros genéticos para os caracteres avaliados na fase T1 em cana soca, em experimento conduzido na Zona canavieira do Litoral Norte de Pernambuco, Usina Santa Tereza, Goiana - PE, ano agrícola 2007/2008.

Parâmetros Genéticos	TPH	TCH	FIBRA	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
$\sigma_g^2$	7,24	333,01	0,02	0,08	-2,34	0,05	-0,02	8,70
$\sigma_e^2$	0,99	40,01	0,63	0,74	14,34	1,25	0,11	49,41
CVg(%)	38,02	37,47	0,96	1,98	-99,00	1,11	-99,00	2,10
CVg/CVe	2,70	2,89	0,18	0,33	-99,00	0,20	-99,00	0,42
$hm^2$ (%)	97,33	97,65	13,77	35,63	-442,84	16,77	-485,07	46,83

$\sigma_g^2$  Variância genética

$\sigma_e^2$  Variância ambiental

CVg Coeficiente de variação genética

CVe Coeficiente de variação ambiental

$hm^2$  Herdabilidade Média

Tabela 6 – Agrupamento de médias referente às variáveis tonelada de pol por hectare (TPH), tonelada de cana por hectare (TCH), fibra, pureza (PZA), teor de sólidos solúveis (BRIX), açúcares redutores (AR) e açúcar total recuperável (ATR).

Progênes	Variáveis							
	TPH	TCH	FIBRA	PCC	PZA	BRIX	AR	ATR
1	4,99 b	35,42 c	15,10 a	13,97 a	86,74 a	20,10 a	0,67 a	136,898 a
2*	8,11 a	53,30 b	14,06 a	15,07 a	88,47 a	20,86 a	0,54 a	145,926 a
3	6,65 b	46,88 b	14,96 a	14,17 a	88,90 a	19,84 a	0,50 a	137,17 a
4*	9,86 a	65,80 a	14,66 a	14,99 a	88,14 a	21,04 a	0,56 a	145,452 a
5	3,04 c	21,01 d	14,83 a	14,28 a	87,92 a	20,16 a	0,58 a	138,916 a
6*	9,83 a	69,79 a	14,42 a	14,08 a	88,13 a	19,70 a	0,56 a	136,91 a

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente, ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste de Scott & Knott.

\* Variedades Padrões

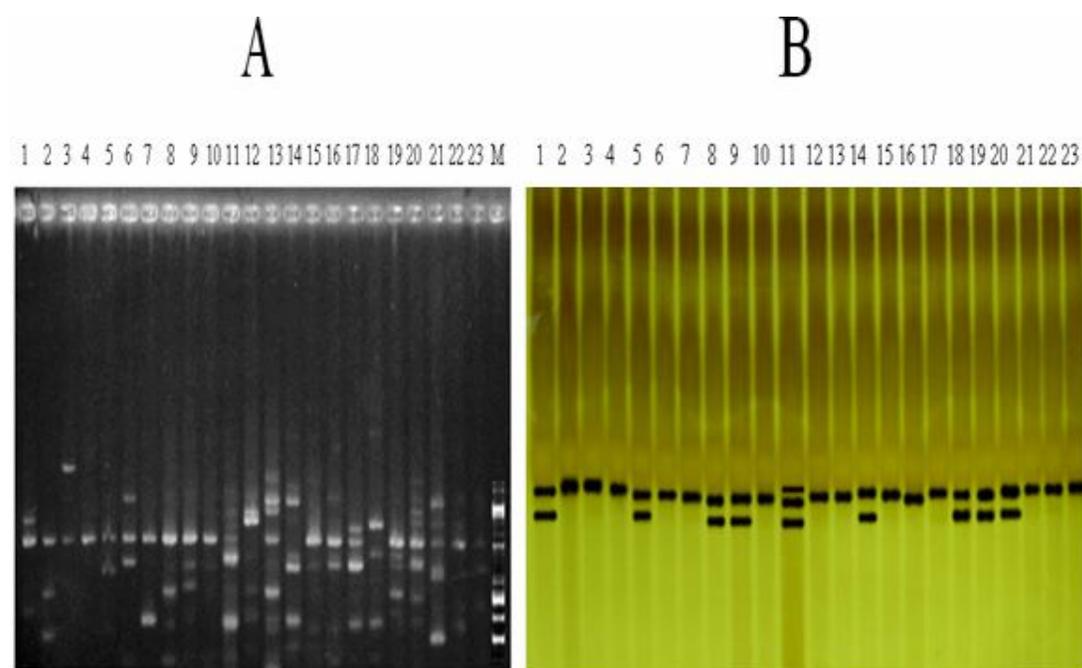


Figura 2 – Detecção de polimorfismo genético em genótipos de cana-de-açúcar. Em A, detecção de polimorfismo por meio do marcador RAPD OPAX 19. Em B, detecção por meio do marcador microsatélite SCA10. 1 a 23 genótipos avaliados.

Tabela 7 – Medidas de dissimilaridade entre 23 genótipos de cana-de-açúcar. Abaixo da diagonal estão apresentados os valores referentes ao complemento aritmético do coeficiente de coincidência simples e na parte superior da diagonal os do coeficiente de Jaccard.

G	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
1		0,34	0,33	0,33	0,36	0,49	0,49	0,41	0,38	0,48	0,52	0,48	0,41	0,38	0,43	0,33	0,39	0,49	0,45	0,59	0,63	0,61	0,65
2	0,25		0,32	0,28	0,42	0,35	0,40	0,33	0,38	0,49	0,54	0,60	0,33	0,42	0,37	0,37	0,51	0,42	0,44	0,59	0,60	0,62	0,66
3	0,24	0,23		0,28	0,27	0,36	0,37	0,34	0,41	0,55	0,58	0,58	0,46	0,43	0,35	0,32	0,42	0,50	0,43	0,65	0,60	0,66	0,70
4	0,23	0,19	0,18		0,35	0,36	0,33	0,36	0,35	0,59	0,58	0,64	0,36	0,37	0,34	0,34	0,47	0,43	0,47	0,64	0,57	0,60	0,65
5	0,26	0,31	0,19	0,23		0,41	0,42	0,44	0,40	0,52	0,54	0,54	0,47	0,42	0,40	0,43	0,49	0,49	0,51	0,59	0,66	0,62	0,64
6	0,38	0,24	0,25	0,24	0,29		0,41	0,40	0,43	0,60	0,59	0,62	0,31	0,45	0,35	0,40	0,46	0,40	0,43	0,57	0,56	0,64	0,66
7	0,38	0,30	0,26	0,22	0,30	0,30		0,40	0,41	0,58	0,56	0,62	0,37	0,48	0,42	0,38	0,51	0,42	0,54	0,66	0,58	0,69	0,71
8	0,34	0,25	0,26	0,27	0,35	0,31	0,31		0,37	0,56	0,48	0,57	0,36	0,39	0,32	0,36	0,45	0,46	0,40	0,62	0,59	0,66	<b>0,72</b>
9	0,28	0,27	0,30	0,23	0,28	0,31	0,29	0,28		0,53	0,47	0,49	0,44	0,38	0,37	0,33	0,43	0,38	0,36	0,48	0,50	0,58	0,62
10	0,35	0,34	0,40	0,42	0,36	0,44	0,43	0,44	0,37		0,43	0,40	0,48	0,57	0,57	0,43	0,53	0,59	0,61	0,66	0,69	0,58	0,68
11	0,41	0,42	0,46	0,44	0,40	0,46	0,44	0,38	0,33	0,27		0,33	0,54	0,55	0,56	0,49	0,49	0,54	0,53	0,65	0,62	0,62	0,67
12	0,35	0,46	0,44	0,48	0,38	0,46	0,47	0,46	0,33	0,23	0,19		0,56	0,55	0,57	0,43	0,51	0,57	0,61	0,65	0,67	0,63	0,62
13	0,32	0,23	0,35	0,25	0,36	0,21	0,27	0,28	0,32	0,33	0,42	0,41		0,35	0,31	0,30	0,42	0,32	0,45	0,55	0,54	0,55	0,63
14	0,29	0,32	0,33	0,26	0,31	0,34	0,37	0,31	0,27	0,43	0,43	0,41	0,25		0,29	0,33	0,34	0,33	0,35	0,53	0,49	0,56	0,65
15	0,33	0,27	0,25	0,23	0,29	0,25	0,31	0,24	0,26	0,42	0,43	0,41	0,22	0,20		0,27	0,34	0,34	0,40	0,53	0,50	0,59	0,68
16	0,25	0,28	0,23	0,24	0,33	0,30	0,28	0,29	0,23	0,30	0,38	0,30	0,21	0,24	0,19		0,33	0,30	0,40	0,56	0,55	0,62	0,70
17	0,28	0,38	0,30	0,33	0,36	0,33	0,38	0,36	0,30	0,38	0,35	0,35	0,30	0,23	0,23	0,23		0,41	0,33	0,55	0,48	0,52	0,66
18	0,39	0,31	0,39	0,31	0,37	0,29	0,31	0,37	0,26	0,43	0,41	0,41	0,22	0,23	0,24	0,21	0,28		0,38	0,49	0,45	0,56	0,65
19	0,34	0,34	0,32	0,34	0,38	0,32	0,42	0,31	0,25	0,46	0,40	0,46	0,35	0,25	0,29	0,30	0,22	0,27		0,48	0,52	0,56	0,69
20	0,43	0,42	0,49	0,43	0,41	0,38	0,49	0,49	0,30	0,43	0,45	0,43	0,37	0,36	0,36	0,40	0,36	0,32	0,31		0,46	0,53	0,58
21	0,48	0,43	0,43	0,37	0,47	0,37	0,40	0,45	0,32	0,46	0,42	0,44	0,36	0,32	0,33	0,39	0,30	0,28	0,35	0,25		0,49	0,57
22	0,41	0,40	0,44	0,36	0,38	0,40	0,47	0,48	0,35	0,31	0,38	0,35	0,33	0,35	0,37	0,42	0,29	0,33	0,35	0,25	0,22		0,35
23	0,43	0,42	0,46	0,38	0,38	0,40	0,47	<b>0,52</b>	0,37	0,37	0,39	0,33	0,39	0,41	0,44	0,48	0,39	0,39	0,45	0,27	0,26	0,12	

Tabela 8 – Correlação de Matrizes pelo teste de Mantel

Correlação	0,89884	Teste de Mantel		
N.dados	253	Níveis críticos 1%	0,10437	0,44789
Valor de t	32,49225	Níveis críticos 5%	0,16241	0,37963
Significância (%)	0,0 **	Significância	++	

\*\*, \* : Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste t.

++,+ : Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste de Mantel baseado em 1000 simulações.

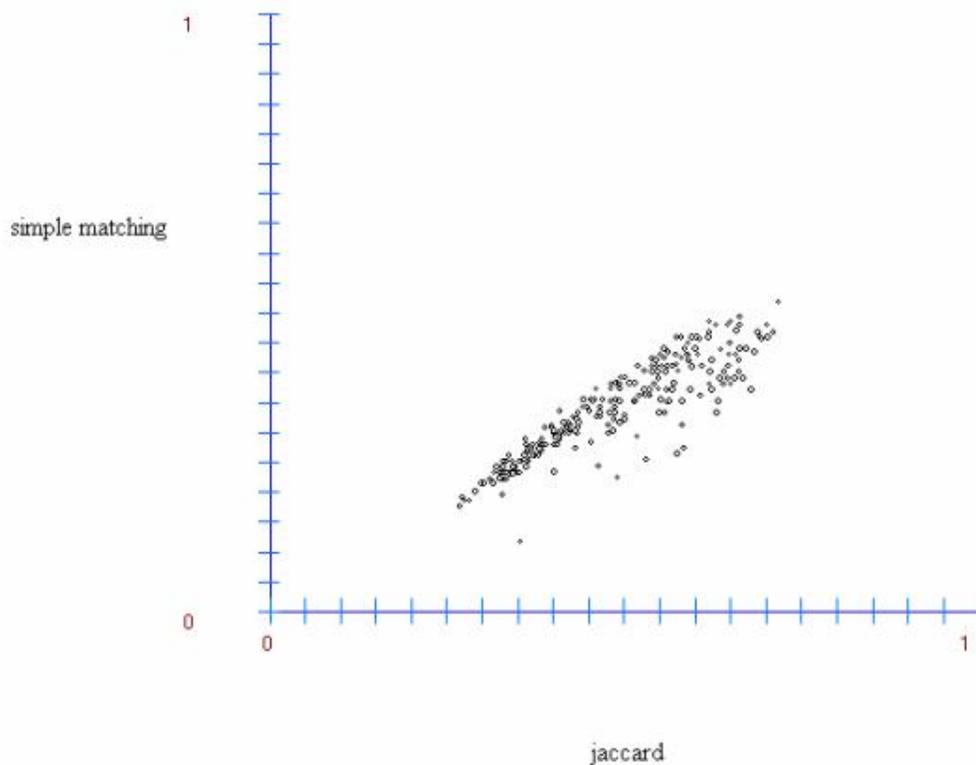


Figura 3 – Gráfico ilustrativo da relação entre o coeficiente de Jaccard e o coeficiente de Coincidência Simples (Simple Matching) entre 23 genótipos de cana-de-açúcar, obtida a partir do polimorfismo de marcador RAPD e Microsatélites

Tabela 9 – Grupos de dissimilaridade formados pelo método de otimização de Tocher, baseado no complemento aritmético do Coeficiente de Jaccard.

Grupos	Genótipos	%
I	3 4 2 1* 16* 15 8* 13 14 9 6 5 7 18 17 19	69,57%
II	11 12 10	13,4%
III	22 23	8,70%
IV	20 21	8,70%

\* Variedades Padrões.

1. RB867515, 8. RB943365, 16. RB863129

2 a 7. Genótipos oriundos da autofecundação da variedade RB867515

9 a 15. Genótipos oriundos da autofecundação da variedade RB943365

17 a 23. Genótipos oriundos da autofecundação da variedade RB863129

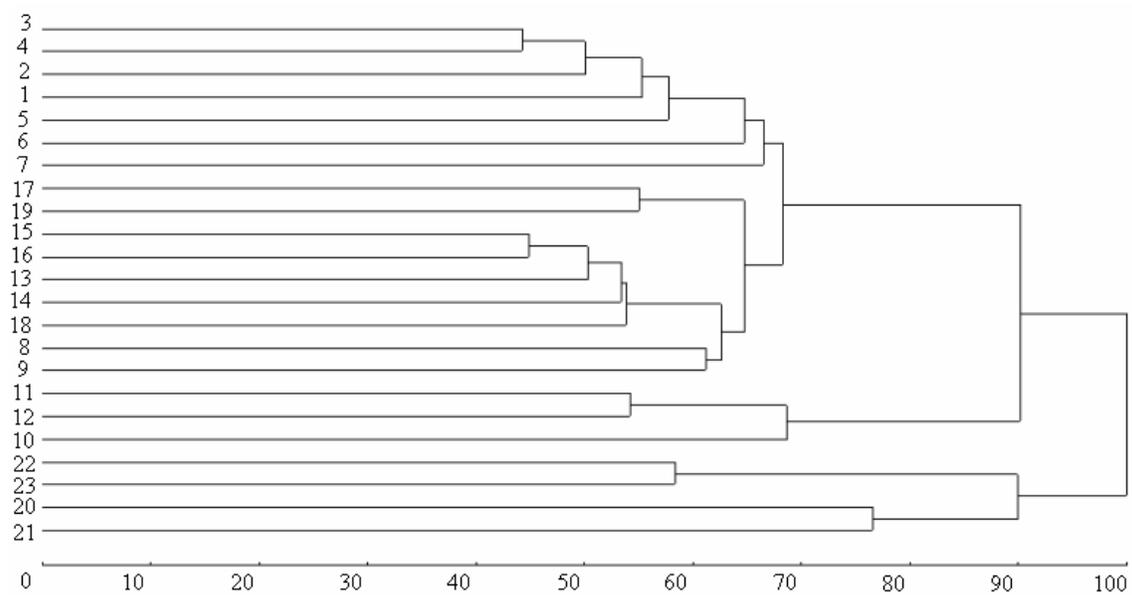


Figura 4 - Dendrograma representativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método hierárquico das ligações médias (UPGMA), baseado no complemento aritmético do coeficiente de Jaccard em 23 genótipos de cana-de-açúcar.

**ANEXOS**



ISSN 0006-8705 *versão impressa*  
ISSN 1678-4499 *versão online*

## INSTRUÇÕES AOS AUTORES

- **Objetivos e política editorial**
- **Preparação de originais**
- **Encaminhamento de trabalhos**
- **Custo para publicação**

### Preparação de originais

Os autores devem digitar no espaço "Comentários ao Editor" uma carta de encaminhamento, apresentando o trabalho e explicitando a principal contribuição do mesmo para o avanço do conhecimento na área de Ciências Agrárias. A carta de encaminhamento deve indicar que o trabalho não foi submetido para publicação em outro periódico.

Os artigos e as revisões devem ter até 25 páginas (folha tamanho A4 com margens de 3 cm, fonte em Times New Roman tamanho 12, páginas e linhas numeradas sequencialmente), incluindo tabelas e figuras. As Notas Científicas devem apresentar até 12 páginas, incluindo tabelas e figuras. Notas científicas são breves comunicações, cuja publicação imediata é justificada, por se tratar de fato inédito de importância, mas com volume insuficiente para constituir um artigo científico. As revisões são publicadas a convite da Revista.

O texto deve ser digitado em programa compatível com o Word (Microsoft), em espaçamento duplo. As principais divisões do texto (Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão e Conclusões) devem ser numeradas, em maiúsculo e negrito, e centralizadas na página. Notas científicas não apresentam divisões, conforme mencionado anteriormente.

O título do manuscrito deve refletir o conteúdo do trabalho e não deve ter subtítulo, abreviações, fórmulas e símbolos. O nome científico deve ser indicado no título apenas se a espécie for desconhecida.

Os nomes do autor e co-autores devem ser inseridos no sistema submission na mesma ordem em que aparecerão no trabalho final. Não indicar a autoria do trabalho no texto do manuscrito que será encaminhado aos assessores ad-hoc.

O resumo e abstract devem apresentar o objetivo da pesquisa de forma clara e concisa, os métodos de forma resumida, os resultados mais relevantes e as conclusões. O texto deve apresentar até 250 palavras, frases curtas, completas e com conexão entre si. Não deve apresentar citações bibliográficas. O título do trabalho em inglês, abstract e key words devem ser fiéis versões do título em português, resumo e palavras-chave.

As palavras-chave e key words não devem repetir palavras do título, devendo-se incluir o nome científico das espécies estudadas. As palavras devem ser separadas por vírgula e iniciadas com letra minúscula, inclusive o primeiro termo. Os autores devem apresentar de 3 a 6 termos, considerando que um termo pode ser composto de duas ou mais palavras.

A Introdução deve ter de uma a duas páginas, conter a justificativa para a realização do trabalho, situando a importância do problema científico a ser solucionado. A informação contida na Introdução deve ser suficiente para o estabelecimento da hipótese da pesquisa. Os autores devem citar trabalhos recentes publicados em periódicos científicos, porém a citação de trabalhos clássicos é aceita. Deve-se evitar a citação de resumos e abstracts. No último parágrafo da Introdução, os autores devem apresentar a hipótese científica e o objetivo do estudo, da mesma forma que no Resumo.

O Material e Métodos deve apresentar a descrição da condição experimental e dos métodos utilizados de tal forma que haja informação suficiente e detalhada para que o trabalho seja repetido. Fórmulas, expressões ou equações matemáticas devem ser iniciadas à margem esquerda da página. Incluir referências à análise estatística utilizada e informar a respeito das transformações dos dados. A indicação de significância estatística deve ser da seguinte forma:  $p < 0,01$  ou  $p > 0,05$  (letra “p” em minúsculo).

No item Resultados e Discussão, os autores devem apresentar os resultados da pesquisa e discuti-los no sentido de relacionar as variáveis analisadas à luz dos objetivos do estudo. A mera comparação dos resultados com os dados apresentados por outros autores não caracteriza a discussão dos mesmos. Deve-se evitar especulação excessiva e os dados não devem ser apresentados simultaneamente em tabelas e em figuras.

A Conclusão deve ser elaborada de tal forma que responda a questão abordada na pesquisa, confirmando ou não a hipótese do trabalho e estando de acordo com o objetivo. Os autores devem ficar atentos para que a Conclusão não seja um resumo dos principais resultados. A redação da Conclusão deve ser com o verbo no presente do indicativo.

Apenas as referências estritamente necessárias para a compreensão do artigo devem ser citadas, sendo recomendado ao redor de 25 referências para artigos e notas científicas. A listagem das referências deve iniciar em uma nova página.

As citações de autores no texto devem ser em caixa alta reduzida ou versalete, seguidas do ano de publicação. Para dois autores, usar “e” ou “and” se o texto for em inglês. Havendo mais de dois autores, citar o sobrenome do primeiro, seguido de et al. Ex.: Steel e Torrie (1980) ou (Steel e Torrie, 1980). Haag et al. (1992) ou (Haag et al., 1992). Mais de um artigo dos mesmos autores, no mesmo ano, devem ser discriminados com letras minúsculas: Haag et al. (1992a,b). Comunicações pessoais, trabalhos ou relatórios não publicados devem ser citados no rodapé, não devendo aparecer em Referências. A citação de trabalhos publicados em anais de eventos científicos deve ser evitada.

As referências são normatizadas segundo os modelos abaixo e devem estar em ordem alfabética de autores e, dentro desta, em ordem cronológica de trabalhos; havendo dois ou mais autores, separá-los por ponto e vírgula; os títulos dos periódicos devem ser escritos por extenso; incluir apenas os trabalhos citados no texto, em tabelas e/ou em figuras, na seguinte forma:

**a) Periódicos**

CAMARGO, C.E.O.; FELÍCIO, J.C.; FERREIRA FILHO, A.W.P.; BARROS, B.C.; PEREIRA, J.C.V.N.A.; PETTINELLI JÚNIOR, A. Comportamento agrônômico de linhagens de trigo no Estado de São Paulo. **Bragantia**, v.60, p.35-44, 2001.

**b) Livros e capítulos de livros**

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2. ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 631p.

JACKSON, M.L. Chemical composition of soil. In: BEAR, F.E. (Ed.). **Chemistry of the soil**. 2. ed. New York: Reinhold, 1964. p.71-141.

**c) Dissertações e Teses**

OLIVEIRA, H. DE. **Estudo da matéria orgânica e do zinco em solos sob plantas cítricas sadias e apresentando sintomas de declínio**. 1991. 77f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

Quando absolutamente necessárias ao entendimento do trabalho, tabelas e figuras devem acompanhar o texto. O conjunto tabela ou figura e a sua respectiva legenda deve ser auto-explicativo, sem necessidade de recorrer ao texto para sua compreensão. Os títulos das tabelas e figuras devem ser claros e completos e incluir o nome (vulgar ou científico) da espécie e das variáveis dependentes. As figuras devem vir no final do texto. São consideradas figuras: gráficos, desenhos, mapas e fotografias usados para ilustrar o texto. Os autores devem evitar cores nas figuras, exceto para fotografias. No caso de figuras compostas, cada gráfico deve ser assinalado com a inscrição “(a)”, em letra minúscula.

As tabelas não devem apresentar linhas verticais e assim como as figuras devem ser posicionadas, nessa ordem, após a listagem das referências. Os números nas tabelas devem ser alinhados pela vírgula na coluna. As figuras e tabelas devem ser acompanhadas pela respectiva legenda, com as unidades das variáveis analisadas seguindo o Sistema Internacional de Medidas e posicionadas no topo das colunas nas tabelas, fora do cabeçalho da mesma. As grandezas no caso de unidades compostas devem ser separadas por espaço e a indicação dos denominadores deve ser com notação em sobrescrito. Exemplos: ( $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ), [ $\text{mg (g MS)}^{-1}$ ].

**RECOMENDAÇÕES IMPORTANTES:**

- No caso de trabalho que envolva plantio direto, o histórico da área deve ser informado.
- Não mencionar o laboratório, departamento, centro ou universidade onde a pesquisa foi conduzida
- Trabalhos relacionados ao controle químico de pragas e doenças (com produtos naturais e sintéticos) e estudos que envolvam micropropagação e cultura de tecidos não serão considerados para a publicação em *Bragantia*. No caso de reguladores vegetais, bioestimulantes e demais produtos químicos, os trabalhos devem necessariamente estabelecer uma hipótese bem fundamentada, sendo o agente químico utilizado para testar a hipótese e responder à questão abordada no artigo.
- Os autores devem consultar fascículo recente de *Bragantia* para ciência do layout das tabelas e figuras.
- Na submissão online dos trabalhos, os nomes do autor e co-autores devem ser inseridos no sistema na mesma ordem em que aparecerão no trabalho final. Não indicar a autoria do trabalho no texto do manuscrito que será encaminhado aos assessores ad-hoc.
- O não atendimento às normas implicará na devolução do trabalho.

**Encaminhamento de trabalhos**

As submissões de trabalhos serão realizadas eletronicamente via o Sistema Submission (<http://submission.scielo.br/index.php/brag/index>)

**Custo para publicação**

O custo para publicação é de R\$ 30,00 por página diagramada no formato final da revista. Figuras (fotografias) coloridas terão um custo adicional de R\$ 150,00 para meia página e R\$ 300,00 para página inteira. O autor correspondente deve efetuar depósito em conta bancária em nome de FUNDAG - Fundação de Apoio à Pesquisa Agrícola (Banco do Brasil, AG 3360-X, C/C 4200-5) e encaminhar ao endereço abaixo o comprovante de depósito (via carta, fax ou e-mail), mencionando nome e endereço para correspondência.

**Contato**

**BRAGANTIA** - Secretaria  
Tel: (19) 3231-5422 ramal 183

Fax: (19) 3231-5422 ramal 215

E-mail: [editor@iac.sp.gov.br](mailto:editor@iac.sp.gov.br)



## Revista Ciência Agronômica

A Revista Ciência Agronômica, (ISSN 0045-6888-impreso e 1806-6690-online) é publicada pelo Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará desde 1971. Atualmente, apresenta uma periodicidade trimestral e os artigos nela publicados estão indexados nas seguintes bases: ISI, CAB International, SciELO, AGROBASE, AGRIS, AGRICOLA, LATINDEX, SCOPUS e EBSCO Publishing.

### **ORIENTAÇÃO AOS AUTORES PARA PUBLICAÇÃO NA REVISTA CIÊNCIA AGRONÔMICA, ISSN 0045-6888 (impreso) e 1806-6690 (online)**

**Atenção:** As normas da revista estão sujeitas a alterações, portanto não deixe de consultar as normas para publicações atualizadas e o modelo de artigo no endereço <http://www.ccarevista.ufc.br>. Estas normas são válidas para todos os trabalhos submetidos à Revista Ciência Agronômica.

#### **1. Política Editorial**

A Revista Ciência Agronômica, publicada pelo Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, apresenta periodicidade trimestral e destina-se à publicação de **artigos científicos, artigos técnicos e notas científicas originais e não-publicados ou submetidos a outro periódico, inerentes às áreas de ciências agrárias e recursos naturais.**

A Revista Ciência Agronômica aceita e incentiva submissões de artigos redigidos em Inglês e Espanhol, todavia os artigos passarão por uma avaliação preliminar do Comitê Editorial. Informa-se que não se aceita a submissão de artigos escritos em línguas estrangeiras, cuja tradução tenha sido efetuada por programas computacionais, ficando na responsabilidade do Comitê Editorial decidir a necessidade de uma revisão da língua estrangeira, a qual será realizada por um revisor indicado pela Revista Ciência Agronômica, sendo os custos de responsabilidade do autor. É requerida uma **taxa de submissão de R\$ 40,00 (quarenta reais)** por artigo submetido, a qual deverá ser depositada na conta apresentada abaixo. O pagamento da mesma **não significa** que a submissão do artigo será **aceita** pelo Comitê Editorial. A partir da segunda devolução, por irregularidade normativa, principalmente em se tratando das referências, o artigo terá a submissão cancelada e **não haverá devolução da taxa de submissão**. Portanto, **solicita-se aos autores** que verifiquem detalhadamente se o documento se encontra em concordância com as **normas da RCA**. Recomenda-se aos autores tomar como referência o modelo de artigo disponível no site da revista.

Os trabalhos aprovados preliminarmente serão enviados a pelo menos 2 revisores da área e publicados, somente, se aprovados pelos revisores e pelo corpo editorial. A publicação dos artigos será baseada na originalidade, qualidade e mérito científico, cabendo ao comitê editorial a decisão final do aceite. O sigilo de identidade dos autores e revisores será mantido durante todo o processo. A administração da revista tomará o cuidado para que os revisores de cada artigo sejam, obrigatoriamente, de instituições distintas daquela de origem dos autores. Artigo que apresentar mais de cinco autores não terá a sua submissão aceita pela Revista Ciência Agronômica, salvo algumas condições especiais. Não é permitido mudanças no nome de autores *a posteriori*.

Após a aprovação do artigo pelo corpo editorial será solicitada dos autores uma **taxa de publicação de R\$ 80,00** para pagamento de revisores da língua inglesa e trabalhos de diagramação. Os depósitos deverão ser efetuados em nome da:

Eunice/Rev. C. Agronômica

**Banco do Brasil: Agência bancária: 4439-3 - Conta poupança: 6.913-2**

As opiniões emitidas nos trabalhos são de exclusiva responsabilidade de seus autores. A Revista reserva-se o direito de adaptar os originais visando manter a uniformidade da publicação. A Revista Ciência Agronômica não mais fornece separatas ou exemplares aos autores. Todos os artigos aprovados e publicados por esse periódico desde a sua fundação em 1971 estão disponíveis no site [www.ccarevista.ufc.br](http://www.ccarevista.ufc.br). A distribuição na forma impressa da Revista Ciência Agronômica é de responsabilidade da Biblioteca de Ciência e Tecnologia da Universidade Federal do Ceará sendo realizada por meio de permuta com bibliotecas brasileiras e do exterior.

Na submissão online é requerido:

1. A concordância com a declaração de responsabilidade de direitos autorais que será exibida no momento da submissão do artigo;
2. A primeira versão do artigo deve omitir os nomes dos autores com suas respectivas notas de rodapé, bem como a nota de rodapé do título;
3. Somente, na versão final o artigo deve conter o nome de todos os autores com identificação em nota de rodapé, inclusive a do título;
4. Identificação do autor de correspondência com endereço completo.

## **2. Formatação do Artigo**

**Digitação:** no máximo 20 páginas, A4, digitado em espaço duplo, fonte Times New Roman, estilo normal, corpo 12, recuo do parágrafo por 1 cm. Todas as margens deverão ter 2,5 cm. Os números de páginas devem ser colocados na margem superior, à direita. As linhas devem ser numeradas de forma contínua.

**Estrutura:** o artigo científico deverá ser redigido obedecendo a seguinte ordem: título, título em inglês, autores, resumo, palavras-chave, abstract, key words, introdução, material e métodos, resultados e discussão, conclusões, agradecimentos (opcional) e referências. Notas científicas não necessitam obedecer a mesma estrutura do artigo, mas devem conter, obrigatoriamente, título em inglês, resumo (incluindo palavras-chave) e abstract (incluindo key words).

**Título:** deve ser escrito com apenas a inicial maiúscula, em negrito e centralizado na página com no **máximo 15 palavras**. Como chamada de rodapé numérica, extraída do título, devem constar informações sobre a natureza do trabalho (se extraído de tese/dissertação) e referências às instituições colaboradoras. Os títulos das demais seções da estrutura (resumo, palavras-chave, abstract,...) deverão ser escritos com apenas a inicial maiúscula, em negrito, justificado pela esquerda.

**Autores:** os nomes completos (sem abreviaturas) deverão vir abaixo do título, somente com a primeira letra maiúscula, um após outro, separados por vírgula e centralizados na linha. Como nota de rodapé na primeira página, deve-se indicar, de cada autor, afiliação completa (departamento, centro, instituição, cidade e país), endereço eletrônico e endereço completo do autor correspondente. O autor de correspondência deve ser identificado por um "\*". Só serão aceitos artigos com mais de cinco autores, quando, comprovadamente, a pesquisa tenha sido desenvolvida em regiões distintas. **Na primeira versão do artigo submetido, os nomes dos autores e a nota de rodapé deverão ser omitidos.** O modelo a ser adotado para a inserção do nome dos autores e da nota de rodapé na **versão final do artigo** deve seguir o apresentado no **modelo de artigo** ([www.ccarevista.ufc.br](http://www.ccarevista.ufc.br)).

**Resumo e Abstract:** devem começar com estas palavras, na margem esquerda, com apenas a inicial maiúscula, em negrito, contendo no máximo **250 palavras**.

**Palavras-chave e Key words:** devem conter no mínimo três e no máximo cinco termos para indexação, os quais não devem constar no título. Cada **palavra-chave e key word** devem iniciar com letra maiúscula e ser seguida de ponto.

**Introdução:** Deve ser compacta e objetiva contendo citações atuais que apresentem relação com o assunto abordado na pesquisa. As citações presentes na introdução devem ser empregadas para fundamentar a discussão dos resultados, criando, assim, a ligação entre o estudo da arte e a discussão dos resultados. Não deve conter mais de **550 palavras**.

**Citação de autores no texto:** devem ser observadas as normas da ABNT, NBR 10520 de agosto/2002. **Ex:** Santos (2002) ou (SANTOS, 2002); com dois autores, usar Pereira e Freitas (2002) ou (PEREIRA; FREITAS, 2002); com três ou mais autores, usar Xavier et al. (1997) ou (XAVIER et al., 1997).

**Tabelas:** serão denominadas de **Tabela**, numeradas consecutivamente com algarismos arábicos na parte superior. **Não usar linhas verticais.** As linhas horizontais devem ser usadas para separar o título do cabeçalho e este do conteúdo, além de uma no final da tabela. Cada dado deve ocupar uma célula distinta. Não usar negrito ou letra maiúscula no cabeçalho. Recomenda-se que as tabelas apresentem 8,2 cm de largura, não sendo superior a 17 cm. Veja a tabela presente no **modelo de artigo** ([www.ccarevista.ufc.br](http://www.ccarevista.ufc.br)).

**Figuras:** gráficos, fotografias ou desenhos levarão a denominação geral de **Figura** sucedida de numeração arábica crescente e legenda na parte inferior. Para a preparação dos gráficos deve-se utilizar “softwares” compatíveis com **Microsoft Windows** (Excel, Power Point, etc.). Na versão final devem ser gravadas em arquivo do tipo METAFILE ou TIFF. A RESOLUÇÃO deve ser no mínimo 500 dps e enviados em arquivos separados do arquivo de texto. As figuras devem apresentar 8,2 cm de largura, não sendo superior a 17 cm. A fonte empregada deve ser a Times New Roman, corpo 10 e não usar negrito na identificação dos eixos. As linhas dos eixos devem apresentar uma espessura de 2,5 mm de cor preta. A Revista

Ciência Agrônômica reserva-se ao direito de não aceitar tabelas e/ou figuras com o papel na forma “paisagem” ou que apresentem mais de 17 cm de largura. Os custos da publicação de fotos coloridas são de responsabilidade dos autores do artigo. **Tabelas e Figuras devem ser inseridas logo após à sua primeira citação.**

**Equações:** devem ser digitadas usando o editor de equações do Word, com a fonte Times New Roman. As equações devem receber uma numeração arábica crescente. As equações devem apresentar o seguinte padrão de tamanho:

Inteiro = 12 pt

Subscrito/sobrescrito = 8 pt

Sub-subscrito/sobrescrito = 5 pt

Símbolo = 18 pt

Subsímbolo = 14 pt

Estas definições são encontradas no editor de equação no Word.

**Estatística:**

1. Caso tenha realizado análise de variância, apresentar o "F" e a sua significância;
2. Dados quantitativos devem ser tratados pela técnica de análise de regressão;
3. Apresentar a significância dos parâmetros da equação de regressão;
4. Dependendo do estudo (ex: função de produção), analisar os sinais associados aos parâmetros;
5. Os coeficientes do modelo de regressão devem apresentar o seguinte formato:  $y = a+bx +cx^2+...$

**Agradecimentos:** logo após as conclusões poderão vir os agradecimentos a pessoas ou instituições, em estilo sóbrio e claro, indicando as razões pelas quais os faz.

**Referências:** deverão ser apresentadas em ordem alfabética de autores e de acordo com a NBR 6023 de agosto/2002 da ABNT. **UM PERCENTUAL DE 60% DO TOTAL DAS REFERÊNCIAS DEVERÁ SER ORIUNDO DE PERIÓDICOS CIENTÍFICOS INDEXADOS COM DATA DE PUBLICAÇÃO INFERIOR A 10 ANOS.** Com relação aos periódicos, é dispensada a informação do local de publicação, porém os títulos não devem ser abreviados. Recomenda-se um total de 20 a 30 referências. Sugere-se a citação de uma ou duas referências da Revista Ciência Agrônômica. **Publicações com mais de três autores deve-se usar o et al.**

**Ex:** ANDRADE, E. M. et al. Mapa de vulnerabilidade da bacia do Acaraú, Ceará, à qualidade das águas de irrigação, pelo emprego do GIS. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 37, n. 03, p. 280-287, 2006.

**Alguns exemplos:**

**Livro**

NEWMANN, A. L.; SNAPP, R. R. **Beef cattle**. 7. ed. New York: John Willey, 1977. 883 p.

**Capítulo de livro**

MALAVOLTA, E.; DANTAS, J. P. Nutrição e adubação do milho. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. cap. 13, p.539-593.

**Tese/dissertação**

SILVA, M. N. da. **População de plantas e adubação de nitrogenada em algodoeiro herbáceo irrigado**. 2001. 52f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

**Artigo de revista**

XAVIER, D. F.; CARVALHO, M. M.; BOTREL, M. A. Resposta de *Cratylia argentea* à aplicação em um solo ácido. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 27, n. 01, p. 14-18, 1997.

ANDRADE, E. M. et al. (mais de 3 autores) Mapa de vulnerabilidade da bacia do Acaraú, Ceará, à qualidade das águas de irrigação, pelo emprego do GIS. **Revista Ciência Agronômica**, v. 37, n. 03, p. 280-287, 2006.

**Resumo de trabalho de congresso**

SOUZA, F. X.; MEDEIROS FILHO, S.; FREITAS, J. B. S. Germinação de sementes de cajazeira (*Spondias mombin* L.) com pré-embebição em água e hipoclorito de sódio. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SEMENTES, 11., 1999, Foz do Iguaçu. **Resumos...** Foz do Iguaçu: ABRATES, 1999. p.158.

**Trabalho publicado em anais de congresso**

BRAYNER, A. R. A.; MEDEIROS, C. B. Incorporação do tempo em SGBD orientado a objetos. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE BANCO DE DADOS, 9., São Paulo. **Anais...** São Paulo: USP, 1994. p.16-29.

**Trabalho de congresso pela Internet**

SILVA, R. N.; OLIVEIRA, R. Os limites pedagógicos do paradigma da qualidade total na educação. In: CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFPe, 4., 1996, Recife. **Anais eletrônicos...** Recife: UFPe, 1996. Disponível em: <<http://www.propesq.ufpe.br/anais/anais/educ/ce04.htm>>. Acesso em: 21 jan. 1997.

**Trabalho de congresso em CD**

GUNCHO, M. R. A educação à distância e a biblioteca universitária. In: SEMINÁRIO DE BIBLIOTECAS UNIVERSITÁRIAS, 10., 1998, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: Tec Treina. 1 CD.

**Unidades e Símbolos:** As unidades e símbolos do Sistema Internacional adotados pela Revista Ciência Agronômica.

<b>Grandezas básicas</b>	<b>Unidades</b>	<b>Símbolos</b>	<b>Exemplos</b>
Comprimento	metro	m	
Massa	quilograma	kg	
Tempo	segundo	s	
Corrente elétrica	amper	A	
Temperatura termodinâmica	Kelvin	K	
Quantidade de substância	mol	mol	

**Unidades derivadas**

Velocidade	---	$m s^{-1}$	$343 m s^{-1}$
Aceleração	---	$m s^{-2}$	$9,8 m s^{-2}$
Volume	metro cúbico, litro	$m^3, L^*$	$1 m^3, 1\ 000 L^*$
Frequência	Hertz	Hz	10 Hz
Massa específica	---	$kg m^{-3}$	$1.000 kg m^{-3}$
Força	newton	N	15 N
Pressão	pascal	Pa	$1,013.10^5 Pa$
Energia	joule	J	4 J
Potência	watt	W	500 W
Calor específico	---	$J (kg\ ^\circ C)^{-1}$	$4186 J (kg\ ^\circ C)^{-1}$
Calor latente	---	$J kg^{-1}$	$2,26. 10^6 J kg^{-1}$
Carga elétrica	coulomb	C	1 C
Potencial elétrico	volt	V	25 V
Resistência elétrica	ohm	$29\Omega$	$\Omega$
Intensidade de energia	Watts/metros quadrado	$Wm^{-2}$	$1.372 W m^{-2}$
Concentração	mol/metro cúbico	$mol m^{-3}$	$500 mol m^{-3}$
Condutância elétrica	siemens	S 300	S
Condutividade elétrica	desiemens/metro	$dS m^{-1}$	$5 dS m^{-1}$
Temperatura	grau Celsius	$^\circ C$	$25\ ^\circ C$
Ângulo	grau $^\circ$	$^\circ$	$30^\circ$
Porcentagem	---	%	45%

Números mencionados em seqüência devem ser separados por **ponto e vírgula** (;). Ex: 2,5; 4,8; 25,3

**3. Lista de verificação – Revista Ciência Agrônômica**

Visando a maior agilidade no processo de submissão de seu artigo, o Comitê Editorial da Revista Ciência Agrônômica, elaborou uma lista de verificação para que o autor possa conferir toda a formatação do manuscrito de sua autoria, **ANTES** de submetê-lo para publicação. A lista foi elaborada de acordo com as normas da Revista Ciência Agrônômica. Respostas **NEGATIVAS** significam que seu artigo ainda deve ser adaptado às normas da revista e a submissão de tais artigos implicará na sua devolução e retardo na tramitação. Respostas **POSITIVAS** significam que seu artigo está em concordância com as normas, implicando em maior rapidez na tramitação.

**A. Referente ao trabalho**

1. O trabalho é original?
2. O trabalho representa uma contribuição científica para a área de Ciências Agrárias?
3. O trabalho está sendo enviado com exclusividade para a Revista Ciência Agrônômica?

**B. Referente à formatação**

4. O trabalho pronto para ser submetido online está omitindo os nomes dos autores?
5. O trabalho contém no máximo 20 páginas, está no formato A4, digitado em espaço duplo, incluindo as referências; fonte Times New Roman, tamanho 12, incluindo títulos e subtítulos?

6. As margens foram colocadas a 2,5 cm, a numeração de páginas foi colocada na margem superior, à direita e as linhas foram numeradas de forma contínua?
7. O recuo do parágrafo de 1 cm foi definido na formatação do parágrafo? Lembre-se que a revista não aceita recuo de parágrafo usando a tecla “TAB” ou a “barra de espaço”.
8. A estrutura do trabalho está de acordo com as normas, ou seja, segue a seguinte ordem: título, título em inglês, autores, resumo, palavras-chave, abstract, key words, introdução, material e métodos, resultados e discussão, conclusões, agradecimentos (opcional) e referências?
9. O título contém no máximo 15 palavras?
10. O resumo bem como o abstract apresentam no máximo 250 palavras?
11. As palavras-chave contém entre três e cinco termos, iniciam com letra maiúscula e são seguidas de ponto?
12. A introdução contém citações atuais que apresentam relação com o assunto abordado na pesquisa; apresenta no máximo 550 palavras?
13. As citações apresentadas na introdução foram empregadas para fundamentar a discussão dos resultados?
14. As citações estão de acordo com as normas da revista?
15. As tabelas e figuras estão formatadas de acordo com as normas da revista e estão inseridas logo em seguida à sua primeira citação? Lembre-se, não é permitido usar “enter” nas células que compõem a(s) tabela(s).
16. A(s) tabela(s), se existente, está no formato retrato?
17. A(s) figura(s) apresenta qualidade superior (resolução com no mínimo 500 dpis)?
18. As unidades e símbolos utilizados no seu trabalho se encontram dentro das normas do Sistema Internacional adotado pela Revista Ciência Agronômica?
19. Os números estão separados por ponto e vírgula? As unidades estão separadas do número por um espaço? Lembre-se, não existe espaço entre o número e o símbolo de %.
20. O seu trabalho apresenta entre 20 e 30 referências sendo 60% destas publicadas com menos de 10 anos em periódicos indexados?
21. Todas as referências estão citadas ao longo do texto?
22. Todas as referências citadas ao longo do texto estão corretamente descritas, conforme as normas da revista, e aparecem listadas?

### C. Observações:

1. Lembre-se que **SE** as normas da revista não forem seguidas rigorosamente, seu trabalho não irá tramitar. Portanto, é melhor retardar o envio por mais alguns dias e conferir todas as normas. A consulta de um trabalho já publicado na sua área pode lhe ajudar a sanar algumas dúvidas e pode servir como um modelo (acesse aos periódicos no site <http://www.ccarevista.ufc.br/busca>).
2. Caso suas respostas sejam todas **AFIRMATIVAS** seu trabalho será enviado com maior segurança. Caso tenha ainda respostas **NEGATIVAS**, seu trabalho irá retornar retardando o processo de tramitação. **Lembre-se:** A partir da segunda devolução, por irregularidade normativa, principalmente em se tratando das referências, o mesmo terá a submissão cancelada e **não haverá devolução da taxa de submissão**. Portanto é muito importante que os autores verifiquem cuidadosamente se o artigo se encontra de acordo com as normas requeridas pela Revista Ciência Agronômica.
3. Procure **SEMPRE** acompanhar a situação de seu trabalho pela página da revista (<http://ccarevista.ufc.br>) no sistema online de gerenciamento de artigos.
4. Esta lista de verificação não substitui a revisão técnica da revista, a qual todos os artigos enviados serão submetidos.



ISSN 0100-204X *versão impressa*  
ISSN 1678-3921 *versão online*

## INSTRUÇÕES AOS AUTORES

- **Escopo e política**
- **Forma e preparação de manuscritos**
- **Envio de manuscritos**

### Escopo e política editorial

A revista **Pesquisa Agropecuária Brasileira** (PAB) é uma publicação mensal da Embrapa, que edita e publica trabalhos técnico-científicos originais, em português, espanhol ou inglês, resultantes de pesquisas de interesse agropecuário. A principal forma de contribuição é o Artigo, mas a PAB também publica Notas Científicas, Novas Cultivares e Revisões a convite do Editor.

### Forma e preparação de manuscritos

#### Análise dos artigos

A Comissão Editorial faz a análise dos trabalhos antes de submetê-los à assessoria científica. Nessa análise, consideram-se aspectos como escopo, apresentação do artigo segundo as normas da revista, formulação do objetivo de forma clara, clareza da redação, fundamentação teórica, atualização da revisão da literatura, coerência e precisão da metodologia, resultados com contribuição significativa, discussão dos fatos observados em relação aos descritos na literatura, qualidade das tabelas e figuras, originalidade e consistência das conclusões. Após a aplicação desses critérios, se o número de trabalhos aprovados ultrapassa a capacidade mensal de publicação, é aplicado o critério da relevância relativa, pelo qual são aprovados os trabalhos cuja contribuição para o avanço do conhecimento científico é considerada mais significativa. Esse critério é aplicado somente aos trabalhos que atendem aos requisitos de qualidade para publicação na revista, mas que, em razão do elevado número, não podem ser todos aprovados para publicação. Os trabalhos rejeitados são devolvidos aos autores e os demais são submetidos à análise de assessores científicos, especialistas da área técnica do artigo.

### **Forma e preparação de manuscritos**

Os trabalhos enviados à PAB devem ser inéditos e não podem ter sido encaminhados a outro periódico científico ou técnico. Dados publicados na forma de resumos, com mais de 250 palavras, não devem ser incluídos no trabalho.

São considerados, para publicação, os seguintes tipos de trabalho: Artigos Científicos, Notas Científicas, Novas Cultivares e Artigos de Revisão, este último a convite do Editor.

Os trabalhos publicados na PAB são agrupados em áreas técnicas, cujas principais são: Entomologia, Fisiologia Vegetal, Fitopatologia, Fitotecnia, Fruticultura, Genética, Microbiologia, Nutrição Mineral, Solos e Zootecnia.

O texto deve ser digitado no editor de texto Microsoft Word, em espaço duplo, fonte Times New Roman, corpo 12, folha formato A4, com margens de 2,5 cm e com páginas e linhas numeradas.

### **Organização do Artigo Científico**

A ordenação do artigo deve ser feita da seguinte forma:

Artigos em português - Título, autoria, endereços institucionais e eletrônicos, Resumo, Termos para indexação, título em inglês, Abstract, Index terms, Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão, Conclusões, Agradecimentos, Referências, tabelas e figuras.

Artigos em inglês - Título, autoria, endereços institucionais e eletrônicos, Abstract, Index terms, título em português, Resumo, Termos para indexação, Introduction, Materials and Methods, Results and Discussion, Conclusions, Acknowledgements, References, tables, figures.

Artigos em espanhol - Título, autoria, endereços institucionais e eletrônicos, Resumen, Términos para indexación; título em inglês, Abstract, Index terms, Introducción, Materiales y Métodos, Resultados y Discusión, Conclusiones, Agradecimientos, Referencias, cuadros e figuras.

O título, o resumo e os termos para indexação devem ser vertidos fielmente para o inglês, no caso de artigos redigidos em português e espanhol, e para o português, no caso de artigos redigidos em inglês.

O artigo científico deve ter, no máximo, 20 páginas, incluindo-se as ilustrações (tabelas e figuras), que devem ser limitadas a seis, sempre que possível.

### **Título**

Deve representar o conteúdo e o objetivo do trabalho e ter no máximo 15 palavras, incluindo-se os artigos, as preposições e as conjunções.

Deve ser grafado em letras minúsculas, exceto a letra inicial, e em negrito.

Deve ser iniciado com palavras chaves e não com palavras como “efeito” ou “influência”.

Não deve conter nome científico, exceto de espécies pouco conhecidas; neste caso, apresentar somente o nome binário.

Não deve conter subtítulo, abreviações, fórmulas e símbolos.

As palavras do título devem facilitar a recuperação do artigo por índices desenvolvidos por bases de dados que catalogam a literatura.

### **Nomes dos autores**

Grafar os nomes dos autores com letra inicial maiúscula, por extenso, separados por vírgula; os dois últimos são separados pela conjunção “e”, “y” ou “and”, no caso de artigo em português, espanhol ou em inglês, respectivamente.

O último sobrenome de cada autor deve ser seguido de um número em algarismo arábico, em forma de expoente, entre parênteses, correspondente à chamada de endereço do autor.

### **Endereço dos autores**

São apresentados abaixo dos nomes dos autores, o nome e o endereço postal completos da instituição e o endereço eletrônico dos autores, indicados pelo número em algarismo arábico, entre parênteses, em forma de expoente.

Devem ser agrupados pelo endereço da instituição.

Os endereços eletrônicos de autores da mesma instituição devem ser separados por vírgula.

### **Resumo**

O termo Resumo deve ser grafado em letras minúsculas, exceto a letra inicial, na margem esquerda, e separado do texto por travessão.

Deve conter, no máximo, 200 palavras, incluindo números, preposições, conjunções e artigos.

Deve ser elaborado em frases curtas e conter o objetivo, o material e os métodos, os resultados e a conclusão.

Não deve conter citações bibliográficas nem abreviaturas.

O final do texto deve conter a principal conclusão, com o verbo no presente do indicativo.

### **Termos para indexação**

A expressão Termos para indexação, seguida de dois-pontos, deve ser grafada em letras minúsculas, exceto a letra inicial.

Os termos devem ser separados por vírgula e iniciados com letra minúscula.

Devem ser no mínimo três e no máximo seis, considerando-se que um termo pode possuir duas ou mais palavras.

Não devem conter palavras que componham o título.

Devem conter o nome científico (só o nome binário) da espécie estudada.

Devem, preferencialmente, ser termos contidos no AGROVOC: Multilingual Agricultural Thesaurus ([http://www.fao.org/aims/ag\\_intro.htm](http://www.fao.org/aims/ag_intro.htm)) ou no Índice de Assuntos da base SciELO (<http://www.scielo.br>).

## **Introdução**

A palavra Introdução deve ser centralizada e grafada com letras minúsculas, exceto a letra inicial, e em negrito.

Deve ocupar, no máximo, duas páginas.

Deve apresentar a justificativa para a realização do trabalho, situar a importância do problema científico a ser solucionado e estabelecer sua relação com outros trabalhos publicados sobre o assunto.

O último parágrafo deve expressar o objetivo de forma coerente com o descrito no início do Resumo.

## **Material e Métodos**

A expressão Material e Métodos deve ser centralizada e grafada em negrito; os termos Material e Métodos devem ser grafados com letras minúsculas, exceto as letras iniciais.

Deve ser organizado, de preferência, em ordem cronológica.

Deve apresentar a descrição do local, a data e o delineamento do experimento, e indicar os tratamentos, o número de repetições e o tamanho da unidade experimental.

Deve conter a descrição detalhada dos tratamentos e variáveis.

Deve-se evitar o uso de abreviações ou as siglas.

Os materiais e os métodos devem ser descritos de modo que outro pesquisador possa repetir o experimento.

Devem ser evitados detalhes supérfluos e extensas descrições de técnicas de uso corrente.

Deve conter informação sobre os métodos estatísticos e as transformações de dados.

Deve-se evitar o uso de subtítulos; quando indispensáveis, grafá-los em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial, na margem esquerda da página.

## **Resultados e Discussão**

A expressão Resultados e Discussão deve ser centralizada e grafada em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.

Deve ocupar quatro páginas, no máximo.

Todos os dados apresentados em tabelas ou figuras devem ser discutidos.

As tabelas e figuras são citadas seqüencialmente.

Os dados das tabelas e figuras não devem ser repetidos no texto, mas discutidos em relação aos apresentados por outros autores.

Evitar o uso de nomes de variáveis e tratamentos abreviados.

Dados não apresentados não podem ser discutidos.

Não deve conter afirmações que não possam ser sustentadas pelos dados obtidos no próprio trabalho ou por outros trabalhos citados.

As chamadas às tabelas ou às figuras devem ser feitas no final da primeira oração do texto em questão; se as demais sentenças do parágrafo referirem-se à mesma tabela ou figura, não é necessária nova chamada.

Não apresentar os mesmos dados em tabelas e em figuras.

As novas descobertas devem ser confrontadas com o conhecimento anteriormente obtido.

## **Conclusões**

O termo Conclusões deve ser centralizado e grafado em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.

Devem ser apresentadas em frases curtas, sem comentários adicionais, com o verbo no presente do indicativo.

Devem ser elaboradas com base no objetivo do trabalho.

Não podem consistir no resumo dos resultados.

Devem apresentar as novas descobertas da pesquisa.

Devem ser numeradas e no máximo cinco.

### **Agradecimentos**

A palavra Agradecimentos deve ser centralizada e grafada em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.

Devem ser breves e diretos, iniciando-se com “Ao, Aos, À ou Às” (pessoas ou instituições).

Devem conter o motivo do agradecimento.

### **Referências**

A palavra Referências deve ser centralizada e grafada em negrito, com letras minúsculas, exceto a letra inicial.

Devem ser de fontes atuais e de periódicos: pelo menos 70% das referências devem ser dos últimos 10 anos e 70% de artigos de periódicos.

Devem ser normalizadas de acordo com a NBR 6023 da ABNT, com as adaptações descritas a seguir.

Devem ser apresentadas em ordem alfabética dos nomes dos autores, separados por ponto-e-vírgula, sem numeração.

Devem apresentar os nomes de todos os autores da obra.

Devem conter os títulos das obras ou dos periódicos grafados em negrito.

Devem conter somente a obra consultada, no caso de citação de citação.

Todas as referências devem registrar uma data de publicação, mesmo que aproximada.

Devem ser trinta, no máximo.

### ***Exemplos:***

#### *Artigos de Anais de Eventos (aceitos apenas trabalhos completos)*

AHRENS, S. A fauna silvestre e o manejo sustentável de ecossistemas florestais. In: SIMPÓSIO LATINO-AMERICANO SOBRE MANEJO FLORESTAL, 3., 2004, Santa Maria. **Anais**. Santa Maria: UFSM, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, 2004. p.153-162.

#### *Artigos de periódicos*

SANTOS, M.A. dos; NICOLÁS, M.F.; HUNGRIA, M. Identificação de QTL associados à simbiose entre *Bradyrhizobium japonicum*, *B. elkanii* e soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.67-75, 2006.

#### *Capítulos de livros*

AZEVEDO, D.M.P. de; NÓBREGA, L.B. da; LIMA, E.F.; BATISTA, F.A.S.; BELTRÃO, N.E. de M. Manejo cultural. In: AZEVEDO, D.M.P.; LIMA, E.F. (Ed.). **O agronegócio da mamona no Brasil**. Campina Grande: Embrapa Algodão; Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001. p.121-160.

#### *Livros*

OTSUBO, A.A.; LORENZI, J.O. **Cultivo da mandioca na Região Centro-Sul do Brasil**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 116p. (Embrapa Agropecuária Oeste. Sistemas de produção, 6).

#### *Teses*

HAMADA, E. **Desenvolvimento fenológico do trigo (cultivar IAC 24 - Tucuruí), comportamento espectral e utilização de imagens NOAA-AVHRR**. 2000. 152p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Campinas, Campinas.

#### *Fontes eletrônicas*

EMBRAPA AGROPECUÁRIA OESTE. **Avaliação dos impactos econômicos, sociais e ambientais da pesquisa da Embrapa Agropecuária Oeste**: relatório do ano de 2003. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2004. 97p. (Embrapa Agropecuária Oeste. Documentos, 66). Disponível em: <<http://www.cpa0.embrapa.br/publicacoes/ficha.php?tipo=DOC&num=66&ano=2004>>. Acesso em: 18 abr. 2006.

#### **Citações**

Não são aceitas citações de resumos, comunicação pessoal, documentos no prelo ou qualquer outra fonte, cujos dados não tenham sido publicados.

A autocitação deve ser evitada.

Devem ser normalizadas de acordo com a NBR 10520 da ABNT, com as adaptações descritas a seguir.

#### ***Redação das citações dentro de parênteses***

Citação com um autor: sobrenome grafado com a primeira letra maiúscula, seguido de vírgula e ano de publicação.

Citação com dois autores: sobrenomes grafados com a primeira letra maiúscula, separados pelo "e" comercial (&), seguidos de vírgula e ano de publicação.

Citação com mais de dois autores: sobrenome do primeiro autor grafado com a primeira letra maiúscula, seguido da expressão et al., em fonte normal, vírgula e ano de publicação.

Citação de mais de uma obra: deve obedecer à ordem cronológica e em seguida à ordem alfabética dos autores.

Citação de mais de uma obra dos mesmos autores: os nomes destes não devem ser repetidos; colocar os anos de publicação separados por vírgula.

Citação de citação: sobrenome do autor e ano de publicação do documento original, seguido da expressão “citado por” e da citação da obra consultada.

Deve ser evitada a citação de citação, pois há risco de erro de interpretação; no caso de uso de citação de citação, somente a obra consultada deve constar da lista de referências.

### ***Redação das citações fora de parênteses***

Citações com os nomes dos autores incluídos na sentença: seguem as orientações anteriores, com os anos de publicação entre parênteses; são separadas por vírgula.

### **Fórmulas, expressões e equações matemáticas**

Devem ser iniciadas à margem esquerda da página e apresentar tamanho padronizado da fonte Times New Roman.

Não devem apresentar letras em itálico ou negrito, à exceção de símbolos escritos convencionalmente em itálico.

### **Tabelas**

As tabelas devem ser numeradas seqüencialmente, com algarismo arábico, e apresentadas em folhas separadas, no final do texto, após as referências.

Devem ser auto-explicativas.

Seus elementos essenciais são: título, cabeçalho, corpo (colunas e linhas) e coluna indicadora dos tratamentos ou das variáveis.

Os elementos complementares são: notas-de-rodapé e fontes bibliográficas.

O título, com ponto no final, deve ser precedido da palavra Tabela, em negrito; deve ser claro, conciso e completo; deve incluir o nome (vulgar ou científico) da espécie e das variáveis dependentes.

No cabeçalho, os nomes das variáveis que representam o conteúdo de cada coluna devem ser grafados por extenso; se isso não for possível, explicar o significado das abreviaturas no título ou nas notas-de-rodapé.

Todas as unidades de medida devem ser apresentadas segundo o Sistema Internacional de Unidades.

Nas colunas de dados, os valores numéricos devem ser alinhados pelo último algarismo.

Nenhuma célula (cruzamento de linha com coluna) deve ficar vazia no corpo da tabela; dados não apresentados devem ser representados por hífen, com uma nota-de-rodapé explicativa.

Na comparação de médias de tratamentos são utilizadas, no corpo da tabela, na coluna ou na linha, à direita do dado, letras minúsculas ou maiúsculas, com a indicação em nota-de-rodapé do teste utilizado e a probabilidade.

Devem ser usados fios horizontais para separar o cabeçalho do título, e do corpo; usá-los ainda na base da tabela, para separar o conteúdo dos elementos complementares. Fios horizontais adicionais podem ser usados dentro do cabeçalho e do corpo; não usar fios verticais.

As tabelas devem ser editadas em arquivo Word, usando os recursos do menu Tabela; não fazer espaçamento utilizando a barra de espaço do teclado, mas o recurso recuo do menu Formatar Parágrafo.

### ***Notas de rodapé das tabelas***

Notas de fonte: indicam a origem dos dados que constam da tabela; as fontes devem constar nas referências.

Notas de chamada: são informações de caráter específico sobre partes da tabela, para conceituar dados. São indicadas em algarismo arábico, na forma de expoente, entre parênteses, à direita da palavra ou do número, no título, no cabeçalho, no corpo ou na coluna indicadora. São apresentadas de forma contínua, sem mudança de linha, separadas por ponto.

Para indicação de significância estatística, são utilizadas, no corpo da tabela, na forma de expoente, à direita do dado, as chamadas ns (não-significativo); \* e \*\* (significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente).

### **Figuras**

São consideradas figuras: gráficos, desenhos, mapas e fotografias usados para ilustrar o texto.

Só devem acompanhar o texto quando forem absolutamente necessárias à documentação dos fatos descritos.

O título da figura, sem negrito, deve ser precedido da palavra Figura, do número em algarismo arábico, e do ponto, em negrito.

Devem ser auto-explicativas.

A legenda (chave das convenções adotadas) deve ser incluída no corpo da figura, no título, ou entre a figura e o título.

Nos gráficos, as designações das variáveis dos eixos X e Y devem ter iniciais maiúsculas, e devem ser seguidas das unidades entre parênteses.

Figuras não-originais devem conter, após o título, a fonte de onde foram extraídas; as fontes devem ser referenciadas.

O crédito para o autor de fotografias é obrigatório, como também é obrigatório o crédito para o autor de desenhos e gráficos que tenham exigido ação criativa em sua elaboração.

As unidades, a fonte (Times New Roman) e o corpo das letras em todas as figuras devem ser padronizados.

Os pontos das curvas devem ser representados por marcadores contrastantes, como: círculo, quadrado, triângulo ou losango (cheios ou vazios).

Os números que representam as grandezas e respectivas marcas devem ficar fora do quadrante.

As curvas devem ser identificadas na própria figura, evitando o excesso de informações que comprometa o entendimento do gráfico.

Devem ser elaboradas de forma a apresentar qualidade necessária à boa reprodução gráfica e medir 8,5 ou 17,5 cm de largura.

Devem ser gravadas nos programas Word, Excel ou Corel Draw, para possibilitar a edição em possíveis correções.

Usar fios com, no mínimo, 3/4 ponto de espessura.

No caso de gráfico de barras e colunas, usar escala de cinza (exemplo: 0, 25, 50, 75 e 100%, para cinco variáveis).

Não usar negrito nas figuras.

As figuras na forma de fotografias devem ter resolução de, no mínimo, 300 dpi e ser gravadas em arquivos extensão TIF, separados do arquivo do texto.

Evitar usar cores nas figuras; as fotografias, porém, podem ser coloridas.

## **Notas Científicas**

Notas científicas são breves comunicações, cuja publicação imediata é justificada, por se

tratar de fato inédito de importância, mas com volume insuficiente para constituir um artigo científico completo.

### ***Apresentação de Notas Científicas***

A ordenação da Nota Científica deve ser feita da seguinte forma: título, autoria (com as chamadas para endereço dos autores), Resumo, Termos para indexação, título em inglês, Abstract, Index terms, texto propriamente dito (incluindo introdução, material e métodos, resultados e discussão, e conclusão, sem divisão), Referências, tabelas e figuras.

As normas de apresentação da Nota Científica são as mesmas do Artigo Científico, exceto nos seguintes casos:

Resumo com 100 palavras, no máximo.

Deve ter apenas oito páginas, incluindo-se tabelas e figuras.

Deve apresentar, no máximo, 15 referências e duas ilustrações (tabelas e figuras).

### **Novas Cultivares**

Novas Cultivares são breves comunicações de cultivares que, depois de testadas e avaliadas pelo Sistema Nacional de Pesquisa Agropecuária (SNPA), foram superiores às já utilizadas e serão incluídas na recomendação oficial.

### ***Apresentação de Novas Cultivares***

Deve conter: título, autoria (com as chamadas para endereço dos autores), Resumo, título em inglês, Abstract, Introdução, Características da Cultivar, Referências, tabelas e figuras. As normas de apresentação de Novas Cultivares são as mesmas do Artigo Científico, exceto nos seguintes casos:

Resumo com 100 palavras, no máximo.

Deve ter apenas oito páginas, incluindo-se tabelas e figuras.

Deve apresentar, no máximo, 15 referências e quatro ilustrações (tabelas e figuras).

A introdução deve apresentar breve histórico do melhoramento da cultura, indicando as instituições envolvidas e as técnicas de cultivo desenvolvidas para superar determinado problema.

A expressão Características da Cultivar deve ser digitada em negrito, no centro da página.

Características da Cultivar deve conter os seguintes dados: características da planta, reação a doenças, produtividade de vagens e sementes, rendimento de grãos, classificação comercial, qualidade nutricional e qualidade industrial, sempre comparado com as cultivares testemunhas.

### **Outras informações**

Não há cobrança de taxa de publicação.

Os manuscritos aprovados para publicação são revisados por no mínimo dois especialistas.

O editor e a assessoria científica reservam-se o direito de solicitar modificações nos artigos e de decidir sobre a sua publicação.

São de exclusiva responsabilidade dos autores as opiniões e conceitos emitidos nos trabalhos.

Os trabalhos aceitos não podem ser reproduzidos, mesmo parcialmente, sem o consentimento expresso do editor da **PAB**.

Contatos com a secretaria da revista podem ser feitos por telefone: (61)3448-4231 e 3273-9616, fax: (61)3340-5483, via e-mail: [pab@sct.embrapa.br](mailto:pab@sct.embrapa.br) ou pelos correios:

Embrapa Informação Tecnológica  
Pesquisa Agropecuária Brasileira – PAB  
Caixa Postal 040315  
CEP 70770 901 Brasília, DF

### **Envio de manuscritos**

Os manuscritos devem ser submetidos conforme instruções contidas no endereço: <http://www.sct.embrapa.br/seer>

**Correspondência de recebimento dos trabalhos pelas revistas**

**[Bragantia] Agradecimento pela Submissão**

**Dr. Rafael Vasconcelos Ribeiro 8 mar**

**João Dutra,**

**Agradecemos a submissão do seu manuscrito "SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CANA-DE-AÇÚCAR BASEADA NO DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL, ÍNDICES DE SELEÇÃO E DISSIMILARIDADE GENÉTICA." para Bragantia. Através da interface de administração do sistema, utilizado para a submissão, será possível acompanhar o progresso do documento no processo editorial, bastando logar no sistema localizado em:**

**URL do Manuscrito:**

**<http://submission.scielo.br/index.php/brag/author/submission/27564>**

**Login: joao81**

**Em caso de dúvidas, envie suas questões para este email. Agradecemos mais uma vez considerar nossa revista como meio de transmitir ao público seu trabalho.**

**Dr. Rafael Vasconcelos Ribeiro**

**Bragantia**

---

**BRAGANTIA**

**Dra. Ilana Urbano Bron**

**Editora de Meio Eletrônico**

**<http://submission.scielo.br/index.php/bragt>**

**[RCA] Agradecimento pela Submissão**

**Eunice Maia de Andrade      8 mar**

**João Andrade Dutra Filho,**

**Agradecemos a submissão do seu manuscrito "Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar" para Revista Ciência Agronômica. Através da interface de administração do sistema, utilizado para a submissão, será possível acompanhar o progresso do documento dentro do processo editorial, bastando logar no sistema localizado em:**

**URL do Manuscrito:**

**<http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/author/submission/999>**

**Login: joao81**

**Em caso de dúvidas, envie suas questões para este email. Agradecemos mais uma vez considerar nossa revista como meio de transmitir ao público seu trabalho.**

**Eunice Maia de Andrade**

**Revista Ciência Agronômica**

---

**Revista Ciência Agronômica**

**<http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista>**