



PAKIZZA SHERMA DA SILVA LEITE

**SELEÇÃO RECORRENTE EM SORGO SACARINO VISANDO
O AUMENTO NO RENDIMENTO DE AÇÚCARES**

**LAVRAS-MG
2018**

PAKIZZA SHERMA DA SILVA LEITE

**SELEÇÃO RECORRENTE EM SORGO SACARINO VISANDO O AUMENTO NO
RENDIMENTO DE AÇÚCARES**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Rafael Augusto da Costa Parrella
Coorientador

**LAVRAS-MG
2018**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Leite, Pakizza Sherma da Silva.

Seleção recorrente em sorgo sacarino visando o aumento no rendimento de açúcares / Pakizza Sherma da Silva Leite. - 2018. 87 p. : il.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientador(a): Rafael Augusto da Costa Parrella.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2018.

Bibliografia.

1. *Sorghum bicolor* (L) Moench. 2. Macho-esterilidade genética. 3. Progenies de meios-irmãos. 4. BLUP. 5. Progresso genético. I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Parrella, Rafael Augusto da Costa. III. Título.

PAKIZZA SHERMA DA SILVA LEITE

**SELEÇÃO RECORRENTE EM SORGO SACARINO VISANDO O AUMENTO NO
RENDIMENTO DE AÇÚCARES
RECURRENT SELECTION IN SWEET SORGHUM FOR INCREASE THE SUGAR
YIELD**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 19 de abril de 2018.

Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Dr. Magno Antônio Patto Ramalho	UFLA
Dr. Samuel Pereira de Carvalho	UFLA

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Rafael Augusto da Costa Parrella
Coorientador

**LAVRAS-MG
2018**

A Deus por me guiar e me dar forças para não desanimar com as dificuldades.

A minha família por todo o amor e apoio incondicional.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus pela força, fé, conquistas alcançadas e por estar comigo sempre, me guiando e protegendo.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de realização do doutorado.

Ao meu orientador Dr. José Airton, pela orientação, amizade, confiança, disponibilidade, oportunidade de aprendizado e paciência.

Ao coorientador Dr. Rafael Parrella, pelos ensinamentos e auxílio para o desenvolvimento do trabalho.

A todos os professores que tive a oportunidade de conhecer durante as disciplinas.

A todos os membros da banca pela disponibilidade e contribuição para este trabalho.

A secretária do Programa, Lilian, por toda ajuda e atenção.

À minha família, por todo o amor, incentivo, compreensão, cuidado, e suporte durante essa jornada.

A todos os colegas do Grupo do Sorgo da UFLA, pela convivência e auxílio nos trabalhos.

A todos os integrantes do Melhoramento de Sorgo da Embrapa Milho e Sorgo pelos ensinamentos e suporte técnico durante a condução dos trabalhos.

Aos amigos que sempre torceram por mim.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para essa conquista.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO GERAL

O sorgo sacarino é uma cultura alternativa para produção de etanol. Estudos de associação de caracteres têm mostrado que o teor de açúcares no caldo tem correlação alta e positiva com o rendimento de etanol, sendo que a herança do teor de açúcares é poligênica e predominantemente aditiva, o que torna justificável o emprego da seleção recorrente intrapopulacional no intuito de aumentar a frequência de alelos favoráveis. Neste contexto os objetivos neste trabalho foram: i) selecionar progênies de meios-irmãos de elevado valor genético, bem como estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de interesse quanto aos caracteres agroindustriais em sorgo sacarino; e ii) estimar o progresso genético após um ciclo de seleção recorrente. Na Embrapa Milho e Sorgo (Sete Lagoas/MG) foi desenvolvida em casa de vegetação uma população base com linhagens restauradoras de fertilidade (R). Após o desenvolvimento da população base (ciclo 0), foram selecionadas 196 progênies macho-estéreis com base no teor de sólidos solúveis que foram semeadas e avaliadas individualmente em campo em dois ambientes (Lavras e Sete Lagoas). Nos dois locais avaliaram-se os seguintes caracteres: dias para o florescimento (FLOR), altura da planta (AP), produção de massa verde (PMV), teor de sólidos solúveis totais (SST) e toneladas de brix por hectare (TBH). Em Sete Lagoas também foram avaliados: produção de massa seca (PMS), sacarose (POL), fibra (FIB), açúcares redutores totais (ART), açúcares totais recuperáveis (ATR), etanol hidratado (EH) e produção de etanol (ET). Houve variação genética entre as progênies de meios-irmãos para todos os caracteres agrônômicos e tecnológicos estudados, expressando a existência de variabilidade genética nessa população. Com base nos resultados obtidos foram selecionadas as 40 melhores progênies pela variável toneladas de Brix por hectare para proceder nova etapa de recombinação a fim de constituir a população do ciclo 1. Posteriormente, foram tomadas aleatoriamente 40 progênies de meios-irmãos de cada ciclo (ciclos 0 e 1), as quais foram avaliadas em Lavras e Sete lagoas a fim de estimar o progresso genético. O progresso genético obtido foi de 1,17% para FLOR, 3,73% para AP, 8,04% para PMV, 0,24% para SST e 8,65% para TBH.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L.) Moench. Macho-esterilidade genética. Progênies de meios-irmãos. BLUP. Progresso genético.

GENERAL ABSTRACT

Sweet sorghum is an alternative crop for ethanol production. Traits association studies have shown that the sugar content in the juice has high and positive correlation with the ethanol yield, and its inheritance is polygenic and predominantly additive, which makes justifiable the use of intrapopulation recurrent selection in order to increase the frequency of favorable alleles. Thus, the objectives in this work were: i) to select half-sib progenies of high genetic value, as well as to estimate genetic and phenotypic parameters for agroindustrial traits in sweet sorghum; and ii) to estimate the genetic progress after one recurrent selection cycle. In Embrapa Milho e Sorgo (Sete Lagoas/MG) was developed a base population in greenhouse with fertility restorer lines (R). After development of the base population (cycle 0), 196 sterile male progenies were selected based on total soluble solids content, so they were sown and evaluated individually in the field in two environments (Lavras and Sete Lagoas). In the two sites the following traits were evaluated: flowering time (FLOW), plant height (PH), fresh biomass yield (FBY), total soluble solids content (TSS) and tons of brix per hectare (TBH). In Sete Lagoas were also evaluated: dry biomass yield (DBY), sucrose (S), fiber (FIB), total reducing sugars (TRS), total recoverable sugars (TRES), hydrate ethanol (HE) and ethanol yield (EY). There was genetic variation among the half-sib progenies for all the agronomic and technological traits studied, expressing the existence of genetic variability in this population. Based on the results obtained, the best 40 progenies were selected for the variable tons of brix per hectare to proceed with a new recombination step in order to constitute the population of cycle 1. Subsequently were taken 40 random half-sib progenies of each cycle (cycles 0 and 1), which were evaluated in Lavras and Sete Lagoas in order to estimate the genetic progress. The genetic progress was 1.17% for FLOW, 3.73% for PH, 8.04% for FBY, 0.24% for TSS and 8.65% for TBH.

Keywords: *Sorghum bicolor* (L.) Moench. Genetic male-sterility. Half-sib progenies. BLUP. Genetic progress.

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE.....	9
1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	Sorgo sacarino.....	12
2.2	Melhoramento genético do sorgo sacarino.....	14
2.3	Seleção recorrente	16
2.4	Parâmetros genéticos	19
2.5	Estimativa do progresso genético com a seleção recorrente.....	22
	REFERÊNCIAS	24
	SEGUNDA PARTE – ARTIGOS	31
	ARTIGO 1 – Seleção de progênies de meios-irmãos em sorgo sacarino para caracteres agroindustriais	31
1	INTRODUÇÃO	34
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	36
3	RESULTADOS	46
4	DISCUSSÃO	53
5	CONCLUSÕES	58
	REFERÊNCIAS	59
	APÊNDICE A	62
	ARTIGO 2 – Estimativa do progresso genético para rendimento de açúcares no programa de seleção recorrente em sorgo sacarino.....	64
1	INTRODUÇÃO	67
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	69
3	RESULTADOS.....	75
4	DISCUSSÃO	80
5	CONCLUSÕES	83
	REFERÊNCIAS	84
	APÊNDICE A	86

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO

A população mundial tem aumentado em um ritmo acelerado, apesar da queda na taxa de crescimento média. Em 2017 foram 7,6 bilhões de pessoas, em 2030 essa marca chegará a 8,6 bilhões, e em 2050 atingirá 9,8 bilhões. Seguindo essa tendência o planeta deve chegar ao ano de 2100 com 11,2 bilhões de habitantes (ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS, 2017). Com esse expressivo crescimento populacional, a demanda por alimentos, fibra, combustíveis e recursos energéticos aumentará substancialmente.

Os combustíveis fósseis representam a maior parte das fontes energéticas do planeta. Porém o seu uso excessivo resultou em uma série de problemas sociais e ambientais (crise do petróleo, mudanças climáticas e a emissão de gases do efeito estufa). Uma alternativa para esta situação que tem atraído a atenção mundial é a energia renovável e sustentável (LI et al., 2013).

Dentre as fontes renováveis de energia, o etanol se destaca. No Brasil a matéria-prima mais utilizada para produção de etanol é a cana-de-açúcar. No entanto, essa cultura apresenta um período de entressafra, no qual ocorre ociosidade das usinas. Diante disso, novas culturas com potencial bioenergético devem ser buscadas.

Neste contexto, o sorgo sacarino destaca-se como potencial matéria-prima para produção de etanol (LIU; LI; SHEN, 2008; YU; ZHANG; TAN, 2008; ALMODARES; HADI, 2009; LIU; LIN, 2009; CALVIÑO; MESSING, 2012; HEREDIA-OLEA; PÉREZ-CARRILLO; SERNA-SALDÍVAR, 2013). O sorgo sacarino é uma cultura que apresenta características favoráveis como ciclo curto, alta capacidade de produção de massa verde, alto teor de açúcares no colmo e ampla adaptabilidade. Em função disso, a cultura é apta para ampliação da janela de produção do etanol, pois podem ser utilizados os mesmos equipamentos voltados a produção de etanol a partir da cana-de-açúcar, promovendo a redução do período de ociosidade das usinas durante a entressafra da cana, dando oportunidade à rotação de culturas e proporcionando um período anual completo (SANTOS et al., 2015).

No processo de desenvolvimento agrícola do sorgo sacarino, o melhoramento genético é uma técnica importante na obtenção de genótipos com alta capacidade energética e viáveis agronomicamente. O melhoramento visando à obtenção de cultivares superiores de sorgo sacarino pode ter sua eficiência incrementada mediante o emprego da seleção recorrente. A justificativa para o emprego da seleção recorrente para caracteres quantitativos, a exemplo do teor de açúcares, se baseia na arquitetura genética do caráter, o qual é poligênico (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012).

Tem-se maior chance de acumular e aumentar a frequência de alelos favoráveis para o caráter de interesse mediante ciclos sucessivos de melhoramento. As fases constantes em um ciclo (C) são inicialmente obtenção de progênies (C_0), com posterior avaliação de progênies, seleção das melhores para que se faça a recombinação entre elas e por fim obtenção da população melhorada (C_1). Assim, nos ciclos futuros irá aumentar as possibilidades de se obter uma maior frequência de progênies que atendam aos padrões desejados, as quais deverão manter também variabilidade genética para ganhos futuros com a seleção. Para isso, é necessário ter uma população com variabilidade genética e uma estratégia de seleção e recombinação que permitam ter ganhos com a seleção, sem exaurir a variabilidade (FEHR, 1993). Outra vantagem da seleção recorrente é a facilidade para incorporação de germoplasma durante a recombinação tornando o processo mais dinâmico (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005).

Do exposto, os objetivos deste trabalho foram: i) selecionar progênies de meios-irmãos de elevado valor genético, bem como estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de interesse quanto aos caracteres agroindustriais em sorgo sacarino; e ii) estimar o progresso genético após um ciclo de seleção recorrente.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Sorgo sacarino

Uma cultura com grande potencial para produção de etanol é o sorgo sacarino pela grande quantidade de biomassa e rendimento de açúcar (GNANSOUNOU; DAURIAT; WYMAN, 2005). O cultivo do sorgo sacarino e as práticas culturais utilizadas são simples. É uma planta de ciclo curto e muitas variedades exigem altas temperaturas (REDDY; RAMESH; ORTIZ, 2005). Esta cultura apresenta ampla adaptabilidade, porém é necessário fornecer condições adequadas para o seu desenvolvimento, como uma preparação adequada do solo, adubação, controle de insetos, doenças e plantas daninhas (SILVA e SOUZA et al., 2016). De acordo com May et al. (2012), ótimos rendimentos de biomassa em sorgo sacarino são influenciados pelo manejo, sendo, em geral, também dependentes das condições específicas do local de cultivo.

O desenvolvimento de variedades de sorgo com insensibilidade ao fotoperíodo, porte alto e com alguns níveis de resistência a pragas/doenças tem melhorado os rendimentos das variedades cultivadas de sorgo. Cultivares híbridas fazem uso da macho-esterilidade para aumentar a capacidade de combinação dos genitores, resultando em heterose e aumentos significativos nas características fenotípicas, como rendimento, altura da planta e dias para o florescimento.

A concentração de açúcar nos colmos de sorgo sacarino (teor de sólidos solúveis totais) é mensurada em unidades Brix, que representa a porcentagem de açúcares solúveis. Um grau Brix equivale a 1 g de açúcar para 100 g de caldo. O sorgo sacarino apresenta uma concentração de açúcar em torno de 8% chegando a 24%, sendo diretamente fermentável.

O teor de açúcares no colmo do sorgo sacarino é similar ao da cana-de-açúcar, mas a sua necessidade de água é muito menor (ALMODOARES; HADI, 2009). Os seus colmos podem ser processados na mesma instalação destinada à produção de etanol de cana-de-açúcar, oferecendo também uma quantidade de resíduo fibroso (bagaço) para gerar o vapor

necessário para a operação industrial (TEIXEIRA et al., 1999). Entretanto, ele difere de maneira acentuada da cana-de-açúcar no cultivo a partir de sementes e no ciclo vegetativo bem mais curto. Portanto, apresenta-se como uma interessante opção complementar à cana-de-açúcar para compor a matriz energética nacional, possibilitando a expansão da área passível de utilização para produção de bioenergia e aumentando a eficiência da produção de etanol (MAY et al., 2012).

A essência do sorgo sacarino não é a sua semente, mas o seu colmo, que contém alto teor de açúcar (ALMODOARES; TAHERI; ADELI, 2008). O sorgo sacarino possui a capacidade de armazenar principalmente sacarose, glicose e frutose (WU et al., 2010). Visando a maiores rendimentos de etanol, o caldo do sorgo sacarino deve apresentar altos teores de sólidos solúveis (ALBUQUERQUE et al., 2012). De acordo com o trabalho de Teixeira et al. (1999), o Brix do caldo do sorgo sacarino é grandemente influenciado pelo comprimento do dia e pela radiação global. Outros autores afirmam ainda que o Brix pode ser influenciado pela adubação ou pela fertilidade do solo (KUMAR; SHROTRIA; DESHMUKH, 2008). De acordo com Qazi, Paranjpe e Bhargava (2012), o Brix depende das condições ambientais, posição do internódio, época do ano e estágio de colheita.

Segundo Hoffmann-Thoma et al. (1996), o acúmulo de açúcares solúveis no sorgo sacarino surge após a alongação do internódio e para na antese. Portanto, os colmos são colhidos geralmente 30 dias após a antese. Em sorgo a transição da fase vegetativa para a reprodutiva é controlada pelos genes de maturidade *Ma1*, *Ma2*, *Ma3* e *Ma4*, cuja expressão é influenciada pelo fotoperíodo e temperatura (QUINBY, 1967; QUINBY; HESKETH; VOIGT, 1973; MORGAN; GUY; PAO, 1987). Além destes, foram encontrados dois genes de maturidades adicionais, *Ma5* e *Ma6* que conferem sensibilidade ao fotoperíodo e prolongam a duração do crescimento vegetativo (ROONEY; AYDIN, 1999).

Para Kumar et al. (2010), a fase de acumulação máxima de açúcar varia de acordo com o genótipo, sendo principalmente entre o estágio pastoso do grão e a maturidade fisiológica, enquanto alguns genótipos podem acumular sacarose até após a maturidade fisiológica. Oyier et al. (2017) avaliaram quatro genótipos de sorgo sacarino para verificar em qual época de

colheita ocorria maior acúmulo de açúcar e sugeriram de 104 a 117 dias após o plantio como período adequado para colher os colmos. Nessa fase ocorre o enchimento total dos grãos, os quais já estão passando do estágio pastoso para o farináceo.

Após a extração do caldo do sorgo sacarino, o material fibroso restante, conhecido como bagaço também tem várias formas não-alimentares de utilização. O mesmo pode ser utilizado como ração animal ou como fertilizante após a compostagem com outros resíduos (NEGRO et al., 1999) e para a produção de energia por combustão (MONTI; VENTURI, 2003). O principal problema com a combustão da biomassa é o elevado teor de cinzas. Segundo Seetharama et al. (2002), a vinhaça de sorgo sacarino depois da extração do caldo tem maior valor biológico que o bagaço da cana-de-açúcar, quando usada como forragem para animais, pois é rica em micronutrientes e minerais.

Além disso, o bagaço de sorgo sacarino apresenta-se como uma matéria-prima interessante para a indústria de papel, produzindo celulose de alta qualidade (BELAYACHI; DELMAS, 1995). De acordo com Sipos et al. (2009), a utilização futura mais promissora do bagaço é a produção de etanol à base de celulose, enquanto os resíduos sólidos (principalmente lignina) podem ser queimados para fornecer calor e energia.

2.2 Melhoramento genético do sorgo sacarino

O sorgo é uma das espécies agrícolas mais versáteis disponíveis para produção de biomassa, que tem sido utilizada desde muito tempo em vários países, principalmente no continente africano, mas também nas Américas e na Ásia. Esta cultura tem sido explorada essencialmente pelos seus grãos, utilizados sob a forma de farinha para a produção de produtos alimentícios, tais como o pão; como fonte de amido usado na produção de bebidas alcoólicas fermentadas; e também para alimentação animal. O sorgo também vem sendo cultivado nos Estados Unidos desde o século XVII com o objetivo de se aproveitarem os açúcares acumulados no caule da planta para fabricação de xarope, sendo este tipo denominado de sorgo sacarino (MONTEIRO, 2014; REGASSA; WORTMANN; 2014).

É uma espécie diploide ($2n = 2x = 20$) (KUMAR et al., 2011), na qual ocorre predominantemente autofecundação e a taxa de fecundação cruzada pode variar de 2% a 10%. O melhoramento da cultura do sorgo ocorre, com a exploração de recombinação entre os indivíduos, porém, devido à estrutura e aos mecanismos naturais de polinização de sua inflorescência, a realização de um cruzamento controlado entre dois indivíduos é uma tarefa difícil devido à dificuldade da emasculação.

Porém, o sorgo possui uma característica que torna possível a exploração da recombinação entre indivíduos de forma intensa, podendo, assim, explorar a variabilidade gerada em vários métodos de melhoramento de plantas alógamas, que é a esterilidade masculina ou macho-esterilidade. Existem dois mecanismos de macho-esterilidade no sorgo que se destacam. Um é a macho-esterilidade genética controlada pelo gene ms_3 da variedade Coes. Esse gene possui dois alelos e a interação entre esses alelos é de dominância completa, a forma homozigota recessiva acarreta macho-esterilidade, enquanto as duas outras formas genotípicas são férteis. O outro sistema é a macho-esterilidade genético-citoplasmática, cujo sistema é governado pela interação do gene Kafir e o citoplasma Milo. O citoplasma Milo acarreta em fenótipo macho-estéril, o gene Kafir possui dois alelos com interação entre os alelos de dominância completa, a forma homozigota dominante e heterozigota, que impedem que o genótipo com citoplasma Milo seja macho-estéril (DIXON; LEAVER, 1982).

Com o uso de macho-esterilidade, é realizado o melhoramento dessa cultura de duas formas, melhorando uma população e aumentando, gradativamente, a frequência de alelos favoráveis com o uso da macho-esterilidade genética, ou com a exploração da heterose com híbridos simples com o uso da macho-esterilidade genético-citoplasmática.

Os híbridos de sorgo sacarino são produzidos pelo cruzamento entre uma linhagem macho-estéril e uma linhagem fértil polinizadora. A linhagem macho-estéril, denominada "A", é resultante da polinização de plantas macho-estéreis com uma linhagem denominada mantenedora "B". As sementes produzidas pelo cruzamento entre as linhagens A e B resultarão em plantas A (macho-estéreis) devido ao citoplasma estéril herdado da linhagem A, ou seja, a linhagem B não restaura a fertilidade na linhagem A. Do cruzamento de uma

linhagem A e uma linhagem restauradora de fertilidade denominada “R” serão obtidas plantas macho-férteis, ou seja, a linhagem R restaura sobre a linhagem A devido a presença de genes restauradores de fertilidade no núcleo. A linhagem R não é fenotipicamente similar à linhagem A, e a combinação delas deverá resultar em um híbrido de alto potencial de rendimento (PARRELLA; PARRELLA, 2011).

De acordo com o ideótipo de sorgo sacarino, os programas de melhoramento dessa cultura buscam principalmente desenvolver genótipos com elevado rendimento de caldo que sejam ricos em açúcares que resultem em uma maior rendimento de etanol. Os açúcares presentes no caldo extraído do colmo são fermentados e convertidos em etanol pela levedura *Saccharomyces cerevisiae*, sendo necessário para isso altos teores de açúcares totais (ALMODARES; HADI, 2009).

O rendimento de etanol também é influenciado por outros caracteres, de modo que a seleção para este caráter pode ter sua eficácia incrementada mediante uso de caracteres a ele correlacionados. Logo, a identificação de caracteres agrônômicos e tecnológicos que auxiliam na seleção indireta é imprescindível para o melhoramento genético desta cultura. Em trabalho de correlações fenotípicas e análise de trilha em sorgo sacarino, Lombardi et al. (2015) observaram que a variável toneladas de brix por hectare (TBH) apresentou correlação alta e positiva e alto efeito direto sobre a variável rendimento de etanol por hectare, podendo ser utilizada como um índice para a seleção indireta, já que associa a extração do caldo, teor de sólidos solúveis totais e a produção de matéria verde que são mais facilmente mensuráveis. Da mesma forma, Leite et al. (2017) ao estudarem a associação entre caracteres em sorgo sacarino verificaram alta associação positiva entre o TBH e o rendimento de etanol por hectare.

2.3 Seleção recorrente

A seleção recorrente é um processo cíclico de seleção de indivíduos ou famílias dentro de uma população geneticamente heterogênea, seguido de recombinação (intercruzamento)

dos indivíduos selecionados para formar uma nova população; esta, por sua vez, é utilizada para iniciar novo ciclo de seleção. Portanto, a seleção recorrente é um processo dinâmico e contínuo que envolve a obtenção de famílias, a avaliação, a seleção e o intercruzamento das melhores (CARGNIN, 2007). Dessa maneira, espera-se aumentar a frequência de alelos favoráveis e, por consequência, melhorar a expressão fenotípica do caráter sob seleção, conservando a variabilidade genética a níveis adequados para comportar ganhos genéticos nos ciclos seguintes (HULL, 1945; HALLAUER, 1985).

A expressão seleção recorrente foi primeiramente empregada por Hull (1945) e tem sido extensivamente utilizada no melhoramento de plantas alógamas. Contudo passou a ser utilizada nas plantas autógamas e há relatos de sucesso no melhoramento de espécies de importância como a soja (WILCOX, 1998), arroz (RANGEL; MORAIS; ZIMMERMANN, 2002), feijão (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2003; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2005; SILVA; RAMALHO; ABREU, 2007; MENEZES JUNIOR; RAMALHO; ABREU, 2008), trigo (WIERSMA et al., 2001; GIL et al., 2003; MACHADO et al., 2010) e sorgo (DOGGETT; EBERHART, 1968; DOGGETT, 1972).

A vantagem da seleção recorrente consiste em que o nível máximo de produção não é determinado pelo genótipo de uma única planta original, mas pela combinação favorável de alelos existentes em plantas oriundas de população com ampla base genética. A probabilidade de se obterem indivíduos satisfatórios deve, portanto, ser maior em comparação com a seleção dentro de linhagens autofecundadas ou moderadamente endógamas, uma vez que há maior oportunidade para recombinação. Também, uma vez que a taxa de endogamia pode ser mantida num nível baixo, deve ser possível manter um alto grau de variabilidade genética, e portanto, conduzir seleção efetiva por um longo período (ALLARD, 1971).

Para aumentar o ganho por ciclo, pode-se aplicar maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou progênies para formação da nova geração (DOGGETT, 1972). Esta estratégia, porém, pode levar a uma sensível redução da variabilidade genética, o que diminui a possibilidade de seleção em médio e longo prazo. Caso contrário, quando se pratica uma seleção branda, espera-se menor progresso por ciclo,

mas garantem-se ganhos por períodos mais prolongados, pois não ocorre a exaustão da variabilidade genética nos primeiros ciclos. Desse modo, a intensidade de seleção adequada depende do tamanho da população e dos objetivos do programa (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Os métodos de seleção recorrente são classificados em: intrapopulacional e interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional o objetivo é melhorar o desempenho *per se* das populações, enquanto na interpopulacional o objetivo é aumentar a expressão da heterose no cruzamento de duas populações, maximizando a diferença na frequência dos alelos para os loci que exibem dominância (HALLAUER, 1985). Nestes métodos a unidade de seleção pode ser plantas individuais, famílias de meio-irmãos, famílias de irmãos-completos ou progênies endogâmicas (S_1 e S_2).

De acordo com Hallauer (1980), a escolha do esquema de seleção recorrente depende da característica sob seleção, tipo de ação gênica, como as progênies serão utilizadas e a disponibilidade de recursos. Quando o propósito do programa é a adaptação de germoplasma exótico ou o desenvolvimento de variedades melhoradas, deve-se dar preferência ao melhoramento intrapopulacional. Já se o objetivo da seleção recorrente for o melhoramento do potencial de populações, visando à extração de linhagens para obtenção de híbridos, alguns métodos interpopulacionais parecem mais apropriados. A combinação de ambos os métodos também pode ser utilizada. O método intrapopulacional pode ser utilizado para adaptação de germoplasma exótico para as condições locais e sobre a população adaptada juntamente com outra população pode ser utilizado o método interpopulacional.

As etapas do melhoramento intrapopulacional em autógamias, compreendem a sintetização da população e o melhoramento da população, que envolvem a avaliação, seleção e recombinação de progênies. Em espécies autógamias, normalmente não existem populações de ampla base genética para serem melhoradas por seleção recorrente. Assim, é necessária a sintetização da população base com a escolha adequada dos genitores, etapa que merece máxima dedicação dos melhoristas, pois dela depende todo o sucesso futuro (FEHR, 1993).

O consenso é que a população base deve possuir média alta e variabilidade genética suficiente para os caracteres de interesse para obtenção de ganhos contínuos com a seleção. No que se refere ao número de genitores a serem utilizados na estruturação da população, imagina-se que quanto maior, melhor. Contudo, se o número de genitores for alto, a contribuição alélica de cada genitor será baixa, com grandes possibilidades de se dissipar no início do processo. Por outro lado, se o número de genitores é baixo, a chance de associar os alelos de interesse na maioria dos locos é pequena. Para plantas autógamas tem sido sugerido utilizar de 10 a 20 genitores para a formação da população base (RAMALHO et al., 2012).

A seleção recorrente pode ser empregada em sorgo para o desenvolvimento das linhagens restauradoras e mantenedoras (DOGGETT; EBEHART, 1968; SRINIVASA et al., 2009). Doggett e Eberhart (1968) estudando populações de sorgo verificaram que a macho-esterilidade genética e a colheita de sementes das plantas estéreis a cada geração possibilitaram a conversão de população normalmente de autofecundação em populações de fecundação cruzada, que poderiam ser melhoradas por alguns métodos de seleção recorrente desenvolvidos e utilizados com sucesso na cultura do milho.

Na literatura foram raros os trabalhos de seleção recorrente encontrados com sorgo e no que se refere ao sorgo sacarino não foram encontrados.

2.4 Parâmetros genéticos

Segundo Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), a estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos constitui uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. Com tais estimativas é possível identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres sob interesse e avaliar a eficiência dos métodos de melhoramento empregados para a obtenção de ganhos genéticos efetivos, além de orientar a manutenção de adequada variabilidade genética (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

De acordo com Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos nas populações de seleção recorrente auxilia os melhoristas na tomada de decisões a respeito das estratégias a serem empregadas e na possibilidade de predição de ganhos genéticos para os futuros ciclos de seleção.

Um parâmetro importante nos trabalhos de melhoramento é a herdabilidade, a qual representa a proporção da variância fenotípica que é de origem genética, ou seja, expressa o grau de correlação entre o fenótipo e o genótipo. Dessa forma, ela mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do verdadeiro valor genotípico (FALCONER; MACKAY, 1996). Por meio deste parâmetro pode-se saber se as diferenças detectadas são de natureza genética e se a seleção proporcionará ganhos em programas de melhoramento genético. O seu valor oscila entre zero e um. Se for igual a unidade o genótipo está determinando o fenótipo e o ambiente não afeta a sua expressão, se igual a zero a causa da variabilidade fenotípica observada no caráter em seleção é decorrente do ambiente e não dos efeitos genéticos, não havendo nenhuma correlação entre o valor genético e o valor fenotípico, inviabilizando a seleção.

A herdabilidade pode ser considerada no sentido amplo e no sentido restrito, sendo que a diferença entre elas ocorre em função do numerador da expressão, que no sentido amplo envolve a variância genética total e no sentido restrito, apenas a variância aditiva. Desse modo, a herdabilidade no sentido restrito apresenta maior importância prática, pois reflete a proporção da variação total expressa que pode ser herdada (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

No que se refere ao ganho esperado com a seleção, sua estimativa permite verificar a eficiência dos métodos de seleção que estão sendo utilizados. Caso estes métodos não estejam propiciando os resultados esperados, o melhorista poderá replanejar as estratégias seletivas subsequentes. Este parâmetro é umas das aplicações mais importantes da genética quantitativa no fitomelhoramento (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; RANGEL et al., 2000).

As estimativas das correlações também são essenciais pois quantificam o grau de associação genético e não-genético entre duas ou mais características. A correlação que pode

ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, é a fenotípica, que tem causas genéticas e ambientais, porém somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por isso, é utilizada na orientação de programas de melhoramento.

Um outro parâmetro importante na verificação da qualidade dos experimentos é a acurácia seletiva, que leva em consideração a variação residual e genética e o número de repetições. Este parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Para predição de valores genéticos e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos de modo mais acurado, a metodologia de modelos mistos tem sido utilizado no melhoramento de plantas via REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada). Esta metodologia trabalha com o desbalanceamento de dados e permite a inclusão de informações na modelagem, levando a estimações e predições mais acuradas. Esta abordagem tem sido frequentemente aplicada em espécies perenes e florestais, mas são poucos os trabalhos que empregam modelos mistos em sorgo (ALMEIDA FILHO et al., 2016; FRANÇA et al., 2016).

O melhorista geralmente trabalha com vários caracteres simultaneamente. Se esses caracteres forem correlacionados, na análise univariada via REML/BLUP pode ocorrer algum viés. Para contornar este problema e obter estimativas mais precisas dos valores genéticos Henderson e Quaas (1976) propuseram a análise de modelos mistos multivariada. A análise multivariada apresenta melhores estimativas e maiores ganhos quando as características utilizadas na análise são correlacionadas. Se estas apresentarem alta correlação entre si, a análise multivariada é superior. Caso contrário, a análise se assemelhará à univariada. Essa superioridade da análise multivariada está relacionada à exploração da matriz de variâncias e covariâncias genéticas e residuais entre os caracteres, tornando os BLUPs mais acurados. Além disso, também evita a ocorrência de viés devido a seleção baseada em somente um caráter.

2.5 Estimativa do progresso genético com a seleção recorrente

A estimativa do progresso genético com a seleção recorrente é indispensável periodicamente para se avaliar se o processo está sendo eficiente e propor alterações caso seja necessário. Em plantas autógamas, a avaliação do progresso genético não é uma tarefa simples, pois, com a endogamia, o equilíbrio de Hardy-Weinberg não é mantido. A endogamia que ocorre nesse tipo de plantas, não altera a frequência alélica, mas a frequência genotípica e dependendo da ocorrência da dominância no controle do caráter, a média pode ser alterada (RAMALHO et al., 2012).

Por essa razão, diversas alternativas têm sido empregadas para a avaliação do progresso genético em autógamas. Um procedimento utilizado com sucesso por Ramalho, Abreu e Santos (2005) em feijoeiro foi o de avaliarem as melhores linhagens obtidas ao final de cada ciclo de seleção recorrente. Os autores realizaram experimento em blocos casualizados com cinco repetições em uma época de semeadura e quatro em outra época. Nesse caso, um maior número de repetições é necessário para se ter maior precisão e poder detectar pequenas diferenças entre as médias das linhagens dos diferentes ciclos. Nesse procedimento como as linhagens são avaliadas em diferentes épocas e escolhidas depois de várias gerações de avaliação, tem-se uma maior segurança na identificação das melhores. Esta estratégia de avaliação do progresso genético também foi utilizada por Menezes Júnior et al. (2013).

Na literatura podem ser encontradas várias metodologias para estimar progressos genéticos em programas de melhoramento das mais variadas culturas. Um procedimento que se mostra eficiente para a análise de dados, tanto balanceados como não balanceados, é o REML/BLUP (RESENDE, 2004). Nesse método, efeitos de tratamentos são considerados como de efeitos aleatórios, e os demais efeitos principais como de efeitos fixos.

A princípio, a abordagem de modelos mistos foi desenvolvida para o melhoramento animal, porém vem sendo amplamente utilizada em várias áreas de pesquisa (PIEPHO et al.,

2008). No melhoramento vegetal essa metodologia tem se consolidado na avaliação do progresso genético de culturas como: pinhão-manso (BORGES et al., 2014); trigo (PIMENTEL et al., 2014); milho-pipoca (FREITAS et al., 2013); arroz (BORGES et al., 2009; MORAIS JUNIOR, et al., 2015; REIS et al., 2015); café (RAMALHO et al., 2016); dentre outras.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, A. J. B. et al. Sorgo sacarino em diferentes arranjos de plantas e localidades de Minas Gerais, Brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 11, n. 1, p. 69-85, 2012.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381 p.
- ALMEIDA FILHO, J. E. et al. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1-9, 2016.
- ALMODARES, A.; TAHERI, R.; ADELI, S. Stalk yield and carbohydrate composition of sweet sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] cultivars and lines at different growth stages. **Malesian Applied Biology Journal**, v. 37, n.1, p. 31-36, 2008.
- ALMODARES, A.; HADI, M.R. Production of bioethanol from sweet sorghum: a review. **African Journal of Agricultural Research**, v. 4, n. 9, p. 772-780, sept. 2009.
- BELAYACHI, L.; DELMAS, M. Sweet sorghum: a quality raw material for the manufacturing of chemical paper pulp. **Biomass and Bioenergy**, v. 8, n.6, p. 411-417, apr. 1995.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma, 2010. 400 p.
- BORGES, V. et al. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v.27, n.3, p. 478-490, 2009.
- BORGES, C. V. et al. Capacidade produtiva e progresso genético de pinhão-mansão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 1, p. 64-70, jan. 2014.
- CALVIÑO, M.; MESSING, J. Sweet sorghum as a model system for bioenergy crops. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 23, n. 3, p. 323-329, june 2012.
- CARGNIN, A. **Seleção recorrente no melhoramento genético de plantas autógamas**. Planaltina, DF:Embrapa Cerrados, 2007, 24 p. (Embrapa Cerrados. Documentos, 184).
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Ed. UFV. v.1, 2012. 514 p.

DIXON, L. K.; LEAVER, C. J. Mitochondrial gene expression and cytoplasmic male sterility in sorghum. **Plant Molecular Biology**, v. 1, n. 2, p.89-102, june 1982.

DOGGETT, H.; EBERHART, S. A. Recurrent selection in sorghum. **Crop Science**, v. 8, p.119-120, jan. 1968.

DOGGETT, H. Recurrent selection in sorghum populations. **Heredity**, v. 28, p. 9-29, 1972.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. Ames: Iowa State University, 1993. 536 p.

FRANÇA, A. E. D. de et al. Seleção simultânea em progênies de sorgo- sacarino por meio de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 10, p. 1737-1743, out. 2016.

FREITAS, I. L. J. et al. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, nov. 2013.

GIL, S. P. et al. Spike changes associated to six cycles of recurrent selection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Agriscientia**, Córdoba, v. 10, p. 95-98, 2003.

GNANSOUNOU, E.; DAURIAT, A.; WYMAN, C. E.. Refining sweet sorghum to ethanol and sugar: economic trade-offs in the context of North China. **Bioresource Technology**, v. 96, n. 9, p. 985-1002, june 2005.

HALLAUER, A. R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 3, n. 3, p. 207-233, jan. 1980.

HALLAUER, A. R. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Review in Plant Sciences**, v. 3, n. 1, p. 1-33, jan. 1985.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives' records. **Journal of Animal Science**, v. 43, n. 6, p. 1188-1197, 1976.

- HEREDIA-OLEA, E.; PÉREZ-CARRILLO, E.; SERNA-SALDÍVAR, S. O. Production of ethanol from sweet sorghum bagasse pretreated with different chemical and physical processes and saccharified with fiber degrading enzymes. **Bioresource Technology**, v. 134, p. 386-390, apr. 2013
- HOFFMANN-THOMA, G. et al. Sucrose accumulation in sweet sorghum stem internodes in relation to growth. **Physiologia Plantarum**, v. 97, n. 2, p.277-284, aug. 1996.
- HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Geneva, v. 37, p. 134-145, 1945.
- KUMAR, S. R; SHROTRIA, P. K; DESHMUKH, J. P. Characterizing nutrient management effect on yield of sweet sorghum genotypes. **World Journal of Agricultural Sciences**, Pradesh, v. 4, n. 6, p. 787-789, nov. 2008.
- KUMAR C. G. et al. Characterization of improved sweet sorghum genotypes for biochemical parameters, sugar yield and its attributes at different phenological stages. **Sugar Tech**, v. 12, p. 322-328, sept./dec. 2010.
- KUMAR, A. A. et al. Recent advances in sorghum genetic enhancement research at ICRISAT. **American Journal of Plant Sciences**, v. 2, n. 4, p. 589-600, 2011.
- LEITE, P. S. da S. et al. Association among agro-industrial traits and simultaneous selection in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n.1, p.1-10, 2017.
- LI, J. et al. A novel cost-effective technology to convert sucrose and homocelluloses in sweet sorghum stalks into ethanol. **Biotechnonology for Biofuels**, v. 6, n.1, p. 1-12, nov. 2013.
- LIU, R.; LI, J.; SHEN, F. Refining bioethanol from stalk juice of sweet sorghum by immobilized yeast fermentation. **Renewable Energy**, v. 33, n. 5, p. 1130-135, may 2008.
- LIU, S. Y.; LIN, C.Y. Development and perspective of promising energy plants for bioethanol production in Taiwan. **Renewable Energy**, v. 34, n. 8, p. 1902-1907, aug. 2009.
- LOMBARDI, G. M. R. et al. Path analysis of agro-industrial traits in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.4, p.16392-16402, 2015.
- MACHADO, J. C. et al. Recurrent selection as breeding strategy for heat tolerance in wheat. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, p. 9-15, 2010.
- MAY, A. et al. Variedades de sorgo sacarino em diferentes espaçamentos e população de plantas. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 11, n.3, p. 278-290, maio 2012.

MENEZES JUNIOR, J. A. N. de; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Seleção recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n.4, p. 833-838, 2008.

MENEZES JÚNIOR, J. A. N. de et al. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, n.1, p. 41-48, mar. 2013.

MONTEIRO, J. S. T. **Viabilidade da cultura do sorgo sacarino na produção de bioetanol em Portugal**. In: II Ciclo de conferências. Conselho Técnico-Científico: temas atuais em investigação. Castelo Branco: IPCB. P. 48-51. 2014. Disponível em: <<https://core.ac.uk/download/pdf/62720881.pdf>>. Acesso em: 13 de dez. 2017.

MONTI, A.; VENTURI, G. Comparison of the energy performance of fibre sorghum, sweet sorghum and wheat monocultures in northern Italy. **European Journal of Agronomy**, v. 19, n. 1, p.35-43, feb. 2003.

MORAIS JUNIOR, O. P. de et al. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 4, p. 297-305, july/aug. 2015.

MORGAN, P.W.; GUY, L.W.; PAO, C. I. Genetic regulation of development in *Sorghum bicolor*. **Plant Physiology**, v. 83, p. 448-450, 1987.

NEGRO, M. J. et al. Composting of sweet sorghum bagasse with other wastes. **Bioresouce Technology**, v. 67, n. 1, p. 89-92, jan. 1999.

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS. United Nations, Department of Economic and Social Affairs, Population Division (2017). **World Population Prospects: The 2017 Revision**. Disponível em: <https://esa.un.org/unpd/wpp/Publications/Files/WPP2017_KeyFindings.pdf>. Acesso em: 05 de jan. 2018.

OYIER, M. O. et al. Effect of harvesting stage on sweet sorghum (*Sorghum bicolor* L.) genotypes in western Kenya. **The Scientific World Journal**, v. 2017, p. 1-10, 2017.

PARRELLA, N. N. L. D.; PARRELLA, R. A. da C. Produção de sementes de sorgo sacarino. **Agroenergia em Revista**, ano II, n.3, ago. 2011.

PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209-228, 2008.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, nov. 2014.

QAZI, H. A.; PARANJPE, S.; BHARGAVA, S. Stem sugar accumulation in sweet sorghum – Activity and expression of sucrose metabolizing enzymes and sucrose transporters. **Journal of Plant Physiology**, v. 169, n. 6, p. 605-613, 2012.

QUINBY, J. R. The maturity genes of sorghum. **Advances in agronomy**, v. 19, p. 267-305, 1967.

QUINBY, J. R.; HESKETH; J. D.; VOIGT, R. L. Influence of temperature and photoperiod on floral initiation and leaf number in sorghum. **Crop Science**, v. 13, n. 2, p. 243-246, 1973.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos. Genetic progress in common bean after four cycles of recurrent selection. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 46, p. 47-48, 2003.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, p. 23-29, 2005.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522p.

RAMALHO, A. R. et al. Progresso genético da produtividade de café beneficiado com a seleção de clones de cafeeiro ‘Conilon’. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 47, n. 3, p. 516- 523, jul./set. 2016.

RANGEL, P. H. N. et al. Ganhos na produtividade de grãos pelo melhoramento genético do arroz irrigado no meio-norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1595-1604, ago. 2000.

RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. de; ZIMMERMANN, F. J. P Grain yield gains in three recurrent selection cycles in the CAN-IRAT 4 irrigated rice population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, n. 3, p. 369-374, 2002.

REDDY, B. V. S.; RAMESH, S.; ORTIZ, R. Genetic and cytoplasmic-nuclear male sterility in sorghum. In: JANICK, J. (Org.). **Plant Breeding Reviews**, J. Willey, v. 25, 2005, p. 139-172.

REIS, G. G. dos et al. Accuracy and genetic progress of agronomic traits in irrigated rice program in Brazil. **African Journal of Agricultural Research**, v. 10, n. 43, p. 4032-4038, oct. 2015.

REGASSA, T. H.; WORTMANN, C. S. Sweet sorghum as a bionergy crop: literature review. **Biomass and Bioenergy**, v. 64, p. 348-355, may 2014.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

ROONEY, W. L.; AYDIN, S. Genetic control of a photoperiod-sensitive response in *Sorghum bicolor* (L.) Moench. **Crop Science**, v. 39, p. 397-400, 1999.

SANTOS, R. F. dos et. al. Sorgo sacarino na produção de agroenergia. **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, v.4, n. 1, p. 1- 12, 2015.

SEETHARAMA, N. et al. Sweet sorghum-an ancillary sugar crop. **Indian Farming**, v. 36, n. 4, p. 7-8, 2002.

SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P. ABREU, A. de F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1437-1442, out. 2007.

SILVA e SOUZA, R. et al. Maturation curves of sweet sorghum genotypes. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 40, n. 1, jan./feb. 2016.

SIPOS, B. et al. Sweet sorghum as feedstock for ethanol production: enzymatic hydrolysis of steam-pretreated bagasse. **Applied Biochemistry and Biotechnology**, v. 153, p. 151-162, may 2009.

SRINIVASA, R. P. et al. **Sweet sorghum for biofuel and strategies for its improvement**. Information Bulletin n.77, Patancheru, Andhra Pradesh, India: International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics. 2009. 80 p.

TEIXEIRA, C. G. et al. Influência da época de corte sobre o teor de açúcares de colmos de sorgo sacarino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 9, p. 1601-1606, set. 1999.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

WIERSMA, J. J. et al. Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. **Crop Science**, v. 41, n. 4, p. 999-1005, 2001.

WILCOX, J. R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, v. 38, n. 6, p. 1536-1540, 1998.

WU, X. et al. Features of sweet sorghum juice and their performance in ethanol fermentation. **Industrial Crops and Products**, v. 31, n. 1, p. 164-170, jan. 2010.

YU, J.; ZHANG, X.; TAN, T. Ethanol production by solid state fermentation of sweet sorghum using thermotolerant yeast strain. **Fuel Processing Technology**, v. 89, n. 11, p. 1056-1059, nov. 2008.

SEGUNDA PARTE – ARTIGOS

ARTIGO 1 – Seleção de progênies de meios-irmãos em sorgo sacarino para caracteres agroindustriais

Normas NBR 6022 (ABNT 2003)

RESUMO

Uma das estratégias que vem sendo utilizada no programa de melhoramento de sorgo sacarino é a seleção recorrente. O sucesso no melhoramento de qualquer caráter requer que ele seja herdável e que exista variação na população onde se pratica a seleção. Dessa maneira, este trabalho teve por objetivo identificar progênies de meios-irmãos de elevado valor genético, bem como estimar componentes genéticos e fenotípicos de interesse quanto aos caracteres agroindustriais em sorgo sacarino. Para isso, avaliaram-se 196 progênies de meios-irmãos de sorgo sacarino oriundas de uma população base de um programa de seleção recorrente. Adotou-se o delineamento experimental látice simples 14 x 14 em Lavras e triplo em Sete Lagoas. Foram mensurados os seguintes caracteres nos dois locais: dias para o florescimento (FLOR), altura de planta (m, AP), produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$, PMV), teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$, SST) e toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$, TBH). Em Sete Lagoas também foram avaliados os caracteres: produção de massa seca ($t\ ha^{-1}$, PMS); sacarose (% colmo, POL); fibra (% FIB); açúcares redutores totais (% colmo, ART); açúcares totais recuperáveis (kg de açúcar t^{-1} de colmo, ATR); etanol hidratado (L de etanol t^{-1} de colmo, EH); e produção de etanol (L ha^{-1} , ET). As análises estatístico-genéticas foram realizadas pela abordagem de modelos mistos. Observou-se variabilidade genética entre as progênies para os caracteres avaliados. As estimativas de herdabilidade na média das progênies variaram de 26,63% (SST) a 91,11% (FLOR). As correlações genéticas entre os caracteres PMV e TBH foram altas, demonstrando a possibilidade de seleção indireta para esses caracteres. Verificou-se também que os caracteres que quantificam os teores de açúcares (POL, ART e ATR) apresentaram correlação forte entre si. As estimativas dos ganhos diretos utilizando intensidade de seleção de 20% foram superiores aos ganhos indiretos. A eficiência da seleção entre os caracteres em estudo e a variável TBH variou de 0% (FLOR e FIB) até 84,38% (PMV). Constatou-se que é viável a seleção a partir uma única variável (TBH), que utiliza caracteres de fácil mensuração.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*. Correlação genética. Ganho genético. Eficiência da seleção.

ABSTRACT

Recurrent selection is one of the strategies that it has been applied in sweet sorghum breeding programs. Success in improving any trait requires that it be inheritable and there is variation in the population which the selection is practiced. Thus, the objective in this work was to identify half-sib progenies of high genetic value, as well as to estimate genetic and phenotypic parameters of interest for agroindustrial traits in sweet sorghum. For this, 196 half-sib progenies of sweet sorghum from a base population of a recurrent selection program were evaluated. The experimental design was the simple lattice 14x14 in Lavras and triple lattice in Sete Lagoas. The following traits were measured at the two sites: flowering time (FLOW), plant height (m, AP), fresh biomass yield ($t\ ha^{-1}$, FBY), total soluble solids content ($^{\circ}$ Brix, TSS) and tons of brix per hectare ($t\ ha^{-1}$, TBH). In Sete Lagoas were also evaluated: dry biomass yield ($t\ ha^{-1}$, DBY); sucrose (% stem, S); fiber (% stem, FIB); total reducing sugars (% stem, TRS); total recoverable sugars (kg of sugar t^{-1} stem, TRES); hydrate ethanol (L of ethanol t^{-1} of stem, HE); and ethanol yield (L ha^{-1} , EY). Statistical-genetic analyzes were performed using the mixed model approach. Genetic variability was observed among the progenies for the traits evaluated. Progeny-mean heritabilities estimates ranged from 26.63% (TSS) to 91.11% (FLOW). The genetic correlations between the FBY and TBH were high, demonstrating the possibility of indirect selection for these traits. It was also verified that the characters that quantify the sugar contents (S, TRS and TRES) showed a strong correlation with each other. Estimates of direct gains using 20% of selection intensity were higher than indirect gains. The efficiency of the selection between the traits studied and the TBH ranged from 0% (FLOW and FIB) to 84.38% (FBY). It was verified that is feasible the selection from a single variable (TBH), which uses characters of easy measurement.

Key-Words: *Sorghum bicolor*. Genetic correlation. Genetic gain. Selection efficiency.

1 INTRODUÇÃO

A crise mundial relacionada às fontes de combustíveis fósseis aliada às implicações ambientais do uso dos mesmos levou a um aumento da demanda por fontes alternativas e sustentáveis que possam satisfazer as necessidades bioenergéticas e mitigar os impactos ambientais. Neste cenário, aparecem os biocombustíveis como fontes energéticas sustentáveis e renováveis, derivados de matéria orgânica sob a forma de biomassa, incluindo o uso de algumas culturas com este potencial.

Dentre estas culturas, o sorgo sacarino destaca-se por apresentar características favoráveis, como acúmulo de caldo rico em açúcares no colmo, ciclo vegetativo curto, metabolismo C4, menor exigência em insumos e eficiência de uso de nitrogênio e água tornando-o mais adaptado às regiões mais secas (ALMODOARES; HADI, 2009; WANG; ZONG, ZHANG, 2014). O genótipo ideal de sorgo sacarino deve apresentar duas características combinadas, alta quantidade de biomassa verde e alta produtividade de açúcar que posteriormente resultará em um maior rendimento de etanol.

Na seleção dos genótipos superiores para um ou mais caracteres é necessária a utilização de métodos de melhoramento associados a ferramentas biométricas, visto que a maior parte dos caracteres de interesse são controlados por vários genes. Neste processo, uma estratégia interessante para incrementar o potencial do sorgo sacarino é a utilização da seleção recorrente. A seleção recorrente é um método dinâmico no qual os melhores indivíduos selecionados em um ciclo são recombinados de forma direcionada. Em consequência disso, espera-se que a população mantenha a variabilidade genética, aumentando a frequência de alelos favoráveis (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Em um programa de seleção recorrente também é importante o uso de métodos acurados de seleção. Como meio de aumentar os ganhos com a seleção de indivíduos superiores, Henderson (1973) propôs a utilização do método dos modelos mistos que permite predizer os valores genéticos de indivíduos ou progênies via BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*). Já para estimação dos componentes de variância, a metodologia REML

(*Restricted Maximum Likelihood*) tem sido empregada com sucesso (PATTERSON; THOMPSON, 1971).

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos constituem relevantes informações para auxiliar nas tomadas de decisão a respeito das estratégias seletivas empregadas e possibilita a predição de ganhos genéticos para futuros ciclos de seleção e a avaliação da viabilidade do programa de melhoramento genético (RAPOSO; RAMALHO, 2004). Dessa forma esse trabalho teve como objetivo selecionar progênies de meios-irmãos de elevado valor genético, bem como estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de interesse quanto aos caracteres agroindustriais em sorgo sacarino.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Locais de condução dos experimentos

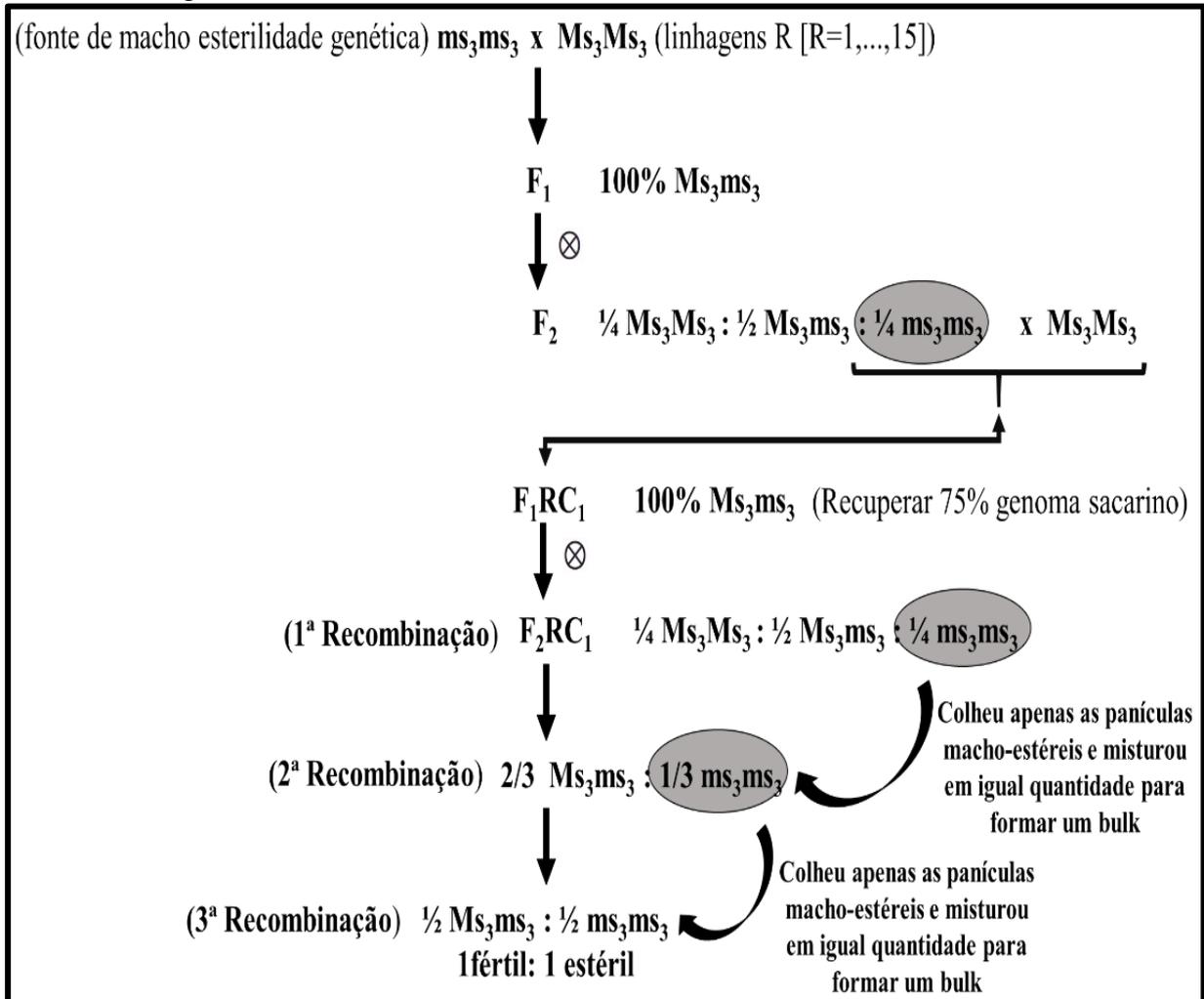
Os experimentos de campo foram conduzidos em dois locais: na área experimental da Embrapa Milho e Sorgo no município de Sete Lagoas, no estado de Minas Gerais, localizada a 767 m de altitude, 19° 27' 57" de latitude Sul e 44° 14' 49" de longitude Oeste; e na área experimental situada no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária (Fazenda Muquém) da Universidade Federal de Lavras, no município de Lavras localizada a uma altitude de 918 m, 21° 14' de latitude Sul e 45° 00' de longitude Oeste. Os ensaios de hibridação e recombinação foram todos realizados na Embrapa Milho e Sorgo em casa de vegetação.

2.2 Obtenção da população base (C₀)

A partir dos desempenhos agroindustriais *per se* foram selecionadas 15 linhagens restauradoras (R) para serem utilizadas como genitores para formação da população base do programa de seleção recorrente visando ao aumento do teor de açúcar, conforme representado na Figura 1 (PARRELLA et al., 2016). As linhagens R utilizadas foram: Cowley, Topper, M81E, Rex, Brawley, Keller, Coller, Rio, Theis, Sugar Drip, Wray, Brandes, Dale, Roma e Ramada.

Após definidas as linhagens parentais (R), estas foram semeadas em casa-de-vegetação para posterior etapa de recombinação com auxílio de uma fonte de macho-esterilidade genética nuclear considerando o gene "ms₃" (DOGGETT, 1972; REDDY, KUMAR, 2005). Este gene na sua forma recessiva sobrepõe à ação dos genes restauradores de fertilidade "Rf" condicionando a macho-esterilidade. A fonte de macho-esterilidade genética foi uma população desenvolvida para sorgo forrageiro.

Figura 1 – Esquema de obtenção da população-base do ciclo zero de seleção recorrente em sorgo sacarino.



Posteriormente foram realizados os cruzamentos artificiais de cada uma das linhagens parentais R (Ms_3Ms_3) com a fonte de macho-esterilidade (ms_3ms_3), obtendo-se as sementes da geração F_1 (100% férteis). As plantas F_1 foram autofecundadas, obtendo-se as sementes da geração F_2 , que foram misturadas e plantadas na geração seguinte em campo isolado. Na geração F_2 foram identificadas e marcadas apenas as plantas macho-estéreis, as quais foram cruzadas aleatoriamente com as linhagens R, para obtenção do retrocruzamento 1 (F_1RC_1), visando aumentar a frequência de alelos ligados à produção de açúcar.

As plantas de cada F_1RC_1 foram autofecundadas em casa de vegetação obtendo-se as sementes da geração F_2RC_1 cuja segregação foi de $\frac{1}{4} Ms_3Ms_3$: $\frac{1}{2} Ms_3ms_3$: $\frac{1}{4} ms_3ms_3$. As sementes desta geração correspondem à primeira etapa de recombinação. As plantas do F_2RC_1 foram marcadas durante o florescimento para identificação das plantas macho-estéreis, cuja proporção obtida nesta geração foi de 25%. Em seguida, foram separadas 100 sementes de cada planta macho-estéril da população F_2RC_1 , que foram misturadas para formar um bulk e, posteriormente semeadas em casa de vegetação para recombinação.

Destas foram colhidas 300 panículas das plantas estéreis e separadas 100 sementes de cada para formar um novo bulk. Estas sementes foram plantadas novamente em casa de vegetação, constituindo-se a segunda etapa de recombinação. Durante o florescimento foram identificadas e marcadas as plantas macho-estéreis cuja proporção encontrada nesta etapa foi de $\frac{1}{3}$ (33%) das plantas.

Na segunda etapa de recombinação foram colhidas 300 panículas das plantas estéreis e separadas 100 sementes de cada para formar um novo bulk. Estas sementes foram semeadas novamente em casa de vegetação, constituindo-se a terceira etapa de recombinação. Durante o florescimento, novamente foram identificadas e marcadas as plantas estéreis, cuja proporção encontrada foi de 50% das plantas nesta etapa. Esta foi a última etapa de recombinação para formação da população do ciclo zero e a proporção fenotípica de 1 fértil : 1 estéril se mantém nas próximas gerações.

2.3 Avaliação das progênies do C_0

Da terceira recombinação foram colhidas sementes de 300 panículas estéreis que constituíram a população do C_0 . Dessas sementes foram escolhidas aquelas cujas plantas apresentaram maiores teores de sólidos solúveis no caldo para realização de ensaio de avaliação no campo na safra 2016/2017. Foram avaliadas 196 progênies em dois locais: Lavras e Sete Lagoas.

O delineamento experimental utilizado em Lavras foi o látice simples 14 x 14 e parcela de uma linha de 3 m de comprimento e espaçadas entre si em 0,6 m. Em Sete Lagoas, adotou-se delineamento látice triplo 14 x 14 sendo as plantas espaçadas entre si em 0,7 m.

A semeadura mecanizada das progênies foi realizada no final de outubro de 2016 na Embrapa Milho e Sorgo em Sete Lagoas e na área experimental da UFLA em Lavras o plantio manual foi realizado no começo de novembro. Previamente, foi realizado o preparo da área com aplicação do herbicida glifosato 3 L ha⁻¹ e adubação com 480 kg ha⁻¹ da formulação 08:28:16 de NPK nos sulcos de plantio.

Após 15 dias da emergência foi realizado o desbaste permitindo a manutenção de estande de 140.000 plantas por hectare. O controle das plantas daninhas foi realizado mediante aplicação de herbicida químico pós-emergente à base de Atrazina, na dosagem de 3 kg ha⁻¹ do ingrediente ativo, e com complementação por meio de controle mecânico. Em cada experimento foi feita a adubação de cobertura em torno de 30 dias após o plantio mediante aplicação de 200 kg ha⁻¹ de ureia. Os demais tratamentos culturais foram realizados conforme recomendado para a cultura.

A colheita foi realizada quando os grãos se apresentaram no estágio pastoso/duro, 120 dias após a semeadura em Lavras e 110 dias após a semeadura em Sete Lagoas.

2.4 Caracteres avaliados

Por ocasião da colheita foram avaliados em Lavras e Sete Lagoas os caracteres: florescimento, altura de planta, produção de massa verde, teor de sólidos solúveis totais e toneladas de brix por hectare. Em Sete Lagoas foram avaliados também os caracteres: produção de massa seca, teor de sacarose, fibra, açúcares redutores totais, açúcares totais recuperáveis, etanol hidratado e produção de etanol.

Quando da colheita em Sete Lagoas, foram amostrados aleatoriamente seis colmos inteiros por parcela, sem panículas. Em seguida os colmos foram desintegrados em picador de forragem. Desse material triturado foi retirada uma amostra para cálculo da matéria seca e uma subamostra de 500 ± 0,5 g para extração do caldo em prensa hidráulica, com pressão mínima e

constante de 250 kgf/cm² sobre a amostra, durante o tempo de 1 minuto. Do caldo extraído de cada amostra retirou-se uma alíquota de 80 mL, a qual foi armazenada em frasco de polietileno para análise. Posteriormente as amostras de caldo foram analisadas utilizando espectroscopia no infravermelho próximo com auxílio do equipamento FT-NIR.

Os caracteres foram avaliados como descrito a seguir:

1. Florescimento (FLOR, dias) – número de dias decorridos do plantio até o ponto em que 50% das plantas da parcela floresceram.
2. Altura de planta (AP, m) – altura média de seis plantas tomadas aleatoriamente da parcela, sendo mensuradas da superfície do solo ao ápice da panícula.
3. Produção de massa verde (PMV, t ha⁻¹) – foram cortadas as plantas da parcela a aproximadamente 5,0 cm da superfície do solo. Em seguida, estas foram pesadas por meio de uma balança de suspensão digital, em kg. Os dados ao final foram expressos em t ha⁻¹.
4. Teor de sólidos solúveis totais (SST, °Brix) – determinado a partir do caldo por meio de um refratômetro digital de leitura automática, com correção automática de temperatura e resolução máxima de 0,1° Brix, de acordo com método proposto pela *Association of Official Analytical Chemists-AOAC* (1990).
5. Tonelada de Brix por hectare (TBH, t ha⁻¹) – determinado a partir da seguinte expressão:
TBH= (PMV x SST)/100
6. Produção de massa seca (PMS, t ha⁻¹) – calculada a partir da seguinte fórmula:

$$PMS = (PMV \times MS) / 100$$

em que: MS é a matéria seca de cada tratamento, a qual é obtida pela razão entre o peso seco e o peso verde. O peso verde é determinado em uma amostra triturada de aproximadamente 300 g. Já o peso seco é determinado colocando-se a amostra do peso verde em estufa de ventilação de ar forçado (65°C) por cerca de 48 horas.

7. Sacarose (POL, % colmo) – calculado pela seguinte expressão (CONSECANA, 2006):

$$POL = POL_{caldo} \times (1 - 0,01 \times FIB) \times C$$

em que: FIB é a fibra do colmo e o C é o coeficiente de transformação da POLcaldo extraído pela prensa em POL do colmo (C = 1,0313 – 0,00575 x FIB).

8. Fibra (FIB, %) – foi calculada pela seguinte equação (CONSECANA, 2006):

$$\text{FIB} = [(100 \times \text{PBS}) - (\text{PBU} \times \text{SST})] / [5 \times (100 - \text{SST})]$$

em que: PBS é o peso do bagaço seco e PBU é o peso do bagaço úmido.

9. Açúcares redutores totais (ART, %colmo) – determinado pela equação (CONSECANA, 2006):

$$\text{ART} = \text{AR} \times (1 - 0,01 \times \text{FIB}) \times \text{C}$$

em que: AR equivale aos açúcares redutores do caldo ($\text{AR} = 3,641 - 0,0343 \times \text{PUREZA}$) e $\text{C} = 1,0313 - 0,00575 \times \text{FIB}$.

10. Açúcares totais recuperáveis (ATR, kg de açúcar t^{-1} de colmo) – representa todos os açúcares contidos no caldo do sorgo na forma reduzida ou açúcar invertido. O ATR (kg de açúcares por tonelada de colmo) foi calculado pela equação (CONSECANA, 2006):

$$\text{ATR} = 9,5263 \times \text{POL} + 9,05 \times \text{ART}$$

11. Etanol hidratado (EH, L de etanol t^{-1} de colmo) – equivale à produção de etanol hidratado em litros por tonelada de sorgo. Foi estimado mediante a seguinte equação (CONSECANA, 2006):

$$\text{EH} = \text{ART} \times 10 \times 0,6475 \times 0,85$$

12. Produção de etanol (ET, L ha^{-1}) – estimado mediante a equação seguinte de acordo com CONSECANA (2006):

$$\text{ET} = \text{EH} \times \text{PMV}$$

2.5 Análises estatístico-genéticas

Os dados foram analisados utilizando a abordagem de modelos mistos via REML/BLUP, que combina o procedimento de predição de valores genéticos das progênes via BLUP com o procedimento de estimação de componentes de variância REML.

As análises individuais dos dados foram realizadas de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + r_i + b_{(i)j} + p_k + e_{ijk},$$

em que: y_{ijk} é a observação da parcela no bloco j dentro da repetição i que recebeu a progênie k ; μ é uma constante associada às observações; r_i é o efeito da repetição i ; $b_{(i)j}$ é o efeito do bloco j dentro da repetição i , $b_{(i)j} \sim N(0, \sigma_b^2)$; p_k é o efeito da progênie k , $p_k \sim N(0, \sigma_p^2)$; e_{ijk} é o erro experimental associado à y_{ijk} , $e_{ijk} \sim N(0, \sigma_e^2)$. Os parâmetros σ_b^2 , σ_p^2 e σ_e^2 referem-se às variâncias associadas aos efeitos aleatórios do bloco, progênie e erro, respectivamente.

Para a análise conjunta, foi utilizado o seguinte modelo:

$$y_{ijkl} = \mu + a_l + r_{i(l)} + b_{(il)j} + p_k + pa_{kl} + e_{ijkl},$$

em que: y_{ijkl} é a observação da parcela do bloco j dentro da repetição i no local l que recebeu a progênie k ; μ é uma constante associada às observações; a_l é o efeito do local l ; $r_{i(l)}$ é o efeito da repetição i dentro do local l ; $b_{(il)j}$ é o efeito do bloco j dentro da repetição i no local l , $b_{(il)j} \sim N(0, \sigma_b^2)$; p_k é o efeito da progênie k , $p_k \sim N(0, \sigma_p^2)$; pa_{kl} é o efeito da interação da progênie k com o local l , $pa_{kl} \sim N(0, \sigma_{pa}^2)$; e_{ijkl} é o erro experimental associado à y_{ijkl} , $e_{ijkl} \sim N(0, \sigma_e^2)$. Os parâmetros σ_b^2 , σ_p^2 , σ_{pa}^2 e σ_e^2 referem-se às variâncias associadas aos efeitos aleatórios do local, bloco, progênie, interação progênie x local e erro, respectivamente.

O pressuposto de normalidade dos erros foi verificado previamente pelo teste de Shapiro-Wilk (SHAPIRO; WILK, 1965) associado ao método gráfico Q-Q plot (WILK; GNANADESIKAN, 1968).

Para estimação dos componentes da variância foi empregado o método da máxima verossimilhança restrita (PATTERSON; THOMPSON, 1971). As estimativas de componentes de variância foram usadas para estimar a herdabilidade na média de progênies por local (h_i^2), com base na média das progênies nos dois locais (h_p^2) (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010) e a correlação B das progênies através dos locais (r_B) conforme as seguintes expressões:

$$h_i^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

$$h_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \frac{\sigma_{pa}^2}{l} + \frac{\sigma_e^2}{rl}}$$

$$r_B = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_{pa}^2}$$

em que: r: número de repetições; l: número de locais.

A significância das variâncias associadas aos efeitos aleatórios foi verificada pelo teste da razão de verossimilhanças (*Likelihood Ratio Test*). Para aferir a precisão com que os valores genéticos foram preditos a partir dos dados experimentais foi estimada a acurácia seletiva de acordo com Resende e Duarte (2007).

Para verificar a associação entre caracteres, foi estimada a correlação genética ($r_{P(x,y)}$) entre os caracteres avaliados, de acordo com a seguinte expressão (FALCONER; MACKAY, 1996):

$$r_{P(x,y)} = \frac{COV_{p(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{pX}^2 \cdot \sigma_{pY}^2}}$$

em que:

$COV_{p(x,y)}$ é a covariância genética entre o desempenho das progênies para os caracteres x e y; σ_{pX}^2 e σ_{pY}^2 são as variâncias genéticas entre as progênies para os caracteres x e y.

Essas correlações foram plotadas em um gráfico por meio do pacote *corrplot* do programa R (WEI; SIMKO, 2017). A significação dessas correlações foi verificada pelo teste não-paramétrico *bootstrap* por meio do pacote *boot* do programa R (DAVISON; HINKLEY, 1997; CANTY; RIPLEY, 2017).

Com os BLUPs das progênies avaliadas foi obtida a estatística t do BLUP (tBLUP), que consiste na razão entre o BLUP e o erro de predição associado, a qual foi utilizada como medida do desempenho das progênies (YAN et al., 2002; YAN; RAJCAN, 2003).

Posteriormente, o ganho com a seleção em porcentagem para cada caráter foi estimado com base nos valores genotípicos preditos utilizando intensidade de seleção de 20%. Além disso foi estimada a resposta correlacionada (ganho indireto) em porcentagem para todas as variáveis em estudo com a seleção sendo praticada para TBH. As estimativas de ganho direto em porcentagem (GD) e ganho indireto em porcentagem (GI) foram obtidas pelos seguintes estimadores:

$$GD(\%) = \frac{\overline{BLUPs}}{\bar{y}_j} \times 100$$

$$GI(\%) = \frac{\overline{BLUPs_{y/y'}}}{\bar{y}} \times 100$$

em que:

\overline{BLUPs} : médias dos BLUPs das progênes de melhor desempenho de acordo com a intensidade de seleção aplicada (20%);

\bar{y}_j : média geral das progênes para o caráter em avaliação;

$\overline{BLUPs_{y/y'}}$: média dos BLUPs das progênes para característica y pela seleção efetuada na característica y';

\bar{y} : média geral das progênes para característica y.

A coincidência entre os BLUPs univariados e a variável resposta TBH foi verificada pela metodologia proposta por Hamblin e Zimmermann (1986) para calcular a eficiência da seleção (ES). A ES indica a proporção de progênes superiores com o mesmo comportamento nos dois locais e para as características em estudo. O cálculo da ES em porcentagem foi realizado conforme a seguinte expressão:

$$ES (\%) = \left(\frac{A - C}{M - C} \right) \times 100$$

em que:

A: número de progênes superiores coincidentes selecionadas entre as variáveis em estudo e a variável de interesse.

C: número de progênies superiores selecionadas, unicamente devido ao acaso. Este valor é obtido pelo produto entre o número de progênies selecionadas e a intensidade de seleção ($C = M \times i$), sendo $i=20\%$.

M: número de progênies superiores selecionadas de acordo com a intensidade de seleção.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa R (R CORE TEAM, 2016).

3 RESULTADOS

A acurácia seletiva ($r_{\hat{p}p}$) em Lavras variou entre 64,69% para o SST e 93,38% para a variável FLOR (TABELA 1, APÊNDICE A), enquanto que em Sete Lagoas, os valores de $r_{\hat{p}p}$ variaram de 60,05% para a característica AP a 92,38% para o FLOR (TABELA 2, APÊNDICE A). Pelas Tabelas 1 e 2, do Apêndice A, observa-se que os caracteres que apresentaram as maiores estimativas de herdabilidade (h_i^2) em Lavras e em Sete Lagoas foram o FLOR, PMV e TBH. Outro aspecto importante é o fato de que a variância genotípica entre progênies (σ_p^2) foi significativamente não nula ($P < 0,05$) para todos os caracteres em estudo, expressando a existência de variabilidade genética nessa população e demonstrando a possibilidade de ganho com a seleção.

Na análise multilocais (TABELA 1), a acurácia observada ficou acima de 51%. Houve variação genética (σ_p^2) significativa ($P < 0,05$) para todos os caracteres avaliados. A variância da interação (σ_{pa}^2) foi significativa ($P < 0,05$) para PMV, SST e TBH, indicando que as progênies apresentaram desempenho relativo não coincidente nos dois locais para esses caracteres. As estimativas das herdabilidades na média das progênies (h_p^2) foram altas para FLOR, AP, PMV e TBH, expressando maior chance de seleção de progênies superiores para esses caracteres.

Um parâmetro relacionado ao efeito e natureza da interação progênies x locais é a correlação genética entre os locais (r_B). Pela Tabela 1, verifica-se que as magnitudes das estimativas da r_B podem ser classificadas como alta para FLOR e AP e de moderada a baixa para PMV, TBH e SST o que ratifica a presença de interação para esses caracteres.

Tabela 1 – Estimativas da variância genética entre progênes (σ_p^2), variância da interação progênes x locais (σ_{pa}^2), variância do erro (σ_e^2), herdabilidade na médias de progênes (h_p^2), acurácia seletiva (r_{pp}) e correlação B (r_B) para os caracteres agronômicos e tecnológicos avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017.

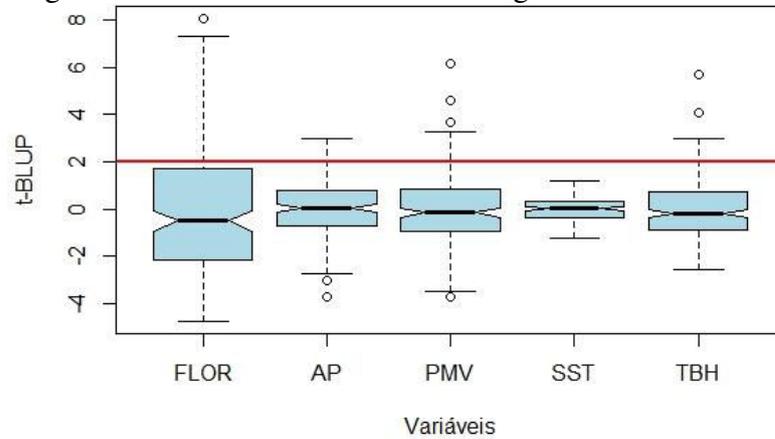
PARÂMETROS	FLOR	AP	PMV	SST	TBH
σ_p^2	17,76*	0,022*	88,09*	0,28*	2,13*
σ_{pa}^2	0,51 ^{n.s.}	0,00 ^{n.s.}	36,93*	0,63*	1,37*
σ_e^2	8,85	0,075	98,08	2,75	2,90
h_p^2 (%)	91,11	64,28	71,68	26,63	64,67
r_{pp} (%)	95,45	80,17	84,66	51,60	80,41
r_B	0,97	1	0,70	0,30	0,61

FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

^{n.s.} e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

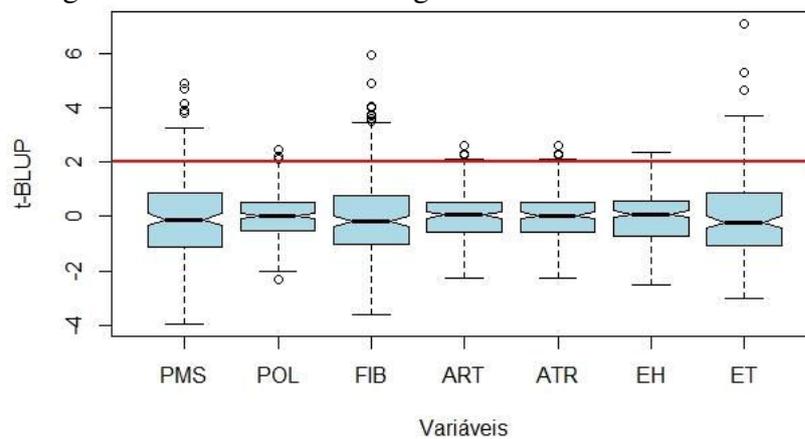
Nas Figuras 2 e 3 observam-se os valores das predições dos valores genéticos estudados das progênes (tBLUP), sendo que a linha vermelha indica as progênes com $t \geq 2$. Para a variável FLOR, os valores BLUP variaram entre -6,65 e 11,29 o que indica um grande desvio em relação à média geral. Dentre as progênes avaliadas 27% mostraram-se inferiores à média para o FLOR ($tBLUP \leq -2$), sendo as progênes mais precoces para esta variável. Já para a variável TBH, os valores BLUP variaram entre -2,33 e 5,13 e sobressaíram-se as progênes 20, 161, 164, 177, 181, 183, 184, 186, 187, 188, 189, 190, 192, 194 e 196, pois seus intervalos de confiança ficaram acima da média (FIGURA 4). Algumas dessas progênes que foram superiores para a variável TBH também foram superiores para PMV e ET. A progênie 183 também se destacou para AP, PMS, POL, ART, ATR e ET. Para o SST, observou-se variação genética significativa, porém essa variação foi relativamente menor de acordo com os valores de tBLUP (Figura 2).

Figura 2 – Box-Plot do tBLUP (=BLUP/erro de predição) para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017.



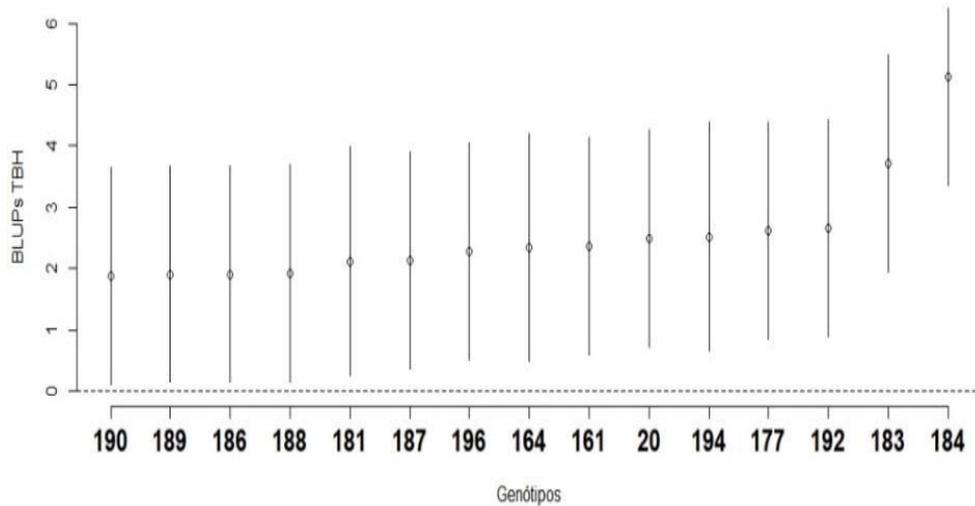
FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor sólidos solúveis totais ($^{\circ}$ Brix); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

Figura 3 – Box-Plot do tBLUP (=BLUP/erro de predição) para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Sete Lagoas na safra 2016/2017.



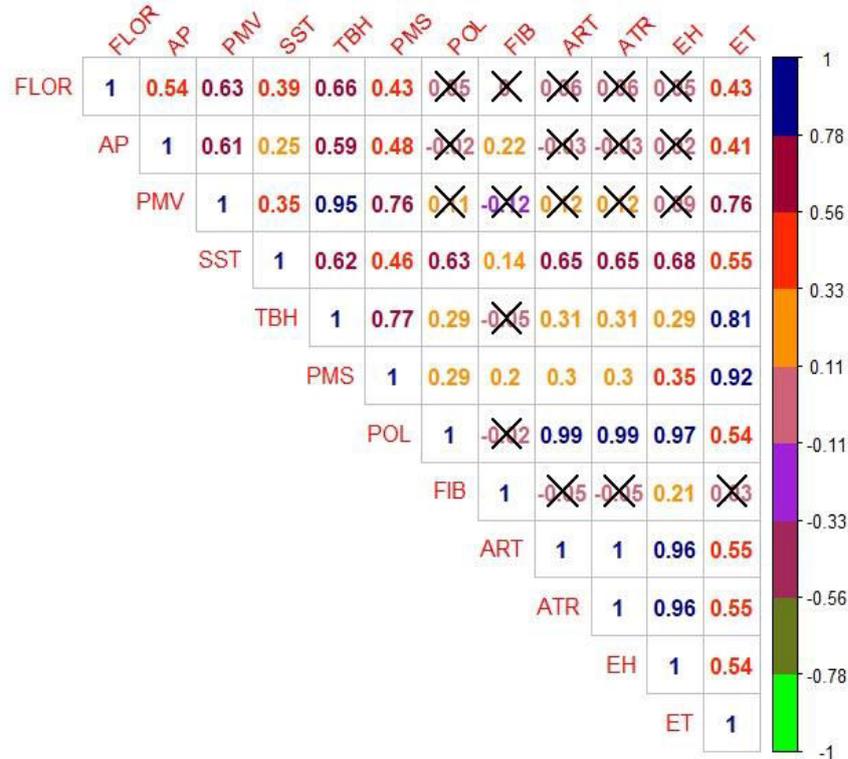
PMS – produção de massa seca ($t\ ha^{-1}$); POL – sacarose (% colmo); FIB – fibra (%); ART – açúcares redutores totais (% colmo); ATR – açúcares totais recuperáveis (kg de açúcar t^{-1} de colmo); EH – etanol hidratado (L de etanol t^{-1} de colmo); e ET – produção de etanol ($L\ ha^{-1}$).

Figura 4 – Representação gráfica dos BLUPs das progênes acima da média selecionadas de acordo com o tBLUP ($t \geq 2$) para a variável toneladas de brix por hectare.



Com relação as estimativas das correlações genéticas (FIGURA 5), o caráter TBH apresentou uma alta correlação positiva com o PMV ($r_p=0,95$), com o PMS ($r_p=0,77$), e com o ET ($r_p=0,81$), indicando que os genótipos mais produtivos podem proporcionar um maior rendimento de etanol. Outras correlações genéticas positivas e elevadas foram entre: PMV e PMS ($r_p=0,76$); PMV e ET ($r_p=0,76$); PMS e ET ($r_p=0,92$); POL e ART ($r_p=0,99$); POL e ATR ($r_p=0,99$); POL e EH ($r_p=0,97$); ART e EH ($r_p=0,96$); e ATR e EH ($r_p=0,96$). As características que quantificam os teores de açúcares (POL, ART e ATR) apresentaram correlação forte entre si, porém a correlação com PMV foi não significativa, enquanto a correlação PMV x ET foi alta e significativa, uma vez que, maior produção de biomassa verde resultaria em uma maior produção de etanol por hectare.

Figura 5 – Estimativas de correlações genéticas em progênes de sorgo sacarino para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017.

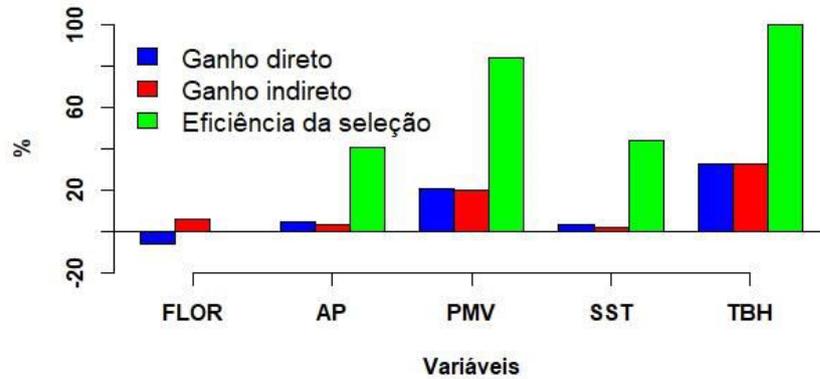


FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$); PMS – produção de massa seca ($t\ ha^{-1}$); POL – sacarose (% colmo); FIB – fibra (%); ART – açúcares redutores totais (% colmo); ATR – açúcares totais recuperáveis ($kg\ de\ açúcar\ t^{-1}\ de\ colmo$); EH – etanol hidratado ($L\ de\ etanol\ t^{-1}\ de\ colmo$); e ET – produção de etanol ($L\ ha^{-1}$).

As correlações marcadas com “X” não foram significativas. As demais foram significativas a 5% de probabilidade pelo método de *bootstrap* com 500 repetições.

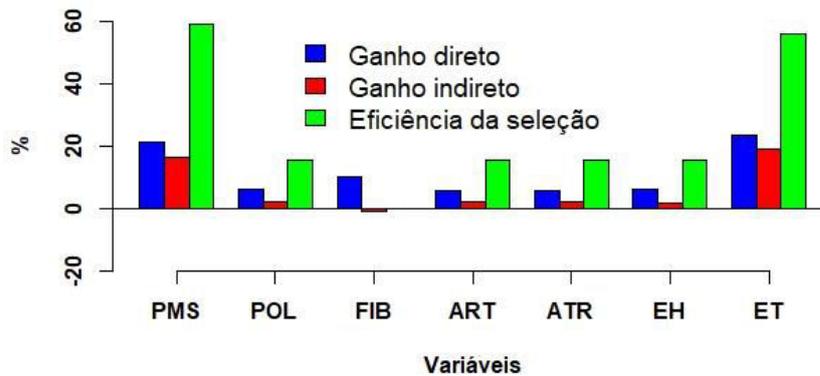
Os ganhos diretos (GD) com a seleção (FIGURA 6) para os caracteres avaliados em Lavras e Sete Lagoas variaram entre -6,23% (FLOR) e 32,47% (TBH) e aqueles avaliados apenas em Sete Lagoas (FIGURA 7) variaram entre 5,80% (ART e ATR) e 23,52% (ET). Para o FLOR os ganhos esperados foram negativos, uma vez que foram ranqueadas as progênes mais precoces já que o intuito seria reduzir o número de dias para florescimento.

Figura 6 – Ganho direto, ganho indireto e eficiência da seleção de progênies de sorgo sacarino utilizando intensidade de seleção de 20% para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017.



FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$), SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}$ Brix); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

Figura 7 – Ganho direto, ganho indireto e eficiência da seleção de progênies de sorgo sacarino utilizando intensidade de seleção de 20% para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Sete Lagoas na safra 2016/2017.



PMS – produção de massa seca ($t\ ha^{-1}$); POL – sacarose (% colmo); FIB – fibra (%); ART – açúcares redutores totais (% colmo); ATR – açúcares totais recuperáveis (kg de açúcar t^{-1} de colmo); EH – etanol hidratado (L de etanol t^{-1} de colmo); e ET – produção de etanol ($L\ ha^{-1}$).

Os ganhos indiretos considerando os BLUPs das progênies selecionadas pelo TBH (FIGURAS 6 e 7) variaram entre -1,05% (FIB) e 19,66% (PMV). Ao se observar estas estimativas, fica claro que ao selecionar as melhores progênies pelo TBH, ocorreu também um ganho expressivo na seleção das mais produtivas. Verificou-se também ganho indireto ao selecionar as progênies mais precoces.

A eficiência da seleção entre os caracteres em estudo e o TBH (FIGURAS 6 e 7) variaram de 0% (FLOR e FIB) a 84,38% (PMV). O número de progênes coincidentes, admitindo um percentual de 20% de seleção, foram de 1 (FLOR); 21 (AP); 35 (PMV); 22 (SST); 27 (PMS); 13 (POL, ART, ATR e EH); 4 (FIB); e 26 (ET). As coincidências mostraram-se variáveis, sendo as maiores coincidências para PMV (84,38%), PMS (59,38%) e ET (56,25%). Observou-se que todos os genótipos com intervalo de predição acima da média estiveram entre os coincidentes para PMV. Para FLOR ao verificar as progênes coincidentes com TBH, apenas a 90 apresentou intervalo de confiança acima da média.

4 DISCUSSÃO

O sucesso de qualquer programa de melhoramento se dá pela existência de variabilidade genética. Neste trabalho verificou-se que as variâncias genéticas entre progênies foram significativas para todas as características avaliadas e os componentes das interações progênies x locais foram significativos para PMV, SST E TBH (TABELA 1). Desse modo é possível inferir que há variabilidade entre as progênies e ainda que a resposta relativa das progênies nos dois locais foi diferente. De acordo com Falconer e Mackay (1996), a variabilidade genética na população é condição básica para a obtenção de ganhos com a seleção.

A acurácia seletiva (r_{pp}) obtida para os caracteres avaliados pode ser classificada como moderada, alta e muito alta conforme Resende e Duarte (2007), ou seja, há uma boa confiabilidade para a estimação dos valores genotípicos reais das progênies em teste, a partir das informações dos experimentos (TABELA 1). A menor acurácia para o SST (51,60%) pode ter ocorrido em decorrência das flutuações ambientais, especialmente a precipitação observada durante a colheita do experimento em Lavras, que pode ter levado à diluição dos sólidos solúveis do colmo. De outro modo, França et al. (2016) ao estudarem seleção simultânea em progênies de sorgo sacarino encontraram valores de acurácia classificados como alto para o SST (84,6%) e muito alto para PMV (91,2%) e TBH (86,9%).

Outro parâmetro de grande utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade, pois permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada. Em outras palavras, a herdabilidade expressa a confiança que se pode ter no valor fenotípico como um guia para o valor genético, ou o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético. É importante ressaltar que a herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também, da população, das circunstâncias ambientais as quais os indivíduos são submetidos e da forma como o fenótipo é mensurado (FALCONER; MACKAY, 1996).

Neste trabalho os caracteres FLOR, AP, PMV e TBH mostraram-se interessantes de acordo com a herdabilidade baseada na média das progênes (h_p^2). Ritter et al. (2008) avaliando dois ensaios com uma população de linhagens endogâmicas recombinantes resultantes do cruzamento entre uma linhagem de sorgo sacarino e uma linhagem de sorgo granífero observaram valores de herdabilidade de 0,91 e 0,94 para florescimento, 0,95 e 0,95 para altura de planta, e 0,86 e 0,82 para o teor de sólidos solúveis totais. Os resultados destes autores principalmente para variável SST foram bem superiores ao encontrado neste trabalho. Coincidindo com os resultados deste trabalho, Burks et al. (2015) encontraram o menor valor de herdabilidade para o SST e afirmaram que selecionar apenas pelo SST não é recomendado, uma vez que esta variável é altamente afetada pela quantidade de água na planta.

Pelas Figuras 2 e 3 é possível observar a variação de uma característica em comparação com as demais de acordo com o tBLUP. Esta estatística permite observar a existência de variabilidade genética, corroborando com a significância da variância genética entre as progênes. De acordo com Yan et al. (2002) quanto maior o valor t das progênes, maior será a probabilidade de que se produza mais que a média geral. Os referidos autores indicaram que o tBLUP está altamente correlacionado e é mais informativo do que BLUP *per se*, pois proporciona uma medida de superioridade intuitiva.

O tBLUP permite classificar os genótipos testados em grupos (progênes superiores, inferiores e intermediárias) e com isso selecionar aqueles que possibilitarão ganho genético. Aquelas progênes com $t \geq 2$ estão significativamente acima da média ($BLUP > 0$) ao nível de 5% de probabilidade e são classificadas como superiores. As progênes com $t \leq -2$ estão significativamente abaixo da média ($BLUP < 0$) ao nível de 5% de probabilidade e são classificadas como inferiores. As demais com $2 \leq t \leq -2$ são similares a média, sendo classificadas como intermediárias. Em outras palavras, quanto maior o valor do tBLUP do genótipo, maior a probabilidade de que fique acima da média para a variável de interesse e quanto menor o valor tBLUP maior a probabilidade de ser inferior em relação à média. Dessa forma essa estatística possibilita identificar progênes superiores para prosseguir no programa

e descartar as inferiores, a exemplo da Figura 4, na qual pode-se verificar os melhores genótipos para a variável TBH.

Segundo Piepho et al. (2008) e Ramalho, Carvalho e Nunes (2013), o sucesso na seleção de progênies superiores está diretamente ligado a uma experimentação adequada, uma vez que, boas predições de BLUP, dependem da disponibilidade de boas estimativas das variâncias genética e ambiental. De acordo com o tBLUP para a variável FLOR foi possível identificar 52 progênies de interesse considerando a seleção das mais precoces, enquanto para PMV, TBH, PMS e ET ocorreram algumas coincidências entre as melhores progênies.

O melhorista de sorgo sacarino objetiva obter genótipos que reúnam fenótipos favoráveis para uma série de caracteres de interesse. No contexto da seleção de vários caracteres simultaneamente, o conhecimento das correlações existente entre eles é de grande importância, especialmente no que se refere à correlação de natureza genética, pois esta permite observar o comportamento de uma característica quando se realiza seleção em outra e identificar caracteres que podem ser utilizados em processos de seleção indireta, e consequentemente, obter a resposta correlacionada à seleção. Isso porque essa correlação pode ser proveniente da ação de genes pleiotrópicos e/ou proximamente ligados (FALCONER; MACKAY, 1996).

As estimativas de correlações genéticas obtidas (FIGURA 5) sugerem a possibilidade de ganho futuro com a seleção indireta ou mesmo com seleção para múltiplos caracteres, uma vez que foram observadas algumas associações fortes e positivas. O uso do índice multiplicativo TBH (PMV x SST) é viável de acordo com as estimativas das correlações genéticas possibilitando ganhos com a seleção, fato este também observado por Lombardi et al. (2015) e Leite et al. (2017). Um aspecto relevante quanto à esta característica é a praticidade de avaliação dos ensaios visando à seleção de progênies superiores, associando informações relativas aos potenciais agrônômicos e tecnológicos.

Ritter et al. (2008) estimaram as correlações genéticas utilizando os BLUPs e observaram que: todas as características relacionadas ao teor de açúcar foram altamente correlacionadas; a altura da planta foi significativamente correlacionada as características de

açúcar; e o florescimento e massa seca foram significativamente correlacionados com o teor de sacarose. França et al. (2016) observaram uma correlação positiva e alta entre o SST e a POL (0,96), fato este não verificado neste trabalho, uma vez que a magnitude da correlação entre estas variáveis pode ser considerada moderada.

Em qualquer estratégia de seleção a verificação do sucesso ocorre pela quantificação do ganho esperado e a resposta correlacionada. O ganho esperado com a seleção é o produto entre a herdabilidade e o diferencial de seleção, sendo que este último varia conforme a intensidade de seleção. Com o uso dos modelos mistos é possível obter os valores genéticos individuais via BLUP já ajustados para os efeitos fixos de ambiente, os quais equivalem ao ganho com a seleção. Observou-se que os ganhos diretos com a seleção em termos percentuais foram satisfatórios para os caracteres avaliados, com base na seleção das 40 melhores progênies. França et al. (2016) ao compararem o ganho genético obtido por diferentes índices de seleção em uma população F₅ de sorgo sacarino observaram elevados valores de ganho genético para o SST, sendo que o maior valor obtido foi de 12,21% por meio do índice Z. Para as variáveis PMV e TBH os valores foram semelhantes ao encontrado neste trabalho, sendo os maiores ganhos de 20,48% e 35,54%, respectivamente.

Para o FLOR o ganho esperado com a seleção foi estimado com o intuito de se reduzir o número de dias para florescimento, tendo em vista que é preferível que as progênies permaneçam menos tempo no campo para evitar estresse biótico e abiótico (FIGURA 6). No sorgo sacarino o acúmulo de açúcares ocorre após o florescimento (ZEGADA-LIZARAZU; MONTI, 2012; GUTJAHR et al., 2013), portanto é desejável selecionar progênies que sejam precoces e com elevado teor de açúcar. A semeadura de genótipos mais precoces é interessante em áreas de renovação de canaviais que ocorrem normalmente de cinco em cinco anos e com isso disponibiliza-se mais cedo a área para novo plantio de cana. É importante ressaltar que pode-se avançar também progênies com diferentes dias para florescimento, pois permite uma melhor distribuição durante a colheita.

A resposta correlacionada é a resposta esperada de um caráter Y, quando a seleção é aplicada para um outro caráter X. A resposta do caráter X, isto é, o caráter diretamente

selecionado, é equivalente ao valor genético médio dos indivíduos selecionados (FALCONER; MACKAY, 1996). Quando os ganhos foram estimados considerando a seleção indireta realizada para TBH, as magnitudes foram inferiores. Houve ganho indireto negativo para FIB, que foi verificado na baixa eficiência da seleção observada para este caráter (FIGURA 7), corroborando a observação dos resultados das correlações genéticas. Pela Figura 6 de acordo com a resposta correlacionada, observa-se que ao selecionar progênies com maiores valores de TBH ocorreu um acréscimo no número de dias para florescimento. Com base na seleção para TBH, a eficiência da seleção para PMV foi de 84,38% (FIGURA 6), o que está de acordo com Pedrozo et al. (2008). Estes autores ao compararem a eficiência de três índices de seleção em cana-de-açúcar concluíram que quanto maior o coeficiente de coincidência entre duas variáveis, maior será a concordância dos resultados de seleção entre eles.

5 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre as progênes de meios-irmãos do ciclo inicial de seleção recorrente quanto aos caracteres agronômicos e tecnológicos avaliados. As correlações genéticas são elevadas entre os caracteres que quantificam os teores de açúcares no colmo.

Observou-se que a seleção com base no TBH resulta em estimativas de ganhos genéticos equilibrados, possibilitando a identificação de progênes que associam elevados desempenhos agronômicos e tecnológicos.

REFERÊNCIAS

- ALMODARES, A.; HADI, M. R. Production of bioethanol from sweet sorghum: a review. **African Journal of Agricultural Research**, v. 4, n. 9, p. 772-780, sept. 2009.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS (AOAC). **Official Methods of Analysis**. 15 ed. Washington, 1990. 1018 p.
- BURKS, P. S. et al. Genome wide association for sugar yield in sweet sorghum. **Crop Science**, v. 55, p. 2138–2148, sept./oct. 2015.
- CANTY, A.; RIPLEY, B. **Boot**: Bootstrap R (S-Plus) Functions. R package version 1.3-20, 2017.
- CONSECANA. Conselho dos Produtores de Cana-de-Açúcar, açúcar e álcool do Estado de São Paulo. **Manual de Instruções**. 5 ed. Piracicaba, 2006. 112 p.
- DAVISON, A. C.; HINKLEY, D. V. **Bootstrap methods and their applications**. Cambridge: Cambridge University Press, 1997.
- DOGGETT, H. Recurrent selection in sorghum populations. **Heredity**, v. 28, p. 9-29, 1972.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Longman, London, 1996. 464 p.
- FRANÇA, A. E. D. de. et al. Seleção simultânea em progênies de sorgo - sacarino por meio de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 10, p. 1737-1743, out. 2016.
- GUTJAHR, S. et al. Grain, sugar and biomass accumulation in photoperiod-sensitive sorghum. II. Biochemical processes at internode level and interaction with phenology. **Functional Plant Biology**, v. 40, n. 4, p. 355-368, feb. 2013
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 2010. 663 p.
- HAMBLIN, J.; ZIMMERMAN, M. J. O. Breeding common bean for yield in mixtures. **Plant Breeding Reviews**, v. 4, p. 245-272, 1986.
- HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. **Journal of Animal Science**, v. 1973, p. 10-41, jan. 1973.

- LEITE, P. S. da S. et al. Association among agro-industrial traits and simultaneous selection in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n.1, p. 1-10, 2017.
- LOMBARDI, G. M. R. et al. Path analysis of agro-industrial traits in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 16392-16402, 2015.
- PARRELLA, R. A. da C. et al. **Desenvolvimento de populações de sorgo sacarino de cruzamento ao acaso para seleção recorrente intrapopulacional**. Circular Técnica, 217, Sete Lagoas, 2016. 8 p.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n, 3, p. 545–554, dec. 1971.
- PEDROZO, C. A. et al. Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Revista Ceres**, v.55, n. 1, p. 1-8, 2008.
- PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209-228, may 2008.
- RAMALHO, M. A. P., CARVALHO, B. L., NUNES, J. A. R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **ISRN Genetics**, v. 2013, p. 1-6, 2013.
- RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 3, n. 3, p. 402-413, 2004.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2016.
- REDDY, B. V.; KUMAR, A. A. **Population improvement in sorghum**. International Crops Research Institute for the Semi Arid Tropics , Patancheru, Andhra Pradesh, India, 2005.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.
- RITTER, K. B. e al. Identification of QTL for sugar-related traits in a sweet x grain sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) recombinant inbred population. **Molecular Breeding**, v. 22, n. 3, p. 367-384, 2008.
- SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. An analysis of variance test for normality (complete samples). **Biometrika**, v. 52, n. 3-4, p. 591-611, dec. 1965.

WANG, W. F.; ZONG, Y. Z.; ZHANG, S. Q. Water- and Nitrogen-use efficiencies of sweet sorghum seedlings are improved under water stress. **International Journal of Agriculture & Biology**, v. 16, n. 2, p. 285-292, 2014.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”**: visualization of a correlation matrix. Version 0.77, 2017.

WILK, M. B; GNANADESIKAN, R. Probability plotting methods for the analysis of data. **Biometrika**, v. 55, n. 1, p. 1-17, mar. 1968.

YAN, W. et al. On-farm strip trials vs. replicated performance trials for cultivar evaluation. **Crop Science**, v. 42, n. 2, p. 385-392, mar./apr. 2002.

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of cultivar performance based on single-versus multiple-year tests in soybean. **Crop Science**, v.43, n. 2, p. 549-555, mar./apr. 2003.

ZEGADA-LIZARAZU, W.; MONTI, A. Are we ready to cultivate sweet sorghum as a bioenergy feedstock? A review on field management practices. **Biomass and Bioenergy**, v. 40, p. 1-12, may 2012.

APÊNDICE A

Tabela 1 – Estimativas da variância entre progênies (σ_p^2), variância do erro (σ_e^2), média (\bar{x}), herdabilidade individual (h_i^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{p}p}$) para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Lavras na safra 2016/2017.

PARÂMETROS	LAVRAS				
	FLOR	AP	PMV	SST	TBH
σ_p^2	21,76*	0,027*	170,79*	0,94*	5,28*
σ_e^2	9,59	0,040	155,09	3,92	5,12
\bar{x}	78,88	3,16	57,64	13,58	7,93
h_i^2 (%)	87,19	66,23	76,76	41,85	75,59
$r_{\hat{p}p}$ (%)	93,38	81,38	87,61	64,69	86,94

FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

Tabela 2 – Estimativas da variância entre progênies (σ_p^2), variância do erro (σ_e^2), média (\bar{x}), herdabilidade individual (h_i^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{p}p}$) para os caracteres agronômicos e tecnológicos avaliados em Sete Lagoas na safra 2016/2017.

PARÂMETROS	SETE LAGOAS											
	FLOR	AP	PMV	PMS	SST	TBH	POL	FIB	ART	ATR	EH	ET
σ_p^2	15,89*	0,019*	78,13*	4,94*	0,69*	1,66*	0,35*	1,46*	0,37*	30,29*	18,52*	433656,6*
σ_e^2	8,18	0,099	68,58	5,87	2,16	1,83	1,41	1,75	1,34	110,55	62,46	503449,2
\bar{x}	71,24	3,11	55,45	13,28	12,28	6,82	8,23	14,50	9,32	84,35	63,31	3515,22
h_i^2 (%)	85,35	36,07	77,37	71,64	49,13	73,17	42,79	71,51	45,09	45,11	47,08	72,09
$r_{\hat{p}p}$ (%)	92,38	60,05	87,96	84,64	70,09	85,54	65,41	84,56	67,15	67,17	68,61	84,91

FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); PMS – produção de massa seca ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$); POL – sacarose (% colmo); FIB – fibra (%); ART – açúcares redutores totais (% colmo); ATR – açúcares totais recuperáveis (kg de açúcar t^{-1} de colmo); EH – etanol hidratado (L de etanol t^{-1} de colmo); e ET – produção de etanol ($L\ ha^{-1}$).

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

ARTIGO 2 – Estimativa do progresso genético para rendimento de açúcares no programa de seleção recorrente em sorgo sacarino

Normas NBR 6022 (ABNT 2003)

RESUMO

A seleção recorrente é um método de melhoramento que visa aumentar a frequência de alelos favoráveis na população por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos melhores genótipos. Neste contexto, os programas de seleção recorrente necessitam de avaliação periódica, visando estimar sua eficácia e identificar possíveis erros de planejamento. O objetivo neste estudo foi estimar o progresso genético após um ciclo de seleção recorrente em uma população de sorgo sacarino. Foram avaliadas em dois locais (Lavras e Sete Lagoas) 40 progênies macho-estéreis oriundas do ciclo 0 e outras 40 progênies do ciclo 1, juntamente com uma testemunha. Os experimentos foram implantados no delineamento experimental de látice triplo 9 x 9, sendo a parcela constituída de uma linha de 3,0 m em Lavras-MG e Sete Lagoas-MG na safra 2017/2018. Avaliaram-se os seguintes caracteres: dias para o florescimento (FLOR), altura de planta (AP), produção de massa verde (PMV), teor de sólidos solúveis totais (SST) e toneladas de brix por hectare (TBH). Observou-se variabilidade genética para os caracteres AP, PMV e TBH avaliados no ciclo 1. O progresso genético obtido com um ciclo de seleção recorrente foi de 1,17% para FLOR; 3,73% para AP; 8,04% para PMV; 0,24% para SST; e 8,65% para TBH. Com os resultados obtidos pode-se inferir que a seleção recorrente foi eficiente no melhoramento de sorgo sacarino para os caracteres em estudo e a existência de variabilidade genética entre as progênies evidencia a possibilidade de continuar obtendo sucesso com a seleção.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*. Progênies de meios-irmãos. Macho-esterilidade genética. Melhoramento genético.

ABSTRACT

Recurrent selection is a breeding method that aims to increase the frequency of favorable alleles in the population through successive cycles of selection and recombination of the best genotypes. In this context, recurrent selection programs need periodic evaluation, in order to estimate their effectiveness and identify possible planning errors. The objective in this study was to estimate the genetic progress after one cycle of recurrent selection in a sweet sorghum population. We evaluated 40 sterile male progenies from cycle 0 and 40 progenies from cycle 1, together with one control at two sites (Lavras and Sete Lagoas). The experiments were carried out in a triple lattice experimental design 9 x 9 and plot with one 3-m rows in Lavras-MG and Sete Lagoas-MG in the 2017/2018 growth season. Flowering time (FLOW), plant height (PH), fresh biomass yield (FBY), total soluble solids content (TSS) and tons of brix per hectare (TBH) were evaluated. Genetic variability was observed for the PH, FBY and TBH traits evaluated in cycle 1. The genetic progress obtained with one recurrent selection cycle was 1.17% for FLOW; 3.73% for PH; 8.04% for FBY; 0.24% for TSS; and 8.65% for TBH. With the results obtained it can be inferred that the recurrent selection was efficient in the sweet sorghum improvement for the traits studied and the existence of genetic variability among the progenies evidences the possibility of continuing to obtain success with the selection.

Key words: *Sorghum bicolor*. Half-sib progenies. Genetic male-sterility. Plant breeding.

1 INTRODUÇÃO

O sorgo sacarino é considerado uma fonte promissora de matéria-prima para produção de etanol, por possuir açúcares acumulados no caldo que podem ser facilmente extraídos e fermentados. O mesmo possui a vantagem de poder ser utilizado durante o período de entressafra da cana-de-açúcar, reduzindo o período de ociosidade das usinas e, conseqüentemente amortizando as oscilações no preço do etanol.

Como a maioria dos caracteres de interesse na cultura são poligênicos, é impossível acumular todos os alelos favoráveis com apenas um ou poucos ciclos seletivos. Nesse caso, a seleção recorrente é uma estratégia interessante quando se deseja melhorar a longo prazo estes caracteres em uma população base. Este método de melhoramento é um processo cíclico que consiste de três etapas: desenvolvimento da população base, avaliação e recombinação das melhores progênies. Em função disso espera-se aumentar a média do caráter sob seleção, mantendo a variabilidade genética na população.

No caso específico do sorgo sacarino, a macho-esterilidade é um recurso de grande utilidade no inter cruzamento ao acaso e alguns trabalhos têm descrito a metodologia a ser utilizada para síntese da população base nesta cultura (DOGGETT, 1972; BHOLA, 1982; REDDY; KUMAR, 2005; SCHAFFERT et al., 2016). Estes autores afirmaram que o desenvolvimento de uma população base envolve três etapas: seleção dos genitores, introgressão do gene de macho-esterilidade e acasalamento ao acaso entre os pais. Entretanto, de acordo com Schaffert et al. (2016) esta metodologia não tem sido utilizada no melhoramento do sorgo devido ao maior tempo necessário para obtenção de resultados. A literatura não oferece informações sobre programas de melhoramento que utilizam a seleção recorrente em sorgo sacarino. Portanto, este trabalho representa uma proposta de pesquisa que permite a geração de conhecimento prático sobre como este método de melhoramento pode ser aplicado.

Em um programa de seleção recorrente um ponto chave é a estimação do progresso genético. Esse deve ser estimado periodicamente, para desta forma, quantificar a sua eficiência,

além de orientar o melhorista na tomada de decisões a serem usadas nos ciclos subsequentes. A utilização de métodos que permitam estimar o progresso genético de forma acurada é importante. Entre os principais procedimentos para obter esta estimativa destaca-se o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada), pois envolve simultaneamente a predição dos valores genéticos e a estimação dos componentes de variância. As propriedades do BLUP para tratamentos aleatórios permitem a maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, predição não viciada de valores genéticos, maximização do ganho genético por ciclo de seleção, maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre dois genótipos, e maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre vários genótipos (RESENDE, 2004).

Diante do exposto, objetivou-se com este trabalho quantificar o progresso genético após um ciclo de seleção recorrente intrapopulacional no melhoramento do sorgo sacarino.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Síntese da população de melhoramento

Uma das estratégias que vêm sendo utilizada pela Embrapa Milho e Sorgo no melhoramento do sorgo sacarino é a seleção recorrente. Para isso, foi desenvolvida em casa de vegetação uma população base com linhagens restauradoras de fertilidade (R), levando em consideração a presença de caldo nos colmos e o teor de sólidos solúveis no caldo, já que essas características estão correlacionadas positivamente com a produção de etanol, conforme descrito em Parrella et al. (2016). Inicialmente foram selecionadas 15 linhagens R (Cowley, Topper, M81E, Rex, Brawley, Keller, Coller, Rio, Theis, Sugar Drip, Wray, Brandes, Dale, Roma e Ramada) de acordo com o teor de sólidos solúveis totais e cada uma dessas linhagens foi cruzada com a fonte de macho-esterilidade. A fonte de macho-esterilidade genética utilizada foi uma população desenvolvida para sorgo forrageiro. Desse cruzamento foram obtidas as sementes da geração F_1 (100% férteis) que foram autofecundadas para obtenção das sementes F_2 (3/4 férteis:1/4 estéreis).

Essas sementes F_2 foram plantadas para a identificação das plantas macho-estéreis, as quais posteriormente foram retrocruzadas com as linhagens R para a obtenção da F_1RC_1 (100% férteis), visando aumentar a frequência de alelos relacionados à produção de açúcar. As plantas de cada cruzamento F_1RC_1 foram autofecundadas em casa de vegetação obtendo-se as sementes da geração F_2RC_1 (3/4 férteis:1/4 estéreis). Depois 100 sementes oriundas de cada planta estéril da geração F_2RC_1 foram misturadas para formar um bulk e semeadas em casa de vegetação constituindo a primeira etapa de recombinação.

Nesta primeira recombinação foram identificadas as plantas macho-estéreis durante o florescimento cuja proporção encontrada nesta geração foi de 25%. Destas plantas macho-estéreis foram colhidas aproximadamente 300 panículas e separadas 100 sementes de cada para formar um novo bulk. Estas sementes foram semeadas novamente em casa de vegetação constituindo a

segunda etapa de recombinação. As plantas foram identificadas durante o florescimento e colhidas as sementes das plantas macho-estéreis cuja proporção fenotípica encontrada foi de 1/3 das plantas. Destas plantas foram colhidas 300 panículas e separadas 100 sementes para formar um novo bulk. Estas sementes foram novamente plantadas em casa de vegetação, constituindo a terceira etapa de recombinação. Nesta última etapa de recombinação foi encontrada a proporção fenotípica de 1 planta fértil : 1 planta estéril, que se mantém para as próximas gerações. Depois desta terceira recombinação tem-se a população base (C_0).

2.2 Obtenção da população do primeiro ciclo (C_1)

Após obtida a população que constituiu o ciclo 0 (C_0) foram escolhidas as sementes provenientes de 196 plantas estéreis com maiores teores de sólidos solúveis no caldo. Estas progênies foram semeadas e avaliadas em dois locais (Lavras e Sete Lagoas).

Com os resultados obtidos dessa avaliação e tomando por base a variável toneladas de brix por hectare foram escolhidas as 40 melhores progênies para proceder nova etapa de recombinação em casa de vegetação utilizando as sementes remanescentes do C_0 . Depois de realizada a recombinação foram obtidas as progênies estéreis do C_1 .

2.3 Estimativas do progresso genético e condução do experimento

A estratégia utilizada para estimar o progresso genético com a seleção recorrente foi a comparação das progênies oriundas dos ciclos obtidos. Para isso, foram avaliadas 40 progênies tomadas aleatoriamente nos C_0 e C_1 , respectivamente. As 80 progênies e uma testemunha (bulk de progênies férteis do ciclo 0) foram avaliadas em Lavras/MG e em Sete Lagoas/MG, na safra 2017/2018.

O delineamento utilizado foi látice triplo 9 x 9. As parcelas foram constituídas de uma linha de 3,0 m, espaçadas de 0,6 m em Lavras e em Sete Lagoas as parcelas foram constituídas de

uma linha de 3,0 m de comprimento e espaçadas entre si em 0,7 m. O experimento foi implantado manualmente em Lavras no dia 19 de setembro de 2017 e colhido no dia 19 de janeiro de 2018, enquanto em Sete Lagoas foi realizado plantio mecanizado no dia 31 de agosto de 2017 e colhido entre 2 e 5 de janeiro de 2018.

Nos dois ambientes utilizou-se adubação de semeadura de 400 Kg.ha⁻¹ da formulação 8:28:16 de NPK. Após 15 dias de emergência fez-se o desbaste deixando aproximadamente 30 plantas na parcela. A adubação de cobertura foi realizada mediante aplicação de 200 kg ha⁻¹ de ureia em torno de 30 dias após o plantio. O controle das plantas daninhas foi realizado mediante aplicação de herbicida químico pós-emergente à base de Atrazina, na dosagem de 3 kg ha⁻¹ do ingrediente ativo, e com complementação por meio de controle mecânico. Os demais tratamentos culturais foram realizados conforme normalmente recomendados para a cultura.

2.4 Caracteres avaliados

As características avaliadas por parcela nos dois locais foram: AP – altura média de seis plantas tomadas aleatoriamente da parcela em m, sendo mensuradas da superfície do solo ao ápice da panícula. PMV – produção de massa verde, mensurado o peso por meio de uma balança de suspensão digital, em kg, sendo os dados expressos em t ha⁻¹. SST – teor de sólidos solúveis totais em °Brix, determinado a partir do caldo por meio de um refratômetro digital de leitura automática. TBH – toneladas de Brix por hectare em t ha⁻¹ determinado por meio da expressão $TBH = (PMV \times SST)/100$.

Em Lavras também foi avaliada a variável FLOR que corresponde ao número de dias desde o plantio até o momento em que 50% das plantas da parcela florescerem.

2.5 Análises estatístico-genéticas

Os dados foram analisados via abordagem de modelos mistos. As análises por local foram realizadas de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = X\beta + Z_1b + (1 - \theta)Z_2p + e$$

em que:

y é o vetor de dados; X é matriz de incidência para os efeitos fixos; β é o vetor dos efeitos da constante, das repetições e das populações do ciclo 0, ciclo 1 e da testemunha; Z_1 é a matriz de incidência dos efeitos dos blocos dentro das repetições; b é o vetor de efeitos de blocos, em que $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$; θ é uma variável indicadora, sendo $\theta = 0$ para progênie e $\theta = 1$ para a testemunha; Z_2 é a matriz de incidência dos efeitos das progênie; p é o vetor dos efeitos das progênie, em que $p \sim \text{NMV}(0, G)$; e e é o vetor de erros, em que $e \sim \text{NMV}(0, I\sigma_e^2)$.

A matriz de covariâncias G foi expressa da seguinte forma:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{P_{C0}}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{P_{C1}}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{40}$$

em que:

$\sigma_{P_{C0}}^2$ e $\sigma_{P_{C1}}^2$: variância de progênie do ciclo 0 e 1, respectivamente.

Para todas as características estudadas, foi realizada previamente uma análise exploratória dos dados e com base no indicativo de heterogeneidade de variâncias residuais realizou-se a análise conjunta de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = X\beta + Z_1b + (1 - \theta) [Z_2p + Z_3w] + e$$

em que:

y é o vetor de dados; X é matriz de incidência para os efeitos fixos; β é o vetor dos efeitos da constante, das repetições dentro de locais, dos locais, das populações do ciclo 0, ciclo 1 e da testemunha e suas interações com locais; Z_1 é a matriz de incidência dos efeitos dos blocos dentro das repetições dentro dos locais; b é o vetor de efeitos de blocos, em que $b \sim \text{NMV}(0, I\sigma_b^2)$; θ é uma variável indicadora, sendo $\theta = 0$ para progênie e $\theta = 1$ para a testemunha; Z_2 é a matriz de

incidência dos efeitos das progênes; p é o vetor dos efeitos das progênes, em que $p \sim \text{NMV}(0, G)$; Z_3 é a matriz de incidência dos efeitos da interação progênes x locais; w é o vetor dos efeitos da interação progênes x locais, em que $w \sim \text{NMV}(0, W)$; e e é o vetor de erros aleatórios, em que $e \sim \text{NMV}(0, R)$.

As matrizes de covariâncias G , W e R foram expressas da seguinte forma:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{P_{C0}}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{P_{C1}}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{40} \quad W = \begin{bmatrix} \sigma_{P_{C0 \times L}}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{P_{C1 \times L}}^2 \end{bmatrix} \otimes I_{80}$$

$$R = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix} \otimes I_n$$

em que:

$\sigma_{P_{C0}}^2$ e $\sigma_{P_{C1}}^2$: variância de progênes do ciclo 0 e 1, respectivamente.

$\sigma_{P_{C0 \times L}}^2$ e $\sigma_{P_{C1 \times L}}^2$: variância da interação entre progênes do ciclo 0 e locais e progênes do ciclo 1 e locais.

$\sigma_{e_1}^2$: variância residual para o local Lavras.

$\sigma_{e_2}^2$: variância residual para o local Sete Lagoas.

A estimação dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos foi realizada utilizando-se o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada). A significância das variâncias associadas aos efeitos aleatórios foi obtida pelo teste da razão de verossimilhança (LRT).

Para verificar a precisão experimental foi determinada a acurácia seletiva ($r_{\hat{p}p}$) pela seguinte expressão (RESENDE; DUARTE, 2007):

$$r_{\hat{p}p} = \sqrt{1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma_P^2}}$$

em que:

\overline{PEV} : variância do erro de predição dos BLUPs;

σ_P^2 : variância das progênes.

O progresso genético (PG) relativizado para cada característica foi obtida do seguinte modo:

$$PG (\%) = \frac{\bar{Y}_{C_1} - \bar{Y}_{C_0}}{\bar{Y}_{C_0}} \times 100$$

em que:

\bar{Y}_{C_0} : é a média das 40 progênies do C_0 ;

\bar{Y}_{C_1} : é a média das 40 progênies do C_1 .

Os valores médios de cada ciclo para todas as variáveis foram plotados por meio do pacote ggplot2 utilizando o programa estatístico R (R CORE TEAM, 2016).

As demais análises estatísticas foram realizadas utilizando o procedimento PROC MIXED do SAS versão 9.4 (STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE, 2015).

3 RESULTADOS

A variância entre progênes do C_0 e C_1 avaliadas em Lavras foi significativa ($P < 0,05$), exceto para o caráter SST (TABELA 1, APÊNDICE A), indicando existência de variabilidade genética. Com relação à acurácia, observou-se que ocorreu uma melhoria na avaliação das progênes do ciclo 1 ($r_{\hat{p}p(C_1)}$) quando comparadas as progênes do ciclo 0 ($r_{\hat{p}p(C_0)}$), exceto para os caracteres FLOR e SST. Resultado este semelhante para a herdabilidade ($h_{C_1}^2$). O contraste entre as médias dos ciclos seletivos (\bar{Y}_{C_0} versus \bar{Y}_{C_1}) foi significativo pelo teste F, a 5% de probabilidade, para as variáveis AP, PMV e TBH. Assim, as progênes do C_1 apresentaram médias superiores para estes caracteres.

Para os caracteres avaliados em Sete Lagoas (TABELA 2, APÊNDICE A), houve significância para variância genética entre as progênes do C_0 apenas para PMV e TBH e no C_1 para todos os caracteres avaliados. Para a acurácia ocorreu um aumento nos valores das progênes avaliadas no ciclo 1 ($r_{\hat{p}p(C_1)}$) quando comparadas as progênes do ciclo 0 ($r_{\hat{p}p(C_0)}$) para todos os caracteres estudados, o que também foi observado para a herdabilidade ($h_{C_1}^2$). De acordo com Resende e Duarte (2007), esses valores de acurácia podem ser classificados como de moderados à altos, indicando boa precisão para seleção. O contraste envolvendo as progênes dos ciclos 0 e 1 foi significativo apenas para AP ($\bar{Y}_{C_0} \neq \bar{Y}_{C_1}$).

Pela análise multilocal (TABELA 1) observou-se que a variância genética entre progênes foi significativamente não nula ($P < 0,05$) para os caracteres AP, PMV e TBH avaliados no ciclo 1 ($\sigma_{P_{C_1}}^2$), ou seja, estas variáveis apresentaram variabilidade com um ciclo seletivo e sinalizam a possibilidade de ganho com a seleção. Este resultado está de acordo com o esperado para o caráter TBH, porque a seleção foi realizada com base nesta característica. Analisando a variância da interação progênes x locais esta não foi significativa, exceto para a variável PMV no C_0 , indicando que para a totalidade dos caracteres, o desempenho relativo das progênes foi coincidente nos dois locais.

Tabela 1 – Estimativas da variância de progênes do ciclo 0 ($\sigma_{P_{C_0}}^2$), variância de progênes do ciclo 1 ($\sigma_{P_{C_1}}^2$), variância da interação entre progênes do ciclo 0 e local ($\sigma_{P_{C_0 \times L}}^2$), variância da interação entre progênes do ciclo 1 e local ($\sigma_{P_{C_1 \times L}}^2$), variância do erro em Lavras ($\sigma_{e_{LAV}}^2$), variância do erro em Sete Lagoas ($\sigma_{e_{SLA}}^2$), acurácia das progênes do ciclo 0 ($r_{\hat{p}_{(C_0)}}$), acurácia das progênes do ciclo 1 ($r_{\hat{p}_{(C_1)}}$), herdabilidade entre as progênes do ciclo 0 ($h_{C_0}^2$), herdabilidade entre as progênes do ciclo 1 ($h_{C_1}^2$), média das progênes no ciclo 0 (\bar{Y}_{C_0}), média das progênes no ciclo 1 (\bar{Y}_{C_1}), média da testemunha ($\bar{Y}_{TEST.}$) para ao caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2017/2018.

PARÂMETROS	CARACTERES			
	AP	PMV	SST	TBH
$\sigma_{P_{C_0}}^2$	0,013* ^{1/}	23,87 ^{n.s.}	0,17 ^{n.s.}	0,21 ^{n.s.}
$\sigma_{P_{C_1}}^2$	0,023*	102,05*	0,18 ^{n.s.}	2,00*
$\sigma_{P_{C_0 \times L}}^2$	0,0012 ^{n.s.}	54,41*	0,39 ^{n.s.}	1,57 ^{n.s.}
$\sigma_{P_{C_1 \times L}}^2$	0,003 ^{n.s.}	24,34 ^{n.s.}	0,67 ^{n.s.}	0,61 ^{n.s.}
$\sigma_{e_{LAV}}^2$	0,03	97,98	4,49	4,39
$\sigma_{e_{SLA}}^2$	0,12	462,38	3,50	12,34
$r_{\hat{p}_{(C_0)}}$	74,54	52,21	39,54	30,41
$r_{\hat{p}_{(C_1)}}$	81,55	82,75	38,13	74,58
$h_{C_0}^2$ (%)	55,56	27,26	15,63	9,25
$h_{C_1}^2$ (%)	66,50	68,48	14,54	55,62
\bar{Y}_{C_0}	3,22 a ^{2/}	70,87 a	12,34 a	8,79 a
\bar{Y}_{C_1}	3,34 b	76,57 b	12,37 a	9,55 b
$\bar{Y}_{TEST.}$	3,46 ^{n.s. 3/}	89,88 *	13,50 ^{n.s.}	12,60 *

AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

^{1/} ^{n.s.} e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

^{2/} Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste F a 5% de probabilidade considerando a hipótese: $\bar{Y}_{C_0} = \bar{Y}_{C_1}$.

^{3/} ^{n.s.} e * - não significativo e significativo à 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F a 5% de probabilidade considerando a seguinte hipótese: $(\bar{Y}_{C_0} + \bar{Y}_{C_1})/2 = \bar{Y}_{TEST.}$

Na avaliação das progênies do C_0 , os valores de acurácia variaram de 30,41% (TBH) a 74,54% (AP), enquanto que no C_1 observou-se acurácia com valores entre 38,13% (SST) e 82,75% (PMV) (TABELA 1). O contraste \bar{Y}_{C_0} versus \bar{Y}_{C_1} foi significativo para os caracteres AP, PMV e TBH. Constatou-se, como esperado, que as progênies que apresentaram variâncias significativas, também apresentaram estimativas de herdabilidades diferentes de zero. Pelas Figuras 2, 3 e 5 observa-se que ocorreu um aumento na média destas variáveis após um ciclo de seleção, corroborando com a significância da variância entre progênies para estas variáveis. Assim em comparação as progênies do C_0 , aquelas do C_1 apresentaram médias superiores para estes caracteres. De acordo com o outro contraste estudado que analisou as médias dos ciclos 0 e 1 versus a média da testemunha observou-se diferenças significativas ($P < 0,05$) para as variáveis PMV e TBH. Já nas Figuras 1 e 4 para as variáveis florescimento e teor de sólidos solúveis totais verificou-se que as médias dos ciclos 0 e 1 não difeririam estatisticamente resultando em um menor ganho comparado às demais variáveis.

Os progressos genéticos obtidos para os caracteres FLOR, AP, PMV, SST e TBH foram, respectivamente, de 1,17%; 3,73%; 8,04%; 0,24%; e 8,65%.

Figura 1 – Representação gráfica dos valores médios dos ciclos 0 e 1 para a variável florescimento.

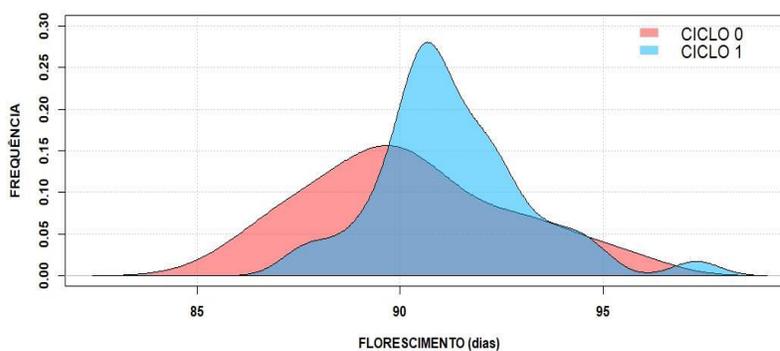


Figura 2 – Representação gráfica dos valores médios dos ciclos 0 e 1 para a variável altura de planta.

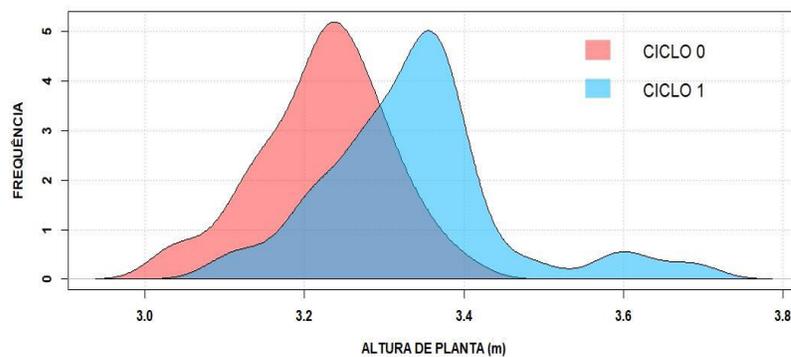


Figura 3 – Representação gráfica dos valores médios dos ciclos 0 e 1 para a variável produção de massa verde.

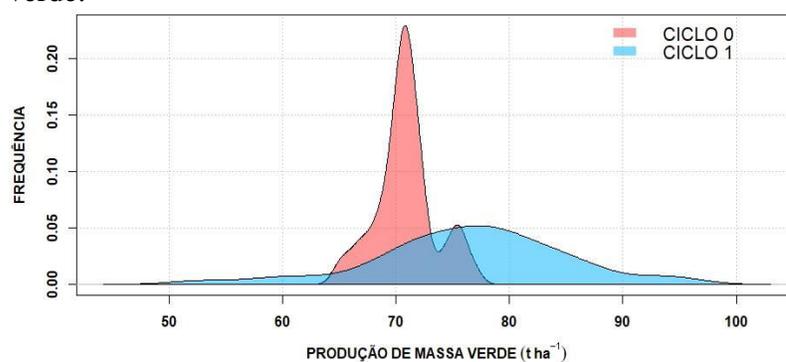


Figura 4 – Representação gráfica dos valores médios dos ciclos 0 e 1 para a variável teor de sólidos solúveis totais.

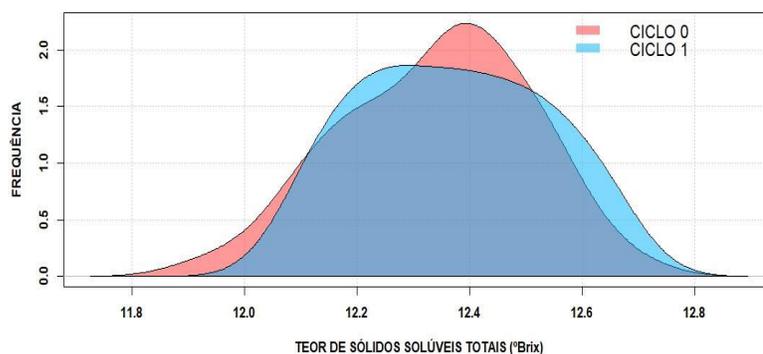
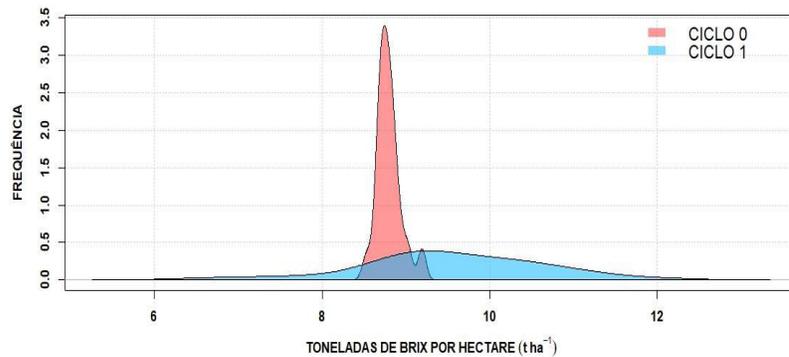


Figura 5 – Representação gráfica dos valores médios dos ciclos 0 e 1 para a variável toneladas de brix por hectare.



4 DISCUSSÃO

A precisão experimental é importante para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético vegetal. Uma boa condução experimental resulta em inferências mais acuradas e conseqüentemente recomendações mais confiáveis. Um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade experimental é a acurácia seletiva, pois leva em consideração a magnitude da variação residual e genética do experimento, bem como o número de repetições (RESENDE; DUARTE, 2007). Pela Tabela 1 verifica-se que as características com variância entre progênies significativa ($P < 0,05$) apresentaram valores de acurácia acima de 74%, indicando boa confiabilidade dos dados utilizados, podendo ser classificadas como de precisão alta.

Os caracteres AP, PMV e TBH apresentaram maiores estimativas de herdabilidade e maiores valores de acurácia no C_1 em relação ao C_0 , o que pode ser explicado pela existência de uma maior variabilidade entre as progênies do C_1 para estes caracteres, devido a recombinação, visto que a estimativa de acurácia é função da variação genotípica entre as progênies.

O contraste entre \bar{Y}_{C_0} versus \bar{Y}_{C_1} apresentou efeito significativo para as variáveis AP, PMV e TBH e a média da testemunha foi superior às progênies dos ciclos 0 e 1 para o PMV e TBH. Estes resultados apontam que, em média, as progênies do C_1 são mais altas e mais produtivas e que a seleção baseada no TBH para obtenção das progênies do C_1 levou a um incremento na variável PMV. As médias das progênies avaliadas nos C_0 e C_1 foram plotadas nas Figuras 1, 2, 3, 4 e 5. Pelas Figuras 2, 3 e 5 ratifica-se que o sorgo sacarino tem potencial produtivo e variabilidade a ser explorada para o desenvolvimento de genótipos superiores.

Pela Figura 2 verifica-se que ocorreu diferenças entre as médias dos ciclos para altura de planta. Esta variável apresentou menores valores de variância e conseqüentemente um maior valor de frequência e concentração de indivíduos em valores próximos a média. A altura em sorgo é controlada por quatro genes (*Dw1*, *Dw2*, *Dw3* e *Dw4*) que atuam de forma independente e aditiva (QUINBY; KAPER, 1954).

De acordo com alguns trabalhos, em sorgo a altura da planta está diretamente correlacionada ao rendimento da biomassa (MURRAY et al., 2008, ZHAO et al., 2009; FELDERHOFF et al., 2012; BURKS et al., 2015), sendo controlada principalmente pela maturidade e comprimento do internódio. Assim plantas de floração tardia são geralmente mais altas que as precoces (HILLEY et al., 2016; SHUKLA et al., 2017), fato este observado neste estudo.

Em um estudo avaliando a relação entre a altura de planta e o acúmulo de açúcar em colmos de sorgo sacarino, Shukla et al. (2017) observaram que plantas que exibem maturação tardia tendem a ser mais altas e a conter maior concentração de açúcares solúveis em seus colmos. Estes autores constataram ainda que a altura de planta influencia no volume de caldo, uma vez que este volume é dependente da biomassa de colmo que, por sua vez, é dependente da altura.

Na Figura 4 observa-se que não ocorreu a variação para o teor de sólidos solúveis totais que era esperada. Por ser de fácil aferição e apresentar alta correlação com a concentração de açúcares solúveis no caldo (TSUCHIHASHI; GOTO, 2004; TEETOR et al., 2011), o SST é amplamente utilizado pelas indústrias sucroalcooleiras como um parâmetro para estimação do conteúdo de açúcar no colmo.

Pela Figura 5 observa-se que o C_1 apresentou significância da variância com maior dispersão em torno da média para a variável TBH. O índice multiplicativo TBH tem se destacado em programas de melhoramento de sorgo sacarino por abranger caracteres que influenciam diretamente na produção de etanol por hectare, foco principal da utilização de sorgo sacarino.

Como na obtenção do primeiro ciclo de seleção recorrente a seleção foi exclusivamente pela variável TBH verificou-se que esta seleção foi indiferente para a variável SST por que a magnitude das correlações entre estes caracteres é baixa quando comparada à variável PMV como já relatado em alguns estudos. França et al. (2016) ao estudarem as correlações genéticas entre caracteres agroindustriais em sorgo sacarino observaram maior correlação da variável TBH com a variável PMV do que com o SST. Em trabalho de análise de trilha em sorgo sacarino,

Lombardi et al. (2015) também observaram que o caráter PMV tem forte efeito direto sobre o TBH. Da mesma forma Leite et al. (2017) ao estudarem a associação entre caracteres agroindustriais em sorgo sacarino observaram uma alta correlação entre as variáveis PMV e TBH. De modo contrário, Teixeira et al. (2017) observaram que dentre os componentes do TBH, o SST foi a variável que apresentou maior correlação linear positiva com este índice ($r=0,9314$).

Com base nos resultados nota-se que uma maior atenção deverá ser dada para a característica SST em ciclos futuros, aliada também à característica TBH. A seleção realizada enfocando o caráter TBH, quando da avaliação para posterior recombinação, foi eficiente em aumentar a média da variável PMV e não muito eficiente para aumentar o SST, embora não tenha contribuído para redução desta característica. O que pode ser indicado para aumentar o SST é fazer a inclusão de linhagens R sacarinas com maiores valores de SST na próxima recombinação ou utilizar o método dos níveis independentes de eliminação ou ainda aplicar um índice de seleção atribuindo maior peso ao SST.

O método dos níveis independentes de eliminação consiste em estabelecer níveis mínimos ou máximos para as características de interesse, de forma que a seleção seja feita entre as progênes, cujo desempenho está entre o desejado e o limite pré-estabelecido. Já o método do índice de seleção permite combinar as múltiplas informações dos caracteres e contribui para a seleção dos genótipos superiores com base em um conjunto de variáveis (RAMALHO et al., 2012).

5 CONCLUSÕES

A variabilidade genética para a população de sorgo sacarino avaliada manteve-se para os caracteres AP, PMV e TBH com um ciclo de seleção recorrente, o que mostra a possibilidade de obtenção de sucesso em ciclos futuros.

REFERÊNCIAS

- BHOLA, N. Population breeding techniques in sorghum. In: HOUSE, L. R.; MUGHOGHO, L. K., PEACOCK, J. M. (Org.). **Sorghum in the Eighties**: proceedings of the international symposium on sorghum. Patancheru-India: ICRISAT, v. 2, 1982, p. 421-433.
- BURKS, P. S. et al. Genome wide association for sugar yield in sweet sorghum. **Crop Science**, v. 55, p. 2138–2148, sept./oct. 2015.
- DOGGETT, H. Recurrent selection in sorghum populations. **Heredity**, v. 28, p. 9-29, 1972.
- FRANÇA, A. E. D. de et al. Seleção simultânea em progênies de sorgo- sacarino por meio de índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 10, p. 1737-1743, out. 2016.
- FELDERHOFF, T. J. et al. QTLs for energy-related traits in a sweet × grain sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] mapping population. **Crop Science**, v. 52, n. 5, p. 2040–2049, sept. 2012.
- HILLEY, J. et al. Identification of *Dw1*, a regulator of sorghum stem internode length. **Plos One**, v. 11, n. 3, p. 1-16, mar. 2016.
- LEITE, P. S. da S. et al. Association among agro-industrial traits and simultaneous selection in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1- 10, 2017.
- LOMBARDI, G. M. R. et al. Path analysis of agro-industrial traits in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n,4, p.16392-16402, 2015.
- MURRAY, S. C. et al. Genetic improvement of sorghum as a biofuel feedstock: II. QTL for stem and leaf structural carbohydrates. **Crop Science**, v. 48, n. 6, p. 2180-2193, nov./dec. 2008.
- PARRELLA, R. A. da C. et al. **Desenvolvimento de populações de sorgo sacarino de cruzamento ao acaso para seleção recorrente intrapopulacional**. Circular Técnica, 217, Sete Lagoas, 2016. 8 p.
- QUINBY, J. R.; KAPER, R. E. Inheritance of height in sorghum. **Agronomy Journal**, v. 46, p. 211-216, may 1954.
- R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2016.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522 p.

REDDY, B. V.; KUMAR, A. A. **Population improvement in sorghum**. International Crops Research Institute for the Semi Arid Tropics , Patancheru, Andhra Pradesh, India, 2005.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. de, DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.

SCHAFFERT, R. E. et al. **Síntese e melhoramento de populações de inter cruzamento para aumentar recombinação genética e facilitar seleção recorrente em sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench)**. Circular Técnica, 227, Sete Lagoas, 2016. 8 p.

SHUKLA, S. et al. The relationship between plant height and sugar accumulation in the stems of sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). **Fields Crop Research**, v. 203, p. 181-191, mar. 2017.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE. **SAS/STAT**, versão 9.4. User's guide, Cary, NC. SAS Institute, 2015.

TEIXEIRA, T. P. M. et al. Redefinition of sweet sorghum harvest time: new approach for sampling and decision-making in field. **Industrial Crops and Products**, v. 109, p. 579-586, dec. 2017.

TEETOR, V. H. et al. Effects of planting date on sugar and ethanol yield of sweet sorghum grown in Arizona. **Industrial Crops and Products**, v. 34, n. 2, p. 1293-1300, sept. 2011.

TSUCHIHASHI, N.; GOTO, Y. Cultivation of sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) and determination of its harvest time to make use as the raw material for fermentation, practiced during rainy season in dry land of Indonesia. **Plant Production Science**, v. 7, n. 4, p. 442-448, 2004.

ZHAO, Y. L. et al. Biomass yield and changes in chemical composition of sweet sorghum cultivars grown for biofuel. **Field Crops Research**, v. 111, n. 1-2, p. 55-64, mar. 2009.

APÊNDICE A

Tabela 1 – Estimativas da variância de progênies do ciclo 0 ($\sigma_{P_{C_0}}^2$), variância de progênies do ciclo 1 ($\sigma_{P_{C_1}}^2$), variância do erro (σ_e^2), acurácia das progênies do ciclo 0 ($r_{\hat{p}p(C_0)}$), acurácia das progênies do ciclo 1 ($r_{\hat{p}p(C_1)}$), herdabilidade entre as progênies do ciclo 0 (h_0^2), herdabilidade entre as progênies do ciclo 1 ($h_{C_1}^2$), média das progênies no ciclo 0 (\bar{Y}_{C_0}), média das progênies no ciclo 1 (\bar{Y}_{C_1}) e média da testemunha ($\bar{Y}_{TEST.}$) para os caracteres agronômicos e tecnológicos avaliados em Lavras na safra 2017/2018.

PARÂMETROS	LAVRAS				
	FLOR	AP	PMV	SST	TBH
$\sigma_{P_{C_0}}^2$	7,65* ^{1/}	0,009*	65,96*	0,57 ^{n.s.}	1,35*
$\sigma_{P_{C_1}}^2$	4,73*	0,015*	123,74*	0,39 ^{n.s.}	1,90*
σ_e^2	3,96	0,03	99,16	4,64	4,59
$r_{\hat{p}p(C_0)}$ (%)	90,24	64,87	80,60	49,90	66,34
$r_{\hat{p}p(C_1)}$ (%)	85,42	73,62	87,71	43,56	72,52
h_0^2 (%)	81,43	42,08	64,96	24,90	44,00
$h_{C_1}^2$ (%)	72,97	54,20	76,93	18,97	52,59
\bar{Y}_{C_0}	90,24 a ^{2/}	3,24 a	63,98 a	13,23 a	8,50 a
\bar{Y}_{C_1}	91,30 a	3,34 b	71,51 b	13,27 a	9,57 b
$\bar{Y}_{TEST.}$	91,62 ^{n.s.} ^{3/}	3,46 ^{n.s.}	63,24 ^{n.s.}	13,19 ^{n.s.}	8,30 ^{n.s.}

FLOR – florescimento (dias); AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

^{1/} ^{n.s.} e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

^{2/} Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste F a 5% de probabilidade considerando a hipótese: $\bar{Y}_{C_0} = \bar{Y}_{C_1}$

^{3/} ^{n.s.} e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F a 5% de probabilidade considerando a seguinte hipótese: $(\bar{Y}_{C_0} + \bar{Y}_{C_1})/2 = \bar{Y}_{TEST.}$

Tabela 2 – Estimativas da variância de progênies do ciclo 0 ($\sigma_{P_{C_0}}^2$), variância de progênies do ciclo 1 ($\sigma_{P_{C_1}}^2$), variância do erro (σ_e^2), acurácia das progênies do ciclo 0 ($r_{\hat{p}p(C_0)}$), acurácia das progênies do ciclo 1 ($r_{\hat{p}p(C_1)}$), herdabilidade entre as progênies do ciclo 0 (h_0^2), herdabilidade entre as progênies do ciclo 1 ($h_{C_1}^2$), média das progênies no ciclo 0 (\bar{Y}_{C_0}) média das progênies no ciclo 1 (\bar{Y}_{C_1}) e média da testemunha ($\bar{Y}_{TEST.}$) para os caracteres agrônômicos e tecnológicos avaliados em Sete Lagoas na safra 2017/2018.

PARÂMETROS	SETE LAGOAS			
	AP	PMV	SST	TBH
$\sigma_{P_{C_0}}^2$	0,02 ^{n.s. 1/}	139,24*	0,55 ^{n.s.}	3,19*
$\sigma_{P_{C_1}}^2$	0,04*	153,43*	1,17*	5,16*
σ_e^2	0,12	431,32	3,43	11,09
$r_{\hat{p}p(C_0)}$ (%)	55,70	68,96	54,82	66,38
$r_{\hat{p}p(C_1)}$ (%)	67,64	70,65	68,92	74,64
h_0^2 (%)	31,02	47,55	30,05	44,06
$h_{C_1}^2$ (%)	45,75	49,91	47,50	55,71
\bar{Y}_{C_0}	3,21 a ^{2/}	77,82 a	11,46 a	9,11 a
\bar{Y}_{C_1}	3,33 b	81,54 a	11,46 a	9,50 a
$\bar{Y}_{TEST.}$	3,48 ^{n.s. 3/}	117,17 *	13,80 *	17,02 *

AP – altura da planta (m); PMV – produção de massa verde ($t\ ha^{-1}$); SST – teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}Brix$); e TBH – toneladas de brix por hectare ($t\ ha^{-1}$).

^{1/} n.s. e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste da razão de máxima verossimilhança.

^{2/} Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste F a 5% de probabilidade considerando a hipótese: $\bar{Y}_{C_0} = \bar{Y}_{C_1}$

^{3/} n.s. e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F a 5% de probabilidade considerando a seguinte hipótese: $(\bar{Y}_{C_0} + \bar{Y}_{C_1})/2 = \bar{Y}_{TEST.}$