

MELHORAMENTO GENÉTICO VEGETAL

INTERAÇÃO ENTRE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR E LOCAIS: EFEITO NA RESPOSTA ESPERADA COM A SELEÇÃO⁽¹⁾

JOSÉ ANTONIO BRESSIANI⁽²⁾; ROLAND VENCovsky⁽³⁾;
WILLIAM LEE BURNQUIST⁽⁴⁾

RESUMO

Trinta e três famílias obtidas de cruzamentos biparentais e policruzamentos foram avaliadas em duas localidades paulistas, Piracicaba e Jaú, a fim de quantificar o grau da interação entre famílias e locais (FL) e sua implicação na resposta esperada com a seleção. Avaliaram-se os caracteres altura e diâmetro médio dos colmos, número de perfilhos, teor de açúcar (Brix), produtividade de cana (TCH) e de Brix por hectare (TBH). Os resultados mostraram forte interação FL ($p < ,01$) entre as localidades para todos os caracteres avaliados. Embora sempre inferior à variância de famílias ($\hat{\sigma}_f^2$), a variância da interação FL ($\hat{\sigma}_{fa}^2$) teve sua proporção relativa à $\hat{\sigma}_f^2$ oscilando entre 12,3% para o diâmetro e 75,7% para a TBH. A decomposição da variância da interação FA, ao nível de valores fenotípicos e genotípicos, mostrou-se complexa em quase sua totalidade, destacando a dificuldade na seleção de famílias adaptadas a ambos os locais. Os cálculos das respostas esperadas com a seleção (RS_f) mostraram que a seleção indireta (seleção em um ambiente e resposta esperada no outro) é pouco eficiente, apresentando, algumas vezes, resposta negativa para a TBH. Já a seleção com base nas médias dos dois locais apresentou ganho, cujo índice poderia ter sido 62% e 43% maior, respectivamente, para Piracicaba e Jaú, caso a seleção e a resposta ocorressem em um mesmo ambiente.

Palavras-chave: cana-de-açúcar, interação famílias x locais, resposta à seleção.

ABSTRACT

FAMILY BY ENVIRONMENT INTERACTION IN SUGARCANE: EFFECT ON THE EXPECTED RESPONSE TO SELECTION

Thirty three families obtained in biparental and polycrosses were evaluated at two sites in the State of São Paulo - Brazil, Piracicaba and Jaú, in order to quantify the Family x Environment (FE) interaction and its effect on the expected response to selection. Stalk height, stalk diameter, number of stalks, sugar content (Brix), cane yield per hectare (TCH) and sugar yield per hectare (TB) were evaluated. Results indicate a significant FE interaction ($p < 0.01$) for all traits measured. Although always less than the family variance ($\hat{\sigma}_f^2$), the FE interaction variance ($\hat{\sigma}_{fe}^2$) was from 12,3% to 75,7% of the family variance ($\hat{\sigma}_f^2$) for stalk diameter and TBH, respectively. The decomposition of the FE interaction variance, in genotypic and phenotypic components, made evident its complex nature, making it difficult to select families adapted to both sites. Simulated responses to selection (SR_f) showed that indirect selection (selection in one environment and expected response in another) has very low efficiency and was in some cases, such as TBH, negative. Selection based on the mean of both sites presented gains, however these gains would have been 62% and 43% greater (for Piracicaba and Jaú, respectively) had the selection and response been made on the same site.

Key words: sugarcane, family x environment interaction, response to selection.

⁽¹⁾ Recebido para publicação em 25 de junho de 2001 e aceito em 4 de janeiro de 2002.

⁽²⁾ Centro de Tecnologia Copersucar, Seção de Melhoramento, Caixa Postal 162, 13400-970 Piracicaba (SP).
E-mail: bressiani@copersucar.com.br

⁽³⁾ Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Caixa Postal 83, 13400-970 Piracicaba (SP).
E-mail: rvencovs@esalq.usp.br

⁽⁴⁾ Centro de Tecnologia Copersucar, Gerência de Fitotecnia. E-mail: william@copersucar.com.br

1. INTRODUÇÃO

Os experimentos usados no melhoramento de plantas buscam avaliar os genótipos em grande quantidade de locais, os quais respondem, com frequência, de maneira desuniforme à variação ambiental, alterando seu rendimento e, conseqüentemente, dando origem à interação genótipos x locais (GE). Quando presente, a seleção dos genótipos superiores fica comprometida. Em cana-de-açúcar, essa interação tem sido identificada tanto ao nível de clones (ARCENEUX e HEBERT, 1943; KANG e MILLER, 1984; RAIZER e VENCOVSKY, 1999) quanto ao nível de famílias (BULL e HOGARTH, 1990; BULL et al., 1992; JACKSON e HOGARTH, 1992; JACKSON et al., 1995a,b; BISSESSUR et al. 2000).

A importância da interação entre famílias, locais e estádios de corte foi estudada na Austrália por HOGARTH e BULL (1990) e BULL et al. (1992) na região de Bundaberg; por JACKSON et al. (1995a,b) na região do rio Hebert e por MCRAE e JACKSON (1995) e KIMBENG et al. (2000) na região de Burdekin. Nas regiões de Bundaberg e Hebert, a interação entre famílias e locais mostrou-se tão importante quanto o efeito das famílias para a produtividade da cana (TCH); tal fato não ocorreu para o teor de açúcar. Na região de Burdekin, a interação entre famílias e locais não foi significativa. Nas três regiões avaliadas não se verificou significância da interação entre famílias e estádios de corte. Como resultado desses estudos, as famílias passaram a ser plantadas rotineiramente em dois ou mais locais nas regiões de Bundaberg e Hebert. No entanto, os autores observaram que, quando se plantou elevado número de famílias em dois locais na região de Bundaberg, não houve interação com os locais. Concluiu-se, então, que o desempenho da família foi menos influenciado pelo ambiente que o observado no experimento. JACKSON et al. (1995b) relataram o nível de vários nutrientes de solo, particularmente cálcio e zinco, com possível interferência na interação entre famílias e locais.

No programa de melhoramento da Louisiana (EUA), SOUZA-VIEIRA e MILLIGAN (1999) observaram que a interação entre famílias e locais (locais e anos) era pequena, quando comparada com os demais componentes da variância, não interferindo na eficiência da seleção. BISSESSUR et al. (2000) em Mauritius, observaram valores significativos para a interação entre famílias e locais nos caracteres TCH e TAH (toneladas de açúcar por hectare).

Este estudo tem por objetivo determinar o grau de interação entre famílias e locais e estimar a resposta esperada com a seleção em função do ambiente em que é realizada.

2. MATERIAL E MÉTODOS

A população utilizada nesta pesquisa foi representada por 33 cruzamentos (famílias), sendo 18 biparentais e 15 policruzamentos, os quais foram amostrados ao acaso dentre os cruzamentos realizados em 1993, em Camamu (BA). Em cada cruzamento foram germinados 144 seedlings⁽⁵⁾, totalizando 4.752. Em novembro de 1993, realizou-se o transplântio para o campo seguindo o delineamento de blocos ao acaso com três repetições em dois locais: Piracicaba (lat.: 22°43'; long.: 47°38'; alt.: 580 m) e Jaú (lat.: 22°17'; long.: 48°34'; alt.: 552 m), ambos no Estado de São Paulo, Brasil, distantes entre si 150 km. Cada parcela foi plantada em dois sulcos, espaçados de 1,40 m, com 12 seedlings por sulco, espaçados de 0,5 m na linha, totalizando 24 *seedlings* por repetição.

No mesmo experimento das famílias, plantaram-se, em Piracicaba, oito clones em duas repetições, no delineamento experimental de blocos ao acaso. Cada parcela foi constituída por um sulco com 12 plantas, produzidas em estufa e com o mesmo tempo de formação dos seedlings, espaçadas de 0,5 m na linha. O objetivo desse plantio foi fornecer a estimativa da variância ambiental entre plantas dentro das parcelas (σ_{we}^2).

Doze meses após o plantio, avaliaram-se para cada indivíduo (seedlings e plantas dos clones) os caracteres: altura média dos colmos (cm), diâmetro médio dos colmos (nota com régua de escala variando de 1 a 9, sendo a nota 1 para o diâmetro mais grosso e 9 para o mais fino), número de perfilhos, Brix % do caldo da cana e massa dos colmos (TCH). A partir dos caracteres Brix e TCH obteve-se a produtividade de Brix por hectare (TBH).

As análises individual e conjunta da variância e as estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos estão esquematizadas no quadro 1. Tais procedimentos bem como o modelo matemático subjacente são apresentados por VENCOVSK e BARRIGA (1992), considerando o delineamento de blocos casualizados com k observações por parcela instalados em dois locais. O método dos quadrados mínimos foi empregado para estimar os componentes da variância. Para a análise, considerou-se aleatórios o efeito de famílias e a interação entre famílias e locais, sendo o efeito de locais, fixo.

(⁵) O termo seedlings, botanicamente, corresponde apenas ao estádio de plântula (antes da formação da terceira folha). Por convenção, nos centros de melhoramento da cana-de-açúcar, consideram-se seedlings também os indivíduos em desenvolvimento no campo originários dessa plântula. Por isso, denomina-se também seedling a primeira etapa de seleção.

Quadro 1. Esquema da análise da variância e esperanças matemáticas dos quadrados médios para as famílias, individual e conjunta, e para os clones, conforme delineamento de blocos casualizados com k observações por parcela

Fontes de variação	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)	Teste F
Individual				
Blocos	J-1	QB	-	QB/QE
Famílias	I-1	QF	$\sigma_w^2 + \bar{k}\sigma^2 + J \bar{k}\sigma_f^2$	QF/QE
Erro	(J-1)(I-1)	QE	$\sigma_w^2 + \bar{k}\sigma^2$	QE/QD
Dentro	IJ(K-1)	QD	σ_w^2	-
Conjunta (com médias)				
Blocos/Locais	(J-1)L	QB	$\frac{\sigma_w^2}{k} + \sigma^2 + I \sigma_{b/a}^2$	QB/QE
Famílias	I-1	QF	$\frac{\sigma_w^2}{k} + \sigma^2 + JL \sigma_f^2$	QF/QE
Locais	L-1	QA	$\frac{\sigma_w^2}{k} + \sigma^2 + I \sigma_{b/a}^2 + J \frac{L}{(L-1)} \sigma_{fa}^2 + IJ V_a$	$\frac{(QA+QE)}{(QB+QFA)}$
Famílias x locais	(I-1)(L-1)	QFA	$\frac{\sigma_w^2}{k} + \sigma^2 + J \frac{L}{(L-1)} \sigma_{fa}^2$	$\frac{QFA}{QE}$
Erro médio	L(J-1)(I-1)	QE	$\frac{\sigma_w^2}{k} + \sigma^2$	QE/QD
Clones				
Blocos	J-1	QBC	-	QBC/QEC
Clones	I-1	QC	-	QC/QEC
Erro	(J-1)(I-1)	QEC	-	QEC/QDC
Dentro	IJ(K-1)	QDC	σ_{we}^2	-

J: blocos; I: famílias/clones; L: locais; K: indivíduos/parcela; k: média harmônica dos indivíduos/parcela. $\hat{\sigma}_w^2$: estimativa da variância fenotípica entre *seedlings* dentro de parcelas; $\hat{\sigma}^2$: estimativa da variância ambiental entre parcelas; $\hat{\sigma}_f^2$: estimativa da variância genotípica entre famílias; $\hat{\sigma}_{fa}^2$: estimativa da variância da interação entre famílias e locais; \hat{V}_a : estimativa da variância entre locais; $\hat{\sigma}_{we}^2$: estimativa da variância ambiental dentro da parcela; $\hat{\sigma}_{b/a}^2$: estimativa da variância de blocos dentro de locais.

Utilizou-se a estimativa da variância ambiental entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_{we}^2$) para determinar a estimativa da variância genética dentro das parcelas de *seedlings* ($\hat{\sigma}_{wg}^2$) nos dois locais, como segue:

$$\hat{\sigma}_w^2 = \hat{\sigma}_{we}^2 + \hat{\sigma}_{wg}^2$$

em que $\hat{\sigma}_w^2$ corresponde à estimativa da variância fenotípica entre *seedlings* dentro de parcelas.

A decomposição da interação entre famílias e locais, tanto ao nível dos valores fenotípicos quanto genotípicos, foi realizada conforme VENCOSKY e BARRIGA (1992), pelo uso da fórmula:

$$QFA = (1/2) \left(\sqrt{QF_1} - \sqrt{QF_2} \right)^2 + (1-r_{12}) \sqrt{QF_1 \cdot QF_2}$$

em que QFA:quadrado médio da interação; QF_1 e QF_2 : quadrados médios referentes às famílias nos locais 1 e 2

respectivamente; r_{12} : correlação entre as médias dos tratamentos de um local para outro.

Para facilitar o entendimento, essa decomposição foi dividida em duas componentes, a saber:

$$QFA = A + B$$

cuja componente representada por A, dada por $\left(\sqrt{QF_1} - \sqrt{QF_2} \right)^2$, é designada simples, por se tratar apenas das diferenças na variabilidade entre famílias, dentro de locais. A componente B, dada por $(1-r_{12}) \sqrt{QF_1 \cdot QF_2}$, é denominada complexa por ser fruto da correlação manifestada entre as famílias. A componente B, portanto, é a parte da interação que tende a dificultar a seleção simultânea para os dois ambientes. As estimativas de r_{12} , A e B, com base nos valores dos quadrados médios da interação FA e de famílias nos dois

ambientes, são de origem fenotípica e a interpretação de suas grandezas deve ser feita com cautela. Para solidificar essa interpretação, estimaram-se novamente esses parâmetros, porém com valores genotípicos, pela expressão a seguir:

$$\hat{\sigma}_{fa}^2 = (1/4).(\sigma_{f1} - \sigma_{f2})^2 + (1/2).(1 - r_{G12}).\sigma_{f1}.\sigma_{f2}$$

$$\hat{\sigma}_{fa}^2 = A + B$$

σ_{f1} e σ_{f2} foram estimados com base no erro médio dos dois ambientes e a correlação genética (r_{G12}), na Cov_{G12} e de f_1 e f_2 .

Obteve-se o progresso esperado com a seleção por famílias (RS_f) com base na expressão (FALCONER e MACKAY, 1996):

$$RS_f = ds \hat{h}_m^2$$

em que ds corresponde ao diferencial de seleção das famílias selecionadas em relação à média geral e \hat{h}_m^2 , à estimativa da herdabilidade ao nível de médias de famílias, conforme FALCONER e MACKAY (1996):

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

em que $\hat{\sigma}_f^2$ corresponde à estimativa da variância genética entre famílias e $\hat{\sigma}_F^2$ à estimativa da variância fenotípica ao nível de médias de famílias.

As respostas esperadas com a seleção foram obtidas conforme três situações: (a) seleção dentro de cada local (seleção específica); (b) seleção num dado local e verificação do progresso esperado no outro (seleção indireta no local 1 e resposta esperada no local 2; seleção indireta no local 2 e resposta esperada no local 1); (c) seleção com base na média dos tratamentos reunidos nos dois locais (seleção geral ou marginal, com verificação dos progressos esperados em cada local separadamente e no conjunto). A taxa de seleção utilizada para o cálculo do diferencial de seleção foi de 0,15.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises individuais e conjunta da variância para Piracicaba e Jaú encontram-se no quadro 2. Observa-se, nas três análises, que houve diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as famílias para todos os caracteres avaliados: altura e diâmetro médio dos colmos, número de perfilhos, Brix, TCH e TBH.

Embora a análise conjunta dos dois locais tenha mostrado diferenças significativas entre locais para os caracteres altura e Brix ($p < 0,01$) e para TCH ($p < 0,05$), a fonte de variação da interação entre famílias e locais (FA) foi a que apresentou maior magnitude, com efeitos significativos para todos os caracteres avaliados ($p < 0,01$). Um detalhamento da magnitude dessa interação faz-se necessário, pois esses valores servirão de subsídios

ao melhorista para a escolha dos genótipos (famílias) que apresentam adaptação ampla ou restrita aos locais específicos.

As estimativas das variâncias de blocos dentro de locais, das famílias, da interação FA, do erro experimental e dos *seedlings* dentro das parcelas, bem como dos respectivos coeficientes de variação genotípicos e fenotípicos estão apresentados no quadro 3. Observa-se que o valor de V_a , que representa a variação entre locais, foi expressivo para os caracteres altura e Brix, intermediário para a TCH e, praticamente ausente para os caracteres diâmetro, perfilho e TBH. Embora sempre inferior à variância de famílias ($\hat{\sigma}_f^2$), a variância da interação FL ($\hat{\sigma}_{fa}^2$) teve sua proporção relativa à oscilando entre 12,3% para o diâmetro e 75,7% para a TBH.

Resultados semelhantes foram relatados por JACKSON e MCRAE (1998) que avaliaram quatro populações de *seedlings* de cana-de-açúcar, com 48 famílias na primeira e 100 nas demais, todas originadas de cruzamentos biparentais, em cinco regiões na Austrália. Os autores verificaram significância da interação FL ($\hat{\sigma}_{fa}^2$), com valores relativos a $\hat{\sigma}_f^2$ variando de 63% a 120% para a produção de açúcar (equivalente à TBH) e concluíram que, por ser superior à metade da $\hat{\sigma}_f^2$, deve-se, obrigatoriamente, considerar a interação FL na seleção de famílias.

A decomposição da TBH em Brix e TCH mostrou valores de interação FA, relativos à variância de famílias, da ordem de 35% para Brix e 58% para TCH. Observa-se que a interação FL exerce mais influência sobre TCH e menos sobre o Brix. Esses resultados assemelham-se aos de JACKSON et al. (1995a), que obtiveram valores de $\hat{\sigma}_f^2$ entre 50% e 100% em relação a para TCH, e valores bastante inferiores (20% a 30%) para o teor de açúcar. Pode-se verificar esta acentuada proporção de $\hat{\sigma}_{fa}^2$ nos quadros 4, 5 e 6, que apresentam os valores médios da família em cada ambiente, respectivamente, para os caracteres Brix, TCH e TBH e, também, o coeficiente de variação fenotípico (CV%) dentro das famílias e o número de *seedlings* supostamente selecionados em cada família com taxa de seleção massal de 0,15.

Considerando-se, em primeira instância, uma taxa de seleção de 0,15 entre famílias em cada ambiente, observa-se que para os caracteres Brix e TCH, das cinco famílias selecionadas em cada local, somente uma foi comum, ou seja, a coincidência foi apenas de 20%. Essa comparação torna-se ainda mais séria quando se considera o caráter TBH, função dos outros dois anteriores e o mais importante na seleção. Para esse caráter, das cinco famílias selecionadas em cada ambiente, nenhuma foi comum, destacando-se o comportamento da família 12, que em Piracicaba foi a primeira colocada e em Jaú, a penúltima.

A análise do número de *seedlings* selecionados dentro de cada família, com taxa de seleção final de 0,15,

Quadro 2. Análise da variância individual (*seedlings* e clones) e conjunta dos caracteres altura (cm) e diâmetro médio dos colmos (notas de 1 a 9), Brix (%), número de perfilhos, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH)

Fator de variação	GL	Quadrado médio (Q)									
		Altura cm		Brix %		Diâmetro		Perfilhos nº		TCH	TBH
Individual Piracicaba											
Blocos	2	15.369,7097	**	8,4104		6,3882	*	65,9282	**	5.240,9853	175,8965
Famílias	32	11.245,8900	**	64,2442	**	8,7148	**	64,6201	**	8.972,6420	292,9484
Erro	64	1.697,7939	**	5,2674	**	1,4145	*	11,0681		1.948,9069	59,2269
Dentro	2.212	723,4916		1,4954		1,0125		10,3162		1.879,6797	59,6534
Média	-	220,92		17,68		5,33		6,79		78,64	13,94
CV% ⁽¹⁾	-	3,9		2,7		4,6		10,1		11,6	11,4
Individual Jaú											
Blocos	2	12.382,3950	*	173,3192	**	5,1596	*	9,7597		2.455,4018	257,0244
Famílias	32	7.936,9717	**	50,3702	**	6,9714	**	63,3265	**	5.735,8698	271,0847
Erro	64	2.831,7346	**	6,5430	**	1,1426	*	10,0523		2.000,1042	75,4408
Dentro	2.216	749,6233		1,7924		0,8520		10,1770		1.472,5497	60,5166
Média	-	190,75		20,14		5,32		6,89		72,15	14,56
CV% ⁽¹⁾	-	5,8		2,6		4,2		9,5		12,8	12,3
Conjunta											
Blocos/Ambientes	4	586,8626	**	3,9766	**	0,2682	**	0,8620		170,2865	9,2832
Famílias	32	599,3759	**	3,5266	**	0,5568	**	3,7658	**	375,6187	13,1691
Ambientes	1	44.592,0099	**	300,5144	**	0,0043		0,5162		2.085,3344	18,8916
Famílias x ambientes	32	223,1332	**	1,3940	**	0,1170	**	1,6983	**	252,7665	10,6679
Erro médio	128	96,0686	**	0,2500	**	0,0553		0,4463		84,4751	2,8845
Média	-	205,84		18,91		5,32		6,84		75,39	14,25
CV% ⁽²⁾	-	4,8		2,6		4,4		9,8		12,2	11,9
Clones											
Blocos	1	8,6289		0,1444		0,2809		1,1396	*	255,9995	11,3658
Clones	7	2.620,4047	**	3,5280	**	1,4189	**	1,2198	*	1.249,9968	48,4826
Erro	7	47,5845	**	0,1602		0,0612		0,2020		70,2506	2,1884
Dentro	172	112,8647		0,3164		0,4020		4,0120		815,0291	59,6534
Média	-	208,54		17,77		4,23		5,40		117,70	21,00
CV% ⁽¹⁾	-	3,3		2,3		5,8		8,3		7,1	7,0

(¹) CV%: $(\sqrt{\text{Quadrado médio do erro}/k}) \cdot (\text{Média do caráter})^{-1} \cdot 100$.

(²) CV%: $(\sqrt{\text{Quadrado médio do erro}}) \cdot (\text{Média do caráter})^{-1} \cdot 100$. *, **: Significativos a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste F. Número médio de plantas por parcela: \bar{k} : 23,3 para Piracicaba, 23,4 para Jaú e 11,7 para clones.

Quadro 3. Estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas e dos respectivos coeficientes de variação para os caracteres altura (cm) e diâmetro médio dos colmos (notas de 1 a 9), Brix (%), número de perfilho, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH), na análise conjunta

Componente	Altura		Brix		Diâmetro		Perfilhos		TCH		TBH	
	Variância	CV%	Variância	CV%	Variância	CV%	Variância	CV%	Variância	CV%	Variância	CV%
$\hat{\sigma}_{b/a}^2$	14,8725	1,9	0,1129	1,8	0,0065	1,5	0,0126	1,6	2,6003	2,1	0,1939	3,1
$\hat{\sigma}_f^2$	83,8846	4,4	0,5461	3,9	0,0836	5,4	0,5532	10,9	48,5239	9,2	1,7141	9,2
\hat{V}_a	443,2130	10,2	2,9838	9,1	-0,0033	0,0	-0,0161	0,0	17,6440	5,6	0,0184	1,0
$\hat{\sigma}_{fa}^2$	21,1774	2,2	0,1907	2,3	0,0103	1,9	0,2087	6,7	28,0486	7,0	1,2972	8,0
$\hat{\sigma}^2$	64,5171	3,9	0,1796	2,2	0,0154	2,3	0,0073	1,3	12,6763	4,7	0,3107	3,9
$\hat{\sigma}_w^2$	736,5574	13,2	1,6439	6,8	0,9322	18,1	10,2466	46,8	1676,1147	54,3	60,0850	54,4
$\hat{\sigma}_{wg}^2$	638,0553	12,3	1,2803	6,0	0,5311	13,7	6,1797	36,3	776,5052	37,0	29,2150	37,9
$\hat{\sigma}_F^2$	99,8960	4,9	0,5878	4,1	0,0928	5,7	0,6276	11,6	62,6031	10,5	2,1949	10,4
$\hat{\sigma}_F^2$	906,1365	14,6	2,5603	8,5	1,0414	19,2	11,0158	48,5	1765,3635	55,7	63,4070	55,9

CV%: $(\sqrt{\text{Variância da estimativa}}) \cdot (\text{Média do caráter})^{-1} \times 100$. Coeficiente de variação referente à estimativa apresentada na primeira coluna; $\hat{\sigma}_{b/a}^2$: estimativa da variância de blocos dentro de locais; $\hat{\sigma}_f^2$: estimativa da variância genética entre famílias; \hat{V}_a : estimativa da variância entre locais; $\hat{\sigma}_{fa}^2$: estimativa da variância da interação entre famílias e locais; $\hat{\sigma}^2$: estimativa da variância do erro experimental entre parcelas; $\hat{\sigma}_w^2$: estimativa da variância fenotípica entre *seedlings* dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_{wg}^2$: estimativa da variância genética entre *seedlings* dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_F^2$: estimativa da variância fenotípica ao nível de médias de parcelas, e $\hat{\sigma}_F^2$: estimativa da variância fenotípica ao nível de plantas individuais.

mostrou diferenças maiores quando se realizou a seleção para o caráter Brix (Quadro 4). Verifica-se a ocorrência de famílias com grande número de *seedlings* selecionados em um local e nenhum (ou poucos) no outro, como é o caso das famílias 12, 16, 21, 25, 28 e 30 com mais *seedlings* selecionados em Piracicaba e o das famílias 11, 18, 19, 26 e 27, com mais *seedlings* selecionados em Jaú. Para os caracteres TCH e TBH essa variação também pôde ser observada, porém em menor intensidade (Quadros 5 e 6). Quanto às demais estimativas da variância genética e fenotípica apresentadas no quadro 3, nota-se que a proporção da variância genética existente entre e dentro de famílias ($\sigma_f^2 : \sigma_{wg}^2$) foi, aproximadamente, de 1:2 para Brix e, 1:16 para TCH e TBH. A menor variância genética dentro de famílias para o Brix valorizou a importância de σ_f^2 , fazendo com que poucas famílias concentrassem a maior parte dos *seedlings* selecionados de forma massal.

O número de *seedlings* selecionados em cada família foi influenciado, também, pela variância genética dentro da família. Famílias com média semelhante tiveram mais *seedlings* selecionados apenas por apresentar maior σ_{gw}^2 . Como em cana-de-açúcar o material selecionado é propagado vegetativamente, é importante selecionar as melhores famílias cujo esteja positivamente correlacionado com sua média, ou, na pior das hipóteses, que essa correlação seja nula.

Um detalhamento do grau da interação entre famílias e locais foi obtido com o desdobramento do quadrado médio de famílias (QFA). Observa-se, no quadro 7, que a componente , fruto da interação complexa manifestada entre as famílias, é responsável pela totalidade da interação FA. Deduz-se, então, que existe grande dificuldade em selecionar famílias adaptadas a ambos os locais. De fato, como observado pela análise das médias nos quadros 4 a 6, para TBH, apenas a família 21

Quadro 4. Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de *seedlings* selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter Brix

Tratamento	Piracicaba			Jaú			Média
	Média	CV%	Sel.	Média	CV%	Sel.	
1	18,49	6,8	18 **	21,04	6,7	19 **	19,77 *
2	18,55	5,3	16 **	21,14 *	5,8	21 **	19,85 *
3	16,19	8,3	0	18,75	7,4	1	17,47
4	18,15	6,8	8	20,96	5,5	15	19,55
5	17,87	5,9	7	20,32	5,9	5	19,09
6	17,77	6,1	4 **	20,35	7,2	10 **	19,06
7	17,89	6,4	8	20,47	7,3	9	19,18
8	17,62	6,0	3	20,44	6,2	8	19,03
9	16,57	6,6	0	18,58	8,2	0	17,57
10	16,34	8,6	0	19,58	9,0	4	17,96
11	17,15	6,5	1 **	20,92	5,9	13 **	19,04
12	18,92 *	6,4	26	19,52	7,6	0	19,22
13	16,90	8,0	0	18,73	9,4	3	17,81
14	16,78	8,0	1	19,10	8,8	2	17,94
15	17,17	7,3	1	19,80	8,3	9	18,49
16	19,01 *	6,1	28 **	20,84	5,8	14 **	19,92 *
17	17,39	8,3	7	20,25	5,8	6	18,82
18	16,32	8,5	1	20,60	6,9	14	18,46
19	17,84	6,6	8 **	21,29 *	6,4	24 **	19,56
20	17,62	6,9	5 **	20,35	7,4	12 **	18,98
21	19,62	6,0	40	21,18 *	7,0	21	20,40 *
22	18,66	6,6	29 **	21,37 *	7,1	31 **	20,02 *
23	17,15	8,8	6 **	18,91	6,4	1 **	18,03
24	16,36	9,5	2	19,52	7,1	3	17,94
25	19,09 *	7,3	36	19,63	6,3	2	19,36
26	16,68	6,2	0	21,29 *	7,0	30	18,98
27	16,93	9,7	3	21,03	6,3	23	18,98
28	19,21 *	7,1	35	20,07	7,7	9	19,64
29	17,88	5,7	4 **	20,29	8,3	8 **	19,09
30	18,91	6,3	32 **	20,28	6,2	8 **	19,60
31	17,13	8,2	2	19,51	7,1	2	18,32
32	18,09	7,2	8	19,87	8,4	7	18,98
33	17,17	7,8	2	18,70	8,8	0	17,93
Média/Total	17,68	-	341	20,14	-	334	18,91

*: Famílias selecionadas; **: Famílias em que o número de *seedlings* selecionados diferiu em mais de dez, entre os dois locais.

Quadro 5. Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de *seedlings* selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter toneladas de cana por hectare (TCH)

Tratamento	Piracicaba			Jaú			Média
	Média	CV%	Sel.	Média	CV%	Sel.	
1	55,93	62,3	4	59,48	63,2	6	57,70
2	82,03	51,1	11	80,42	51,7	14	81,22
3	76,51	50,2	7	66,92	55,5	9	71,72
4	68,37	68,8	7	73,95	51,1	13	71,16
5	89,38	53,2	13	73,54	42,9	11	81,46
6	82,87	55,3	11	75,61	51,4	11	79,24
7	74,79	67,1	13	66,12	57,9	10	70,45
8	67,30	51,8	6	57,22	47,9	3	62,26
9	93,01 *	56,6	19	80,56 *	57,8	15	86,79 *
10	95,39 *	49,8	20	76,13	54,7	10	85,76 *
11	66,59	58,3	6	81,57 *	54,7	11	74,08
12	100,45 *	46,4	14	57,28	47,9	1	78,87
13	75,22	64,6	9	83,41 *	65,3	16	79,31
14	91,40 *	63,0	17	78,78	50,1	13	85,09 *
15	74,24	46,1	5 **	69,23	50,1	10 **	71,73
16	82,36	49,2	14	74,88	47,3	9	78,62
17	82,15	52,5	17 **	75,36	56,8	14 **	78,75
18	50,01	59,0	1	71,17	44,9	10	60,59
19	68,87	47,1	4	77,52	46,2	14	73,19
20	82,66	45,0	7	83,10 *	49,4	15	82,88 *
21	65,59	59,0	8	72,92	60,3	12	69,26
22	75,10	57,7	8 **	62,86	45,6	4 **	68,98
23	83,69	63,8	10	62,50	64,9	10	73,09
24	83,28	56,8	17	75,16	53,7	12	79,22
25	66,09	57,3	4	71,39	53,3	12	68,74
26	92,83 *	38,1	17	61,29	48,1	3	77,06
27	79,64	60,4	13	84,82 *	44,6	19	82,23
28	84,50	52,2	12	79,81	65,9	15	82,16
29	81,17	45,6	12	74,84	52,2	11	78,01
30	80,57	59,0	12	73,37	53,1	12	76,97
31	89,33	53,8	13	80,00	51,8	14	84,67 *
32	85,39	50,0	11 **	74,55	46,3	10 **	79,97
33	68,31	63,7	6	45,18	60,2	2	56,74
Média/Total	78,64	-	348	72,15	-	351	75,40

*: Famílias selecionadas; **: Famílias em que o número de *seedlings* selecionados diferiu em mais de dez, entre os dois locais.

foi selecionada pelo Brix nos dois locais, a 9 pela TCH e nenhuma delas pela TBH. Já ao nível dos valores genotípicos, observou-se que o predomínio da parte complexa (componente B) ainda foi bastante alto, dificultando a seleção de famílias comuns nos dois locais.

Apesar da baixa correlação genética (r_G) entre os dois locais, existe a possibilidade de se obter famílias superiores nas duas localidades, pois, como apresentado na discussão das médias, embora não tenha ocorrido para o caráter TBH, selecionou-se uma fração das famílias em comum para Brix e TCH. Para alcançar esse parâmetro, porém, deve-se avaliar um número bem maior de famílias, o que pode ser bastante oneroso.

Convém lembrar, também, que a seleção é praticada nos *seedlings* e se a interação é grande nas famílias,

pode ser ainda maior nas plantas individuais; mesmo que a família seja selecionada em comum aos dois locais, os *seedlings* selecionados no interior dessas famílias dificilmente serão semelhantes.

Outro parâmetro que pode ser avaliado refere-se às respostas esperadas com a seleção. Pelo quadro 8 verifica-se que a seleção indireta (seleção em um ambiente e resposta esperada no outro - tipo b) é pouco eficiente, apresentando, algumas vezes, resposta negativa para a TCH (seleção em Piracicaba e resposta em Jaú) e a TBH (seleção em Piracicaba e resposta em Jaú e vice-versa). Para esses caracteres e nessas condições, a seleção em um ambiente e plantio no outro implica piora na média da população. Já a seleção com base na média dos dois locais (tipo c) apresentou ganho, embora sempre inferior ao apresentado com

Quadro 6. Valores médios, coeficiente de variação dentro de famílias (CV%) e número de *seedlings* selecionáveis (Sel.) com taxa de seleção de 0,15 entre e dentro de famílias para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH)

Tratamento	Piracicaba			Jaú			Média
	Média	CV%	Sel.	Média	CV%	Sel.	
1	10,54	65,6	5	12,53	64,0	6	11,54
2	15,28	52,4	12	17,00 *	52,6	16	16,14 *
3	12,38	51,2	6	12,56	56,3	6	12,47
4	12,27	65,7	8	15,45	50,2	13	13,86
5	15,96 *	52,4	14	14,98	43,6	12	15,47
6	14,85	56,3	11	15,53	52,6	13	15,19
7	13,43	67,5	12	13,61	59,2	9	13,52
8	11,79	49,4	4	11,74	48,6	2	11,76
9	15,64	58,1	16	15,22	59,4	13	15,43
10	15,71 *	49,9	18	15,00	54,6	9	15,35
11	11,50	60,2	5	17,03 *	54,5	12	14,26
12	19,02 *	46,2	21 **	11,16	49,6	2 **	15,09
13	12,85	67,3	8	15,62	65,6	13	14,23
14	15,50	64,4	14	15,03	50,8	10	15,26
15	12,73	45,8	6	13,73	50,6	8	13,23
16	15,69 *	49,2	16	15,66	48,2	13	15,68 *
17	14,34	52,4	14	15,40	58,5	15	14,87
18	8,24	60,7	1 **	14,66	46,0	11 **	11,45
19	12,31	47,1	3 **	16,50 *	46,4	16 **	14,40
20	14,62	44,5	8 **	17,15 *	52,9	18 **	15,88 *
21	12,89	60,0	10	15,51	61,3	14	14,20
22	14,06	58,2	10	13,38	44,7	4	13,72
23	14,34	62,1	10	11,81	64,1	9	13,07
24	13,71	57,3	16	14,74	54,6	12	14,22
25	12,61	56,7	9	14,10	54,4	12	13,35
26	15,54	39,5	12	13,02	48,0	4	14,28
27	13,72	61,4	13	17,81 *	44,2	19	15,76 *
28	16,28 *	53,0	15	15,72	61,4	13	16,00 *
29	14,56	46,3	11	15,22	52,8	11	14,89
30	15,33	59,1	13	14,85	52,3	12	15,09
31	15,27	52,5	11	15,53	51,1	11	15,40
32	15,35	48,5	10	14,75	46,2	9	15,05
33	11,71	62,7	5	8,36	58,2	1	10,04
Média/Total	13,94	-	347	14,56	-	348	14,25

*: Famílias selecionadas; **: Famílias em que o número de *seedlings* selecionados diferiu em mais de dez, entre os dois locais.

Quadro 7. Decomposição da interação FL ao nível dos valores fenotípicos e genotípicos nos componentes A e B, e estimativa da correlação (r_{12}) entre as localidades de Piracicaba e Jaú, para os caracteres Brix, toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de Brix por hectare (TBH)

Caráter	Valores fenotípicos			Valores genotípicos		
	r_{12}	A	B	r_{12}	A	B
		%			%	
Brix	0,4365	0,1	99,9	0,4880	1,8	98,2
TCH	0,2053	0,3	99,7	0,2856	6,4	93,6
TBH	0,1074	0,0	100,0	0,1393	0,2	99,8

A e B: partes simples e complexa da interação respectivamente.

seleção e resposta em um mesmo local (tipo a). A seleção para o caráter TBH, realizada com base nas médias dos locais, apresentou perda de 8,1% (1,13 TBH) e 2,2% (0,31 TBH), respectivamente, para Piracicaba e Jaú, quando se compararam os ganhos esperados com a seleção e a resposta praticadas em um mesmo local.

JACKSON et al. (1995a) estimaram ganhos com a seleção da ordem de 4,9%, 7,9% e 7,7%, respectivamente, para o teor de açúcar, produtividade de cana (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH), com a seleção fundamentada na média de dois locais. Nota-se que os resultados apresentados no quadro 8 são semelhantes para o Brix (5,3%) e ligeiramente superiores em TBH (9,9%) e TCH (9,0%).

Quadro 8. Progresso esperado com a seleção de famílias para os caracteres Brix, TCH e TBH, com base em diferentes critérios seletivos, em Piracicaba (1), Jaú (2) e na média de ambos

Tipo	Seleção	Resposta	Brix			TCH			TBH		
			GS		Diferença absoluta	GS		Diferença absoluta	GS		Diferença absoluta
			Absoluto	%		Absoluto	%		Absoluto	%	
Piracicaba											
a	1	1	1,37	7,7	0,00	12,51	15,9	0,00	2,07	14,8	0,00
b	2	1	0,54	3,1	-0,83	0,61	0,8	-11,89	-0,36	-2,6	-2,43
c	Média	1	1,09	6,2	-0,28	9,17	11,7	-3,33	0,94	6,7	-1,13
Média (1)			17,68	-	-	78,64	-	-	13,94	-	-
Jaú											
b	1	2	0,09	0,5	-0,88	-0,87	-1,1	-7,74	-0,04	-0,3	-1,87
a	2	2	0,97	4,8	0,00	6,87	8,7	0,00	1,83	13,1	0,00
c	Média	2	0,85	4,2	-0,12	4,93	6,3	-1,94	1,52	10,9	-0,31
Média (2)			20,14	-	-	72,15	-	-	14,56	-	-
c	Média	Média	1,00	5,3	-	7,47	9,9	-	1,28	9,0	-
Média geral			18,91	-	-	75,40	-	-	14,25	-	-

a: seleção e resposta no mesmo ambiente; b: seleção em um ambiente e resposta em outro; c: seleção pela média dos locais e resposta em cada ambiente individualmente. GS: ganho com a seleção ($GS = ds \cdot \hat{h}_m^2$); Diferença: desvio, em valor absoluto, em relação ao ganho esperado com a seleção e a resposta praticado no mesmo local.

4. CONCLUSÕES

1. Observou-se forte interação entre as famílias e as localidades de Piracicaba e Jaú para todos os caracteres avaliados. A decomposição da variância da interação FL, ao nível de valores fenotípicos e genotípicos, mostrou-se complexa em quase sua totalidade, destacando a dificuldade na seleção de famílias adaptadas a ambos os locais.

2. As respostas esperadas com a seleção (RS_f) mostraram que uma seleção indireta é pouco eficiente, apresentando resposta negativa para toneladas de Brix por hectare (TBH). Já a seleção com base na média dos dois locais apresentou ganho, que poderia ter sido 62% e 43% maior, para Piracicaba e Jaú, respectivamente, caso a seleção e a resposta ocorressem em um mesmo ambiente.

3. Cabe ao melhorista decidir entre selecionar as famílias de alta produtividade nos dois locais (adaptabilidade ampla) ou selecionar a melhor família para cada ambiente, mesmo que sua produção seja significativa apenas em um local (adaptabilidade específica). No entanto, a seleção específica assume que as etapas subsequentes do programa respeitem essa regionalização e que o desempenho individual esteja geneticamente correlacionado com o resultado da família.

4. Dada a forte interação entre famílias e locais observada e o seu efeito marcante nas respostas esperadas com a seleção, é recomendável que se confirmem esses resultados com outros experimentos, realizados em anos diferentes, com novas famílias e, se possível, com populações maiores.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos aos engenheiros e técnicos da Gerência de Fitotecnia do Centro de Tecnologia

Copersucar pelo auxílio prestado no desenvolvimento deste experimento, na análise dos dados e na interpretação dos resultados, bem como à empresa por permitir sua realização.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARCENEUX, G.; HERBERT, L.P. A statistical analysis of varietal yields of sugarcane obtained over a period of years. *Journal of American Society of Agronomy*, Washington, v.35, p.148-160, 1943.
- BISSESSUR, D.; TILNEY-BASSETT, R.A.E.; LIM SHIN CHONG, L.C.Y.; DOMAINGUE, R.; JULIEN, M.H.R. Family x environment and genotype x environment interactions for sugarcane across two contrasting marginal environments in Mauritius. *Experimental Agriculture*, Great Britain, v.36, p.101-114, 2000.
- BULL, J.K.; HOGARTH, D.M. The implications of genotype x environment interactions for evaluation of sugarcane families. II. Alternative methods of analysis, In: KANG, M.S. *Genotype-by-Environment Interactions and Plant Breeding*. Baton Rouge: Louisiana State University, 1990. p.347-363.
- BULL, J.K.; HOGARTH, D.M.; BASFORD, K.E. Impact of genotype x environment interactions on response to selection in sugarcane. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, Melbourne, v.32, p.731-737, 1992.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.

- HOGARTH, D.M.; BULL, J.K. The implications of genotype x environment interactions for evaluating sugarcane families. I. Effect on selection. In: KANG, M.S. Genotype-by-Environment Interactions and Plant Breeding. Baton Rouge: Louisiana State University, 1990. p. 335-346.
- JACKSON, P.A.; HOGARTH, D.M. Genotype x environment interactions in sugarcane. I. Patterns of response across sites and crop-years in North Queensland. Australian Journal of Agricultural Research, Victoria, v.43, p.1447-1459, 1992.
- JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. Field Crops Research, Amsterdam, v.59, p.151-162, 1998.
- JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. Field Crops Research, Amsterdam, v.43, p.109-118, 1995a.
- JACKSON, P.A.; MCRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association with environmental factors. Field Crops Research, Amsterdam, v.43, p.119-130, 1995b.
- KANG, M.S.; MILLER, J.D. Genotype x environment interactions for cane and sugar yield and their implications in sugarcane breeding. Crop Science, Madison, v.24, p.432-440, 1984.
- KIMBENG, C.A.; MCRAE, T.A.; STRINGER, J.K. Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 22, 2000, Bundaberg. Proceedings... Brisbane: Watson Ferguson, 2000. p.163-169.
- MCRAE, T.A.; JACKSON, P.A. Selection of sugarcane families for the Burdekin River irrigation area. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE, 17., 1995, Bundaberg. Proceedings... Brisbane: Watson Ferguson, 1995. p.134-141.
- RAIZER, A.J.; VENCOVSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.34, p.2241-2246, dez., 1999.
- SOUZA-VIEIRA, O. de; MILLIGAN, S.B. Intrarow plant spacing and family x environment interaction effects on sugarcane family evaluation. Crop Science, Madison, v. 39, p.358-364, Mar./Apr. 1999.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.