



APARECIDO DE MORAES

**TAMANHO IDEAL DE AMOSTRA EM DIFERENTES
ESPAÇAMENTOS ENTRE PLANTAS PARA AVALIAÇÃO DE
FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

LAVRAS – MG

2017

APARECIDO DE MORAES

**TAMANHO IDEAL DE AMOSTRA EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS ENTRE
PLANTAS PARA AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

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

Profª. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves

Orientadora

Dr. Mauro Sérgio de Oliveira Leite

Coorientador

LAVRAS – MG

2017

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

Moraes, Aparecido de.

Tamanho ideal de amostra em diferentes espaçamentos entre plantas para avaliação de famílias de cana-de-açúcar / Aparecido de Moraes. – 2017.

48 p. : il.

Orientadora: Flávia Maria Avelar Gonçalves.

Coorientador: Mauro Sérgio de Oliveira Leite.

Dissertação (Mestrado Profissional) - Universidade Federal de Lavras, 2017.

Bibliografia.

1. Melhoramento genético de cana-de-açúcar. 2. Seleção de fases iniciais. 3. Amostragem. I. Gonçalves, Flávia Maria Avelar. II. Leite, Mauro Sérgio de Oliveira. III. Título.

APARECIDO DE MORAES

**TAMANHO IDEAL DE AMOSTRA EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS ENTRE
PLANTAS PARA AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

***IDEAL SAMPLE SIZE IN DIFFERENT SPACINGS BETWEEN PLANTS FOR THE
ASSESSMENT OF SUGARCANE FAMILIES***

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

APROVADA em 28 de julho de 2017.

Dr. Mauro Sérgio de Oliveira Leite

Monsanto do Brasil

Prof. Dr. Luiz Antônio de Bastos Andrade

UFLA

Dr. José Antonio Bressiani

GranBio

Profa. Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves
Orientadora

LAVRAS – MG

2017

DEDICO

Especialmente, aos meus pais Laura Pratti e Antenor de Moraes (*in memoriam*) que me ensinaram a trabalhar sempre e ainda que tudo nessa vida podemos conseguir honestamente.

Aos meus filhos Marcus Vinicius, João Victor, Julia, Pedro e Miguel e minha esposa Simone que me acompanharam e me incentivaram durante toda essa trajetória.

Aos meus irmãos José Luiz (Zeca) e Expedito José (Bidala) que hoje estão morando com Deus.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus por nos dar a alegria da vida e nos cuidar em todos os momentos, a Nossa Senhora Aparecida, de quem sou devoto, que me acompanha em todas as horas, dá força e me ampara nos momentos difíceis.

A minha esposa Simone por me incentivar e me ajudar a cumprir essa longa caminhada que exigiu, por vezes, estar ausente e aos meus filhos Marcus, João, Julia, Pedro e Miguel pela amizade e companheirismo.

À Universidade Federal de Lavras, por dar oportunidade e acreditar em profissionais da área de melhoramento.

A FAPEMIG, pelo apoio financeiro e por acreditar nos profissionais que tanto precisam desse conhecimento para continuar a contribuir com a agricultura do país.

Aos professores do programa de pós-graduação em melhoramento genético de plantas da UFLA, pelo acolhimento e os ensinamentos, não só nas aulas, mas também durante as conversas mantidas sempre com muito respeito, mesmo com todo conhecimento que possuem.

A minha orientadora Professora Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves, por toda ajuda e paciência durante todo o desenvolvimento do trabalho.

Ao meu coorientador Dr. Mauro Sergio de Oliveira Leite, por toda dedicação e disponibilidade, mesmo com todas as dificuldades pela distância.

Ao Dr. Luiz Antônio de Bastos Andrade, pela disponibilidade de participar de minha banca avaliadora.

Aos professores João Candido, José Airton, Magno Ramalho, Elaine Souza, Cezar Brasil e João Bosco pela atenção e ensinamentos.

Aos amigos do mestrado profissional: Luiz, Francisco, Erico e Ivan, pelo comprometimento e trabalho em equipe.

Aos monitores e colegas do GEN por todo apoio e suporte prestados.

Ao Dr. Matheus Mendes, pela grande ajuda em todo o processo de análises estatísticas para obtenção dos resultados.

Ao meu grande amigo Dr. José Antônio Bressiani que me acompanhou, ajudou e incentivou durante todo o projeto.

Ao meu grande incentivador e amigo Dr. Urubatam Palhares Klink, que foi o responsável pelo meu ingresso no programa de mestrado profissional.

Ao meu amigo Eder Santos, por me incentivar durante todo o desenvolvimento do projeto.

Aos meus colegas de trabalho, Luiz Carlos Oliveira, Jiuli Vilas Boas Regis, Bruno Henrique Polis, Hugo Rosa e Leandro Celotto, por me ajudar na condução do projeto em campo.

RESUMO

A seleção na fase inicial do programa de melhoramento de cana-de-açúcar, onde são avaliadas famílias com grande variabilidade genética entre os indivíduos, é um processo complexo e na maioria das vezes pouco eficiente. Para tentar aumentar a eficiência, tem-se utilizado a seleção entre as famílias, identificando-se primeiramente as melhores e, na sequência, realiza-se a seleção dentro das famílias com maior potencial. Esse processo normalmente é realizado em ensaios onde são coletados dados fenotípicos das famílias e a partir destes são estimados os valores das características de interesse agrônomo. Normalmente, a avaliação dessas características é realizada por meio de amostragem. Os tamanhos dessas amostras podem variar de acordo com a característica estudada e o delineamento experimental adotado. Desse modo, no presente trabalho, objetivou-se identificar o tamanho ideal de amostra que represente uma família em seu potencial, a fim de se identificar as famílias superiores e paralelamente determinar em qual espaçamento pode se ter uma melhor expressão fenotípica das progênies das famílias testadas. Para tanto, foram testadas cinco famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, com 360 indivíduos cada, plantadas em três experimentos, no delineamento estatístico de blocos casualizados, com três repetições em três espaçamentos diferentes entre plantas na linha de plantio (50 cm, 75 cm e 100 cm) e 150 cm entre linhas de plantio. Para a determinação do tamanho ideal da amostra, bem como o melhor espaçamento para a avaliação, foi utilizado o método de reamostragem, seguido de análises de variâncias para as variáveis: número de colmos, diâmetro médio dos colmos, altura média dos colmos e peso dos colmos das touceiras. Com base nos dados avaliados, observou-se que o espaçamento de 100 cm foi o que apresentou as maiores médias para os caracteres número de colmos, diâmetro médio dos colmos e peso estimado dos colmos da touceira, enquanto que o espaçamento de 50 cm foi o que apresentou os maiores valores para a altura média dos colmos. O espaçamento de 75 cm entre plantas foi o que apresentou maior poder de discriminação entre as famílias, para todos os caracteres avaliados sendo que, nesse mesmo espaçamento, com uma amostra a partir de 30 plantas por repetição e considerando-se três repetições, já foi possível identificar famílias superiores.

Palavras-chave: Melhoramento genético de cana-de-açúcar. Seleção de fases iniciais. Amostragem. Reamostragem.

ABSTRACT

Selection in the initial phase of the sugarcane breeding program, during which are assessed the families with high genetic variability between individuals, is a complex process and, most of the time, inefficient. Selection between families has been used in an attempt at increasing this efficiency, first identifying the best families and, later, selecting within the families with greater potential. This process is normally done during trials in which are collected phenotypical data from the families and, from them, are estimated the values of the traits with agronomic interest. Generally, the assessment of these traits is done by sampling. The size of the samples may vary according to the studied trait and the experimental design adopted. Thus, the present work has the objective of identifying the ideal sample size to represent a families' potential in order to identify the superior families and determine with which spacing a better phenotypical expression can be obtained for the progenies. For such, five sugarcane families of full-sib brothers, with 360 individuals each, planted in three experiments, in a randomized blocks design, with three replicates and three spacings between plants in the planting line (50 cm, 75 cm and 100 cm), and 150 cm between planting lines. The resampling method was used to determine the ideal sample size, as well as the best spacing for assessment, followed by analyses of variance for the variables: number of stalks, average diameter of the stalks, average height of the stalks and weight of the stalks. Based on the evaluated data, the 100 cm spacing presented the highest means for number of stalks, average diameter of the stalks and estimated weight of the stalks, while the spacing of 50 cm presented the highest values for average height of the stalks. The spacing of 75 cm between plants presented higher discrimination power between families for all evaluated traits. With this spacing and a sample of a minimum of 30 plants per replicate, considering three replicates, it was possible to identify superior families.

Keywords: Sugarcane breeding. Initial phase selection. Sampling. Resampling.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Média de dados das mil reamostragens para os parâmetros CV, Probabilidade, Repetibilidade, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável l número de colmos. 36
- Figura 2 - Média de dados de mil reamostragens para os parâmetros CV, Probabilidade, Repetibilidade, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável altura. 37
- Figura 3 - Média de dados de mil reamostragens para os parâmetros coeficiente de variação ambiental (CVe), Probabilidade, Repetibilidade, Acurácia, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável diâmetro médio dos colmos. 39
- Figura 4 - Média de dados de mil reamostragens para os parâmetros CV, Probabilidade, Repetibilidade, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável peso de colmos nas touceiras. 41

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Análise de variância individual ao nível de médias de parcela para a variável número de colmos, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos entre plantas na linha.	29
Tabela 2 - Análise de variância individual, em nível de médias para a variável altura média de colmos, em centímetros, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos entre plantas na linha.	30
Tabela 3 - Análise de variância individual, em nível de médias para a variável diâmetro médio dos colmos, em centímetros, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos na linha.....	30
Tabela 4 - Análise de variância individual, em nível de médias para a variável peso de colmos por touceira, em quilogramas, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos na linha.....	30
Tabela 5 - Análise de variância conjunta dos três espaçamentos na linha, em nível de médias para as variáveis número de colmos, altura de colmos, diâmetro de colmos e peso dos colmos nas touceiras em famílias de cana-de-açúcar.	31
Tabela 6 - Agrupamento das médias do número de colmos para as famílias de cana-de-açúcar considerando a análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas na linha, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.	32
Tabela 7 - Agrupamento das médias de altura de colmos, para as famílias de cana-de-açúcar em centímetros, considerando a análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.	32
Tabela 8 - Agrupamento das médias do diâmetro de colmos para as famílias de cana-de-açúcar, em centímetros, considerando análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.	33
Tabela 9 - Agrupamento das médias do peso de colmos nas touceiras para as famílias de cana-de-açúcar, em quilogramas, considerando análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.	33

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
2.1	Aspectos gerais da cultura da cana-de-açúcar	14
2.2	Importância socioeconômica da cana-de-açúcar.....	15
2.3	Melhoramento genético em cana-de-açúcar	16
2.4	Tamanho da amostra experimental	19
2.4.1	Avaliação do tamanho ideal da amostra	21
2.5	Espaçamento entre plantas	23
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.1	Local e delineamento experimental	25
3.2	Características avaliadas.....	26
3.3	Procedimentos estatísticos.....	26
3.3.1	Análises de variância	26
3.3.2	Estimativa do tamanho das amostras.	27
4	RESULTADO E DISCUSSÕES.....	29
4.1	Análise de variância e teste de médias	29
4.2	Estudo dos parâmetros por meio da reamostragem	34
5	CONCLUSÕES	43
	REFERÊNCIAS	44

1 INTRODUÇÃO

Nos últimos 50 anos, a cana-de-açúcar teve aproximadamente 40% de acréscimo em produtividade, em decorrência, principalmente do melhoramento genético, porém vale ressaltar que o melhoramento dessa espécie requer um tempo de 8 a 12 anos para se obter uma nova cultivar (MORAIS et al., 2015).

O melhoramento genético da cana-de-açúcar se inicia com a seleção e clonagem de genótipos superiores os quais foram selecionados a partir de cruzamentos entre genitores com características agroindustriais desejáveis para a cultura. No momento da seleção de genótipos superiores várias etapas são realizadas, as quais envolvem desde a escolha de genitores desejáveis até a quantificação dos efeitos genéticos na expressão do caráter avaliado (MATSUOKA; GARCIA; ARIZONO, 2005).

Como são várias as características almejadas nos genótipos superiores e também por serem os principais caracteres avaliados controlados por muitos genes, mesmo com o auxílio de ferramentas como banco dados, históricos dos genitores e softwares que auxiliam nas combinações, dificilmente os melhoristas conseguem definir com alta precisão os genitores a serem combinados na hibridação, por isso utiliza-se um elevado número de cruzamentos para assim aumentar a chance de se obter uma combinação que gerem progênes promissoras.

Nas fases iniciais dos programas de seleção de cana-de açúcar, a identificação de famílias superiores e, posteriormente, seleção massal dentro das mesmas, proporciona maiores ganhos genéticos e maior frequência de genótipos superiores, fato demonstrado em várias pesquisas (COX et al., 1996; MCRAE et al., 1993). Essa metodologia já vem sendo utilizada em programas de melhoramento de cana-de-açúcar de vários países (BRESSIANI, 2001; COX et al., 1996).

A seleção de famílias é feita mediante coleta de dados das mesmas, e como base na análise dos dados infere-se quais as melhores para que se prossiga com a seleção dentro delas. Normalmente, essa avaliação é feita com a coleta de amostra para determinar o teor de açúcar e pesagem dos colmos para determinar a toneladas de cana por hectare (TCH).

Impreterivelmente todos os programas de melhoramento de cana-de-açúcar em sua fase inicial são implantados, utilizando-se touceiras produzidas a partir das sementes originadas dos cruzamentos. Essas touceiras são plantadas em espaçamento definido por cada programa, o qual interfere diretamente no processo de seleção de famílias, uma vez que está intimamente ligado à expressão fenotípica de características como número, diâmetro e altura dos colmos. Vários são os trabalhos voltados a identificar um número ideal de amostras para

se avaliar uma família, porém, em sua maioria, foram realizados usando apenas um espaçamento (distância entre plantas na linha), não sendo testados outros espaçamentos.

Diante disso, no presente trabalho, objetivou-se identificar o tamanho ideal de amostra que represente uma família em seu potencial, a fim de se identificar as famílias superiores e, paralelamente, determinar em qual espaçamento pode se ter uma melhor expressão fenotípica das progênies das famílias testadas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos gerais da cultura da cana-de-açúcar

As cultivares modernas são resultantes de cruzamentos genéticos interespecíficos realizados na primeira metade do século XX entre *Saccharum officinarum* e *Saccharum spontaneum* e têm entre 100 a 130 cromossomos, sendo 80% derivados de *S. officinarum*, 10% de *S. spontaneum* e 10% de híbridos das duas espécies (PIPERIDIS; PIPERIDIS; D'HONT, 2010). Não existe, na literatura, um consenso sobre o centro de origem da cana-de-açúcar. Porém, alguns pesquisadores consideram que a cana-de-açúcar é nativa das ilhas do arquipélago da Polinésia (CESNIK; MIOCQUE, 2004).

Possivelmente, o surgimento do gênero *Saccharum*, foi anterior à divisão dos continentes, o que dificulta definir corretamente a origem dessa espécie. Assim, afirma-se que há dois centros de diversidade, o Velho Mundo (Ásia e África) e o Novo Mundo (América do Norte, Central e do Sul) (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011). Essa espécie foi introduzida no Brasil, inicialmente, na Capitania Hereditária de São Vicente em 1530, e se expandiu pelas demais regiões do Nordeste e no final do Século XIX, no Estado de São Paulo (MOZAMBANI et al., 2006).

A cana-de-açúcar pertence à divisão das Magnoliophytas, classe Magnoliopsida, ordem Graminales, família Poaceae, tribo Andropogoneae e gênero *Saccharum*. Em nível de espécie, a classificação botânica mais aceita é aquela relatada por Jeswiet (1925 citado por DANIELS; ROACH, 1987). Segundo Daniels e Roach (1987), no gênero *Saccharum* ocorrem seis espécies: *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. sinense*, *S. barberi* e *S. edule*. Os genomas de todas, exceto o de *S. edule*, podem ter participado do surgimento dos híbridos interespecíficos atualmente cultivados.

A cana-de-açúcar é uma planta monocotiledônea, hermafrodita e alógama, de reprodução sexuada, que pode ser multiplicada assexuadamente por propagação vegetativa quando cultivada comercialmente (CAIEIRO et al., 2010). Essa espécie se desenvolve em forma de touceira, sendo que a parte aérea é formada por colmos, folhas, inflorescências e cariopses e a parte subterrânea é formada por raízes e rizomas (SEGATO; MATTIUZ; MOZAMBANI, 2006). Segundo Dinardo-Miranda, Vasconcelos e Landell (2008), cada perfilho comporta-se como uma planta independente, pois tem órgãos próprios tais como raízes, folhas e frutos, mas todos aqueles que compõem a touceira continuam ligados entre si e podem eventualmente trocar água e nutrientes.

De acordo com Taiz e Zeiger (2004), as plantas de metabolismo C₄, como a cana-de-açúcar, em altas temperaturas (30 - 40 °C) possuem alto desempenho fotossintético, quando comparado com plantas C₃, pois necessitam de menores concentrações de CO₂. As folhas são alternadas, opostas e presas aos nós dos colmos e divididas em duas partes, a lâmina e a bainha (DINARDO-MIRANDA; VASCONCELOS; LANDELL, 2008).

As raízes da cana-de-açúcar são fasciculadas, sendo que 85% delas encontram-se nos primeiros 50 cm e aproximadamente 60% entre os primeiros 20 a 30 cm de profundidade, havendo pequenas variações, conforme o ambiente e o genótipo. A cana-de-açúcar se propaga vegetativamente pela brotação de suas gemas, a partir de pedaços de colmos plantados, que constitui uma fase importante, visto que a boa brotação reflete a população de colmos na área cultivada, diretamente relacionada com a produtividade (SILVA et al., 2010).

2.2 Importância socioeconômica da cana-de-açúcar

A cultura da cana-de-açúcar apresenta grande importância no cenário agropecuário brasileiro. Isso ocorre em virtude do seu uso diversificado, podendo ser utilizada como matéria-prima para as agroindústrias do açúcar, etanol, aguardente, cachaça de alambique, bem como para a alimentação animal (forragem), açúcar mascavo, rapadura, melado e geração de energia, sendo assim uma importante fonte de geração de empregos e renda (DIAS, 2011).

Além disso, seus resíduos também têm importância econômica, pois o vinhoto (vinhaça) é transformado em adubo e o bagaço em energia, combustível e alimentação animal. Apesar da multiplicidade de uso da cana-de-açúcar, a quase totalidade da produção nacional é destinada para a produção de etanol e açúcar (DIAS, 2011). Entretanto, há novas perspectivas de utilização, como por exemplo, o uso do bagaço para geração de eletricidade. Percebe-se que a cana-de-açúcar possui inúmeras formas de utilização o que agrega valor econômico à cultura, gerando uma enorme quantidade de empregos.

O agronegócio do setor sucroalcooleiro contribui efetivamente para o desenvolvimento do país, uma vez que agrega muita mão de obra, tanto na parte agrícola quanto industrial. Em virtude da sua contribuição efetiva, houve uma ampla expansão nas áreas de plantio e muito investimento por parte dos produtores na difusão de tecnologias para melhorar a qualidade do produto final. Apesar dessa difusão mundial, cerca de 80% da produção do planeta está concentrada em dez países (COSTA; AQUINO, 2016).

O Brasil lidera o *ranking* de maior produtor mundial de cana-de-açúcar. A produção total brasileira de cana-de-açúcar moída na safra 2016/2017 foi de 657,18 milhões de

toneladas, houve redução de 37,32 milhões em relação à quantidade colhida na safra passada que foi de 694,5 milhões de toneladas. A região Sudeste se destaca na produção de cana-de-açúcar, sendo o Estado de São Paulo o maior produtor (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2017).

A área colhida de cana-de-açúcar na safra 2016/2017 destinada à atividade sucroalcooleira foi de 9,05 milhões de hectares, considerando todos os estados produtores. São Paulo concentra a maior área de produção com 52,4% (4.777,2 mil hectares) da área plantada, seguido por Goiás (10,5%), Minas Gerais (9,4%), Mato Grosso do Sul (7,0%), Paraná (6,8%), Alagoas com (3,6%) e Pernambuco com (2,8%). Esses estados são responsáveis por 95,0% da produção nacional. Os demais estados produtores possuem áreas inferiores, com representações abaixo de 5% (CONAB, 2017).

A importância da cana-de-açúcar no agronegócio brasileiro é indiscutível e, apesar do país apresentar destaque por toda tecnologia empregada nas diferentes fases da produção, as pesquisas científicas ainda têm muito a contribuir para maximização do processo produtivo, desde a lavoura até a indústria (COSTA et al., 2007).

2.3 Melhoramento genético em cana-de-açúcar

Como é de conhecimento, para qualquer cultura, a maneira mais econômica e sustentável de aumentar a produtividade é por meio da obtenção de cultivares geneticamente superiores.

O principal objetivo de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar é lançar nova cultivares que sejam mais rentáveis aos produtores, quer seja pelo aumento na produtividade de colmos e de açúcar, quer seja pela redução das perdas econômicas, por um intervalo de tempo maior. Outras características de importância agrônômica, para um genótipo de cana-de-açúcar diz respeito à brotação das soqueiras, que deve ser rápida, vigorosa e prolongada, tolerância à seca e ao frio, hábito de crescimento ereto, ausência de florescimento e estável e adaptada aos diferentes ambientes produtivos (BRESSIANI, 2001).

Os caracteres quantitativos, teor de sólidos solúveis (Brix) e peso dos colmos (TCH), têm importância fundamental no momento da seleção de clones promissores. Outros caracteres não tão menos importantes, mas considerados como fatores complementares a seleção, como resistência a doenças, também são avaliados, porém com maior flexibilidade.

O equilíbrio entre a sustentabilidade e a produtividade da cana-de-açúcar ocorre por meio de diferentes cultivares especialmente adaptadas a cada uma das diferentes regiões de cultivo. Os primeiros programas de melhoramento surgiram no Brasil, no início do século XX

e as contribuições proporcionadas por estes durante esse século foram apresentadas por Barbosa e Silveira (2010).

A partir de 1913, surgiram, no Brasil, as primeiras estações experimentais de melhoramento genético da cana-de-açúcar. A estação de Escada, em Pernambuco, a estação experimental de Campos no Rio de Janeiro, a de Barreiras na Bahia, e Curado no Recife. Em 1935 iniciaram-se as atividades no Instituto Agrônomo de Campinas, em São Paulo (CESNIK; MIOCQUE, 2004).

Em 1968, foi iniciado o Programa de Melhoramento da Copersucar, a partir da Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo. Em 1970, foi criado o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (Planalsucar) (CESNIK; MIOCQUE, 2004). A meta desses dois programas (Copersucar e Planalsucar) foi a obtenção de cultivares com altos índices de produtividade e com resistência às pragas e doenças, para substituir as cultivares em cultivo no país.

Segundo o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), em seu Registro Nacional de Cultivares (RNC), estão registrados 187 cultivares, de 14 diferentes mantenedores (BRASIL, 2017).

Na atualidade, os principais programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil são: Instituto Agrônomo de Campinas – IAC; Centro de Tecnologia Canavieira – CTC e o das Universidades Federais que compõem a Rede Inter Universitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA, que tem trabalhos voltados a desenvolvimento de cultivares mais convencionais, direcionadas à produção de açúcar e etanol. Temos ainda os programas da GranBio (BioVertis) e Vignis que trabalham na busca de cultivares mais direcionadas a produção de biomassa.

Os programas de melhoramento conduzem suas atividades de maneiras independentes, com alguns aspectos em comum. A base do melhoramento está na seleção e clonagem de genótipos superiores presentes em populações segregantes, obtidas por cruzamentos entre indivíduos com características contrastantes. O êxito desses processos depende de vários fatores tais como a escolha adequada dos genitores, a instalação de experimentos atendendo aos princípios de experimentação, a mensuração correta dos caracteres e as épocas de avaliação (ARIZONO; GARCIA; MATSUOKA, 2005).

A base genética da cultura utilizada até hoje em hibridações para seleção de novas cultivares provêm de ancestrais comuns de genótipos introduzidos e daqueles existentes nos bancos de germoplasma dos programas de melhoramento genético. O conhecimento dessa

variabilidade é de grande importância na definição dos genitores a serem utilizados em novos cruzamentos (LANDELL; BRESSIANI, 2008).

Como forma de ampliar a variabilidade genética, vários autores ressaltam a importância de introdução, intercâmbio, coleta, avaliação, documentação e conservação de germoplasma. Considera-se recurso genético disponível a matéria-prima, fonte principal para qualquer programa de melhoramento, na busca por genótipos mais adaptados, manipulando genes por métodos convencionais ou por técnicas baseadas no DNA recombinante (NASS et al., 2008).

O melhoramento genético da cultura da cana-de-açúcar é complexo, pois o nível de heterozigosidade é alto e o número de cromossomos varia entre 80 e 130 e ainda se trata de um genoma extremamente grande dificultando a compreensão de sua arquitetura genética (BORÉM; SILVA; DIOLA, 2010).

As cultivares utilizadas, comercialmente, na atualidade são híbridos poliploides originados a partir de cruzamentos de diferentes espécies do gênero *Sacharum*. Esses híbridos são resultantes de cruzamentos interespecíficos entre *S.officinarum* e *S. spontaneum* e possuem entre 100 e 130 cromossomos, onde aproximadamente 80% são oriundos de *S. officinarum*, 10% de *S. spontaneum* e 10% de recombinantes (PIPERIDIS; PIPERIDIS; D'HONT, 2010).

Em geral, no melhoramento da cana-de-açúcar existem as seguintes etapas: cruzamentos, produção de plântulas, seleção e obtenção dos clones, avaliação dos clones em diferentes condições edafoclimáticas e identificação da nova cultivar.

Os cruzamentos constituem a fase inicial e são realizados em condições edafoclimáticas favoráveis. No Brasil, as estações de cruzamento dos programas de melhoramento situam-se no litoral da região Nordeste, onde são encontradas as condições de latitude, altitude, temperatura, umidade e luminosidade favoráveis para o florescimento, viabilidade do grão de pólen e fecundação natural, com a produção de sementes viáveis. Tais cruzamentos originam famílias cujo número de indivíduos que seguem para avaliação no processo seletivo varia entre os programas, logicamente respeitando um número mínimo necessário para que a família seja geneticamente representada.

Com o intuito de melhorar a eficiência de seleção, alguns programas de melhoramento optam pelo plantio dessa fase no delineamento experimental de blocos aumentados, realizando a pesagem das parcelas no momento da colheita, bem como a amostragem para análise tecnológica em laboratório. As informações geradas dessa análise são utilizadas para seleção individual em cana soca, no ano seguinte, e também para validar os parentais em

cruzamentos futuros. Esse procedimento de seleção com base na informação da família ameniza o efeito de microambiente, aumentando o ganho genético da seleção (RESENDE, 2008). Essa metodologia já foi relatada pelo programa de melhoramento de Queensland, na Austrália, no qual o número de clones superiores aumentou significativamente nas fases avançadas quanto se combinou o método da seleção de família com posterior seleção massal dentro das famílias superiores (COX et al., 1996). O programa de Queensland utiliza entre 350 e 450 famílias, plantadas e, posteriormente, colhidas mecanicamente em cana planta, seguindo com a seleção em cana soca (rebrotas das touceiras) dentro das melhores famílias. Normalmente, a seleção entre as famílias gira em torno de 30 a 40% e posteriormente uma taxa de 40% dentro das selecionadas (KIMBENG; COX, 2003).

Os programas de melhoramento conduzidos no Brasil seguem esse modelo, porém o número de famílias avaliadas varia entre os programas e são pouco divulgados.

Após a etapa de avaliação das famílias, ocorrem os processos de seleção clonal, que envolvem as fases denominadas T1, T2, T3, FE e FM, sendo a primeira, a segunda e a terceira fase de seleção, a fase de experimentação e a fase de multiplicação clonal, respectivamente. As nomenclaturas das fases mudam entre os programas, sendo as citadas anteriormente utilizadas pela RIDESA - Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético. Maiores informações sobre a descrição morfológicas empregada em cada fase podem ser encontradas em Barbosa e Silveira (2000) e Matsuoka, Garcia e Arizono (2005).

Independentemente do número de famílias utilizadas por cada programa, à seleção massal dentro das melhores famílias precisa ser criteriosamente especificada. Resultados apresentados por vários trabalhos conduzidos em cana-de-açúcar, como Cox et al. (1996), Hogarth (1971) e Kimbeng e Cox (2003) entre outros, sugerem que para o Brix, que possui herdabilidade alta, a seleção individual é mais eficiente do que a seleção para outros caracteres como peso dos colmos, dado pela altura, diâmetro e densidade do colmo, que é o responsável por parte da produtividade e que possui herdabilidade de média a baixa quando a seleção é realizada ao nível de plantas individuais.

2.4 Tamanho da amostra experimental

A produção é um caráter complexo, resultante da associação de vários caracteres, componentes da produção. Em cana-de-açúcar, sabe-se que o caráter principal é a produtividade de colmos, que é determinado pela altura, pelo diâmetro, pelo número de colmos e pela densidade. A produção de açúcar depende basicamente da produtividade dos

colmos (TCH) e do teor de sólidos soluveis nos colmos (Brix). Estas são as variáveis de maior relevância nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, pois essa equação entre peso e açúcar nos fornece toneladas de açúcar por hectare (TAH). Trata-se de variáveis de herança genética complexa e com efeitos pleiotrópicos com outras variáveis agronomicamente importantes (FERREIRA et al., 2007).

O tamanho ideal de amostra para “representar” uma família compreende o número mínimo de indivíduos que, avaliado experimentalmente, traz uma boa representatividade da variabilidade genética da mesma. No caso de cana-de-açúcar, inúmeros trabalhos sugerem que esse número mínimo varia entre 96 a 500 plantas (BARBOSA; PETERNELLI; SILVEIRA, 2001; LEITE; PETERNELLI; BARBOSA, 2006; MARIOTTI et al., 1981; PEIXOTO; RISSI JÚNIOR, 1984; WU et al., 1977, 1978). Essa ampla variação está diretamente ligada ao tipo de característica avaliada, a população utilizada na seleção e ao ambiente.

Quando se trata do tamanho ideal de amostra para “avaliar” uma família, busca-se estimar o número mínimo de indivíduos que, amostrados dentro da mesma, resulte na avaliação precisa do fenótipo de determinada característica de interesse, possibilitando, de forma eficiente, realizar comparações entre as famílias.

Como a herdabilidade para o Brix é alta e sua determinação pode ser feita por meio de amostras menores e com maior facilidade existe a possibilidade de se identificar famílias superiores com elevada eficiência para esta característica. Silva et al. (2009) observaram herdabilidades para o Brix, em famílias de cana-de-açúcar variando entre 50% e 90%, ao nível de plantas individuais. Também foi relatado por Bressiani (2001) que os valores observados de herdabilidade ao nível de plantas individuais foram elevados para a altura e o Brix e intermediário para outros caracteres.

As principais características avaliadas para seleção das famílias superiores são o teor de Brix e tonelada de cana por hectare (TCH). Para o teor de Brix, como já comentado, tem-se alta herdabilidade e alguns trabalhos preconizam que uma amostra com 10 indivíduos é suficiente para representar a família (BARBOSA et al., 2001). O mesmo já não se aplica ao TCH, que tem como componentes da produção o número de colmos, o diâmetro do colmo, o comprimento do colmo e a densidade, caracteres de média a baixa herdabilidade e que são mais difíceis de serem representados na amostragem. Para que se tenha uma boa representação do TCH os programas de melhoramento de cana-de-açúcar têm em sua maioria aferido o peso total das parcelas. A eficiência do método é incontestável, porém trabalhosa e onerosa.

Nem sempre é possível coletar todos os dados em sua totalidade para uma determinada população em estudo, sendo, portanto necessária à coleta de amostras para que sejam estimados os parâmetros em estudo (FONSECA; MARTINS, 1995). Dessa forma, é comum a realização de biometrias para se estimar o TCH.

A biometria é de um método de avaliação do desenvolvimento vegetativo da cana-de-açúcar e, conseqüentemente, estimativa da produção, onde se avaliam: o perfilhamento, a altura e o diâmetro dos colmos. A análise biométrica se destaca como uma importante ferramenta e é utilizada com sucesso pelos programas de melhoramento da cana na comparação de genótipos durante as fases de seleção clonal (LANDELL; BRESSIANI, 2008).

O método biométrico consiste na medição e quantificação dos parâmetros que determinam o TCH por meio de fórmulas já estabelecidas. Chang e Milligan (1992) descreveram um estimador biométrico definido como: $PE = d \times \pi \times AC \times (DC/2)^2$, em que: PE é o peso estimado colmo; d é a densidade específica do colmo, cujo valor sugerido é $1g/cm^3$; π valor adimensional aproximado 3,1415; AC é a altura do colmo da base até o último *dewlap* visível; e DC é o diâmetro do colmo expresso em centímetro de colmos representativos.

Quando se trata de famílias de cana-de-açúcar, a partir dessa fórmula, pode-se estimar o peso de cada touceira utilizando-se número de colmo e, posteriormente, o peso da parcela por meio da soma do peso de todas as touceiras avaliadas de cada família. Com o peso da parcela calculado, é possível estimar o TCH de cada família pela área útil da parcela em cada espaçamento.

2.4.1 Avaliação do tamanho ideal da amostra

Vários são os métodos encontrados na literatura para se estimar o tamanho ideal de uma amostra. Com o passar dos anos, as metodologias foram ficando cada vez mais apuradas, isso, em decorrência, principalmente do auxílio de novas ferramentas estatísticas que possibilitam a estimação precisa dos parâmetros de interesse (LEITE; PETERNELLI; BARBOSA, 2006).

Trabalhando com a cultura da soja, visando a um tamanho ideal de amostras para representar várias características de interesse, Cargnelutti Filho et al. (2009) utilizou a análise variância com teste F em simulações de amostras. Em outro trabalho em 2011, o mesmo autor, trabalhando com milho, utilizou o método de Bootstrap com reposição e simulação de 1000 amostras para cada cenário, para determinar o tamanho ideal de amostra para varias características de interesse econômico da cultura.

Em trabalho realizado para determinar o número mínimo de frutos em pimenteira, Silva, Rêgo e Cecon (2011), por meio de análise de variância, utilizou uma amostra de referência com 30 frutos e amostras simuladas que variaram de 3 a 29 frutos para determinar o intervalo de confiança e assim o tamanho ideal da amostra. O autor concluiu que o tamanho da amostra poderia ser reduzido em até 50%, ou seja, que aproximadamente 15 frutos eram suficientes para representar o total.

Para cana-de-açúcar, Peixoto e Ricci Júnior (1984), utilizaram a análise de variância seguida do teste de Tukey para avaliação das diferenças entre as médias obtidas nos vários tamanhos de amostras, que variavam de 50 a 200 plantas, chegando à conclusão que uma amostra com 150 plantas era suficiente para avaliar o número de colmos, altura, diâmetro e o teor de Brix das famílias.

Peternelli et al. (2012) trabalharam com cinco famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar, avaliando 750 indivíduos de cada, plantados em experimento com três repetições de 250 indivíduos, no espaçamento de 140 cm entre linhas e 50 cm entre plantas, onde por meio da estimativa do peso dos indivíduos concluiu que uma amostra de 30 indivíduos por parcela, seria suficiente para indicar a produção das famílias.

Leite, Peternelli e Barbosa (2006), trabalhando com cana-de-açúcar, conduziram um experimento com 22 cruzamentos bi parentais em espaçamento de 140 cm entre linha e 50 cm entre plantas, utilizaram o método da máxima curvatura modificado para determinar o tamanho ideal da amostra que representasse geneticamente cada família. Os resultados obtidos demonstraram que amostras com 16 plantas por repetição, (no caso foram seis repetições) são suficientes para representar fidedignamente todas as características de interesse produtivo.

Em trabalho com *Brachiaria*, Dias et al. (2014), medindo o volume de massa verde, utilizaram o método da reamostragem e da máxima curvatura do coeficiente de variação e concluíram que parcelas com 3 m² são suficientes para garantir a precisão experimental quando se utilizam progênies de meios irmãos.

Com o objetivo de verificar o efeito da amostragem e seleção natural no método de Bulk em plantas autógamas, Silva (2009) usou o método de simulação de Monte Carlo para, por meio de reamostragem, determinar o tamanho ideal para Bulk. Ele concluiu que a determinação do número de indivíduos deve ser em função da herdabilidade do caráter.

Para determinar um tamanho ideal de bordaduras nos experimentos de eucalipto, Mendes et al. (2014), trabalharam com um lote de 100 plantas de clones e utilizaram em suas análises o método de reamostragem Simulação de Monte Carlo (SMC) ou propagação de

distribuições. Eles verificaram que não há necessidade do uso de bordaduras nos experimentos e que, com lotes de 15 a 20 plantas, a precisão experimental foi muito semelhante ao lote total.

Como observado nos trabalhos aqui citados, a busca pelo número ideal de plantas na amostragem que representem com boa precisão a parcela e/ou uma família, a fim de representar características importantes agronomicamente, são de grande importância nos programas de melhoramento de várias culturas, visto que sempre se busca diminuir o tamanho da amostra sem interferir na eficiência das avaliações.

2.5 Espaçamento entre plantas

Todo programa de seleção clonal de cana-de-açúcar se inicia com o plantio das famílias, que são representadas pelos indivíduos, obtidos a partir das sementes sexuadas obtidas com os cruzamentos entre os genitores. Esses indivíduos são plantados espaçados na linha, formando touceiras. O espaçamento entre sulcos é variado, podendo ser de 1,0 m a 1,5 m e o espaçamento entre plantas na linha normalmente está entre 50 a 70 cm. Nos dias atuais, em função de áreas ocupadas pelos experimentos, tem se optado pelo uso de espaçamento de 60 cm entre plantas.

São escassos os trabalhos científicos no qual se estudam a distancia entre plantas na cultura da cana-de-açúcar. O foco maior está no espaçamento entre linhas do que entre plantas e sempre os estudos foram voltados para produção comercial (ISMAEL et al., 2007; MURARO; ROSSI JÚNIOR; SCHOGOR, 2011; PARANHOS, 1972; SINGELS; SMIT, 2009).

Nas fases iniciais do programa de melhoramento de cana-de-açúcar, estudos com o espaçamento entre plantas são poucos frequentes na literatura. Irvine e Benda (1980) apresentaram resultados obtidos em experimentos plantados com mudas pré-brotadas de cana-de-açúcar em quatro espaçamentos, 19, 28, 76 e 152 cm entre plantas na linha e 183 cm entre linhas, no qual foi constatado que houve uma diminuição da altura, aumento do peso dos colmos, aumento do diâmetro e número de colmos, quando se aumentava o espaçamento, porém, quando se calculava a produção final por área o que se notou foi a diminuição do TCH. Também foi constatado que o nível de açúcar do colmo não se altera em função do espaçamento utilizado.

Em um trabalho realizado no estado de Lousiana EUA, Sousa-Vieira e Milligan (2009) utilizaram 25 famílias, plantadas em dois locais com espaçamentos de 41 e 82 cm entre plantas na linha e 180 cm entre linhas para comparação de eficiência na seleção de

famílias e também de indivíduos dentro das famílias para os caracteres número, altura e diâmetro dos colmos. Foram coletados dados em cana planta e cana soca. Os autores verificaram que o índice de seleção era maior para o espaçamento 82 cm, quando se usava o peso das touceiras, porém era mais eficiente quando se usava os índices de todos os parâmetros combinados independente do espaçamento utilizado.

Como visto, vários são os trabalhos voltados para espaçamento, porém focados na distância entre sulcos, procurando aperfeiçoar a produção e a mecanização. Entretanto, são poucos aqueles dedicados a estudar a distância entre plantas na linha nas fases iniciais do programa de melhoramento de cana-de-açúcar, com foco na otimização das avaliações, quanto à expressão dos caracteres fenotípicos e a eficiência da seleção.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local e delineamento experimental

As famílias de cana-de-açúcar utilizadas foram obtidas de cruzamentos bi-parentais, os quais foram realizados na Fazenda Vale das Flores, estação de hibridação pertencente à Empresa Canavialis, situada no município de Maceió em Alagoas.

As sementes provenientes dos cruzamentos foram enviadas para a estação regional da Canavialis, situada no município de Conchal SP, onde foi realizado o processo de germinação das sementes e posterior distribuição das mudas para as demais estações regionais para realizar o plantio dos experimentos e iniciar os programas regionalizados de seleção. De cada família foram produzidas 360 mudas (*seedlings*), as quais foram enviadas para a estação regional, fazenda Destivale, situada no município de Araçatuba, SP, geograficamente localizada a uma latitude de -21,1057, longitude -50,4825 e altitude de 430m, com temperatura média anual 22,2° e precipitação média de 1.250 mm em u solo Latossolo Vermelho Amarelo, distrófico, de textura arenosa.

Os experimentos foram instalados em setembro de 2014 com diferentes espaçamentos entre plantas na linha, 50 cm, 75 cm e 100 cm. Cada experimento foi implantado no delineamento de blocos casualizados completos, com cinco famílias e mais uma testemunha comercial (RB867515), três repetições e espaçamento entre linhas de 1,5 m. As mudas da testemunha foram produzidas na mesma quantidade das famílias, por meio do método MPB (Mudas Pré Brotadas), técnica desenvolvida pelo IAC – Instituto Agrônômico de Campinas (LANDELL et al., 2012).

Esse método faz com que as mudas produzam touceiras que se aproximam das que foram produzidas por meio de sementes (*seedlings*).

O plantio foi realizado com preparo de solo convencional para cana-de-açúcar, com adubação realizada no sulco de plantio na dosagem de 500 kg/ha da fórmula 05-25-25 (N-P₂^o₅-K₂^o). O plantio das mudas nos sulcos foi realizado manualmente, em função dos diferentes espaçamentos entre plantas. Os carregadores que dividiram as parcelas tiveram 2,5 metros de largura e o experimento contou com bordaduras (cana-de-açúcar) de proteção em todo perímetro. Para garantir o pegamento, foram realizadas três laminas de irrigação suplementar de aproximadamente 10 mm cada, pelo método de aspersão.

3.2 Características avaliadas

A coleta dos dados foi realizada em julho de 2015, em cana planta com 10 meses de idade e foram mensurados os seguintes caracteres: número de colmos, obtido pela contagem total dos colmos (com pleno desenvolvimento) em cada touceira, diâmetro médio dos colmos: obtida pela medida de três colmos representativos da touceira, na altura de 1/3, sendo mensurados com o auxílio de um paquímetro digital, e altura média dos colmos, obtida pela medição de três colmos representativos da touceira, a partir do nível do solo até a inserção da Folha +3.

Com base nestas características, foi estimado o peso médio dos colmos, obtido por meio do cálculo por meio da fórmula biométrica $PE = d \times \pi \times AC \times (DC/2)^2$ proposta por Chang e Milligan (1992), em que: PE é o peso estimado colmo; d é a densidade específica do colmo, cujo valor sugerido é 1g/cm^3 ; π valor adimensional aproximado 3,1415; AC é a altura do colmo da base até o último *dewlap* visível; e DC é o diâmetro do colmo expresso em centímetro, medido na altura de 1/3 de colmos representativos. Com o peso dos colmos obteve-se o peso estimado das touceiras, e posteriormente, o peso estimado das parcelas da parcela.

3.3 Procedimentos estatísticos

Para a análise estatística foram realizadas as análises de variância individual por característica no espaçamento e análise de variância conjunta para os três espaçamentos, seguido pelo teste de médias individual e conjunta e posteriormente aplicado o método de reamostragem para se estimar o tamanho ideal de amostra.

3.3.1 Análises de variância

Primeiramente, foram realizadas as análises de variância individual ao nível de médias para cada característica, dentro de cada espaçamento, conforme o modelo estatístico a seguir:

$$y_{ijk} = \mu + f_i + r_i + fr_{ij} + d_{ijk} ,$$

em que:

y_{ijk} é o valor observado do i-ésimo clone no k-ésimo bloco;

μ é a constante associada a todas as observações;

f_i é o efeito da família i;

r_i é o efeito da repetição j;

fr_{ij} é o efeito da interação família i e repetição j;

d_{ijk} é o erro associado à observação y_{ijk} .

Posteriormente, realizaram-se as análises de variância conjunta ao nível de médias para cada característica nos três espaçamentos, seguindo o modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + f_i + a_i + fa_{ij} + r_j(a_i) + f_i r_j(a_i) + d_{ijk} ,$$

em que:

y_{ijk} é a observação da família i no bloco j dentro do espaçamento l;

μ é a constante associada a todas observações;

f_i é o efeito da família i;

a_i é o efeito do espaçamento;

fa_{ij} é a interação família i e espaçamento l;

$r_j(a_i)$ é o efeito da repetição j dentro do espaçamento l;

$f_i r_j(a_i)$ é o efeito da interação família i na repetição j dentro de cada espaçamento l;

d_{ijk} é o efeito das famílias i dentro do espaçamento l.

3.3.2 Estimativa do tamanho das amostras

Em cada um dos experimentos de avaliação de famílias, nos três espaçamentos, foram simulados diferentes cenários, variando o número de indivíduos na parcela experimental, de 1 planta até 40, que é o número total em cada parcela. Para cada cenário, foram realizadas 1000 reamostragens, sendo que cada reamostragem simulou um novo experimento. De posse do experimento simulado foi realizada a análise de variância, utilizando um modelo fixo, e alguns parâmetros foram estimados: coeficiente de variação experimental $\%CVe^* = \frac{100\sqrt{S^2}}{\hat{m}}$, onde CVe é o valor do coeficiente de variação experimental, S^2 é a variância e m é a média da característica; valor de probabilidade; valor de teste F ($F_c = QM_G/QM_E$), onde F_c é o valor de F calculado, QM_G é o quadrado médio do genótipo e QM_E é o quadrado médio do erro; repetibilidade; acurácia seletiva $(1-1/F_c)^{0,5}$, onde F_c é o valor de F calculado e a coincidência do ranqueamento entre as medias fenotípicas das famílias nos experimentos simulados, comparados ao ranqueamento das três melhores famílias obtidos no experimento com o número total de plantas na parcela. O procedimento se repetiu para os três espaçamentos.

Em função do volume de dados, tanto as simulações quanto as análises foram realizadas com auxílio computacional, utilizando o software estatístico R, que utiliza a linguagem de mesmo nome para a programação (IHAKA; GENTLEMAN, 1996).

4 RESULTADO E DISCUSSÕES

4.1 Análise de variância e teste de médias

A seguir são apresentados os resultados das análises de variâncias individuais, por característica, para cada espaçamento entre plantas na linha (TABELAS 1, 2, 3 e 4).

Pode-se verificar que para a variável número de colmos (TABELA 1) existe diferença significativa a 5% de probabilidade para famílias nos três espaçamentos, o mesmo aconteceu para a altura de colmo (TABELA 2) e diâmetro de colmos (TABELA 3). Os dados apresentados na tabela 4, para peso de colmos na touceira, que é a variável de maior interesse para se diferenciar as famílias mais produtivas, nota-se que houve diferença significativa a 5% em nível de famílias apenas para o espaçamento de 75 cm.

Os valores de coeficientes de variação (CVs) observados para todas as variáveis nos três espaçamentos entre plantas na linha demonstraram boa qualidade experimental, visto que na sua maioria se apresentam abaixo de 10%, e esses valores foram indicados por Gomes (1985) como sendo baixos para experimentos agrícolas. Também Bressiani (2001), trabalhando com famílias de cana de açúcar obtiveram-se valores semelhantes para as mesmas características.

Tabela 1 - Análise de variância individual ao nível de médias de parcela para a variável número de colmos, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos entre plantas na linha.

FV	GL	QM		
		Espaç 50 cm	Espaç 75 cm	Espaç 100 cm
Família	5	3,467**	6,267 **	11,292 **
Repetição	2	0,790 ns	1,250 *	2,655 ns
Erro	10	0,404	0,303	1,316
Média		8,205	10,930	11,936
CV		7,745	5,033	9,610

^{ns} não significativo; *, ** Significativo, pelo teste de F, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 2 - Análise de variância individual, em nível de médias para a variável altura média de colmos, em centímetros, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos entre plantas na linha.

FV	GL	QM		
		Espaç 50 cm	Espaç 75 cm	Espaç 100 cm
Família	5	547,090 **	1107,380 **	1194,770 **
Repetição	2	218,550 **	147,480 ^{ns}	204,900 ^{ns}
Erro	10	24,860	91,670	162,610
Média		218,063	213,694	213,269
CV		2,286	4,481	6,129

^{ns} não significativo; *, ** Significativo, pelo teste de F, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.
Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 3 - Análise de variância individual, em nível de médias para a variável diâmetro médio dos colmos, em centímetros, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos na linha.

FV	GL	QM		
		Espaç 50 cm	Espaç 75 cm	Espaç 100 cm
Família	5	0,135 **	0,157 **	0,189 **
Repetição	2	0,004 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,005 ^{ns}
Erro	10	0,004	0,005	0,010
Média		2,153	2,176	2,336
CV		3,115	3,236	4,225

^{ns} não significativo; *, ** Significativo, pelo teste de F, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.
Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 4 - Análise de variância individual, em nível de médias para a variável peso de colmos por touceira, em quilogramas, em famílias de cana-de-açúcar nos três espaçamentos na linha.

FV	GL	QM		
		Espaç 50 cm	Espaç 75 cm	Espaç 100 cm
Família	5	0,711 ^{ns}	4,575 **	2,513 ^{ns}
Repetição	2	0,208 ^{ns}	1,642 ^{ns}	0,138 ^{ns}
Erro	10	0,459	0,471	1,416
Média		6,866	9,092	10,761
CV		9,864	7,544	11,060

^{ns} não significativo; *, ** Significativo, pelo teste de F, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.
Fonte: Do Autor (2017).

Os resultados das análises conjuntas por característica para os três espaçamentos entre plantas na linha, estão apresentados na tabela 5 e dos testes de agrupamento de médias Scott Knott nas Tabelas 6, 7, 8 e 9.

Pode-se notar que para todas as variáveis analisadas houve efeito significativo para as fontes de variações espaçamento e famílias, já para a interação famílias x espaçamentos apenas a variável altura apresentou diferença significativa (TABELA 5).

Tabela 5 - Análise de variância conjunta dos três espaçamentos na linha, em nível de médias para as variáveis número de colmos, altura de colmos, diâmetro de colmos e peso dos colmos nas touceiras em famílias de cana-de-açúcar.

FV	GL	QM			
		Nº de colmos	Altura (cm)	Diâmetro (cm)	Peso touceiras (Kg)
Espaçamento	2	67,081 **	453,750 *	0,179 **	68,751 **
Família	5	19,212 **	2418,790 **	0,463 **	5,949 **
Espaçamento x Família	10	0,908 ns	215,230 *	0,009 ns	0,926 ns
Repetição (Espaçamento)	6	1,565 ns	190,310 ns	0,004 ns	0,663 ns
Erro	30	0,674	93,050	0,006	0,782
Média		10,357	208,049	2,221	8,906
CV		9,610	6,129	4,226	11,060

^{ns} não significativo; *, ** Significativo, pelo teste de F, a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.
Fonte: Do Autor (2017).

Para a variável número de colmos, o espaçamento de 100 cm foi o único que apresentou três grupos distintos e apresentando as maiores médias das famílias, indicando ser o mais eficiente para diferenciar as famílias (TABELA 6); o mesmo acontecendo para altura dos colmos, porém para essa característica as maiores médias foram encontradas no espaçamento 50 cm (TABELA 7). No caso da variável diâmetro dos colmos os três espaçamentos apresentaram três grupos distintos, sendo que as maiores médias das famílias se encontram no espaçamento 100cm (TABELA 8). Quando avaliado o peso de touceiras, o espaçamento 50 cm não diferenciou as famílias nos grupos pelo teste de Scott Knott a 5%, enquanto nos espaçamentos 75 cm e 100 cm foram formados dois grupos distintos, sendo as maiores médias apresentadas no espaçamento 100 cm (TABELA 9). A partir desses resultados, podemos inferir que os espaçamentos que formam maior número de grupos distintos possibilitam ao melhorista discriminar melhor as famílias avaliadas.

Tabela 6 - Agrupamento das médias do número de colmos para as famílias de cana-de-açúcar considerando a análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas na linha, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Espaç 50 cm			Espaç 75 cm			Espaç 100 cm		
Família	Médias		Família	Médias		Família	Médias	
44	9,64	a C	44	12,66	a B	44	14,16	a A
57	9,17	a B	57	12,52	a A	57	13,44	a A
51	8,27	b C	51	11,06	b B	51	12,83	b A
49	7,73	b B	49	10,33	b A	66	11,81	b A
66	7,72	b C	66	10,01	b B	49	10,29	c A
Testemunha	6,68	b B	Testemunha	9,01	b A	Testemunha	9,09	c A

Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna e pela mesma letra maiúscula na linha constituem grupo estaticamente homogêneos pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$).

Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 7 - Agrupamento das médias de altura de colmos, para as famílias de cana-de-açúcar em centímetros, considerando a análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Espaç 50 cm			Espaç 75 cm			Espaç 100 cm		
Família	Médias		Família	Médias		Família	Médias	
49	234,15	a A	Testemunha	233,55	a A	49	235,39	a A
51	226,32	a A	49	233,52	a A	Testemunha	224,28	a A
Testemunha	223,89	a A	51	225,06	a A	51	210,56	b A
57	220,21	a A	44	200,86	b A	66	204,79	b A
66	205,38	b A	57	198,72	b B	57	191,42	c B
44	198,43	b A	66	190,46	b A	44	181,85	c B

Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna e pela mesma letra maiúscula na linha constituem grupo estaticamente homogêneos pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$).

Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 8 - Agrupamento das médias do diâmetro de colmos para as famílias de cana-de-açúcar, em centímetros, considerando análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Espaç 50 cm			Espaç 75 cm			Espaç 100 cm		
Família	Médias		Família	Médias		Família	Médias	
Testemunha	2,55	a B	Testemunha	2,58	a B	Testemunha	2,80	a A
66	2,22	b B	66	2,21	b B	49	2,38	b A
49	2,09	c B	51	2,21	b A	66	2,36	b A
51	2,07	c B	49	2,12	b B	51	2,22	c A
57	2,01	c B	44	2,00	c A	57	2,15	c A
44	1,98	c A	57	1,93	c B	44	2,11	c A

Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna e pela mesma letra maiúscula na linha constituem grupo estaticamente homogêneos pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$).

Fonte: Do Autor (2017).

Tabela 9 - Agrupamento das médias do peso de colmos nas touceiras para as famílias de cana-de-açúcar, em quilogramas, considerando análise conjunta para três diferentes espaçamentos entre plantas, realizado por meio do teste de Scott Knott a 5% de probabilidade.

Espaç 50 cm			Espaç 75 cm			Espaç 100 cm		
Família	Médias		Família	Médias		Família	Médias	
Testemunha	7,78	a B	Testemunha	11,14	a A	Testemunha	12,43	a A
57	6,91	a B	51	9,73	a A	51	10,96	b A
44	6,78	a B	44	8,99	b A	66	10,70	b A
51	6,77	a B	49	8,61	b B	49	10,55	b A
66	6,61	a B	57	8,58	b A	44	10,11	b A
49	6,35	a C	66	7,50	b B	57	9,81	b A

Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna e pela mesma letra maiúscula na linha constituem grupo estaticamente homogêneos pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$).

Fonte: Do Autor (2017).

Com base nos dados apresentados, observa-se que, havendo necessidade de efetuar a seleção separada para cada característica, o espaçamento ideal entre plantas na linha varia de acordo com a característica de interesse. Para número de colmos, o espaçamento 75 cm foi o que mais discriminou as famílias e para a altura dos colmos o melhor espaçamento foi de 50 cm. Já para diâmetro de colmos, os três espaçamentos se mostraram eficientes na discriminação, apresentando três grupos distintos no agrupamento. Considerando a variável peso dos colmos nas touceiras, que é estimado a partir das três variáveis citadas acima e é a base para a estimativa de produtividade em experimentos de cana-de-açúcar, conhecida por TCH (tonelada de cana por hectare), o espaçamento de 75 cm foi o único que apresentou três

grupos distintos pelo teste de Scott Knott, mostrando ser indicado para a avaliação das famílias com relação ao peso dos colmos.

Em estudo para comparar a eficiência de métodos de seleção em cana-de-açúcar, Sousa-Vieira e Milligan (2009), no estado de Louisiana EUA, trabalharam com dois espaçamentos: 41 e 82 cm entre plantas na linha e 180 cm entre linhas. Os autores concluíram que o espaçamento de 82 cm foi o mais eficiente na seleção para o peso de touceiras. Esse espaçamento se aproxima do indicado neste trabalho, que foi utilizar o espaçamento de 75 cm entre plantas na linha.

4.2 Estudo dos parâmetros por meio da reamostragem

Para determinar o tamanho ideal de amostra, em número de plantas por parcela, que represente a média e a variabilidade das famílias para as variáveis em estudos, utilizou-se o método de simulação por reamostragem. A partir dos resultados das análises, geraram-se os gráficos, os quais apresentam os comportamentos dos parâmetros estatísticos propostos para as variáveis número de colmos, altura média das plantas, diâmetro médio dos colmos e peso das touceiras, sempre comparados entre os espaçamentos entre plantas na linha de 50, 75 e 100 cm. Para tanto, são apresentados nas Figuras de 1 a 4, os parâmetros propostos em diferentes tamanhos de amostra, para cada característica avaliada.

Visando a facilitar a decisão sobre o tamanho mínimo da amostra para cada característica, foram estabelecidos os seguintes critérios para direcionar a interpretação dos gráficos obtidos: a) CV% deve estar abaixo de 10%, visto que estudos apresentados por Gomes (1985) preconizam que, em experimentos agrícolas, CVs abaixo de 10% são considerados baixos; b) Valor de probabilidade (p-value) estabelecido ao nível de significância de 5%. O mesmo se aplica para o valor do Teste F; c) Valor para repetibilidade deve estar acima de 80%. Segundo Resende (2002), esses valores podem ser considerados adequados para esse parâmetro; d) Valor para acurácia deve estar acima de 80%. Segundo Resende (2007), para processos seletivos em programas de melhoramentos de plantas, experimentos com valores acima de 70% são considerados de alta acurácia seletiva; e) Valor de coincidência de rank de famílias. Foi obtido a partir da comparação do rank das famílias em cada cenário da reamostragem (1 a 39 plantas), comparado ao rank das famílias na avaliação total da parcela (40 plantas). Esse valor foi considerado aceitável a partir de 90% de coincidência.

Os valores dos parâmetros CV, valor de probabilidade, valor de F calculado, rank das famílias, repetibilidade e acurácia, para variável número de colmos nos três espaçamentos utilizados estão apresentados na Figura 1.

Observa-se que, para o CV, o valor desejável abaixo de 10% foi atingido nas amostras a partir de 16 plantas para o espaçamento 75 cm, 31 plantas para o espaçamento 50 cm e para o espaçamento 100 cm esse valor só foi atingido com a amostra total de 40 plantas.

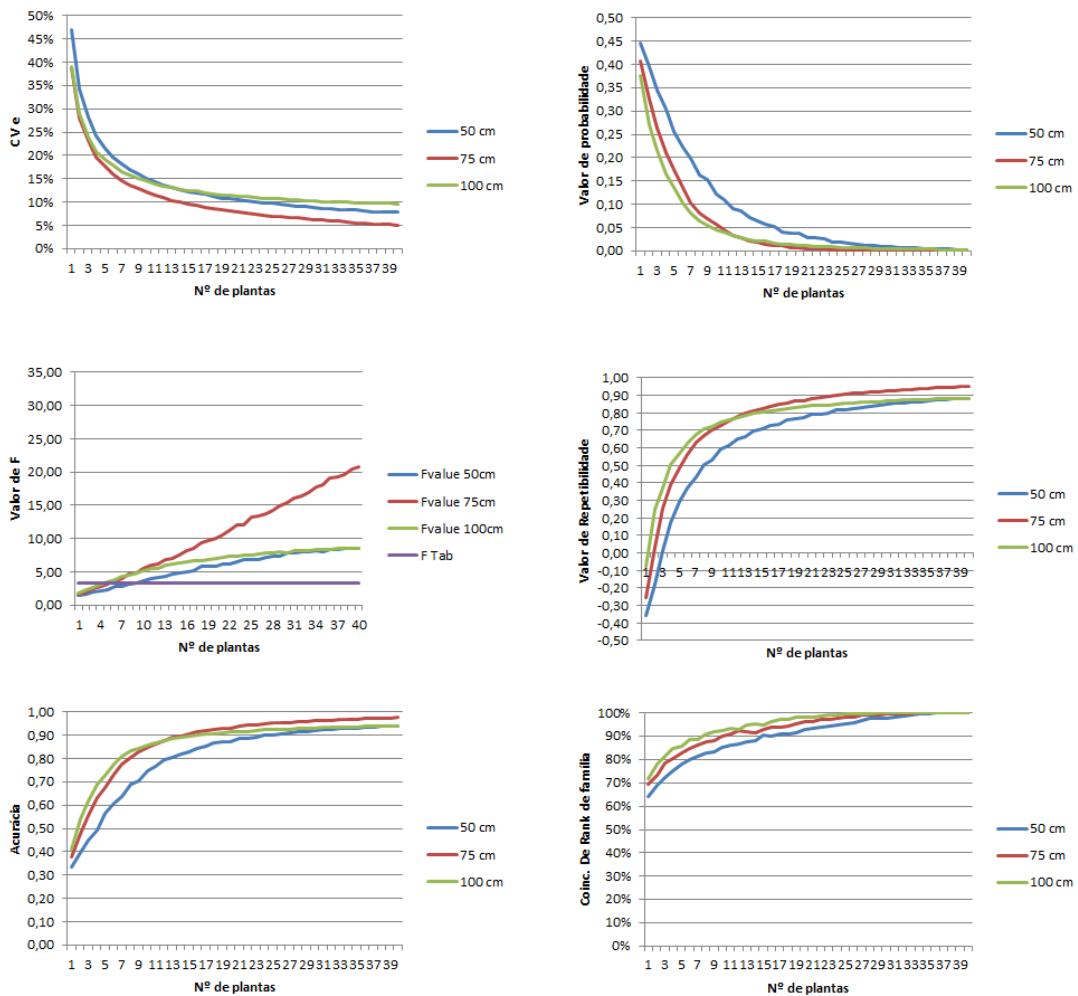
Para probabilidade, considerando um nível de significância de 5%, pode-se observar que amostras com 11 plantas, nos espaçamentos 75 e 100 cm, já apresentam valores nesse nível, e para o espaçamento 50 cm os valores foram atingidos a partir de 18 plantas.

O valor de F, considerando uma significância de 5%, apresentou valor acima do F tabelado, com amostras de seis plantas para os espaçamentos de 75 e 100 cm e a partir de nove plantas para o espaçamento de 50 cm.

Os valores de repetibilidade, considerando valores acima de 80%, são atingidos com amostras a partir de 14 plantas para os espaçamentos 75 e 100 cm e a partir de 23 plantas no espaçamento 50 cm. Para acurácia, também considerando valores acima de 80%, nos espaçamentos 75 e 100 cm esse valor é atingido com amostras a partir de 8 plantas e a partir de 13 plantas no espaçamento 50 cm.

Quando observadas, as porcentagens de coincidência de rank das famílias, pode-se verificar níveis de coincidência acima de 90%, iniciando com amostras a partir de oito plantas no espaçamento de 100 cm, seguido por amostras a partir de 10 plantas no espaçamento de 75 cm e 16 plantas no espaçamento 50 cm.

Figura 1 - Média de dados das mil reamostragens para os parâmetros CV, Probabilidade, Repetibilidade, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável l número de colmos.



Fonte: Do Autor (2017).

Os valores encontrados para os parâmetros CV, valor de probabilidade, valor de F calculado, rank das famílias, repetibilidade e acurácia, para a variável altura de plantas nos três espaçamentos utilizados estão apresentados na Figura 2.

Observa-se que, para o CV, o valor desejável abaixo de 10% foi atingido nas amostras a partir de quatro plantas para os três espaçamentos, seguindo em queda para as amostras com maior número de plantas, com destaque para o espaçamento 50 cm que atinge os menores níveis.

Para probabilidade, considerando um nível de significância de 5%, pode-se observar que amostras com seis plantas, já apresentam valores significativos nos três espaçamentos utilizados.

O valor de F, considerando uma significância de 5%, apresenta valores significativos com amostras a partir de quatro plantas para os três espaçamentos.

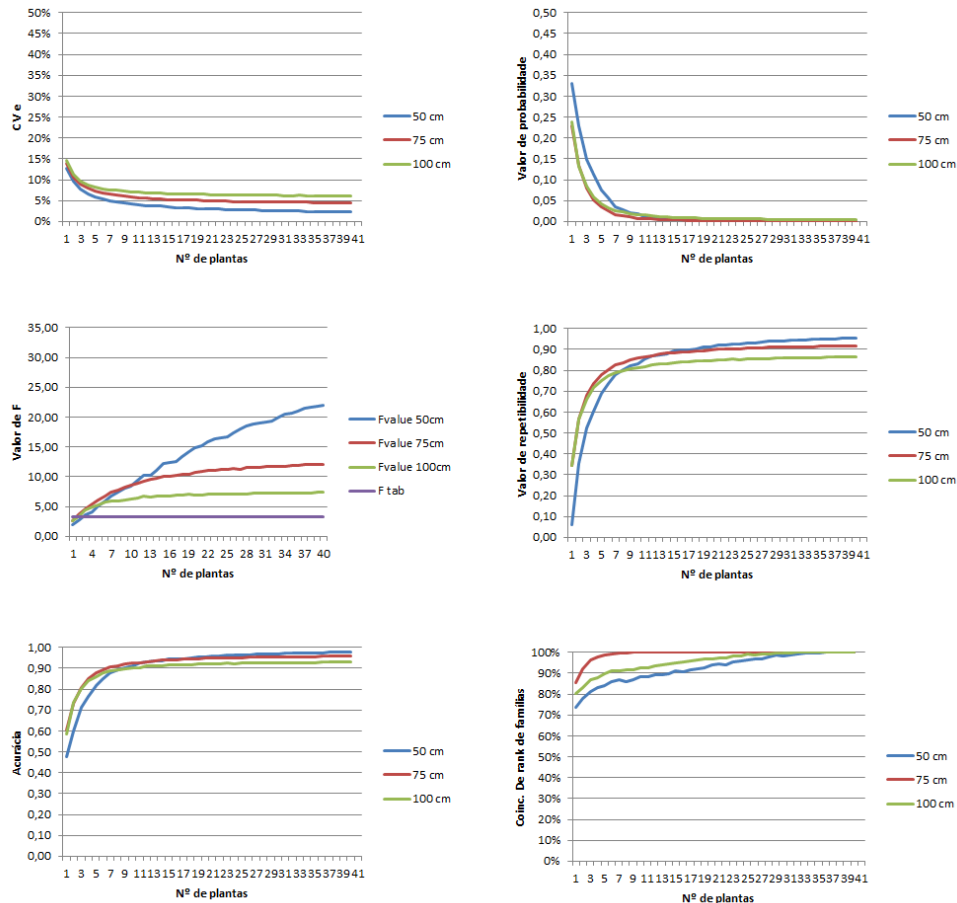
Os valores de repetibilidade, acima de 80%, são atingidos com amostras a partir de oito plantas nos três espaçamentos.

Para acurácia, valores acima de 80%, nos três espaçamentos são atingidos com amostras a partir de cinco plantas.

Quando observada a porcentagem de coincidência de rank das famílias, pode-se verificar que valores acima de 90% de coincidência são atingidos a partir de amostras de duas plantas para o espaçamento 75 cm, seguido por 06 plantas em 100 cm e 14 plantas nos 50 cm.

Com base nos resultados apresentados para a variável altura média dos colmos pode-se afirmar que o número mínimo de plantas amostradas, suficiente para indicar as melhores famílias é de 14 plantas para o espaçamento de 50 cm, apenas duas plantas para o espaçamento 75 cm e seis plantas para o espaçamento 100 cm.

Figura 2 - Média de dados de mil reamostragens para os parâmetros CV, Probabilidade, Repetibilidade, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável altura.



Fonte: Do Autor (2017).

Na Figura 3, estão apresentados os valores encontrados para os parâmetros CV, valor de probabilidade, valor de F calculado, rank das famílias, repetibilidade e acurácia, para a variável diâmetro de colmo nos três espaçamentos utilizados.

Observa-se que, para o CV, o valor desejável abaixo de 10% foi atingido nas amostras a partir de apenas 2 plantas para os três espaçamentos, seguindo com comportamento muito parecido para as amostras maiores.

Para probabilidade, considerando um nível de significância de 5%, pode-se observar que amostras a partir de duas plantas, já apresentam valores significativos nos três espaçamentos.

O valor de F, considerando uma significância de 5%, apresenta valores significativos com amostras a partir de duas plantas para os três espaçamentos, seguindo com aumento do valor, mediante aumento do número de plantas por amostras com destaque para os espaçamentos 50 e 75 cm.

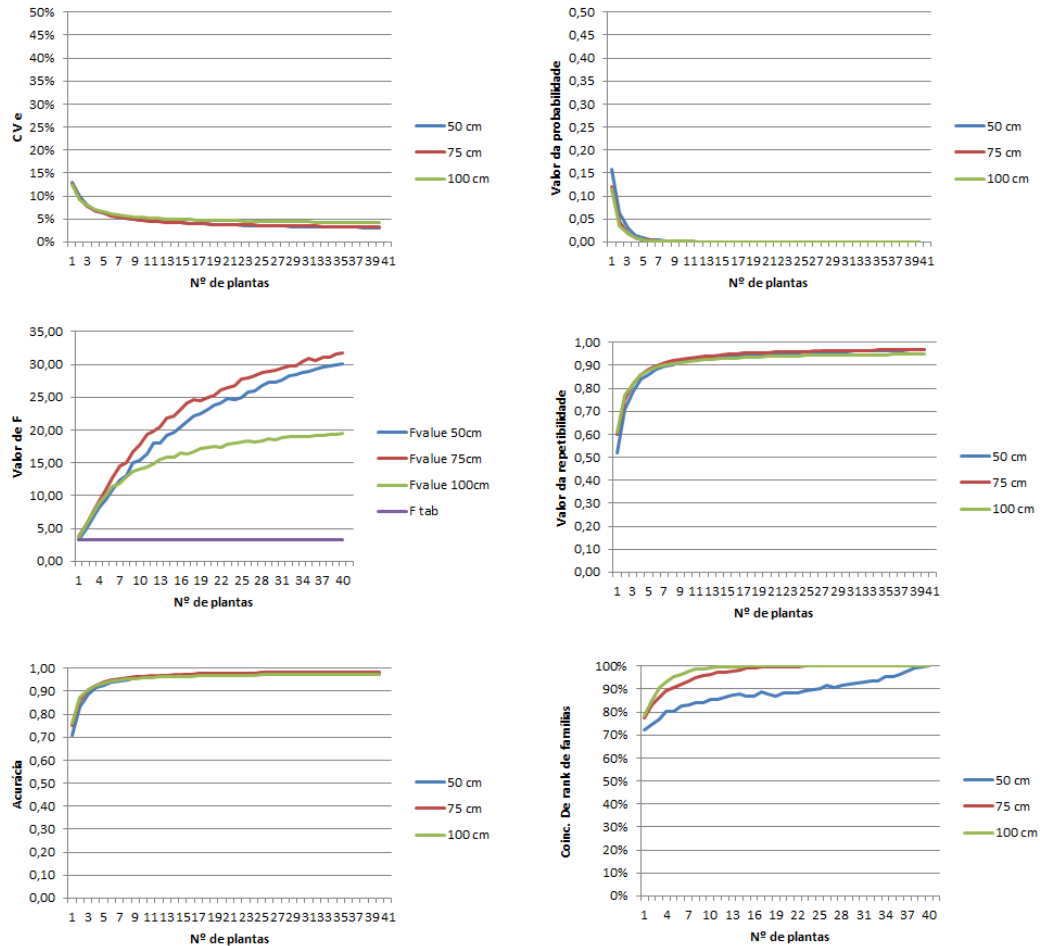
Os valores de repetibilidade, considerando valores acima de 90%, são mínimas as diferenças entre os espaçamentos, sendo o mesmo atingido já com amostras a partir de sete plantas.

Para acurácia, também considerando valores acima de 90%, nos três espaçamentos esse valor é atingido com amostras a partir de três plantas, com comportamento muito parecido para os três espaçamentos.

Quando observada a porcentagem de coincidência de rank das famílias, pode-se verificar que amostras a partir de três plantas no espaçamento 75 cm já apresentam valores acima de 90%, seguido por amostras de três plantas em 100 cm e 26 plantas em 50 cm.

Com base nos resultados apresentados para a variável diâmetro médio dos colmos, pode-se dizer que o número mínimo de plantas amostradas, suficiente para indicar as melhores famílias seria de 26 plantas para o espaçamento de 50 cm, apenas três plantas para o espaçamento 75 cm e três plantas para o espaçamento 100 cm.

Figura 3 - Média de dados de mil reamostragens para os parâmetros coeficiente de variação ambiental (CVe), Probabilidade, Repetibilidade, Acurácia, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável diâmetro médio dos colmos.



Fonte: Do Autor (2017).

Os valores dos parâmetros CV, valor de probabilidade, valor de F calculado, rank das famílias, repetibilidade e acurácia, para a variável peso de touceiras, nos três espaçamentos utilizados estão apresentados na Figura 4.

Observa-se que, para o CV, o valor desejável abaixo de 10% foi atingido nas amostras a partir de apenas 27 plantas no espaçamento 75 cm, sendo que no espaçamento 50 cm esse valor só foi atingido com amostra de 40 plantas e para 100 cm, mesmo com a amostra total das 40 o valor ficou acima do desejável com 11%.

Para probabilidade, considerando um nível de significância de 5%, pode-se observar que amostras a partir de 16 plantas, no espaçamento 75 cm já apresentam valores significativos, porém os espaçamentos de 50 e 100 cm não apresentaram valores significativos.

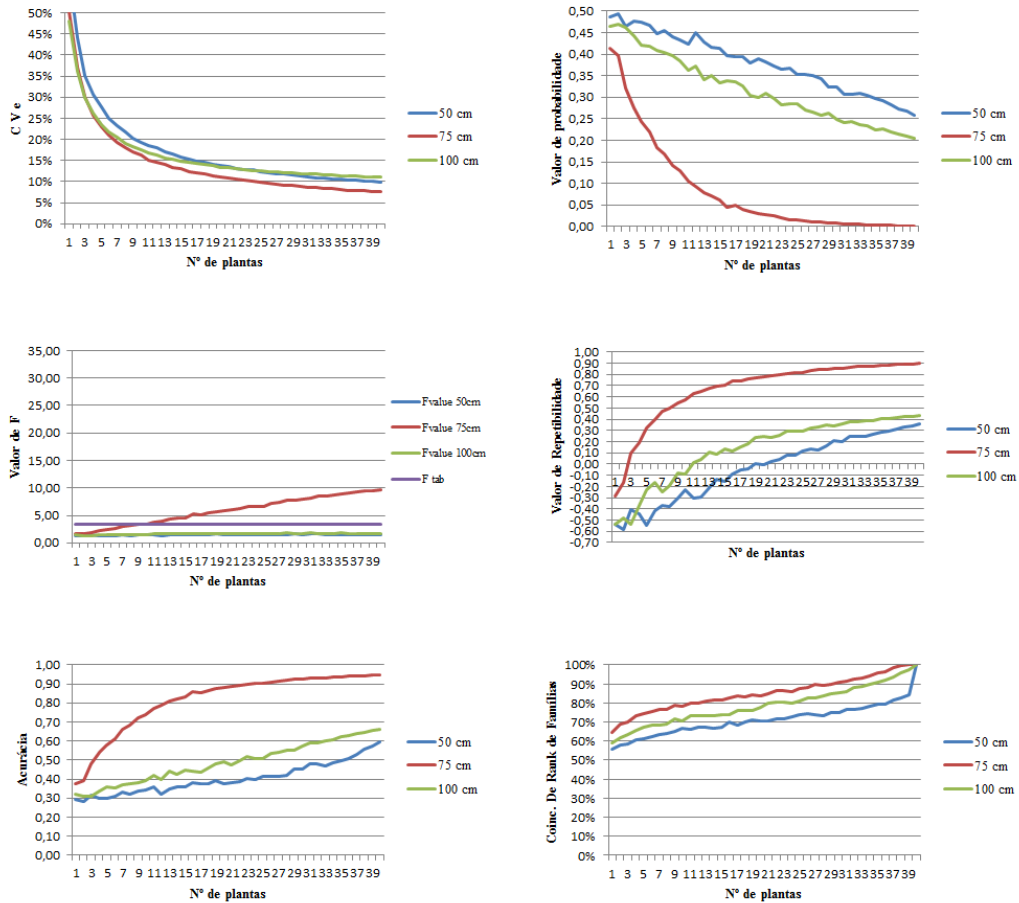
O valor de F, considerando uma significância de 5%, valores significativos foram observados no espaçamento 75 cm em amostras a partir de 11 plantas, já os espaçamentos de 50 e 100 cm não apresentaram valores significativos.

Os valores de repetibilidade, considerando valores acima de 80%, são atingidos no espaçamento 75 cm, com amostras a partir de 23 plantas, sendo que os espaçamentos 50 e 100 cm apresentaram valores muito baixos, mesmo nos cenários com número total de plantas.

Para acurácia, considerando valores acima de 90%, no espaçamento 75 cm, esse valor foi atingido com amostras a partir de 24 plantas, já para os espaçamentos 50 e 100 cm os ficaram abaixo do valor desejável, chegando ao máximo em 70% quando observados os cenários com número total de 40 plantas.

Quando observada a porcentagem de coincidência de rank das famílias, pode-se verificar que amostras a partir de 30 plantas no espaçamento 75 cm já apresentam valores acima de 90%, seguido por amostras de 35 plantas em 100 cm, já o espaçamento 50 cm não apresentou níveis de coincidência desejáveis.

Figura 4 - Média de dados de mil reamostragens para os parâmetros CV, Probabilidade, Repetibilidade, Valor de F e Coincidência de rank de famílias para cada tamanho de amostras (nº de plantas) para a variável peso de colmos nas touceiras.



Fonte: Do Autor (2017).

Com base nos resultados apresentados para a variável peso colmos nas touceiras, que é a mais importante, já que contempla todas as anteriores, e é por meio da mesma que se tem a indicação das famílias mais produtivas, pode-se dizer que o número mínimo de plantas amostradas, suficiente para indicar as melhores famílias seria de 30 plantas para o espaçamento de 75 cm, 35 plantas para o espaçamento 100 cm, considerando que os números de plantas indicados proporcionam valores de coincidência de rank de famílias acima de 90% e valores de acurácia acima de 90% para o espaçamento de 75 cm e acima de 70% para o espaçamento 100 cm. Já o espaçamento de 50 cm não apresentou resultados suficientes para se definir um número mínimo de plantas a serem amostradas. Leite, Peternelli e Barbosa (2006), trabalhando com famílias de cana-de-açúcar, no espaçamento de 50 cm entre plantas, avaliando teor de açúcar, diâmetro, altura, número de colmos e peso médio de touceiras de cana-de-açúcar, concluiu que uma amostra de 16 plantas por parcelas em 6 repetições seria suficiente para representar as famílias. Peternelli et al. (2012), em espaçamento de 50 cm,

também trabalhando com famílias de cana-de-açúcar, por meio de estimativa de peso de indivíduos, chegou à conclusão de que amostra de 30 plantas por parcela em três repetições é suficiente para indicar as melhores famílias.

De posse de todos os resultados, considerando a acurácia seletiva como parâmetro direcionador da decisão, os maiores valores obtidos considerando número de colmos e peso de colmos nas touceiras foram encontrados no espaçamento 75 cm. Confrontando os resultados da reamostragem com os obtidos nas análises conjuntas para os três espaçamentos, o espaçamento 75 cm foi o que apresentou maior poder de discriminação entre as famílias, indicando ser esse espaçamento o mais eficiente para a avaliação de famílias de cana-de-açúcar para fins de seleção.

5 CONCLUSÕES

Os espaçamentos de 75 cm e 100 cm considerando o teste de médias, foram os que melhor discriminaram as famílias para peso de touceira, variável de fundamental importância para indicar as famílias mais produtivas.

O método de reamostragem utilizado foi eficiente para determinar o número mínimo ideal de amostra.

Considerando os resultados de reamostragem, no espaçamento 75 cm uma amostra de 30 plantas, por repetição, considerando três repetições é suficiente para determinar as melhores famílias para seleção.

Os menores tamanhos da amostra para representar uma variável, foram encontrados para número de colmos e altura média dos colmos, indicando menor variabilidade fenotípica entre plantas, comparada as outras características avaliadas.

REFERÊNCIAS

- ARIZONO, H.; GARCIA, A. A. F.; MATSUOKA, S. Melhoramento da cana-de- açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005. p. 225-274.
- BARBOSA, M. H. P.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I. da. Plot size in sugarcane family selection experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, p. 271-276, 2001.
- BARBOSA, M. H. P.; SILVEIRA, L. C. I. Melhoramento genético e recomendação de cultivares. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Ed.). **Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e álcool: tecnologias e perspectivas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2010. p. 313-331.
- BORÉM, A.; SILVA, J. A. da; DIOLA, V. Biologia molecular e biotecnologia. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Ed.). **Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e álcool: tecnologias e perspectivas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2010. p. 334-355.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro nacional de cultivares**. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php?>. Acesso em: 10 mar. 2017.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento)-Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2001.
- CAIEIRO, J. T. et al. Physical purity and germination of sugarcane seeds (Caryopses) (*Saccharum* spp.). **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 32, n. 2, p. 140-145, jun. 2010.
- CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Tamanho de amostra de caracteres de genótipos de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 4, p. 983-991, jul. 2009.
- CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília, DF: EMBRAPA Informações Tecnológicas, 2004. 307 p.
- CHANG, Y. S.; MILLIGAN, S. B. Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, p. 662-671, 1992.
- CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A. et al. Sugarcane (*Sacharum X officinarum*): a reference study for the regulation of genetically modified cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, New York, v. 4, n. 1, p. 62-89, 2011.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira: terceiro levantamento safras 2016/2017**. Brasília, DF, 2017. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 10 mar. 2017.

- COSTA, B. P.; AQUINO, A. C. de. Importância das aulas práticas em disciplinas teóricas de tecnologia de alimentos. **Encontros Universitários da UFC**, Fortaleza, v. 1, n. 1, p. 2853, 2016.
- COSTA, M. C. G. et al. Distribuição radicular, estado nutricional e produção de colmos e de açúcar em soqueiras de dois cultivares de cana-de-açúcar em solos distintos. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, MG, v. 31, n. 6, p. 1503-1514, 2007.
- COX, M. C. et al. Family selection improves the efficiency and effectiveness of sugar cane improvement program. In: WILSON, J. R. et al. (Ed.). **Sugar cane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Divison of Tropical Crops and Pasture, 1996. p. 42-43.
- DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and evolution. In: HEINZ, D. J. (Ed.). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 7-84.
- DIAS, K. O. das G. et al. Tamanho de parcela e efeito de bordadura no melhoramento de *Urochloa ruziziensis*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 48, n. 11, p. 1426-1431, nov. 2014.
- DIAS, L. A. dos S. Biofuel plant species and the contribution of genetic improvement. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 11, p. 16-26, 2011.
- DINARDO-MIRANDA, D. L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônômico, 2008.
- FERREIRA, F. M. et al. Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 605-610, 2007.
- FONSECA, J. S.; MARTINS, G. A. **Curso de estatística**. 5. ed. São Paulo: Atlas, 1995.
- GOMES, F. P. **Experimental statistics course**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1985.
- HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugarcane: II., correlations and predicted responses to selection. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v. 22, p. 103-109, 1971.
- IHAKA, R.; GENTLEMAN, R. R: a language for data analysis and graphics. **Journal of Computational and Graphical Statistics**, Alexandria, v. 5, n. 3, p. 299-314, 1996.
- IRVINE, J. E.; BENDA, G. T. A. Sugarcane spacing II: effects of spacing on the plant. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 17., 1980, Manila. **Proceedings...** Manila: ISSCT, 1980. p. 357-367.
- ISMAEL, F. M. et al. Improving cane productivity with dual row planting in Mauritius. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 26., 2007, Quatre Bornes. **Proceedings...** Quatre Bornes, 2007. p. 220-228.

KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **American Society of Sugar Cane Technologists**, Baton Rouge, v. 23, p. 20-39, 2003.

LANDELL, M. G. de A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L. et al. (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo & Fundação, 2008. p. 101-155.

LANDELL, M. G. de A. et al. **Sistema de multiplicação de cana-de-açúcar com uso de mudas pré-brotadas (MPB), oriundas de gemas individualizadas**. Ribeirão Preto: Instituto Agrônomo de Campinas, 2012.

LEITE, M. S. O.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Effects of plot size on the estimation of genetic parameters in sugarcane families. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 6, p. 40-46, 2006.

MARIOTTI, J. A. et al. Análisis del comportamiento familiar en progenies híbridas de caña de azúcar. **Revista Industrial y Agrícola de Tucumán**, Tucumán, v. 58, n. 2, p. 1-14, 1981.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2005. p. 205-251.

MCRAE, T. A. et al. Selection of sugarcane seedling families in the Burdekin district. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 20., 1993, Gold Coast. **Proceedings...** Gold Coast, 1993. v. 1.

MENDES, M. H. S. et al. Experimental strategies for clonal eucalyptus. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 63, n. 1/2, p. 32-38, 2014.

MORAIS, L. K. de et al. **Melhoramento genético de cana-de-açúcar**. Aracaju: EMBRAPA Tabuleiros Costeiros, 2015. 38 p. (Documentos, 200).

MOZAMBANI, A. E. et al. História e morfologia da cana-de-açúcar. In: SEGATO, S. V. et al. (Coord.). **Atualização em cana-de-açúcar**. Piracicaba: Livroceres, 2006. p. 11-18.

MURARO, G. B.; ROSSI JUNIOR, P.; SCHOGOR, A. L. B. Produção de biomassa de cana-de-açúcar em dois espaçamentos e duas frequências de cortes. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 1, p. 131-136, jan./fev. 2011.

NASS, L. L. et al. Pré-melhoramento de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. (Org.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2008. p. 683-716.

PARANHOS, S. B. **Espaçamento e densidades de plantio em cana-de-açúcar**. 1972. 109 p. Tese (Doutorado em Agronomia)-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1972.

- PEIXOTO, T. C.; RICCI JÚNIOR, A. Amostra mínima representativa para caracterização da variabilidade expressa na descendência de progenitores de cana-de-açúcar. **Boletim Técnico Copersucar**, Piracicaba, n. 28, p. 27-30, 1984.
- PETERNELLI, L. A. et al. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 1, p. 38-44, jan. 2012.
- PIPERIDIS, N.; PIPERIDIS, G.; D'HONT, A. Molecular cytogenetics. In: HENRY, R. J.; KOLE, C. (Ed.). **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. New York: Science, 2010. p. 9-18.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: EMBRAPA Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. **Genômica quantitativa e seleção no melhoramento de plantas perenes e animais**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2008. 330 p.
- RESENDE, M. D. V. **Seleção-Reml/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: EMBRAPA Florestas, 2007.
- SEGATO, S. V.; MATTIUZ, C. F. M.; MOZAMBANI, A. E. Aspectos fenológicos da cana-de-açúcar. In: SEGATO, S. V. et al. (Coord.). **Atualização em cana-de-açúcar**. Piracicaba: Livrocere, 2006. p. 19-36.
- SILVA, A. R. da; RÊGO, E. R. do; CECON, P. R. Tamanho de amostra para caracterização morfológica de frutos de pimenteira. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 29, n. 1, p. 125-129, 2011.
- SILVA, F. L. et al. Análise de trilha para os componentes de produção de cana-de-açúcar via Blup. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 56, n. 3, p. 308-314, 2009.
- SILVA, J. W. da. **Emprego da simulação na escolha do número de indivíduos no método "bulk" no melhoramento de plantas autógamas**. 2009. 59 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.
- SILVA, M. de A. et al. Fenologia da cana-de-açúcar. In: CRUSCIOL, C. A. C. et al. (Coord.). **Tópicos em ecofisiologia da cana-de-açúcar**. Botucatu: FEPAF, 2010. p. 93-102.
- SINGELS, A.; SMIT, M. A. Sugarcane response to row spacing-induced competition for light. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 113, p. 149-155, 2009.
- SOUSA-VIEIRA, D.; MILLIGAN, S. B. Efecto de la distancia entre plantas en la eficiencia en la selección de familias de caña de azúcar: índices de selección. **Interciencia**, Caracas, v. 34, n. 12, p. 893-896, 2009.
- TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 3. ed. Porto Alegre: Artmed, 2004. 719 p.
- WU, K. K. et al. Minimum sample size for estimating progeny mean and variance. **Crop Science**, Madison, v. 18, n. 1, p. 57-62, 1978.

WU, K. K. et al. Selection studies in sugar cane (*Saccharum* spp. hybrids): III., a method to determine sample size for the estimation of population variance. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 51, p. 29-33, 1977.