



THIAGO TAVARES BOTELHO

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SORGO
SACARINO COM BASE EM MÚLTIPLOS CARACTERES**

**LAVRAS-MG
2019**

THIAGO TAVARES BOTELHO

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SORGO SACARINO COM
BASE EM MÚLTIPLOS CARACTERES**

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

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Rafael Augusto da Costa Parrella
Coorientador

**LAVRAS-MG
2019**

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

Botelho, Thiago Tavares.

Estratégias para seleção de progênies de sorgo sacarino com
base em múltiplos caracteres / Thiago Tavares Botelho. - 2019.
59 p. : il.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientador(a): Rafael Augusto da Costa Parrella.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2019.

Bibliografia.

1. Sorghum bicolor (L) Moench. 2. Índice de seleção. 3. BLUP
multivariado. I. Nunes, José Airton Rodrigues. II. Parrella, Rafael
Augusto da Costa. III. Título.

THIAGO TAVARES BOTELHO

**ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SORGO SACARINO COM
BASE EM MÚLTIPLOS CARACTERES**

**STRATEGIES FOR PROGENY SELECTION IN SWEET SORGHUM BASED ON
MULTIPLE TRAITS**

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

APROVADA em 25 de fevereiro de 2019.

Dr. Cícero Beserra de Menezes EMBRAPA

Dr. Samuel Pereira de Carvalho UFLA

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Dr. Rafael Augusto da Costa Parrella
Coorientador

**LAVRAS–MG
2019**

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre estar presente em minha vida, me dando forças para seguir a minha caminhada.

À Universidade Federal de Lavras, especialmente ao Departamento de Biologia, pela oportunidade.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de mestrado. À CAPES e à FAPEMIG.

Aos meus pais, Maria de Lourdes e José Fábio, que são os maiores exemplos de vida que eu pude ter. Sempre me incentivando a estudar e fazer o que é certo. Ao meu irmão Pedro, por todo o companheirismo.

À Rafaela, por todo amor, carinho e paciência, e pela ajuda e apoio que sempre me deu.

A todos os funcionários do Departamento de Biologia – DBI.

Agradeço ao Prof. José Airton Rodrigues Nunes, pela orientação, paciência e dedicação, que foram de grande relevância para a realização desse trabalho.

Agradeço ao coorientador Rafael Parrella e à Embrapa Milho e Sorgo, pela ajuda e parceria.

A todos os colegas e amigos de GEN, pela amizade e momentos de diversão.

A todo o grupo de pesquisa em sorgo, pela convivência e companheirismo.

A todos que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

O sorgo sacarino é uma cultura bioenergética que possui colmos com elevados teores de açúcares, similar à cana-de-açúcar. Estudos de associação, demonstram que vários caracteres agroindustriais comumente mensurados nos ensaios de avaliação de genótipos, têm elevada correlação com o caráter-alvo de melhoramento que é rendimento de etanol de 1ª geração, a exemplo da produção em toneladas de brix por hectare (TBH). Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a acurácia da predição, usando a abordagem de modelos mistos univariada e multivariada, e comparar os ganhos genéticos por diferentes estratégias de seleção multicares de progênies. Foram selecionadas 196 progênies de meios-irmãos, oriundas da população base do ciclo zero, do programa de seleção recorrente intrapopulacional de sorgo sacarino da Embrapa Milho e Sorgo, visando o aumento do rendimento de açúcares. Os experimentos foram realizados em dois ambientes no delineamento experimental látice 14 x 14, sendo medidos os caracteres dias para o florescimento (FLOR), altura da planta (AP), produção de massa verde (PMV), teor de sólidos solúveis totais (SST) e toneladas de brix por hectare (TBH). Foram realizadas as análises via abordagem de modelos mistos univariada e multivariada e, posteriormente, foram adotadas quatro estratégias de seleção das progênies: seleção direta com base no TBH; índice FAI/BLUP; índice de Mulamba e Mock e; índice aditivo. Foi observada variância genética significativa para todos os caracteres em cada ambiente e na análise conjunta, para quase todos, com exceção do SST. A análise multivariada proporcionou estimativas de parâmetros genéticos e predições dos valores genéticos das progênies mais acuradas em relação a univariada, além de resultar em estimativas de ganhos superiores para todos os caracteres. A seleção direta para o caráter TBH e o índice FAI/BLUP resultaram em estimativas de ganhos genéticos equilibrados, tanto na abordagem univariada como na multivariada, possibilitando a identificação de progênies que associam elevado desempenho agroindustrial

Palavras chave: *Sorghum bicolor* (L.) Moench. Índice de seleção. BLUP multivariado. Acurácia

ABSTRACT

Sweet sorghum is a bioenergy crop that presents stalks rich in sugar content, similar to sugar cane. Correlation studies have shown several agroindustrial traits commonly assessed in the genotype evaluation trials are highly correlated with the breeding target trait 1st generation-ethanol yield, such as the production in tons of brix per hectare (TBH). In this way, the aim of this work was to evaluate the prediction accuracy using the univariate and multivariate mixed model approaches and compare the genetic gains by different strategies of progeny multi-trait selection. We selected 196 half-sib progenies from the zero-cycle base population of the intrapopulation recurrent selection program of Embrapa Maize and Sorghum aiming to increase sugar yield in sweet sorghum. The experiments were carried out in two environments in the 14 x 14 lattice experimental design. The traits measured were flowering time (FLOW), plant height (PH), green mass production (GMP), total soluble solids content (TSS) and tons of brix per hectare (TBH). We analyzed the data using a univariate and multivariate mixed model approaches, and four progeny selection strategies: direct selection based on TBH, FAI / BLUP index, Mulamba and Mock index, and additive index. Significant genetic variance was observed for all traits in each environment, and in the joint analysis for almost all, except TSS. The multivariate approach provided estimates of genetic parameters and predictions of the progeny genetic values more accurate and greater genetic gains for all traits than the univariate approach. The selection for TBH and the FAI/BLUP index resulted in balanced genetic gains estimates for the traits in both the univariate and multivariate approaches, allowing the identification of progenies that associate high agroindustrial performance.

Key words: *Sorghum bicolor* (L.) Moench. Selection index. Multivariate BLUP. Accuracy.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação gráfica do ganho genético estimado com a seleção (%) dos caracteres agroindustriais avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra de 2016/2017 obtidos pelos índices de seleção aplicados com base na análise univariada (UNI) e multivariada (MULTI).	42
--	----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Estimativas da variância entre progênes (σg^2), variância do erro (σe^2), média (Y), herdabilidade na média das progênes (h^2) e acurácia seletiva (rgg) para os caracteres agroindustriais avaliados em Lavras na safra 2016/2017 via abordagem univariada (UNI) e multivariada (MULTI).....	36
Tabela 2 -Estimativas da variância entre progênes (σg^2), variância do erro (σe^2), média (Y), herdabilidade individual (h^2) e acurácia seletiva (rgg) para os caracteres agroindustriais avaliados em Sete Lagoas na safra 2016/2017 via abordagem univariada (UNI) e multivariada (MULTI).....	37
Tabela 3 -Estimativas da variância genética entre progênes (σg^2), variância da interação progênes x locais (σi^2), variância do erro (σe^2), herdabilidade na médias de progênes (h^2), acurácia seletiva (rgg) e correlação das progênes através dos locais (rB) para os caracteres agroindustriais avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017 via abordagem univariada (UNI) e multivariada (MULTI).....	39
Tabela 4 -Estimativas do coeficiente de correlação genética (acima da diagonal) e residual (abaixo da diagonal) via análise multivariada para os caracteres avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017.....	40

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	A cultura do sorgo sacarino	12
2.2	Seleção recorrente na cultura do sorgo sacarino	13
2.3	Emprego de modelos mistos na seleção de progênies em culturas anuais	18
2.4	Seleção para múltiplos caracteres em sorgo sacarino	22
2.5	Estratégias para seleção de genótipos superiores	24
3	MATERIAL E MÉTODOS	27
3.1	Locais de condução dos experimentos	27
3.2	Obtenção e avaliação das progênies	27
3.3	Caracteres mensurados	29
3.4	Análise estatístico-genética.....	30
3.5	Estratégias de seleção	32
4	RESULTADOS	35
5	DISCUSSÃO	43
6	CONCLUSÕES	50
	REFERÊNCIAS	51

1 INTRODUÇÃO

A demanda mundial por fontes energéticas renováveis, a exemplo dos biocombustíveis, tem-se acentuado. O uso destas fontes renováveis tem por finalidade a redução das emissões de gases causadores do efeito estufa, originados da utilização de combustíveis fósseis (PARRELLA et al., 2016). Além disso, tem-se uma grande preocupação com o esgotamento das fontes de energia não renováveis, como petróleo, gás natural e carvão.

No tocante aos biocombustíveis, o Brasil se destaca com a cadeia produtiva do etanol, cuja matéria-prima base é a cana-de-açúcar. Contudo, no intuito de fortalecer esta cadeia, especialmente no que concerne ao preenchimento da janela aberta na entressafra da cana-de-açúcar, torna-se necessário que outras culturas bioenergéticas sejam buscadas, maximizando o uso de recursos e contribuindo para uma agricultura de baixo carbono e de maior eficiência nos processos agrícolas e industriais. Neste contexto, o sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] surge como uma cultura alternativa complementar, e que apresenta características favoráveis à sua exploração, como a elevada produção de massa verde, porte alto e colmos suculentos, com elevados teores de açúcares fermentáveis no caldo. É uma cultura que vem chamando atenção pelo seu grande potencial energético voltado para a produção de etanol (ALMODARES; HADI, 2009; PARRELLA, 2011; RATNAVATHI et al., 2011; REGASSA; WORTMANN, 2014).

No Brasil e no mundo, instituições têm investido tempo e recursos em programas de melhoramento de sorgo sacarino com o objetivo de obter genótipos com maior rendimento de etanol. Esta característica, por sua vez, está diretamente correlacionada a outros caracteres, como os teores de açúcares fermentáveis no caldo, produção de massa verde, florescimento etc (LEITE et al., 2017; LOMBARDI et al., 2015). O melhoramento genético visando a obtenção de cultivares de sorgo sacarino, com alta produção de etanol, pode ter sua eficiência incrementada mediante o emprego da seleção recorrente.

Atentos a isso, os pesquisadores da Embrapa Milho e Sorgo, iniciaram um programa de seleção recorrente visando aumento do teor de açúcar no caldo na cultura do sorgo sacarino. Para a escolha da população base, foi levada em consideração a presença de caldo nos colmos e o teor de sólidos solúveis totais no caldo. Na realização dos cruzamentos, uma fonte de macho-esterilidade foi utilizada. Por fim, o progresso genético obtido com apenas um ciclo de seleção

foi positivo para vários caracteres, sendo que para o caráter toneladas de brix por hectare, o ganho foi de 8,65% (LEITE, 2018).

No que concerne à seleção, uma questão sempre em voga é acerca da estratégia de seleção multicares a ser adotada, uma vez que o ideótipo envolve uma série de características de interesse. Para sorgo sacarino, o ideótipo consiste em uma produtividade mínima de biomassa de 60 t ha⁻¹, extração mínima de açúcar total de 80 kg t⁻¹ de biomassa, conteúdo mínimo de açúcar total no caldo de 12,5%, produção mínima de etanol de 60 L t⁻¹ de biomassa e período de utilização industrial mínimo de 30 dias (PARRELLA, 2011; BORÉM et al., 2013). Para proceder a seleção baseada em um conjunto de caracteres, vários procedimentos estatísticos têm sido sugeridos. O emprego de índices de seleção é um dos mais frequentes, por funcionar como um caráter adicional, resultante da combinação dos caracteres alvo de melhoramento. Dentre os vários presentes na literatura destaca-se o índice de Mulamba e Mock (1978), o índice aditivo (RESENDE, 2007b) e o índice FAI/BLUP (ROCHA et al., 2017). Todavia, os melhoristas têm geralmente calculado estes índices a partir de abordagens de análise univariada. Logo, essa seleção pode ter sua eficiência incrementada, usando a abordagem de modelos mistos multivariada, por levar em conta no processo de estimação e/ou predição, as covariâncias existentes entre os caracteres. Diante do exposto, os objetivos desse trabalho foram avaliar a acurácia da predição usando a abordagem de modelos mistos univariada e multivariada, e proceder a comparação dos ganhos genéticos por diferentes estratégias de seleção de progênies de sorgo sacarino.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cultura do sorgo sacarino

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L). Moench] é uma espécie pertencente ao Reino Plantae; Divisão Magnoliophyta (Angiospermas); Classe Liliopsida (Monocotiledônea); Ordem Poales; Família Poaceae (Gramíneas), gênero *Sorghum* (SANTOS et al., 2005). Sua domesticação, segundo registros arqueológicos, aconteceu por volta de 3000 a.C, ao tempo em que a prática da domesticação e cultivo de outros cereais era introduzida no Egito Antigo, a partir da Etiópia. Sua introdução no continente americano ocorreu pelo Caribe, trazido por escravos africanos e, posteriormente, foi introduzido no sudoeste dos Estados Unidos (RIBAS, 2000). Neste último, a primeira lavoura de sorgo plantada de que se tem notícia data de 1853, por William R. Prince, de Nova Iorque, e quatro anos mais tarde, em 1857, o Departamento de Agricultura lançou o que pode ter sido a primeira cultivar comercial ‘moderna’ de sorgo do mundo, fruto já da manipulação genética promovida pelo homem (RIBAS, 2003).

Agronomicamente, o sorgo é uma espécie muito versátil, abrangendo diversos segmentos do mercado agrícola mundial. Este pode ser classificado em cinco tipos, sendo eles: i) sorgo granífero, cujo produto principal é seu grão, utilizado na alimentação humana e animal; ii) sorgo forrageiro, utilizado para pastejo animal e silagem; iii) sorgo vassoura, cujo produto principal é sua panícula, utilizada para produção de vassouras; iv) sorgo biomassa, cuja função é a produção de biomassa e; v) sorgo sacarino que possui alto teor de açúcares fermentáveis sendo utilizado para produção de etanol e como fonte de energia (RIBAS, 2003; BORÉM et al., 2014).

O sorgo sacarino apresenta uma série de vantagens que caracterizam seu potencial para produção de etanol, tais como, ciclo rápido (variando de 90 a 120 dias), plantio totalmente mecanizável (plantio por sementes), alta produtividade de biomassa (60 a 80 t.ha⁻¹), tolerância a períodos de seca e altas temperaturas, colmos com capacidade de armazenar açúcares fermentáveis, responsivo a melhoria das condições ambientais, tratos culturais e colheita mecanizada, e possibilidade de cultivo em qualquer região do país, pois tem fácil adaptação a climas variados (PARRELLA, 2011).

Ao lado da cana-de-açúcar, que é tradicionalmente empregada na produção de etanol, o sorgo sacarino apresenta-se como uma ótima opção sob o ponto de vista agrônômico e

industrial. O processamento industrial é realizado de forma similar ao da cana-de-açúcar, sendo necessários pequenos ajustes operacionais, como no processo de extração, moagem e clarificação de caldo (PARRELLA, 2011). Assim como a cana, a cultura do sorgo também oferece uma quantidade de resíduo fibroso (bagaço) que é utilizado para gerar o vapor necessário para operação industrial (ALMODARES; HADI, 2009), uma vez que o bagaço do sorgo sacarino apresenta poder calorífico equivalente ao bagaço de cana, sendo bastante eficiente na cogeração de energia (MAY, 2013). Associado a esses fatores, o uso do sorgo sacarino também ajuda a diminuir a ociosidade da indústria sucroalcooleira durante o período de entressafra da cana-de-açúcar e, conseqüentemente, contribui para a diluição dos custos fixos da usina.

2.2 Seleção recorrente na cultura do sorgo sacarino

Um dos pilares para o sucesso do sistema de produção de etanol de sorgo sacarino, consiste no desenvolvimento de matéria-prima de qualidade. O desenvolvimento de genótipos que atendam às características tecnológicas e agronômicas demandadas pelo mercado, é o papel fundamental de um programa de melhoramento genético, no caso, cultivares ou híbridos com boa produtividade e qualidade de caldo para produção de etanol. Além disso, os materiais precisam ser estáveis nos diferentes ambientes e apresentar uma boa resposta frente a melhoria das condições ambientais (PARRELLA, 2011; REDDY et al., 2011).

Atualmente, centros de pesquisa nacionais e internacionais trabalham com esta cultura. Instituições como University of Nebraska–Lincoln e Texas A&M University nos Estados Unidos e Indian Institute of Millets Research na Índia, possuem fortes programas de melhoramento. No Brasil, a Embrapa tem dedicado esforços para com essa cultura, tendo desenvolvido trabalhos na área de fitotecnia, entomologia, fitopatologia, melhoramento genético etc. Em geral, os programas de melhoramento com sorgo sacarino têm por objetivo o desenvolvimento de cultivares com alta produção de biomassa fresca, com alto teor de açúcar no caldo e que contribuam para produção de etanol (PARRELLA et al., 2016).

Sabe-se que muitos caracteres agronômicos e industriais estão relacionados à produção de etanol, sendo assim, é necessário determinar a herança dessas características, bem como as proporções que podem ser atribuídas a fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos, a fim de auxiliar os melhoristas a estabelecer as melhores estratégias de condução do programa de melhoramento com a cultura (LOMBARDI et al., 2015).

Makanda et al. (2009a) realizaram um estudo em condições tropicais no continente Africano, com 64 híbridos provenientes de cruzamentos dialélicos. Como conclusão, o estudo demonstrou que genes de efeitos aditivos e não aditivos, governam a expressão das características sólidos solúveis totais, florescimento, altura de planta e produção de biomassa. Resultados semelhantes foram encontrados por Sandeep et al. (2010) para produção de etanol e Bunphan et al. (2015) para produção de biomassa e rendimento de caldo.

Em um estudo realizado por Indhubala et al. (2010), com o intuito de estimar a capacidade de combinação de híbridos, foi observado um papel predominante de ação gênica não aditiva para altura de plantas, florescimento, produção de biomassa, rendimento de caldo e teor de sólidos solúveis totais. Resultados similares foram encontrados por Vinaykumar et al. (2011) para altura de plantas, produção de biomassa e rendimento de caldo, e por Bunphan et al. (2015) para rendimento de açúcares.

Em contrapartida, Umakanth et al. (2012) e Bahadure et al. (2015), avaliando 16 e 30 híbridos de sorgo sacarino, respectivamente, observaram um predomínio de ação gênica aditiva para teor de sólidos solúveis totais, e produção de etanol. Audilakshmi et al. (2010), em estudos com as gerações F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 provenientes do cruzamento de três linhagens, concluíram que a concentração de açúcar nos colmos é controlada por genes dominantes e alguns caracteres que são associados à produção de etanol, como produtividade de colmos e altura de plantas, são governadas por genes com ação de dominância.

Na sua grande maioria, os estudos realizados com a cultura do sorgo sacarino têm demonstrado a presença de genes com ação aditiva e não aditiva controlando caracteres que têm influência direta na produção de etanol. Sendo assim, de posse do conhecimento acerca do controle genético da característica, os melhoristas têm a possibilidade de determinar a melhor estratégia a ser adotada nos programas de melhoramento.

Quando se trabalha com um caráter controlado por vários genes, que é o caso da maioria dos caracteres de interesse agrônômico, a probabilidade de se obter uma planta modelo com todos os alelos favoráveis é muito baixa, através das metodologias tradicionais de melhoramento, após um único ciclo seletivo, e avaliando um grande número de progênies, inviabilizaria o processo de seleção (RAMALHO et al., 2012a). Além disso, os alelos favoráveis dificilmente se encontrarão presente em apenas dois genótipos. Diante desses fatos, faz-se necessário a inclusão de vários genótipos para iniciar os cruzamentos, além de realizar sucessivos ciclos de seleção. Nessa condição, o método de seleção recorrente surge como uma

excelente alternativa no melhoramento de caracteres quantitativos (RAMALHO; LAMBERT, 2004; REDDY et al., 2011).

O termo seleção recorrente foi utilizado inicialmente por Hull (1945) em denominação a um método cíclico de melhoramento, com objetivo de estimar a capacidade combinatória de linhagens de milho. A princípio, foi mais utilizado em espécies alógamas devido a maior facilidade na realização dos cruzamentos, contudo, na década de 60, o método foi proposto para espécies autógamas por Khadr e Frey (1965). Nos dias de hoje, seu emprego tem se intensificado em várias espécies autógamas com grande sucesso e com ganhos promissores; feijão (RAMALHO et al., 2005), trigo (WIERSMA et al., 2001; ZHANG et al., 2015), arroz (MORAIS JÚNIOR, 2016) e mamona (OLIVEIRA; ZANOTTO, 2008).

O método possui vantagens, tais como a obtenção de maior variabilidade genética oriunda dos intercruzamentos; a oportunidade para a ocorrência de recombinações, devido aos intercruzamentos sucessivos; o aumento das frequências dos alelos favoráveis, devido a um processo repetitivo de seleção, e a facilidade para incorporação de germoplasma exótico na população (GERALDI, 1997).

A seleção recorrente é um método de grande eficácia no melhoramento de caracteres quantitativos e permite utilizar vários genitores com alelos favoráveis distintos em um processo dinâmico e contínuo, através de vários ciclos de cruzamento (FEHR, 1987). Um dos principais objetivos dessa técnica é o acúmulo de benefícios, ou seja, possibilita aumentar o número de alelos favoráveis referente a uma dada característica, e manter a variabilidade genética para futuros ciclos de seleção (HALLAUER, 1985). Para isso, é necessário uma população base heterogênea, ou seja, com variabilidade genética e uma estratégia de condução que permita ter progresso, sem exaurir a variabilidade (RAMALHO et al., 2012a).

Este método de melhoramento consiste em: 1) obtenção da população base; 2) avaliação/seleção das progênies em experimentos com repetições e; 3) recombinação das melhores progênies/indivíduos para obtenção de um novo ciclo (BERNARDO, 2002; HALLAUER, 1985; GERALDI, 1997). Todas estas três fases são de igual importância e se conduzidas corretamente, vão contribuir para a resposta futura da seleção (HALLAUER et al., 2010).

Um programa de seleção recorrente inicia com a escolha da população base, etapa que merece máxima atenção do melhorista, pois dela depende todo o sucesso futuro. Nela, duas premissas devem ser atendidas, a população base deve ter média alta para o(s) caráter(es) de

interesse, e variabilidade genética suficiente para obtenção de ganho com a seleção (PARRELLA et al., 2016). Nesse sentido a população base pode ser uma variedade de polinização aberta, variedades sintética, híbridos ou clones, mais é de fundamental importância que tais populações possuam um elevado comportamento médio, sejam bem adaptadas e de diferentes origens (BORÉM; MIRANDA, 2013). Linhagens exóticas ou pouco adaptadas podem aumentar a variabilidade, porém, reduzem a média populacional.

A escolha do número de genitores que irão compor a população base é um dilema. Se forem escolhidos poucos genitores, associar os alelos de interesse para a maioria dos locos é pouco provável devido à baixa variabilidade. Por outro lado, se forem escolhidos um grande número de genitores, a contribuição alélica de cada genitor será baixa, com grandes possibilidades de se dissipar no início do processo. Para plantas autógamas, Ramalho et al. (2012a), recomendam utilizar de 10 a 20 genitores para a formação da população base. Nesse caso, obter boa variabilidade e manter na população os alelos de todos os genitores, é relativamente fácil, principalmente se a recombinação for bem realizada. Ainda é preciso enfatizar que o processo de seleção recorrente possibilita a inclusão de novos genitores para ampliar a variabilidade ou para introduzir novos alelos, a qualquer momento do programa (BERNARDO, 2002; HALLAUER, 1980).

Os métodos de seleção recorrente são classificados em: intrapopulacional e interpopulacional. Na seleção recorrente intrapopulacional o objetivo é melhorar o desempenho *per se* das populações, enquanto na interpopulacional objetiva-se melhorar uma população em função da outra, de tal forma a se maximizar a expressão fenotípica de um caráter (HALLAUER, 1985).

A escolha de qual método deve ser utilizado depende da característica sob seleção, tipo de ação gênica, como as progênes serão utilizadas, e a disponibilidade de recursos (HALLAUER, 2010). Quando o propósito do programa é a adaptação de germoplasma exótico ou o desenvolvimento de variedades melhoradas, deve-se dar preferência ao melhoramento intrapopulacional. Já se o objetivo da seleção recorrente for o melhoramento do potencial de populações, visando a extração de linhagens para obtenção de híbridos, alguns métodos interpopulacionais parecem mais apropriados.

No programa de seleção recorrente, uma das etapas é a recombinação. Todavia, a dificuldade de realizar um grande número de cruzamentos tem limitado a utilização da seleção recorrente em populações de plantas autógamas. Desta forma, o uso de técnicas que facilitem o

cruzamento natural em espécies de autofecundação é de grande importância no sentido de flexibilizar e facilitar a recombinação dos genitores. Sendo assim, a existência da macho-esterilidade genética representa uma importante ferramenta para a realização da recombinação em espécies autógamas, vencendo as dificuldades básicas dos cruzamentos que envolvem um grande número de genitores (CANCI et al., 1997).

A macho-esterilidade é a não capacidade de um genótipo produzir pólen viável. Na prática, ela pode ser uma ferramenta de grande importância, pois elimina a emasculação, facilitando o processo de hibridação em plantas autógamas, e propicia um incremento da polinização cruzada em plantas de autopolinização. Embora possa facilitar o trabalho, a macho-esterilidade nem sempre proporciona na seleção recorrente, aquilo que é esperado, pois, normalmente a fonte de macho-esterilidade é mal adaptada, e sua introdução reduz a média da população (RAMALHO et al., 2012a).

Na cultura do sorgo ocorrem dois sistemas básicos de macho-esterilidade: um sistema genético citoplasmático e um sistema genético simples (SCHAFFERT et al., 2016). O genético citoplasmático é um mecanismo controlado pela interação entre o gene Kafir e o citoplasma Milo (QUINBY, 1974). O citoplasma Milo resulta em fenótipo macho-estéril e o gene Kafir possui dois alelos com interação de dominância completa, onde a forma homozigota dominante, e heterozigota, impedem que o genótipo com citoplasma Milo seja macho estéril. Já a macho-esterilidade genética é controlada pelo gene *ms₃* da variedade Coes. Esse gene possui dois alelos com interação de dominância completa, onde o genótipo recessivo é responsável pela produção de panículas macho-estéreis, enquanto que as outras duas formas genotípicas (homozigota dominante e heterozigota) são responsáveis pela produção de panículas macho-férteis.

Com o uso de macho-esterilidade é realizado o melhoramento de duas formas, melhorando uma população e aumentando gradativamente a frequência de alelos favoráveis com o uso da macho-esterilidade genética, ou com a exploração da heterose com o uso da macho-esterilidade genético-citoplasmática visando obtenção de híbridos (PARRELLA et al., 2016).

Em um trabalho realizado por Doggett e Eberhart (1968), estudando populações de sorgo, verificou-se que a macho-esterilidade e a colheita de sementes das plantas estéreis, a cada geração, possibilitaram a conversão de população normalmente de autofecundação em populações de fecundação cruzada, que poderiam ser melhoradas por alguns métodos de

seleção recorrente, desenvolvidos e utilizados com sucesso na cultura do milho. A etapa de recombinação seria realizada com o auxílio de uma fonte de macho-esterilidade.

Na literatura, foram raros os trabalhos de seleção recorrente encontrados com sorgo e no que se refere ao sorgo sacarino, pode-se citar o programa da Embrapa Milho e Sorgo iniciado recentemente (LEITE, 2018; PARRELLA et al., 2016).

2.3 Emprego de modelos mistos na seleção de progênies em culturas anuais

A experimentação de campo, apresenta certas peculiaridades, dentre as quais, destacam-se: (i) desbalanceamento de dados devido a vários motivos como perdas de plantas e parcelas, desiguais quantidades de sementes e mudas disponíveis por tratamento, rede experimental com diferentes números de tratamentos e repetições por experimento e diferentes delineamentos experimentais, não avaliação de todas as combinações genótipo-ambiente, dentre outros; (ii) tendência ambiental ou variabilidade ambiental a pequena escala devido a fatores do solo tais como fertilidade, umidade, dentre outros; (iii) competição entre diferentes genótipos devido a diferentes agressividades e sensibilidades dos diferentes materiais genéticos e; (iv) heterogeneidade de variâncias entre e dentro de experimentos de uma rede experimental ou entre medidas repetidas tomadas sobre uma mesma unidade experimental (DUARTE; VENCOVSKY, 2001).

Sabendo disso, um grande desafio em qualquer programa de melhoramento seria isolar o efeito do ambiente, isto porque a seleção é baseada no fenótipo, na esperança de que este seja representativo do genótipo. Para caracteres quantitativos, que são controlados por um grande número de genes, e conseqüentemente, sofrem forte influência do ambiente sobre a expressão fenotípica, a herdabilidade e acurácia são normalmente baixas, tornando a seleção fenotípica nem sempre eficiente (CRUZ; CARNEIRO, 2006; RAMALHO et al., 2012a).

Apesar do expressivo êxito dos programas de melhoramento de diversas culturas quanto a avaliação, seleção e recomendação de novas cultivares, a obtenção de genótipos superiores aos já existentes não é tarefa fácil para os melhoristas, principalmente devido aos fatores citados acima. Assim, a busca de metodologias mais eficientes de seleção, é a alternativa de efeito mais rápido, sobretudo para caracteres quantitativos, para a qual a variabilidade genética ainda está longe de ser exaurida. Sendo assim, deve-se optar pelo uso de procedimentos genéticos-estatísticos mais sofisticados, como a metodologia de modelos mistos, que é uma técnica de

grande valia no melhoramento genético de plantas (CRUZ;CARNEIRO, 2006; RAMALHO et al., 2012a). Contudo, vale salientar que a adoção desta técnica deve, primeiramente, ser aliada a uma criteriosa avaliação dos genótipos em experimentos bem delineados (BRUM et al., 2008; RAMALHO et al., 2012b; RESENDE, 2004).

Para predição de valores genéticos e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos de modo mais acurado, a metodologia de modelos mistos tem sido utilizada no melhoramento de plantas via REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não-viesada). O fundamento do BLUP é que ele gera a estimativa que mais se aproxima do valor genotípico do indivíduo, e as estimativas dos componentes de variância são obtidas por meio do método da máxima verossimilhança restrita (REML), simultaneamente à predição dos valores genéticos, o que consiste no método BLUP/REML (RESENDE, 2007a).

O BLUP foi originalmente proposto por Henderson em 1949, para o melhoramento animal (PIEPHO et al., 2008). No melhoramento vegetal, essa metodologia teve sua utilização limitada em função do pouco conhecimento dos pesquisadores, desconhecimento de suas inúmeras aplicações e também pela ausência de recursos computacionais que auxiliassem na realização das análises, todavia, esta metodologia tem se tornado mais acessível aos usuários, graças à sua implementação em sistemas estatísticos computacionais de ampla divulgação (DUARTE; VENCOVSKY, 2001).

O uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos. As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: permite a análise de dados desbalanceados, retornando, nestas condições, predições mais confiáveis do que as obtidas pelo método dos quadrados mínimos (MQM), explora a informação entre indivíduos aparentados, maximizando o uso dos dados disponíveis na comparação entre os genótipos e permite a comparação de indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos). Assim, as propriedades do BLUP permitem maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, predição não viciada de valores genéticos, maximização do ganho genético – por ciclo de seleção – e maximização da probabilidade de seleção do melhor entre dois ou vários genótipos (RESENDE, 2004).

Alguns trabalhos destacam a importância da metodologia de modelos mistos no que concerne à possibilidade de inclusão da informação de parentesco entre os genótipos, advinda de registros genológicos ou mesmo via marcadores moleculares, tornando o processo de seleção

mais eficiente devido a um aumento na acurácia dos valores e dos parâmetros genéticos (FARIAS NETO; RESENDE, 2001; PIEPHO et al., 2008; NUNES et al., 2008).

Ao se avaliar a influência da informação de parentesco na seleção de progênies de soja quanto à produtividade e aos teores de óleo e proteína, Pinheiro et al. (2013) concluíram que os valores genéticos preditos com o método BLUP/REML, sem informação de parentesco, apresentaram alta correlação com aqueles obtidos com o modelo aleatório (quadrados mínimos), além de detectada alta coincidência das progênies selecionadas. A inclusão da matriz de parentesco resultou na seleção de progênies diferentes, e em maior acurácia na predição dos valores genéticos.

Trabalhando com a cultura do feijoeiro Batista et al. (2017) aplicaram um índice multigerações para produzir um melhor preditor linear não-viesado (BLUP) de efeitos familiares, visando avaliar sua eficiência na seleção de famílias de feijoeiro. Como conclusão, os autores observaram que comparando a acurácia do índice de multigerações em todas as três gerações ($F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:6}$), simultaneamente com a que utiliza apenas a geração $F_{2:6}$, os aumentos no ganho genético foram de 21, 28 e 3% na arquitetura, rendimento e aparência dos grãos, respectivamente, sendo assim, a inclusão dos dados de todas as gerações disponíveis é uma tática mais eficiente para a seleção de famílias de feijoeiro. Adicionalmente, os valores genotípicos foram previstos como livres de interações com os tempos de semeadura e anos de plantio.

De acordo com Resende e Rosa-Perez (2001), o uso da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos, tem por vantagem os seguintes pontos: não exige dados obtidos sob estruturas rígidas de experimentação, permite utilizar simultaneamente um grande número de dados provenientes de vários experimentos gerando estimativas precisas, corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não-viesada os valores genéticos, conduzindo a maximização do ganho genético com seleção.

De acordo com Farias Neto e Resende (2001), no caso de dados balanceados e sem informação de parentesco, tanto o MQM como o REML/BLUP, conduzem a resultados idênticos. Em casos com pequeno desbalanceamento os dois procedimentos, conduzem a resultados similares e, na presença de grande desbalanceamento, o procedimento REML/BLUP leva a um resultado superior. Visando estudar a eficiência do MQM e REML/BLUP na identificação de linhagens superiores em cruzamentos de linhagens de soja, Panter e Allen

(1995) simularam situações de balanceamento e desbalanceamento de dados. Em todas as situações, as predições BLUP apresentaram menor erro padrão e maiores valores de correlação de Spearman, entre os valores preditos e o desempenho dos híbridos avaliados em campo, bem como maior porcentagem de cruzamentos superiores dentre os realizados.

Em comparação com a sua utilização no melhoramento animal e espécies perenes, a metodologia BLUP agora está se tornando rotineira no melhoramento de culturas anuais para avaliação genética de indivíduos, linhas puras e linhagens (PIEPHO et al., 2008). Enquanto o REML/BLUP univariado prediz o valor genótipo de um genótipo para uma característica de forma independente, o multivariado prediz simultaneamente os valores genotípicos para duas ou mais variáveis de um genótipo, considerando a correlação existente entre estas variáveis, ou seja, as mesmas têm seus valores corrigidos pela covariância que há entre elas (MENDONÇA, 2015). O BLUP multivariado é bastante utilizado na silvicultura, culturas perenes (COSTA et al., 2002; ROSADO et al., 2012) e melhoramento animal (MENDONÇA, 2015).

Uma vez apresentados os métodos, surge a indagação de qual deles seria o mais apropriado. Viana et al. (2010), trabalhando com família de meios irmãos em milho pipoca, para capacidade de expansão e produtividade, verificaram que o BLUP multivariado demonstrou maior acurácia e eficiência, quando comparado ao univariado, para seleção de famílias.

Em um trabalho de simulação foram considerados dois caracteres com avaliação durante três anos em 55 locais (BAUER; LÉON, 2008). Como resposta, os autores concluíram que o ganho com a seleção foi maior quando se considerou o BLUP para os dois caracteres simultaneamente, em detrimento da análise individual. Vale comentar, que a utilização dessa estratégia para escolha de parentais deve ser um importante recurso para o melhoramento de plantas autógamias, sobretudo, para caracteres altamente correlacionados. Segundo Viana et al. (2010) e Piepho et al. (2008), quando caracteres são fortemente correlacionados o uso do multivariado, é mais vantajoso que o univariado.

Segundo Piepho et al. (2008), Piepho e Möhring (2006) e Bauer e Léon (2008), o uso do BLUP multivariado em programas de melhoramento de cultura anuais é recomendado. Sendo assim, diante de todos esses fatos, tem-se que o BLUP/REML é uma técnica eficaz na seleção de genótipos promissores em programa de melhoramento.

Alguns exemplos do uso dessas técnicas em culturas anuais, estão dispostas na literatura; feijão (BALESTRE et al., 2013; BATISTA et al., 2017; RESENDE et al., 2015), soja

(PANTER e ALLEN, 1995; PINHEIRO et al., 2013), milho (VIANA et al., 2010), arroz (BORGES et al., 2012) e trigo (SILVA et al., 2011).

2.4 Seleção para múltiplos caracteres em sorgo sacarino

Em programas de melhoramento genético é constante a mensuração de vários caracteres com o objetivo de se praticar a seleção simultânea para todos eles. Embora a produtividade seja geralmente a principal característica de interesse, maturidade, estabilidade, qualidade de grãos, qualidade de colmo, tolerância a estresses abióticos e bióticos etc, são características importantes que o melhorista deve considerar para a eventual escolha de genótipos em um programa de melhoramento (HALLAUER et al., 2010). Sendo assim, o genótipo selecionado deve, portanto, reunir uma série de atributos que o tornem capaz de superar com vantagens, as cultivares atuais comercializadas, além de satisfazer as exigências do consumidor e do produtor (CRUZ; CARNEIRO, 2006; RAMALHO et al., 2012a).

Comprovando a existência de variabilidade, seja em populações naturais ou naquelas obtidas a partir de cruzamentos controlados, deve-se utilizar diferentes estratégias para selecionar os melhores genótipos. A seleção direta e a indireta, são as primeiras alternativas para se obter ganhos genéticos compensadores, pelo fato de serem mais fáceis e práticas (PAULA et al., 2002). Em ambas, o melhorista está focado em obter ganhos no caráter sobre o qual ele praticará a seleção, mas o melhoramento nem sempre visa a melhoria somente de uma característica. Como geralmente são analisados diversos caracteres, para agrupar em um único genótipo, a resposta correlacionada à seleção dificulta o trabalho da própria seleção, os métodos de seleção univariada, na maioria das vezes, não permitem a obtenção de ganhos satisfatórios (MARTINS et al., 2003).

Quando várias características estão envolvidas no processo de melhoramento, a seleção, em certas características, pode provocar alterações indesejáveis em outras quando houver correlações desfavoráveis (CRUZ; CARNEIRO, 2006; RAMALHO et al., 2012b), sendo assim, torna-se necessário estimar o grau de associação entre elas. A correlação é um parâmetro estatístico que mede o grau de associação linear entre duas variáveis. A correlação fenotípica vai existir quando duas variáveis estiverem linearmente correlacionadas devido a fatores ambientais e/ou genéticos (BERNARDO, 2002). No caso da correlação ambiental, ela indica

que os caracteres são influenciados de maneira análoga ou não pela variação do ambiente, como por exemplo; disponibilidade de nutrientes, fotoperíodo, precipitação etc.

Quando esta associação é devida a causas genéticas, tem-se a associação entre os valores genéticos dos indivíduos para dois caracteres. A ocorrência de correlações genéticas pode ser decorrente da pleiotropia e/ou ligação genética (FALCONER; MACKAY, 1996). Quando um gene é pleiotrópico, o mesmo irá controlar duas ou mais características e, assim, haverá a tendência dos fenótipos, associados a um mesmo alelo, sempre ocorrerem juntos. Quando os genes forem ligados, os genes que têm efeito nos caracteres evidentemente estão no mesmo cromossomo e próximos uns dos outros (RAMALHO et al., 2012b). De acordo com Bernardo (2002), quando a correlação for devido a genes ligados, esta pode ser dissipada com repetitivos ciclos de seleção, até que a população entre em equilíbrio de ligação, ao contrário da pleiotropia, que é permanente.

Na cultura do sorgo sacarino, o principal objetivo dos programas de melhoramento é o desenvolvido de cultivares com elevada produtividade de etanol ($1.\text{ha}^{-1}$). Por ser um caractere de difícil mensuração, torna-se necessário o estudo da correlação entre produtividade e caracteres agrônômicos e tecnológicos, que permitam uma seleção indireta para a característica alvo. Dentre estes caracteres, pode-se destacar com respectivas intenções de melhoramento: maior produtividade de colmos industrializáveis, maior rendimento de caldo, maior diâmetro de colmo, altura de planta, menor tamanho de panícula, resistência a fatores bióticos e abióticos, elevado teor de açúcares totais, menor teor de fibra e longo período de utilização industrial (LOMBARDI et al., 2015).

Baseado nisso, o programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo estabeleceu metas de produtividade e qualidade em híbridos e variedades de sorgo sacarino: produtividade mínima de biomassa de 60 t ha^{-1} , extração mínima de açúcar total de 80 kg t^{-1} de biomassa, conteúdo mínimo de açúcar total no caldo de 12,5%, produção mínima de etanol de 60 L t^{-1} de biomassa e período de utilização industrial mínimo de 30 dias (PARRELLA, 2011; BORÉM et al., 2013). Como muitas características são levadas em consideração no processo seletivo para obtenção desse ideótipo, as correlações entre características podem influenciar positiva ou negativamente na seleção e, portanto, devem ser avaliadas para ampliar os ganhos por ciclo de seleção.

O estudo das correlações fenotípicas mediante uma análise de trilha, Lombardi et al. (2015) demonstraram que o caráter toneladas de brix por hectare (TBH) apresentou elevada

correlação positiva e efeito direto com o rendimento de etanol por área. Além disso, os autores sugerem que a seleção baseada em florescimento, altura de plantas, toneladas de brix por hectare e teor de sólidos solúveis totais, podem oferecer uma boa estratégia para aumentar o ganho genético para rendimento de etanol em um programa de melhoramento de sorgo sacarino, uma vez que são caracteres de fácil mensuração. Esta conclusão coincide com resultados obtidos em outros trabalhos (LEITE et al., 2017; MAKANDA et al., 2009b; OLIVEIRA, 2015; RIBEIRO et al., 2015).

Dentre as correlações negativas na cultura do sorgo sacarino, o caráter teor de fibras tem mostrado relação inversa com extração de caldo (LOMBARDI et al., 2015; RIBEIRO et al., 2015). Isto pode ser um complicador para o desenvolvimento de genótipos com dupla aptidão para produção de etanol e cogeração de energia, uma vez que, com o aumento do teor de fibra, menor será o volume de caldo extraído. Além disso, um trabalho realizado por Bunphan et al. (2015), demonstrou que o rendimento de açúcares possui uma correlação positiva com teor de sólidos solúveis totais, altura de plantas, diâmetro de colmo, rendimento de biomassa, rendimento de colmo e rendimento de caldo, entretanto, essa característica foi negativamente correlacionada com rendimento de grãos. Sendo assim, um ponto em destaque seria a obtenção de genótipos com baixa massa de sementes, pois assim, mais açúcares seriam depositados no colmo, ao invés de serem drenados para formar amido nas sementes (GUTJAHR et al., 2013).

2.5 Estratégias para seleção de genótipos superiores

O conhecimento das relações entre caracteres relevantes no melhoramento de plantas é de grande importância, visto que a obtenção de ganhos genéticos e a classificação dos genótipos superiores são, na maioria dos casos, dirigidas conjuntamente por vários caracteres (BORGES et al., 2011). Quando a seleção é praticada em uma determinada característica, normalmente proporciona alterações em outras, em virtude de correlações genéticas. Tal efeito é denominado ‘resposta correlacionada à seleção’, e o seu sentido pode ou não ser de interesse do melhorista (MARTINS et al., 2003). Na prática, em situações de alta correlação entre dois caracteres, o melhorista pode optar pela seleção direta baseada no caractere alvo, ou indireta, que é a seleção baseada em um caráter secundário com o objetivo de obter uma resposta positiva no caráter desejável ou primário.

A alta correlação genética entre as duas características e a alta herdabilidade na característica secundária, poderia proporcionar ganho genético da característica desejada em menor tempo e esforço (HALLAUER, 1980). Entretanto, quando os caracteres alvos possuem baixa herdabilidade e até mesmo baixa correlação, a seleção dos melhores genótipos se torna mais laboriosa. Além de que, a seleção univariada, na maioria das vezes, não leva a materiais altamente produtivos e adaptados (CRUZ; CARNEIRO, 2006; MARTINS et al., 2003). Diante da complexidade dos caracteres, os melhoristas devem optar pelo uso de procedimentos genético-estatísticos, que permitam minimizar os efeitos deletérios das respostas correlacionadas, e que considerem também, a seleção para múltiplos caracteres, resultando assim, na obtenção de materiais genéticos mais produtivos e adaptados (SANTOS et al., 2007).

Nesta situação, a metodologia de índices de seleção surge como uma alternativa eficiente para o sucesso em um programa de melhoramento, pois permite combinar as múltiplas informações mensuradas em um indivíduo ou progênie, de modo que seja possível a seleção de genótipos com base em um único valor global peculiar de cada indivíduo, que envolva os vários atributos de interesse econômico (CRUZ; CARNEIRO, 2006; RAMALHO et al., 2012b; RODRIGUES et al., 2011). O índice de seleção, é uma função linear das diferentes características, e constitui-se num caráter adicional, resultado da ponderação dos caracteres por meio de coeficientes estimados com base nos valores econômicos, variâncias e covariâncias genéticas e/ou informações de interesse do melhorista (RAMALHO et al., 2012b).

Vários métodos de construção de índices de seleção podem ser utilizados em um programa de melhoramento, o que pode variar de acordo com o tipo de seleção a ser empregada. A proposta inicial de se utilizar índices de seleção surgiu dos trabalhos de Smith (1936) e Hazel (1943), inicialmente para o melhoramento animal. Tal índice, denominado clássico, combina linearmente os valores fenotípicos de interesse ponderados, por coeficientes determinados em função das variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicos existentes entre os caracteres envolvidos, de forma que a correlação entre o agregado genotípico e o índice seja maximizada. O agregado genotípico é ponderado pelos pesos econômicos. Além da dificuldade de determinar os pesos econômicos, outra desvantagem deste índice é que podem ocorrer respostas indesejáveis nos caracteres individuais, principalmente quando esses caracteres são geneticamente correlacionados com caracteres que tem pesos econômicos altos, alta herdabilidade ou alta variância genética.

A fim de eliminar essas limitações, outros índices de seleção foram desenvolvidos. O índice base de Willians (1962) é uma combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos, dispensando o uso de matrizes de variâncias e covariâncias genéticas. O índice de Mulamba e Mock (1978) hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a soma dos *ranks*, que assinala a classificação dos genótipos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Rocha et al. (2017) propuseram o índice FAI-BLUP (*Factor analysis and ideotype-design*) que segundo os autores, tem a capacidade de contornar problemas como multicolinearidade e atribuição de pesos econômicos. Neste índice, é realizada a análise de fatores exploratória, com o intuito de se extrair as cargas fatoriais da matriz de correlação genética. Posteriormente, são determinados os ideótipos baseando-se na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o melhoramento genético, sendo que, o número de ideótipos vai depender do número de autovalores maiores ou iguais a um. Depois da determinação dos ideótipos, estima-se as distâncias genótipo-ideótipo, que são convertidas em uma estimativa de similaridade relativa, possibilitando assim, o ranqueamento dos genótipos. Além de resolver o problema da multicolinearidade e da atribuição de pesos econômicos, o índice considera a estrutura das correlações obtidas dos dados, e direciona os melhoristas na seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo.

Trabalhando com capim elefante, os autores fizeram uma comparação entre o FAI-BLUP e o índice clássico de Smith-Hazel. Como resultado, o FAI-BLUP, indicou a seleção de 15 genótipos com maior desempenho para combustão sem atribuição de pesos, livres de multicolinearidade, e os ganhos genéticos equilibrados foram preditos em sentido desejável para todos os caracteres mensurados, enquanto que, o índice clássico de Smith-Hazel, previu ganhos genéticos em sentido indesejável para lignina, relação celulose/lignina, digestibilidade *in vitro* da biomassa seca e nitrogênio. Além disso, em geral, os ganhos genéticos previstos pelo FAI-BLUP foram superiores aos previstos pelo índice de Smith-Hazel clássico.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais de condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos na safra 2016/2017 em dois locais;

- a) Área experimental da Embrapa Milho e Sorgo, localizada no município de Sete Lagoas em Minas Gerais, a uma altitude de 767 m, 19°27' de latitude sul e de 44°14'49'' de longitude oeste. Sete Lagoas está situada na região central do estado, apresenta temperatura média anual em torno de 23°C e precipitação pluvial média anual de 1.403 mm. O clima, segundo a classificação climática de Köppen, é o Cwa, temperado chuvoso com inverno seco e verão chuvoso, subtropical, com temperatura média do mês mais quente superior a 23,6°C. O solo é classificado como latossolo vermelho com relevo suave ondulado.
- b) A área experimental situada no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária – Muquém, da Universidade Federal de Lavras-UFLA, localizada no município de Lavras em Minas Gerais, a uma altitude de 932 m, 21° 14' de latitude sul e 45° 00' de longitude oeste. Lavras está situada ao sul do estado, apresenta temperatura média anual de 19,4 °C e a precipitação pluvial média anual de 1.529,7 mm. O clima, segundo a classificação climática de Köppen, é o Cwa, temperado chuvoso (mesotérmico) com inverno seco e verão chuvoso, subtropical, com temperatura média do mês mais quente superior a 22°C (fevereiro). O solo é classificado como latossolo vermelho-amarelo com relevo suave ondulado.

3.2 Obtenção e avaliação das progênies

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

Após definidas as linhagens parentais (R), estas foram semeadas em casa-de-vegetação para posterior etapa de recombinação, com auxílio de uma fonte de macho-esterilidade genética

nuclear considerando o gene 'ms₃' (DOGGETT; EBERHART, 1968). Este gene na sua forma recessiva, sobrepõe à ação dos genes restauradores de fertilidade 'Rf' condicionando a macho-esterilidade. A fonte de macho-esterilidade genética foi uma população desenvolvida para sorgo forrageiro.

Posteriormente, foram realizados os cruzamentos artificiais de cada uma das linhagens parentais R (Ms₃Ms₃), com a fonte de macho-esterilidade (ms₃ms₃), obtendo-se as sementes da geração F₁ (100% férteis). As plantas F₁ foram autofecundadas, obtendo-se as sementes da geração F₂, que foram misturadas e plantadas na geração seguinte em campo isolado. Na geração F₂ foram identificadas e marcadas apenas as plantas macho-estéreis, as quais foram cruzadas aleatoriamente com as linhagens R, para obtenção do retrocruzamento 1 (F₁RC₁), visando aumentar a frequência de alelos ligados à produção de açúcar.

As plantas de cada F₁RC₁ foram autofecundadas em casa de vegetação, obtendo-se as sementes da geração F₂RC₁, cuja segregação esperada era de ¼ Ms₃Ms₃: ½ Ms₃ms₃: ¼ ms₃ms₃. As sementes desta geração correspondem à primeira etapa de recombinação. As plantas do F₂RC₁ foram plantadas em campo isolado e marcadas durante o florescimento para identificação das plantas macho-estéreis, cuja proporção obtida nesta geração foi de 25%. Em seguida, foram separadas 100 sementes de cada planta macho-estéril da população F₂RC₁, que foram misturadas para formar um *bulk* e, posteriormente, semeadas em casa de vegetação, para recombinação.

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

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

Da terceira recombinação, foram colhidas sementes de 300 panículas de plantas macho-estéreis, que constituíram a população do ciclo zero (C_0). Dessas sementes, foram escolhidas aquelas cujas plantas apresentaram maiores teores de sólidos solúveis no caldo para realização de ensaio de avaliação no campo na safra 2016/2017. Foram avaliadas 196 progênies de meios-irmãos (PMI) em dois locais: Lavras e Sete Lagoas. Os experimentos foram instalados no delineamento em látice 14x14 com duas repetições em Lavras e três repetições em Sete Lagoas. O tamanho da parcela experimental foi de uma linha de três metros com espaçamento de 60 cm entre linhas.

O plantio mecanizado das PMI foi realizado no final de outubro de 2016, na Embrapa Milho e Sorgo e, no começo de novembro, foi realizado o plantio manual na área experimental da UFLA, em Lavras. Previamente, foi realizado o preparo da área com aplicação do herbicida glifosato na dosagem de 3 L ha^{-1} e adubação com 480 kg ha^{-1} da formulação 08:28:16 de NPK nos sulcos de plantio.

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

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

3.3 Caracteres mensurados

Por ocasião da colheita foram avaliados os caracteres descritos a seguir:

- a) Florescimento (FLOR, dias) – número de dias decorridos do plantio até o ponto em que 50% das plantas da parcela florescerem.
- b) Altura de planta (AP, m) – altura média de seis plantas tomadas aleatoriamente da parcela, sendo mensurados da superfície do solo ao ápice da panícula.

- c) Produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹) – foram cortadas as plantas da parcela a 5,0 cm da superfície do solo. Em seguida, estas foram pesadas por meio de uma balança de suspensão digital, em kg. Os dados ao final foram expressos em t.ha⁻¹.
- d) Sólidos solúveis totais (SST, °Brix) – determinado a partir do caldo por meio de um refratômetro digital de leitura automática, com correção automática de temperatura e resolução máxima de 0,1° Brix, de acordo com método proposto pela Association of Official Analytical Chemists - AOAC (1990).
- e) Tonelada de Brix por hectare (TBH, t.ha⁻¹) – determinado a partir da seguinte expressão:

$$TBH = \frac{(PMV \times SST)}{100}$$

3.4 Análise estatístico-genética

A análise dos dados foi realizada utilizando-se a abordagem de modelos mistos, que combina o procedimento de estimação dos efeitos fixos via BLUE (melhor estimador linear não-tendencioso), dos efeitos aleatórios via BLUP (melhor preditor linear não-tendencioso) e o método de estimação de componentes de variância via REML (máxima verossimilhança restrita) (PATTERSON; THOMPSON, 1971). Foram realizadas as análises univariada e multivariada (*five traits*) por local e conjunta.

a) Modelo Linear Misto Univariado

As análises por local (EQUAÇÃO 1) e conjunta (EQUAÇÃO 2) para cada característica *c* foram realizadas de acordo com os seguintes modelos estatísticos;

$$y^c = X^c\beta^c + Z^cb^c + W^cg^c + e^c \quad (1)$$

$$y^c = X_1^c\beta_1^c + X_2^c\beta_2^c + Z_1^cb_1^c + W^cg^c + T^ci^c + e^c \quad (2)$$

em que;

y^c : vetor de dados fenotípicos da *c*-ésima característica;

$\beta^c, \beta_1^c, \beta_2^c$: vetor de efeitos fixos das repetições, dos locais e das repetições dentro de locais acrescidas da média geral, respectivamente;

b^c, b_1^c : vetor de efeitos de blocos dentro de repetições, sendo $b^c \sim N(0, I\sigma_b^2)$, e de blocos dentro de repetições nos locais, sendo $b_1^c \sim N(0, I\sigma_{b_1}^2)$

g^c : vetor de efeitos de progênies, sendo $g^c \sim N(0, I\sigma_g^2)$;

i^c : vetor de efeitos da interação progênies x locais, sendo $i^c \sim N(0, I\sigma_i^2)$;

e^c : vetor de efeitos do erro experimental, sendo $e^c \sim N(0, I\sigma_e^2)$;

$X^c, X_1^c, X_2^c, Z^c, Z_1^c, W^c$ e T^c : matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios.

$\sigma_b^2, \sigma_{b_1}^2, \sigma_g^2, \sigma_i^2$ e σ_e^2 : variâncias de blocos dentro de repetições, de blocos dentro de repetições nos locais, de progênies, da interação progênies x locais e do erro experimental, respectivamente.

b) Modelo Linear Misto Multivariado

As análises multivariadas dos cinco caracteres por local (EQUAÇÃO 3) e conjunta (EQUAÇÃO 4) foram realizadas de acordo com os seguintes modelos estatísticos;

$$y = X\beta + Zb + Wg + e \quad (3)$$

$$y = X_1\beta_1 + X_2\beta_2 + Z_1b_1 + Wg + Ti + e \quad (4)$$

em que;

y : vetor de dados fenotípicos dos caracteres;

β, β_1, β_2 : matriz de efeitos fixos das repetições, dos locais e das repetições dentro de locais acrescidas da média geral, respectivamente;

b, b_1 : vetor de efeitos de blocos dentro de repetições, sendo $b \sim NMV(0, B)$, e de blocos dentro de repetições nos locais, sendo $b_1 \sim NMV(0, B_1)$

g : vetor de efeitos de progênies, sendo $g \sim NMV(0, G)$;

i : vetor de efeitos da interação progênies x locais, sendo $i \sim NMV(0, S)$;

e : vetor de efeitos do erro experimental, sendo $e \sim NMV(0, R)$;

X, X_1, X_2, Z, Z_1, W e T : matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios.

B, B_1, G, S e R : matrizes de variâncias e covariâncias do efeito de bloco dentro de repetições, bloco dentro de repetições nos locais, progênies, interação progênies x locais e erro experimental, respectivamente. Estas matrizes podem ser denotadas da seguinte forma:

O pressuposto de normalidade dos erros foi verificado previamente pelo teste de Shapiro-Wilk (SHAPIRO; WILK, 1965) associado ao método gráfico Q-Q plot (WILK; GNANADESIKAN, 1968). A significância das variâncias associadas aos efeitos aleatórios foi verificada pelo teste da razão de verossimilhanças (Likelihood Ratio Test) na análise univariada, e pelo teste de Wald na análise multivariada.

A partir das estimativas das componentes de variância foi estimada a correlação das progênes através dos locais (r_B) para cada caráter e a herdabilidade na média de progênes (h^2) conforme as seguintes expressões:

$$r_B = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_i^2} \quad h^2 (\%) = \left(1 - \frac{\overline{PEV}}{\sigma_g^2}\right) \times 100$$

em que: \overline{PEV} : variância média dos erros de predição.

Também foi estimada a acurácia seletiva (r_{gg}) (RESENDE; DUARTE, 2007) através da raiz quadrada da herdabilidade (h^2).

Para verificar a associação entre caracteres, foram estimadas as correlações genéticas ($r_{g(x,y)}$) e residuais ($r_{e(x,y)}$) entre os caracteres avaliados, de acordo com as seguintes expressões (FALCONER; MACKAY, 1996):

$$r_{g(x,y)} = \frac{\sigma_{gxy}}{\sqrt{\sigma_{gx}^2 \times \sigma_{gy}^2}} \quad r_{e(x,y)} = \frac{\sigma_{exy}}{\sqrt{\sigma_{ex}^2 \times \sigma_{ey}^2}}$$

em que: σ_{gxy} : covariância genética entre o desempenho das progênes para os caracteres x e y; σ_{gx}^2 e σ_{gy}^2 : variâncias genéticas das progênes para os caracteres x e y; σ_{exy} : covariância residual entre o desempenho das progênes para os caracteres x e y; σ_{ex}^2 e σ_{ey}^2 : variâncias residuais das progênes para os caracteres x e y.

As análises estatísticas pela abordagem de modelos mistos foram realizadas por meio do software R Core Team (2018), sendo que, a análise univariada foi realizada pelo pacote lme4 (BATES et al., 2015) e a análise multivariada pelo pacote sommer (COVARRUBIAS-PAZARAN, 2016) versão 3.7 utilizando-se o algoritmo de Newton-Raphson.

3.5 Estratégias de seleção

Foram utilizadas quatro estratégias para proceder a seleção multicares das 20 melhores progênes com base nas médias BLUPs das análises univariada e multivariada. A direção de seleção foi no sentido de diminuir o tempo para florescimento, e aumentar a altura de plantas, produção de massa verde, sólidos solúveis totais e toneladas de brix por hectare.

- a) Seleção direta (SD) - Seleção praticada para o caráter TBH.
- b) Índice aditivo (I_A) - Foi estimado pela expressão a seguir, conforme descrito por Resende (2007b):

$$I_{A_j} = \sum_{c=1}^5 \hat{g}_{cj} \times w_c \times \frac{1}{\sigma_{gc}}$$

em que: I_{A_j} : valor do índice associado a uma progênie j ; \hat{g}_{cj} : valor genético predito da progênie j para o caráter c ; w_c : peso econômico associado com o caráter. Foi admitido peso igual a um para todos os caracteres; σ_{gc} : estimativa do desvio padrão genético para o caráter c .

- a) Índice da soma de postos (I_{MM}) - Foi estimado a partir dos postos ou ranks das progênies pela expressão a seguir, conforme proposto por Mulamba e Mock (1978):

$$I_{(MM)_j} = \sum_{c=1}^5 r_{cj}$$

em que: $I_{(MM)_j}$: valor do índice associado a progênie j ; r_{cj} : classificação (ou “rank”) de uma progênie j em relação ao caráter c ;

- b) Índice de seleção FAI-BLUP (I_{FB})

Foi aplicado o índice FAI-BLUP (*factor analysis and genotype-ideotype distance*), que combina a técnica de análise de fatores (*exploratory factor analysis*), com a proposição de ideótipos (*confirmatory factor analysis*), de modo a explorar a covariância existente entre os caracteres avaliados, conforme proposto por Rocha et al. (2017).

Com os BLUPs obtidos nas análises univariada e multivariada, foi realizada uma análise de fatores. Com base na análise de fatores foi determinado o número de ideótipos, onde o estimador utilizado foi;

$$NI = 2^n$$

em que: NI: número de ideótipos; n: número de fatores.

O ideótipo favorável obtido foi no sentido de aumentar as variáveis AP, PMV, SST, TBH e diminuir a variável FLOR. Por outro lado, o ideótipo desfavorável foi no sentido contrário, ou seja, diminuir as variáveis AP, PMV, SST, TBH e aumentar a variável FLOR

O número de fatores (n) deve ser igual ao número de autovalores maiores ou iguais a um. Depois do estabelecimento dos ideótipos, as distâncias entre as progênies avaliadas e os

ideótipos favoráveis foram calculadas e transformadas em uma medida de similaridade relativa, que possibilitou o ranqueamento dos genótipos, determinada pela seguinte expressão:

$$P_{jk} = \frac{\frac{1}{d_{jk}}}{\sum_{j,k=1}^{n,m} \frac{1}{d_{jk}}}$$

em que: P_{jk} : similaridade relativa da progênie j ao ideótipo k; d_{jk} : distância da progênie j ao ideótipo k – baseada na distância euclidiana média padronizada.

O ganho esperado (GS %) com cada estratégia de seleção foi estimado com base nos BLUPs das 20 melhores progênes pela seguinte expressão:

$$GS (\%) = \frac{\overline{BLUPs}_c}{\bar{Y}_c} \times 100$$

em que: \overline{BLUPs}_c : médias do BLUPs das progênes de melhor desempenho de acordo com a intensidade de seleção aplicada (10%) para o caráter c; \bar{Y}_c : média aritmética das progênes para o caráter c em avaliação.

4 RESULTADOS

Observou-se variância genética (σ_g^2) não nula ($P < 0,05$) entre progênes para todos os caracteres avaliados em ambos os locais (TABELAS 1 e 2). A herdabilidade (h^2) é um parâmetro de grande importância para os melhoristas, por estar relacionada à proporção relativa das influências genéticas. Na análise univariada em Lavras, o caráter FLOR apresentou a maior estimativa de herdabilidade (81,22%) e SST a menor estimativa de herdabilidade (30,96%). Em Sete Lagoas, a maior estimativa de herdabilidade também foi da variável FLOR (84,23%) enquanto a menor foi de AP (35,32%). Observou-se um incremento nas estimativas de herdabilidade pela análise multivariada para todos os caracteres, sendo que, em Lavras, o menor valor de herdabilidade foi do caráter AP (76,18%) e em Sete Lagoas foi SST (48,92%) (TABELAS 1 e 2).

Nas análises univariada e multivariada para os dois locais, observou-se uma acurácia seletiva ($r_{\tilde{g}g}$) de moderada a alta (RESENDE; DUARTE, 2007). A $r_{\tilde{g}g}$ na análise univariada em Lavras variou entre 55,65% para o caráter sólidos solúveis totais (SST) e 90,52% para o caráter florescimento (FLOR) (TABELA 1), enquanto que em Sete Lagoas, os valores de $r_{\tilde{g}g}$ flutuaram de 59,42% para a altura de plantas (AP) a 91,81% para FLOR (TABELA 2). A análise multivariada propiciou estimativas mais elevadas de acurácia para todos os caracteres em ambos os locais. Em Lavras a $r_{\tilde{g}g}$ variou entre 87,28% para o caráter AP e 91,68% para o caráter toneladas de brix por hectare (TBH) (TABELA 1), enquanto que em Sete Lagoas a variação foi de 69,94% para o caráter SST e 92,60% para FLOR (TABELA 2).

Tabela 1- Estimativas da variância entre progênies (σ_g^2), variância do erro (σ_e^2), média (\bar{Y}), herdabilidade na média das progênies (h^2) e acurácia seletiva (r_{gg}) para os caracteres agroindustriais avaliados em Lavras na safra 2016/2017 via abordagem univariada (UNI) e multivariada (MULTI).

PARÂMETRO	LAVRAS									
	FLOR		AP		PMV		SST		TBH	
	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI
σ_g^2	21,76*	20,01*	0,027*	0,025*	170,79*	171,28*	0,94*	1,01*	5,28*	5,55*
σ_e^2	9,58	10,93	0,04	0,04	155,09	150,54	3,92	3,85	5,12	4,82
\bar{Y}	78,88	78,88	3,16	3,16	57,64	57,64	13,58	13,58	7,93	7,93
h^2 (%)	81,22	86,65	55,22	76,18	68,18	81,52	30,96	82,96	65,95	84,06
r_{gg} (%)	90,12	93,09	74,31	87,28	82,57	90,29	55,65	91,08	81,21	91,68

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

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhanças (LRT) na análise univariada e pelo teste de Wald na análise multivariada.

Fonte: Do autor (2019).

Tabela 2 - Estimativas da variância entre progênies (σ_g^2), variância do erro (σ_e^2), média (\bar{Y}), herdabilidade individual (h^2) e acurácia seletiva (r_{gg}) para os caracteres agroindustriais avaliados em Sete Lagoas na safra 2016/2017 via abordagem univariada (UNI) e multivariada (MULTI).

PARÂMETRO	SETE LAGOAS									
	FLOR		AP		PMV		SST		TBH	
	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI
σ_g^2	15,89*	16,20*	0,019*	0,02*	78,13*	78,89*	0,69*	0,67*	1,66*	1,68*
σ_e^2	8,18	8,11	0,099	0,099	68,58	68,60	2,16	2,19	1,83	1,81
\bar{Y}	71,24	71,24	3,11	3,11	55,45	55,45	12,28	12,28	6,82	6,82
h^2 (%)	84,23	85,75	35,32	63,62	76,83	79,62	47,30	48,92	71,96	76,72
r_{gg} (%)	91,81	92,60	59,42	79,76	87,65	89,23	68,77	69,94	84,82	87,59

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

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de verossimilhanças (LRT) na análise univariada e pelo teste de Wald na análise multivariada.

Fonte: Do autor (2019).

Houve variância genética entre progênes (σ_g^2) não nula ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção do caráter sólidos solúveis totais (SST) na análise multilocalis univariada (TABELA 3). A variância da interação (σ_i^2) foi significativa ($P < 0,05$) para PMV, SST e TBH. Isso indica que as progênes apresentaram desempenho relativo não coincidente nos dois locais para esses caracteres. A acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) variou de 48,22% para SST a 94,30% para FLOR. As estimativas de herdabilidade (h^2) foram altas para FLOR (88,93%), PMV (68,97%) e TBH (61,52%) e AP (58,79%) e baixa para SST (23,25%), expressando menor chance de seleção de progênes superiores para o caráter SST.

A análise multilocalis multivariada (TABELA 3) gerou estimativas de maior magnitude da σ_g^2 para os caracteres FLOR, AP, PMV e TBH. Assim como a análise univariada, houve variância genética não nula ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres avaliados, com exceção do caráter sólidos solúveis totais (SST) e a variância da interação (σ_i^2) foi significativa ($P < 0,05$) somente para os caracteres PMV, SST e TBH na análise multivariada. A correlação genotípica (r_B) média do desempenho das progênes através dos ambientes, indica a confiabilidade no ordenamento dos melhores genótipos nos ambientes testados. De maneira geral, foi observada uma alta estimativa de r_B para os caracteres FLOR (0,97) e AP (1,00) o que ratifica a ausência de interação progênes x locais.

Embora a estimativa da σ_g^2 entre progênes para o caráter SST tenha sido menor na análise multivariada, deve-se considerar que esta não foi significativa ($P < 0,05$) em ambas abordagens (univariada e multivariada). Além disso, a análise multivariada propiciou maiores estimativas de herdabilidade (h^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) para todas variáveis em estudo, quando comparada à análise univariada. As estimativas de $r_{\hat{g}g}$ foram altas para todos os caracteres, variando de 86,97% para AP e 95,55% para FLOR. Enquanto que as estimativas de herdabilidade (h^2) variaram entre 75,63% para AP e 91,22% para FLOR.

Tabela 3 - Estimativas da variância genética entre progênes (σ_g^2), variância da interação progênes x locais (σ_l^2), variância do erro (σ_e^2), herdabilidade na médias de progênes (h^2), acurácia seletiva ($r_{\tilde{g}g}$) e correlação das progênes através dos locais (r_B) para os caracteres agroindustriais avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017 via abordagem univariada (UNI) e multivariada (MULTI).

PARÂMETRO	MULTILOCAIS									
	FLOR		AP		PMV		SST		TBH	
	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI	UNI	MULTI
σ_g^2	17,76*	17,95*	0,022*	0,023*	88,09*	89,80*	0,28 ^{n.s.}	0,27 ^{n.s.}	2,13*	2,16*
σ_l^2	0,51 ^{n.s.}	0,40 ^{n.s.}	0,00 ^{n.s.}	0,00 ^{n.s.}	36,93*	39,64*	0,63*	0,72*	1,37*	1,55*
σ_e^2	8,85	8,91	0,075	0,076	98,08	95,29	2,75	2,70	2,90	2,79
h^2 (%)	88,93	91,22	58,79	75,63	68,97	83,63	23,25	79,64	61,52	91,13
$r_{\tilde{g}g}$ (%)	94,30	95,55	76,68	86,97	83,05	91,45	48,22	89,24	78,44	95,46
r_B	0,97	0,97	1	1	0,70	0,69	0,30	0,27	0,61	0,79

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

^{n.s.} e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de razão de verossimilhanças (LRT) na análise univariada e pelo teste de Wald na análise multivariada.

Fonte: Do autor (2019).

As estimativas do coeficiente de correlação genética (r_g) e ambiental (r_e) entre as cinco características avaliadas em Sete Lagoas e Lavras, estão apresentadas na Tabela 4. Nota-se que houve correlação genética positiva e significativa para a maioria das características, o que demonstra que o aumento em uma característica influenciou no aumento de outra. O caráter TBH apresentou uma correlação de alta magnitude com todos os caracteres; FLOR (0,90), AP (0,82) e PMV (0,99). Isso é um indicativo que a seleção realizada com base no TBH, proporcionaria ganhos positivos e satisfatórios para as demais. Outras correlações genéticas positivas e elevadas foram observadas entre: PMV e FLOR (0,83) e PMV e AP (0,82).

A correlação residual indica se duas características envolvidas são afetadas pela variação ambiental de modo análogo e na mesma direção. Foi observada uma correlação residual alta entre PMV/TBH (0,82) e moderada entre SST/TBH (0,61). Isto indica que o ambiente afetou igualmente estes caracteres e na mesma direção. Por outro lado, para os caracteres PMV e FLOR foi observada uma correlação negativa (-0,17), demonstrando que o ambiente influenciou essas variáveis de maneira oposta, porém, em uma baixa intensidade.

Tabela 4 - Estimativas do coeficiente de correlação genética (acima da diagonal) e residual (abaixo da diagonal) via análise multivariada para os caracteres avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra 2016/2017.

	FLOR	AP	PMV	SST	TBH
FLOR	-	0,78*	0,83*	0,85 ^{n.s.}	0,90*
AP	0,02 ^{n.s.}	-	0,82*	0,49 ^{n.s.}	0,82*
PMV	-0,17*	0,24*	-	0,61 ^{n.s.}	0,99*
SST	0,004 ^{n.s.}	-0,08*	0,09*	-	0,71 ^{n.s.}
TBH	-0,11*	0,14*	0,82*	0,61*	-

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

^{n.s.} e * - não significativo e significativo a 5% de probabilidade, respectivamente;

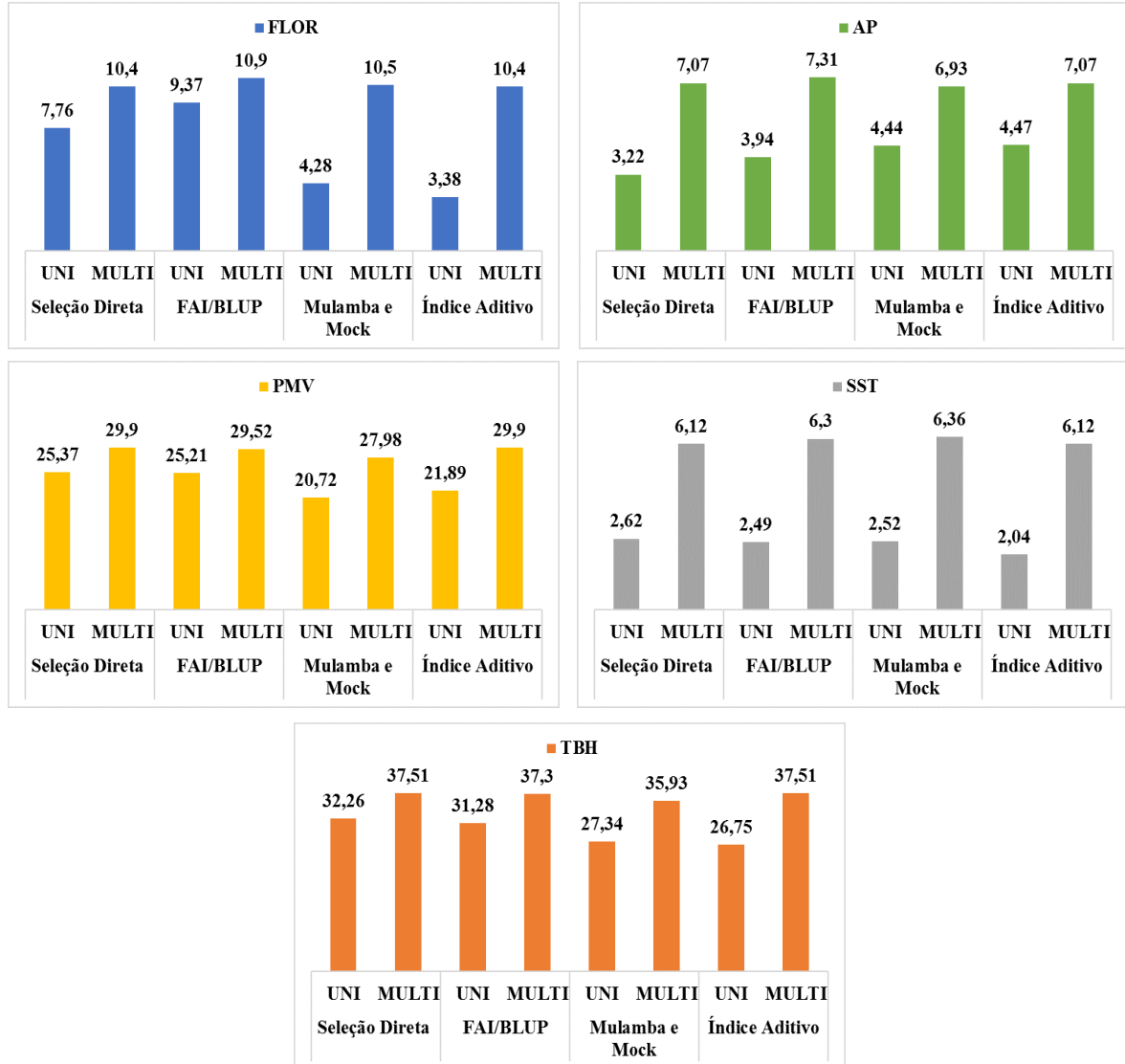
Fonte: Do autor (2019).

Os resultados em termos de ganhos percentuais esperados com a seleção via diferentes estratégias de seleção e abordagens de análise, estão apresentados na Figura 1. Na abordagem univariada, a estimativa média de ganho com a seleção foi de 6,2% (FLOR), 4,02% (AP), 23,3% (PMV), 2,42% (SST) e 29,4% (TBH). A seleção direta e o índice FAI/BLUP mostraram-se promissores nessa abordagem, pois proporcionaram ganhos equilibrados para PMV, SST e TBH. Os índices de Mulamba e Mock e aditivo não se mostraram eficientes na abordagem univariada. Os ganhos estimados por eles, foram abaixo do ganho médio para as variáveis PMV

e TBH. Todavia, estes selecionaram progênes que proporcionaram as maiores estimativas de ganho para AP.

Na abordagem multivariada os ganhos médios esperados foram 10,6% (FLOR), 7,1% (AP), 29,3% (PMV), 6,2% (SST) e 37,1% (TBH). Quando se compara com a abordagem univariada, observa-se um incremento nas estimativas do ganho com a seleção para todos os caracteres. Todas as estratégias proporcionaram ganhos mais equilibrados nesta abordagem. A seleção direta e o índice aditivo selecionaram as mesmas progênes e, com isso, os ganhos foram iguais para todos os caracteres. Estes proporcionaram a maior estimativa de ganho para o caráter TBH (37,5%) enquanto que, para SST, o ganho ficou abaixo da média (6,1%). O índice FAI/BLUP propiciou estimativas de ganho com a seleção muito equilibradas, ficando acima do ganho médio obtido na abordagem multivariada.

Figura 1 - Representação gráfica do ganho genético estimado com a seleção (%) dos caracteres agroindustriais avaliados em Lavras e Sete Lagoas na safra de 2016/2017 obtidos pelos índices de seleção aplicados com base na análise univariada (UNI) e multivariada (MULTI).



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

Fonte: Do autor (2019).

5 DISCUSSÃO

O sucesso com a seleção, em qualquer programa de melhoramento, depende da existência de variabilidade genética entre os genótipos sob teste (BERNARDO, 2002; FALCONER; MACKAY, 1996). Nas análises por locais, foram observadas variâncias entre progênies para todos os caracteres mensurados, enquanto na análise conjunta, não foi constatada variação genética significativa para SST (TABELA 3). Em outros trabalhos presentes na literatura, também foi observada variabilidade entre genótipos de sorgo sacarino (ALMEIDA FILHO et al., 2016; FRANÇA et al., 2016; LEITE et al., 2017; LOMBARDI et al., 2015; 2018).

Um aspecto importante em experimentos dessa natureza, é uma elevada precisão experimental, o que garante estimativas mais acuradas e, conseqüentemente, resultados mais confiáveis. Esta é influenciada tanto pelo caráter como pelo ambiente em questão e pode ser avaliada pela acurácia seletiva, que é um dos parâmetros mais relevantes para a qualidade de um experimento, pois ela representa a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e o valor estimado ou predito, a partir das informações dos experimentos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Segundo a classificação proposta pelos mesmos autores, os valores de acurácia na análise multilocais podem ser classificados em alto e muito alto para quase todos os caracteres, exceto para o caráter SST na análise univariada. A menor acurácia para o SST (TABELA 3) pode ter ocorrido em decorrência das flutuações ambientais, especialmente a precipitação observada durante a colheita do experimento em Lavras, o que segundo Borém et al. (2014) pode ter levado à diluição dos sólidos solúveis do colmo. Ao contrário do que foi observado neste trabalho, França et al. (2016) e Leite et al. (2017), estudando a seleção simultânea em progênies de sorgo sacarino encontraram valores de acurácia considerados altos para SST (0,84 e 0,88, respectivamente).

Assim como a acurácia, a herdabilidade é também um parâmetro importante para os melhoristas de plantas, pois ela está relacionada com a intensidade relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos caracteres (RAMALHO et al., 2012a). A análise multivariada propiciou incremento nas estimativas de herdabilidade para aqueles caracteres que apresentaram valores de baixa magnitude na análise univariada. Isto ocorreu em função de serem recuperadas mais informações da população para estimação desse e de outros parâmetros na análise multivariada (PIEPHO et al., 2008). Nesta condição, com a presença de

altas estimativas de herdabilidade, tem-se um ambiente favorável a ganhos elevados com a seleção (FALCONER; MACKAY, 1996; GERALDI, 1997; NEVES et al., 2011). Contudo, vale salientar que a herdabilidade é uma propriedade não somente de um caráter, mas também da população e das condições ambientais as quais os indivíduos são submetidos (FALCONER; MACKAY, 1996).

Utilizando a abordagem de modelos mistos univariada, França et al. (2016) observaram estimativas de herdabilidades altas para os caracteres PMV (0,91), TBH (0,86) e SST (0,84). Vale comentar que a estimativa encontrada para a variável SST foi bem superior à observada na análise univariada neste trabalho. Todavia, em coincidência com os resultados aqui encontrados, Burks et al. (2015) e Mocoour et al. (2015) encontraram o menor valor de herdabilidade para SST em seus trabalhos e afirmam que esta variável é fortemente influenciada pelas flutuações do ambiente.

Em ensaios de avaliação genotípica, a interação progênes x locais tem papel fundamental e pode influenciar fortemente no processo de seleção dos genótipos superiores. Ela é resultante da combinação dos fatores ambientais, fisiológicos e adaptativos, associados aos genótipos. Essa interação quantifica o comportamento diferenciado dos genótipos diante das variações ambientais (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Segundo Ramalho et al. (2012a), o efeito do ambiente se deve a combinação de fatores previsíveis e imprevisíveis. Quando se observa os locais em que foram conduzidos os experimentos (Lavras e Sete Lagoas), estes apresentam diferenças com relação ao regime de chuvas, temperatura, altitude, dentre outras. Esse fato justifica o efeito significativo da variância da interação progênes x locais verificado para expressão dos caracteres PMV, SST e TBH (TABELA 3). Na literatura, alguns trabalhos são reportados com a cultura do sorgo sacarino, demonstrando o impacto da interação progênes x locais (SOUZA et al., 2013; LOMBARDI et al., 2018; MOCOEUR et al., 2015).

Neste trabalho, quando se observa os resultados obtidos para o caráter SST, nota-se a importância de ensaios de estabilidade e adaptabilidade. Nas análises por locais, foi observada a presença de variância genética significativa entre progênes (TABELA 1 e 2), já na análise multilocalis esta não foi observada, porém, a interação progênes x locais foi significativa (TABELA 3). Esse fato demonstra que variância genética foi inflacionada pelo efeito da interação progênes x locais nos experimentos de Lavras e Sete Lagoas. Quando este efeito foi contemplado no modelo estatístico, parte da variância genética foi absorvida pelo mesmo. De acordo com trabalhos de Gutjahr et al. (2013) e Murray et al. (2009), o caráter SST possui uma

herança um pouco complexa e, assim, sofre grande influência do ambiente. Vários fatores têm impacto no teor final de sólidos solúveis totais, dentre eles: mudanças no comprimento do dia, intensidade de radiação, além de alterações nas condições de solo, fertilidade do solo, resposta diferenciadas à adubação (KUMAR et al., 2008). Em um estudo de adaptabilidade e estabilidade de 25 cultivares de sorgo sacarino em cinco locais, De Souza et al. (2013) observaram um efeito acentuado da interação para as variáveis PMV e SST.

De modo geral a análise multivariada propiciou estimativas de maior magnitude para vários parâmetros. Na análise conjunta, foram obtidas maiores estimativas de variâncias genética entre progênies para quase todos os caracteres, com exceção de SST, e também maiores estimativas de acurácia e herdabilidade (TABELA 3). Segundo Piepho e Möhring (2006), optar pela análise multivariada ao invés da univariada será preferível quando os caracteres avaliados apresentarem uma alta correlação genética. Segundo Schaeffer (1984), em situações onde as herdabilidades para as características avaliadas são iguais, a eficiência de seleção do BLUP multivariado em relação ao univariado, depende apenas da diferença absoluta entre a correlação genética e ambiental das variáveis analisadas. Já em estudos de simulação realizados por Bauer e León (2008), com diferentes herdabilidades e cenários de correlação genética e ambiental, a análise multivariada propiciou maiores estimativas que a univariada, em situações onde os caracteres foram negativamente correlacionados.

Seguindo o estudo realizado por Schaeffer (1984), para os caracteres PMV e FLOR tem-se uma situação na qual a análise multivariada seria muito eficiente, pois a diferença absoluta entre a correlação genética (0,83) e a residual (-0,17) foi de 1 (TABELA 4). Outra explicação para o incremento significativo obtido na análise multivariada, seria a grande diferença entre as estimativas de herdabilidade observadas na análise univariada aliada (TABELA 3) a uma alta correlação genética observada para a maioria dos caracteres (TABELA 4) (PIEPHO; MÖHRING, 2006; RESENDE, 2007a).

O estudo realizado por Viana et al. (2010), teve como objetivo comparar a seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos de milho pipoca, por meio de análise univariada e bivariada, para os caracteres capacidade de expansão e produção. Como resultado, os autores observaram que a análise bivariada forneceu estimativas de acurácia superiores quando comparada à análise univariada. Além disso, a superioridade da análise bivariada foi devido a grande diferença entre correlação genética e ambiental. Conclusões semelhantes foram obtidas por outros autores trabalhando com seringueira (COSTA et al., 2002), sorgo granífero (ALMEIDA FILHO et al.,

2016), milho (MENDONÇA et al., 2017), milho doce (ENTRINGER et al., 2016) e milho pipoca (EMATNÉ et al., 2018).

Em um programa de melhoramento é importante identificar os caracteres que apresentam alta correlação com o caráter principal com maior efeito direto no sentido favorável à seleção, a fim de que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (CRUZ; CARNEIRO, 2006; LEITE et al., 2017; LOMBARDI et al., 2015; PARRELLA, 2011). Uma alta estimativa da correlação facilita o processo de seleção de genótipos que atendam às exigências do mercado, ou seja, permite ao melhorista selecionar ou reduzir, o número de características a serem avaliadas, sem a necessidade de medições adicionais (RAMALHO et al., 2012a). Este trabalho sugere a possibilidade de ganho futuro com a seleção indireta, uma vez que foi observada uma correlação genética de alta magnitude e positiva entre TBH e o restante dos caracteres (TABELA 4). Segundo Falconer e Mackay (1996), a correlação alta e positiva é um indicativo que os caracteres são controlados pelos mesmos genes ou são genes ligados muito próximos.

Na literatura, trabalhos foram realizados visando estimar as correlações existentes entre os caracteres normalmente avaliados na cultura do sorgo sacarino. França et al. (2016), também observaram uma alta correlação genética entre os caracteres PMV e TBH (0,80). Estimando a correlação genética através dos BLUPs, Ritter et al. (2008) observaram uma estimativa de correlação genética muito próxima a que foi encontrada neste trabalho para os caracteres FLOR e AP. Os autores ainda encontraram uma correlação de baixíssima magnitude e negativa entre os caracteres FLOR e SST, assim como Shukla et al. (2017). Em contrapartida, Murray et al., (2008b) estimaram uma correlação genética moderada e positiva para FLOR e SST. Esta correlação positiva seria um complicador nos programas de melhoramento de sorgo sacarino, pois dificultaria a seleção de genótipos mais precoces e com maior capacidade de produção de açúcares.

No sorgo sacarino o acúmulo de açúcares ocorre após o florescimento (ALMODARES; HADI, 2009; RATNAVATHI et al., 2011; REGASSA; WORTMANN, 2014), portanto, é desejável selecionar progênies que sejam precoces e com elevado teor de açúcar. A seleção de genótipos mais precoces é interessante do ponto de vista prático, pois o plantio do sorgo ocorre em áreas de renovação de canaviais que ocorrem normalmente de cinco em cinco anos e, com isso, disponibiliza-se mais cedo a área para novo plantio de cana. Contudo, vale destacar que o

avanço de progênes com diferentes dias para florescimento é interessante, pois permite uma melhor distribuição das atividades durante a colheita.

No que concerne à seleção, uma questão sempre em destaque é acerca da estratégia de seleção multicares a ser adotada, uma vez que o ideótipo envolve uma série de características de interesse. Para sorgo sacarino, o ideótipo consiste em uma produtividade mínima de biomassa de 60 t ha⁻¹, extração mínima de açúcar total de 80 kg t⁻¹ de biomassa, conteúdo mínimo de açúcar total no caldo de 12,5%, produção mínima de etanol de 60 L t⁻¹ de biomassa e período de utilização industrial mínimo de 30 dias (PARRELLA, 2011; BORÉM et al., 2013). Sabendo disso, o melhorista necessita selecionar baseando-se em vários caracteres, e uma forma de aumentar o êxito com a seleção é pela utilização dos índices de seleção, visto que esses permitem a seleção simultânea de várias características de interesse (CRUZ; CARNEIRO, 2006; RAMALHO et al., 2012a; RESENDE, 2004).

Quando a seleção é praticada em determinado caráter, normalmente irá proporcionar alterações em outras, em virtude de correlações genéticas. Tal fato é denominado resposta correlacionada à seleção e o seu sentido pode ou não ser de interesse do melhorista (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Neste estudo, a seleção direta proporcionou resultados conjuntos satisfatórios em ganhos indiretos para quatro das cinco características avaliadas (AP, PMV, SST e TBH) (FIGURA 1). Segundo Hallauer (1980) a alta correlação genética obtida entre as variáveis, aliada a alta herdabilidade nas características secundárias, tende a propiciar ganhos genéticos satisfatórios para todas. Em situações como esta, a resposta com a seleção é rápida e bastante eficiente (BERNARDO, 2002). Trabalhando com a cultura da cana-de-açúcar, Dutra Filho et al. (2012) constataram que é possível obter ganhos genéticos satisfatórios para um conjunto de característica pela prática da seleção direta. Por outro lado, Martins et al. (2003), trabalhando com eucalipto, observaram que a eficiência da seleção univariada direta e indireta em eucalipto não proporcionaram resultados conjuntos satisfatórios em ganhos nas características avaliadas.

O índice de Mulamba e Mock é baseado no ordenamento dos genótipos quanto ao caráter desejado e, posteriormente, na soma destes postos, baseado nos múltiplos caracteres (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Neste trabalho verificou-se que este índice não se mostrou promissor, pois apresentou as menores estimativas de ganho com a seleção para os caracteres PMV e TBH na abordagem univariada e AP, PMV e TBH na análise multivariada (FIGURA 1). A ineficiência na obtenção de ganhos satisfatórios na cultura do sorgo sacarino pelo índice

de Mulamba e Mock, também foi observado por França et al. (2016), por meio da abordagem de modelos mistos univariada, uma vez que este índice propiciou as menores estimativas de ganho com a seleção para todos os caracteres mensurados pelos autores, sendo alguns semelhantes aos aqui utilizados (PMV, SST e TBH). Por outro lado, trabalhando com famílias de irmãos completos em cana-de-açúcar, Almeida et al. (2014) observaram a grande possibilidade de sucesso no programa de melhoramento utilizando-se o índice de Mulamba e Mock, o qual permitiu ganhos genéticos simultâneos superiores.

A utilização do índice aditivo aliado a abordagem univariada, não se mostrou promissora, uma vez que proporcionou estimativas de ganho muito baixas. Para o caráter TBH, sua estimativa de ganho foi a menor dentre todas as estratégias utilizadas (FIGURA 1). Isso seria um problema, uma vez que TBH é um caráter diretamente relacionado à produção de etanol (LOMBARDI et al., 2015). Entretanto, sua utilização aliada a abordagem multivariada se mostrou muito eficiente, propiciando estimativas de ganho iguais aquelas obtidas pela seleção direta com a abordagem multivariada.

Em um estudo realizado com a cultura do milho, Mendonça et al. (2017) buscaram a seleção de genótipos que agregassem as características tolerância a estresse por nitrogênio e uso eficiente do nitrogênio. Os pesquisadores optaram pela utilização da abordagem univariada e multivariada, aliada a vários índices de seleção, dentre eles, o índice aditivo e o de Mulamba e Mock. Para a análise multivariada foi observado um incremento nas estimativas de ganho com a seleção e ambos os índices proporcionaram estimativas de ganho muito próximas, seja na abordagem univariada ou na multivariada. Contudo, resultados divergentes foram obtidos por Entringer et al. (2016), com milho doce. Os autores concluíram que o uso do índice aditivo aliado a abordagem multivariada proporcionou maiores estimativas de ganho e foi mais eficiente na seleção de progênies do que o índice de Mulamba e Mock. Este último, está de acordo com os resultados encontrados neste trabalho.

Pelo índice FAI/BLUP, em ambas abordagens testadas, todas características foram explicadas por apenas um fator. Esse fator é uma variável abstrata e adicional que foi obtida pela redução das cinco características originais na análise de componentes principais. O motivo de todas as variáveis terem sido agrupadas em um fator, significa que todas têm alta correlação entre si (CRUZ; CARNEIRO, 2006). A utilização do índice FAI/BLUP com os BLUPs multivariados se mostrou uma alternativa interessante, visto que neste trabalho proporcionou ganhos equilibrados para quase todas as variáveis, sendo que, para o caráter TBH, sua

estimativa foi muito próxima daquela obtida com a seleção direta e pelo índice aditivo. Entretanto, a estimativa para o ganho com FLOR foi a mais alta quando comparada as outras estratégias. Esses resultados indicam a eficiência do índice FAI/BLUP em proporcionar ganhos desejáveis para um conjunto de caracteres que tem grande impacto na produção de etanol, mas ao mesmo tempo, dificultaria a seleção de progênies mais precoces.

Os idealizadores do FAI/BLUP (ROCHA et., 2017) utilizaram as médias BLUP univariadas, afirmando que a análise de fatores contemplaria a correlação existente entre as variáveis. Todavia, neste trabalho, foi observado que o uso do FAI/BLUP baseado nas médias BLUP multivariadas propiciou um incremento de maior magnitude nas estimativas de ganho com a seleção para esse índice.

Foi observada a eficiência deste índice, quando comparado ao índice clássico de Smith e Hazel (ROCHA et., 2017). Os autores afirmam que o FAI/BLUP proporcionou a seleção de genótipos de capim elefante sem a necessidade de atribuir pesos aos caracteres e proporcionou ganhos genéticos equilibrados em sentido desejável para todos os caracteres mensurados, enquanto que, o índice clássico, previu ganhos genéticos indesejáveis para algumas variáveis. Visando a seleção de famílias endogâmicas de feijoeiro através do índice FAI/BLUP, Nunes (2017) afirmou que o índice foi eficiente em proporcionar ganhos equilibrados para um conjunto de caracteres, mesmo na presença de interação genótipos x ambientes, e proporcionou a seleção de famílias com um elevado potencial, visando a extração de linhagens. Por ser um índice proposto a pouco tempo, relatos de sua utilização na literatura ainda são escassos.

Assim como ocorreu para as estimativas de acurácia, herdabilidade e parâmetros genéticos, a abordagem multivariada também gerou uma melhor eficiência na seleção dos genótipos superiores, resultando em estimativas de ganho com a seleção mais elevada do que aquelas obtidas com base na abordagem univariada.

6 CONCLUSÕES

A análise multivariada proporcionou estimativas de parâmetros genéticos e predições de valores genéticos mais acurados em relação a análise univariada.

A seleção direta para o caráter TBH e o índice FAI/BLUP, resultaram em estimativas de ganhos genéticos equilibrados, tanto na abordagem univariada como na abordagem multivariada, possibilitando a identificação de progênies que associam elevados desempenhos agronômicos.

O procedimento multivariado propiciou ganhos muito próximos para todas as estratégias de seleção, e mostrou-se superior ao procedimento univariado, propiciando maiores estimativas de ganho com a seleção.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA FILHO, J. E. et al. Multi-trait BLUP model indicates sorghum hybrids with genetic potential for agronomic and nutritional traits. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1–9, 2016.
- ALMEIDA, L. M. et al. Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. **Ciência Rural**, v. 44, n. 4, p. 605–611, 2014.
- ALMODARES, A.; HADI, M. . Production of bioethanol from sweet sorghum : A review. **African Journal of Agricultural Research**, v. 4, n. 9, p. 772–780, 2009.
- AOAC. Association of Official Analytical Chemists. **Official Methods of Analysis**. 15 ed. Washington, 1990. 1018 p.
- AUDILAKSHMI, S. et al. Inheritance of sugar concentration in stalk (brix), sucrose content, stalk and juice yield in sorghum. **Biomass and Bioenergy**, v. 34, n. 6, p. 813–820, 2010.
- BAHADURE, D. M. et al. Combining ability and heterosis on millable stalk and sugar concentration for bioethanol production across environments in sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench.). **Journal of Plant Breeding**, v. 6, n. 1, p. 58–65, 2015.
- BALESTRE, M. et al. Applications of multi-trait selection in common bean using real and simulated experiments. **Euphytica**, v. 189, n. 2, p. 225–238, 2013.
- BATES, D. et al. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1–48, 2015.
- BATISTA, L. G. et al. Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. **Crop Science**, v. 57, n. 5, p. 2354–2360, 2017.
- BAUER, A. M.; LÉON, J. Multiple-trait breeding values for parental selection in self-pollinating crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 116, n. 2, p. 235–242, 2008.
- BERNARDO, R. **Breeding for Quantitative Traits in Plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2002.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: UFV, 2013.
- BORÉM, A.; PIMENTEL, L. D.; PARRELLA, R. A. da C. **Sorgo: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2014.
- BORGES, V. et al. Associação entre caracteres e análise de trilha na seleção de progênies de meios-irmãos de *Brachiaria ruziziensis*. **Revista Ceres**, v. 58, n. 6, p. 765–772, 2011.
- BORGES, V. et al. Value for cultivation and use of upland rice cultivars tested in multi-environments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 1, p. 25–33, 2012.

BRUM, B. et al. Tamanho ótimo de parcela para ensaios com sorgo granífero em duas épocas de semeadura. **Ciência Rural**, v. 38, n. 2, p. 315–320, 2008.

BUNPHAN, D. et al. Heterosis and combining ability of F₁ hybrid sweet sorghum in Thailand. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 178, 2015.

BURKS, P. S. et al. Genomewide association for sugar yield in sweet sorghum. **Crop Science**, v. 55, n. 5, p. 2138–2148, 2015.

CANCI, P. C.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Implementação da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas através da macho-esterilidade. **Ciência Rural**, v. 27, n. 3, p. 505-512, 1997.

COSTA, R. B. et al. Individual multivariate REML/BLUP in the presence of genotype x environment interaction in rubber tree (*Hevea*) breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 1, p. 131–140, 2002.

COVARRUBIAS-PAZARAN, G. Genome-assisted prediction of quantitative traits using the R package sommer. **PlosOne**, v. 11, n. 6, p. 1-15, 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006.

DOGGETT, H.; EBERHART, S. A. Recurrent Selection in Sorghum. **Crop Science**, v. 8, n. 1, p. 119, 1968.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimativa e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109–117, 2001.

DUTRA FILHO, J. D. A. et al. Estimativa do ganho por seleção para produtividade em famílias de cana-de-açúcar. **Comunicata Scientiae**, v. 3, n. 1, p. 35–40, 2012.

EMATNÉ, H. J. et al. Genetic progress in popcorn recurrent selection by a multivariate mixed-model approach. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 42, n. 2, p. 159–167, 2018.

ENTRINGER, G. C. et al. Genetic gain estimates and selection of S₁ progenies based on selection indices and REML/BLUP in super sweet corn. **Australian Journal of Crop Science**, v. 10, n. 3, p. 411–417, 2016.

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

FARIAS NETO, J. T. DE; RESENDE, M. D. V. DE. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320–324, 2001.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York, MacMillan, 1987.

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

GERALDI, I. O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: Guimaraes E.P (Ed.) **Selección Recurrente en Arroz**. Cali: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), 1997.

GUTJAHR, S. et al. Grain, sugar and biomass accumulation in photoperiod-sensitive sorghums. II. Biochemical processes at internode level and interaction with phenology. **Functional Plant Biology**, v. 40, n. 4, p. 355–368, 2013.

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

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

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Geneva, v. 37, p. 134-145, 1945.

INDHUBALA, M.; GANESAMURTHY, K.; PUNITHA, D. Combining ability studies for quality traits in sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench). **The Madras Agricultural Journal**, v. 97, n. 1, p. 17–20, 2010.

KHADR, F. H.; FREY, K. J. Effectiveness of Recurrent Selection in Oat Breeding (*Avena sativa* L.). **Crop Science**, v. 5, n. 4, p. 349-354, 1965.

KUMAR, S. R.; SHROTRIA, P. K.; DESHMUKH, J. P. Characterizing nutrient management effect on yield of sweet sorghum genotypes. **World Journal of Agricultural Sciences**, v. 4, n. 6, p. 787–789, 2008.

LEITE, P. S. S. et al. Association among agro-industrial traits and simultaneous selection in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 1–10, 2017.

LEITE, P. S. S. **Seleção recorrente em sorgo sacarino visando o aumento no rendimento de açúcares**. 2018. 87 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2018.

LOMBARDI, G. M. R. et al. Path analysis of agro-industrial traits in sweet sorghum. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 16392–16402, 2015.

LOMBARDI, G. M. R. et al. Heterosis in sweet sorghum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, n. 5, p. 593–601, 2018.

MAKANDA, I.; TONGOONA, P.; DERERA, J. Combining ability and heterosis of sorghum germplasm for stem sugar traits under off-season conditions in tropical lowland environments. **Field Crops Research**, v. 114, n. 2, p. 272–279, 2009a.

MAKANDA, I.; TONGOONA, P.; DERERA, J. Quantification of genotypic variability for stem sugar accumulation and associated traits in new sweet sorghum varieties. **African Crop Science Conference Proceedings**, v. 9, p. 391–398, 2009b.

MARTINS, I. S. et al. Eficiência da seleção univariada direta e indireta e de índices de seleção em *Eucalyptus grandis*. **Revista Árvore**, v. 27, n. 3, p. 327–333, 2003.

MAY, A. **Cultivo de sorgo sacarino em áreas de reforma de canaviais**. Circular Técnica 186, Embrapa - Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 2013.

MENDONÇA, L. de F. **Acurácia da seleção simultânea para caracteres de interesse em milho tropical de segunda safra**. 2015. 71 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2015.

MENDONÇA, L. de F. et al. Accuracy and simultaneous selection gains for N-stress tolerance and N-use efficiency in maize tropical lines. **Scientia Agricola**, v. 74, n. 6, p. 481–488, 2017.

MOCOEUR, A. et al. Stability and genetic control of morphological, biomass and biofuel traits under temperate maritime and continental conditions in sweet sorghum (*Sorghum bicolor*). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 128, n. 9, p. 1685–1701, 2015.

MORAIS JÚNIOR, O. P. **Seleção recorrente genômica como estratégia para aceleração de ganhos genéticos em arroz**. 2016. 172 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2016.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

MURRAY, S. C. et al. Genetic improvement of sorghum as a biofuel feedstock: II. QTL for stem and leaf structural carbohydrates. **Crop Science**, v. 48, n. 6, p. 2180, 2008.

MURRAY, S. C. et al. Sweet sorghum genetic diversity and association mapping for brix and height. **The Plant Genome Journal**, v. 2, n. 1, p. 48, 2009.

NEVES, L. G. et al. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro-amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. 4, p. 1322–1330, 2011.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, v. 31, n. 1, p. 73–78, 2008.

- NUNES, K. V. **Seleção de famílias de feijão carioca visando extração de linhagens por modelos mistos**. 2017. 36 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2017.
- OLIVEIRA, I. J. de; ZANOTTO, M. D. Eficiência da seleção recorrente para redução da estatura de plantas em mamoneira (*Ricinus communis* L.) **Ciência Agrotecnologia**, v. 32, n. 4, p. 1107–1112, 2008.
- OLIVEIRA, T. C. De. **Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres – MT**. 2015. 89 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade do Estado do Mato Grosso, Cáceres, 2015.
- PANTER, D. M.; ALLEN, F. L. Using Best Linear Unbiased Predictions to Enhance Breeding for Yield in Soybean: I. Choosing Parents. **Crop Science**, v. 35, n. 2, p. 397-405, 1995.
- PARRELLA, R. A. C. Melhoramento genético do sorgo sacarino. **Agroenergia em Revista**, v. 2, n. 3, p. 8–9, 2011.
- PARRELLA, R. A. da C. et al. **Desenvolvimento de populações de sorgo sacarino de cruzamento ao acaso para seleção recorrente intrapopulacional**. Circular Técnica 217, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, 2016.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.
- PAULA, R. C. et al. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159–165, 2002.
- PIEPHO, H. P. et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1–2, p. 209–228, 2008.
- PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Selection in cultivar trials—Is it ignorable? **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 192–201, 2006.
- PINHEIRO, L. C. de M. et al. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 9, p. 1246–1253, 2013.
- QUINBY, J. R. **Sorghum improvement and the genetics of growth**. Texas: A&M University Press, 1974.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2018. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 10 out. 2018.
- RAMALHO, M. A. P.; LAMBERT, E. D. S. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 3, n. 2, p. 228–249, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. D. F. B.; DOS SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, v. 144, n. 1–2, p. 23–29, 2005.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012a.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em Genética e Melhoramento de Plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012b.

RATNAVATHI, C. V. et al. Sweet Sorghum as Feedstock for Biofuel Production: A Review. **Sugar Tech**, v. 13, n. 4, p. 399–407, 2011.

REDDY, P. S.; REDDY, B.; RAO, P. S. Genetic analysis of traits contributing to stalk sugar yield in sorghum. **Cereal Research Communications**, v. 39, n. 3, p. 453–464, 2011.

REGASSA, T. H.; WORTMANN, C. S. Sweet sorghum as a bioenergy crop: Literature review. **Biomass and Bioenergy**, v. 64, p. 348–355, 2014.

RESENDE, M. D. V.; ROSA-PEREZ, J. R. H. **Genética e melhoramento de ovinos**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 2001. 185 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Documentos (Embrapa). v. 100. out./2004. p. 57.

RESENDE, M. D. V. de. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 561 p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN – REML/BLUP: sistema estatístico e seleção computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b.

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

RESENDE, M. D. V. et al. Multigeneration index in the within - Progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science**, v. 55, n. 3, p. 1202–1211, 2015.

RIBAS, P. M. Cultivo do Sorgo: Importância econômica. 2000. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/27507/1/Importancia-economica.pdf>>. Acesso em: 10 out. 2018.

RIBAS, P. M. **Sorgo: Introdução e Importância econômica**. 2003. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPMS/16217/1/Doc_26.pdf>. Acesso em: 19 de ago de 2018.

RIBEIRO, L. C. A.; OLIVEIRA, I. C. M.; MOURA, M. M.; SOUSA, V. F.; PARELLA, N. N. L. D.; PARRELLA, R. A. C. Estudo da correlação fenotípica entre caracteres de sorgo sacarino. In: Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, 8., 2015, Goiânia. **Anais...** Goiânia: 2015.

RITTER, K. B. et al. Identification of QTL for sugar-related traits in a sweet x grain sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) recombinant inbred population. **Molecular Breeding**, v. 22, n. 3, p. 367–384, 2008.

ROCHA, J. R. do A. S. de C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, v. 10, n. 1, p. 52–60, 2017.

RODRIGUES, F. et al. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 35, n. 2, p. 278–286, 2011.

ROSADO, A. M. et al. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 47, n. 7, p. 964–971, 2012.

SANDEEP, R. G. et al. Parental combining ability as a good predictor of productive crosses in sweet sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. **Journal of Applied and Natural Science**, v. 2, p. 245–250, 2010.

SANTOS, F. G.; CASELA, C. R.; WAQUIL, J. M. Melhoramento de Sorgo. In: BORÉM, A. **Melhoramento de Espécies Cultivadas**, 2 Ed., 2005.

SANTOS, F. S. et al. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantina**, v. 66, n. 3, p. 389–396, 2007.

SCHAEFFER, L. R. Sire and Cow Evaluation Under Multiple Trait Models. **Journal of Dairy Science**, v. 67, n. 7, p. 1567–1580, 1984.

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

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. Shapiro and Wilk 1965 - An Analysis of Variance Test for Normality. **Biometrika**, v. 52, n. 3, p. 591–611, 1965.

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

SILVA, R. R. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de trigo em diferentes épocas de semeadura no Paraná. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 46, p. 1439–1447, 2011.

SOUZA, V. F. et al. Adaptability and stability of sweet sorghum cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 13, p. 144–151, 2013.

UMAKANTH, A. V et al. Combining ability and heterosis over environments for stalk and sugar related traits in sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench.). **Sugar Tech**, v. 14, n. 3, p. 237–246, 2012.

VIANA, J. M. S. et al. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breeding**, v. 129, n. 6, p. 599–604, 2010.

VINAYKUMAR, R. et al. Combining ability of parents and hybrids for juice yield and its attributing traits in sweet sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 2, n. 1, p. 41–46, 2011.

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

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

ZHANG, L. et al. Recurrent selection for wider seedling leaves increases early biomass and leaf area in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 5, p. 1215–1226, 2015.