



TEOR DE SÓLIDOS SOLÚVEIS TOTAIS NO INÍCIO E NO FINAL DA MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Uirá do Amaral¹; Wilson de Souza Dourado²; Miquéias Gomes Santos³; Andrea Pereira da Fonseca⁴; Maurício Ballesteiro Pereira⁵; Valdir Diola⁶

¹Eng.º Agr.º, M.Sc. Doutorando em Agronomia pela Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (uiraagro@gmail.com)

²Eng.º Agr.º, M.Sc. Doutorando em Agronomia pela Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás

³Eng.º Agr.º, Mestrando em Agronomia pela Universidade Estadual de São Paulo

⁴Eng.º Agr.º, M.Sc. Doutorando em Agronomia pela Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro

^{5,6}Professor Doutor da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Instituto de Biologia, Rodovia BR 465, Km 7 - Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil.

Recebido em: 12/04/2014 – Aprovado em: 27/05/2014 – Publicado em: 01/07/2014

RESUMO

O acúmulo e a manutenção da sacarose em cana-de-açúcar decrescem da base para o ápice dos colmos, a partir de processos fisiológicos naturais e por influência de fatores externos, como temperaturas elevadas e baixas precipitações por longos períodos. Visando esclarecer o efeito dos fatores genéticos e ambientais deste caráter, foram coletadas informações dos teores de sólidos solúveis totais (SST) de quatro regiões do colmo (internódios +17, +13, +9 e +5) de 84 variedades em cana-planta no início e final de safra. Foi evidenciado o maior acúmulo de SST e homogeneidade ao longo do colmo na fase final de colheita. A herdabilidade ampla deste caráter na fase inicial foi de 0,70 e 0,75 na fase final e a herdabilidade genética contribuiu mais efetivamente para o elevado teor de SST, sendo que apenas cinco genes com seus alelos controlam esta característica. A análise de capacidade geral de combinação estimou que as progênies de melhor rendimento produtivo na fase inicial podem ser obtidas dos cruzamentos entre variedades SP e na fase final entre variedades RB. Este estudo contribui com informações para estabelecer estratégias de análises genotípicas, moleculares e biotecnológicas na compreensão dos fatores genéticos relacionados ao armazenamento da sacarose, também na aplicação em programas de melhoramento de cana que visam obter variedades de melhor performance produtiva.

PALAVRAS-CHAVE: Acúmulo de sacarose, capacidade geral de combinação, herdabilidade, produtividade

TOTAL SOLUBLE SOLIDS AT THE BEGINNING AND THE END OF MATURITY IN SUGARCANE

ABSTRACT

The accumulation and maintenance of sucrose in sugarcane decrease from the base to the apex of the stalks, due to natural physiological processes and influenced by external factors such as high temperatures and low rainfall for long periods. To clarify the effect of genetic and environmental factors of this nature, the information content of total soluble solids (TSS) from four regions of the stalk (internodes +17, +13, +9 and +5) of 84 varieties of cane-plant were collected at the beginning and of harvesting season. Higher accumulation of TSS and homogeneity along the stem was evidenced in the end of harvesting. The broad-sense heritability of this character was 0.70 and 0.75 in the initial and final stages, respectively. Based on these results, we could conclude that the genetics contribute more effectively to the higher TSS content. It was estimated that only five genes with their alleles control this trait. The analysis of general combining ability estimated that the progenies of better growth performance in the initial and in the final stage can be obtained from crosses between SP varieties and between RB varieties, respectively. The present study contributes for the establishment of new strategies for genotypic, molecular and biotechnological analyzes dedicated to understand the genetic factors related to sucrose storage, and to be applied in genetic breeding programs which intent to produce sugarcane varieties with better productive performance.

KEYWORDS: heritability, general combining ability, productivity, sucrose accumulation.

INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar dentre as culturas de uso comercial é a que mais acumula fitomassa e destaca-se por assimilar e armazenar grandes quantidades de energia na forma de sacarose. A acumulação de sacarose no colmo tem sido extensivamente estudada em genótipos específicos (SACHDEVA et al., 2011), porém ainda não se disponibiliza de informações de uma forma geral, servindo como referência para cana-de-açúcar. O parâmetro biométrico de maior facilidade de determinação indireta da sacarose é o teor de sólidos solúveis totais (SST) (WACLAWOVSKY et al., 2011).

Percebe-se que nos colmos, o acúmulo de sacarose é gradualmente concentrado da base para o ápice. A deposição da sacarose no parênquima atinge os valores máximos próximo da maturação do internódio, o que não reflete a situação ao longo do colmo (UYS et al., 2007). Um modelo dinâmico do ciclo da sacarose é explicado pela biossíntese e o volume de troca entre vacúolo, compartimentos metabólicos e apoplasto (McCORMICK et al., 2009), mas uma caracterização genética deste fenômeno ainda não é evidente.

A base genética do armazenamento da sacarose sempre abordou uma pequena quantidade de genes (INMAN-BAMBER et al., 2011), sendo estes responsáveis pela maior contribuição fenotípica. O estudo da cinética de acumulação em plantas *in vitro* realizadas por ROHWER & BOTHA (2001), evidenciou que apenas o aumento na quantidade de enzimas e transportadores localizados no tonoplasto foram o suficiente para aumentar significativamente o conteúdo de sacarose acumulada. Mais recentemente VINAYAK et al. (2010), demonstraram que híbridos interespecíficos entre *Saccharum officinarum* x *Saccharum spontaneum* geraram variantes cujo caráter estimado

indicava que a maioria dos poucos genes expressava-se em dominância parcial.

Em programas de melhoramento de cana, um dos principais objetivos dos pesquisadores é a tentativa de aumentar a produtividade elevando o teor de sacarose (SACHDEVA et al., 2011). Na maioria dos países que exploram a cultura, pequenas melhorias no rendimento continuam a acumular, mas na Austrália, não houve qualquer aumento do teor de açúcar ao longo dos últimos 40 anos (JACKSON, 2005). Tratando-se de uma característica governada por alguns genes com expressão gênica e atividade enzimática variável, considerando-se, portanto o caráter quantitativo com ampla variação fenotípica entre variedades (ROHWER & BOTHA, 2001). HOARAU et al. (2001), utilizando descendentes de populações segregantes e marcadores moleculares identificaram estas regiões genéticas associadas com teor de sacarose caracterizando-as como locus de característica quantitativa (QTL). Mesmo, depois de vários estudos, a aplicação destas informações para esclarecer como isso acontece em cana-de-açúcar, ainda não é consenso para a maioria das variedades (VAN HEERDEN et al., 2010).

Modelos de previsão da qualidade da matéria-prima são ferramentas importantes no gerenciamento da lavoura canavieira, pois permitem estimativas de rendimento ao longo da safra, o que aumenta a eficácia das decisões gerenciais e estratégicas (SCARPARI & BEAUCLAIR, 2004). A estimativa de como esta característica é herdada e como é expressa, pode auxiliar os programas de melhoramento a decidir a inclusão de progenitores e a seleção de progênes mais produtivas.

Portanto, como uma abordagem complementar aos estudos já realizados, foram utilizadas as variedades de cana-de-açúcar mais plantadas em lavouras comerciais, como referência representativa do germoplasma brasileiro para identificar os parâmetros e fatores genéticos associados ao mecanismo que controla o acúmulo de SST (representativo de sacarose). Este estudo foi realizado a partir do acúmulo de SST ao longo do colmo em épocas diferentes visando a aplicabilidade destas informações em programas de melhoramento em cana-de-açúcar.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em Seropédica-RJ (latitude de 22°45'11"S, longitude 43°39'50" e altitude de 26 m) no período de 2010 a 2012. Foram utilizadas 84 variedades comerciais lançadas pelos principais programas de melhoramento do Brasil.

O delineamento experimental utilizado foi em três blocos contendo parcelas simples e implantados no mês de novembro de 2010. A unidade experimental constou de parcelas de única linha de 1,5 m de comprimento e 1,5 m entre linhas (1,5m x 1,5 m) com intervalos de 0,75 m. As avaliações compreenderam dois períodos aos 220 dias após o plantio (DAP) quando do início de colheita e 340 DAP, coincidindo com o final de colheita. Foram colhidas todas as plantas da parcela, sendo considerados apenas os 10 colmos mais uniformes para efetuar a medida do teor de sólidos solúveis totais (SST) usando refratômetro digital com fração decimal em °Brix em quatro pontos distintos do colmo, na região mediana dos internódios +17, +13, +9 e +5, coletando amostras de 0,5 mL de caldo das regiões pericentrais do colmo. Para descrever as curvas de acúmulo e manutenção dos SST, foi aplicada a análise de regressão polinomial de segunda ordem considerando as medidas tomadas nos diferentes internódios para ambos os períodos a partir dos dados brutos obtidos.

Para as demais análises foram elaborado o índice de acumulação e manutenção de SST (IAMS) considerando o valor médio dos teores de cada variedade e do produto do percentual inverso da variância: $IAMS = \bar{y} / (1 - (\sigma^2/100))$; onde \bar{y} é a média dos quatro pontos de medida e σ é a variância estimada entre estes pontos. Os componentes genéticos foram estimados segundo a variância fenotípica (σ_P) observada em cada bloco possibilitando estimar a variância ambiental (σ_E) pela diferença de σ_P entre os blocos (dentro do bloco) ou σ_P entre períodos (entre blocos). Para estimar a variância genética (σ_G) utilizou-se a seguinte fórmula: $\sigma_G = \sigma_P - \sigma_E$, e a herdabilidade no sentido amplo (h_a) pela fórmula; $h_a = (\sigma_G / \sigma_P) \cdot 100$. Foi estimada a capacidade geral de combinação (CEG) entre as 10 melhores variedades para início de colheita e final de colheita, gerando uma matriz de combinações pareadas. Para análise genética da capacidade geral de combinação (CEG) das variedades, foi utilizado o programa Genes (CRUZ, 2004), adotando-se a adaptação do modelo 4 de GRIFFING (1956) descrita por CRUZ & REGAZZI (1997): $Y_{ij} = m + g_i + g_j + S_{ij} + \epsilon_{ij}$

Em que: o Y_{ij} : é a média do híbrido simples entre a i-ésima variedade e j-ésima variedade como progenitores em geração F_1 ; m: é a média geral; g_i : é o efeito da capacidade geral de combinação do i-ésima variedade como genitor; g_j : é o efeito da capacidade geral de combinação do j-ésima variedade como genitor; S_{ij} : é o efeito da capacidade específica de combinação entre as variedades de ordem i e j; e, ϵ_{ij} : é o erro experimental médio.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Embora não tenha sido considerado o ciclo da variedade (precoce, médio e tardio), constatou-se que a maturação seguiu um padrão uniforme, decrescendo as concentrações de SST da base para o ápice nos dois períodos de colheita (Figura 1).

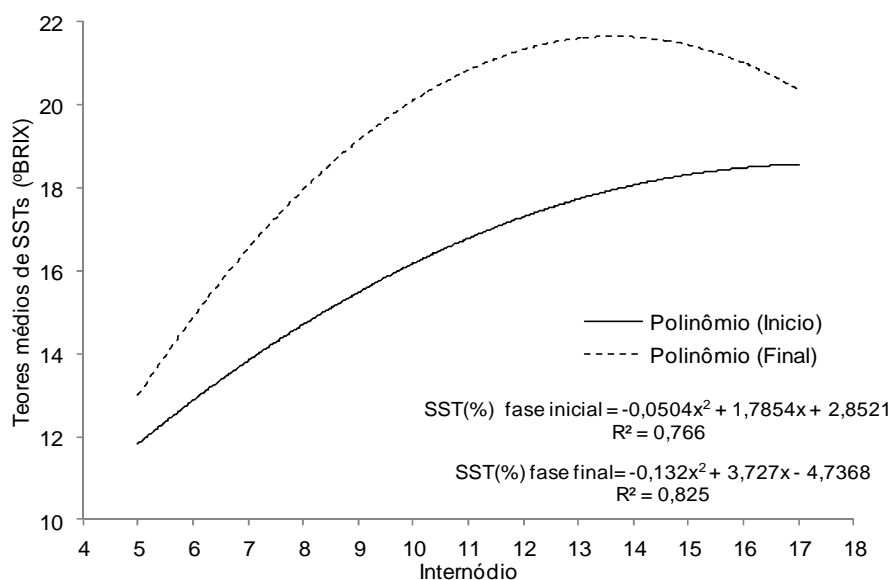


FIGURA 1. Curva de acúmulo de SST em quatro regiões do colmo das principais variedades comerciais de cana-de-açúcar do Brasil em fase inicial e final de colheita. Seropédica-RJ, 2012.

Na fase inicial de colheita (220 DAP), em função da idade fisiológica do internódio, todas as variedades apresentaram baixos valores médios de SST. Na fase final (340 DAP), foi evidenciado que os valores médios são superiores em relação à fase inicial, com maior teor de SST nos internódios +9, +13 e +17.

A partir dos dados brutos de SST foi obtida uma curva padrão e evidenciou-se que os resultados foram representativos, concordando com VAN HEERDEN et al. (2010), que também observou decréscimo de sacarose da base para o ápice em função do momento da colheita (SCARPARI & BEAUCLAIR, 2004). Estes mesmos autores ainda afirmam que os teores de SST são mais estáveis na fase final de colheita, e a variância entre os diferentes internódios é mais ampla em fase inicial quando comparada a fase final.

O teor de sacarose é um dos principais fatores de avaliação de produtividade em cana-de-açúcar uma vez que é um dos principais produtos de interesse da indústria, por isso há necessidade de conciliar alta produção de biomassa na forma de colmos e de um elevado teor de sacarose em período de colheita (SACHDEVA et al., 2011).

No entanto outro caractere de interesse é quanto ao tempo médio que a cultura apresenta-se mais apta para colheita ou período de utilização industrial (PUI) (INMAN-BAMBER et al., 2011). Colheita antecipada ou muito tardia é causa de prejuízos consideráveis decorrentes da queda de produtividade e da falta de padrões mínimos nas várias etapas da industrialização (SCARPARI & BEAUCLAIR, 2009). Muitos modelos para definir o melhor momento ideal de colheita foram desenvolvidos, no entanto, a abrangência destes não cobre todos os aspectos a serem correlacionados ao estágio de maturação (BOTHA, 2009), que vão desde o ciclo da variedade até os procedimentos logísticos que são adotados (VERMERRIS, 2011). O PUI atualmente adotado como um dos parâmetros indiretos para determinação da maturação baseado em refração é de fácil aplicabilidade e procura maximizar os resultados do processo produtivo auxiliando as decisões (WACLAWOVSKY et al., 2011).

A elaboração dos índices provou ser eficiente na discriminação de um aspecto fisiológico representativo das condições variantes durante o ciclo de colheita da cultura, pois consideraram o valor médio dos SST e sua variação (Tabela 1). As concentrações médias de SST foram penalizadas progressivamente na razão das diferenças entre os teores da base para o ápice (variância), e nas variedades de maturação mais uniforme este efeito foi menos rigoroso, ficando em valores próximos da média geral. Em média o fator de conversão ajustou as médias de IAMS em 16,7% a menos de que os teores médios do Brix em fase inicial de colheita (Brix 16,96 para o IAMS estimado em 14,10) e 13,34% nas fases finais (Brix em 18,27 para o IAMS em 15,84), em razão das variâncias médias estimadas em 16,8 e 13,3 respectivamente.

De posse dos índices normalizados, foram evidenciadas diferenças significativas entre variedades, diferentes épocas de maturação e em condições ambientais específicas. O efeito do ambiente em mesma fase de maturação inicial e final para os 3 blocos, evidenciou uma variância média de 9,16 e 11,96, e coeficientes de variação de 21,46 e 21,96% respectivamente (Tabela 1), indicando que o fenótipo observado é quantitativamente amplo em ambas as fases.

TABELA 1. Dados médios dos parâmetros fenotípicos e genéticos relacionados ao índice de acúmulo e manutenção de sólidos solúveis totais (IAMS) nos colmos de diferentes variedades de cana-de-açúcar considerando a variação ambiental dentro dos blocos, 2012.

Bloco	Início de colheita			Final de colheita			Componentes Genéticos			
	Média	Σ	CV(%)	Média	Σ	CV(%)	σP	σE	σG	H_a
1	13,87	9,53	22,25	14,75	11,93	23,41	10,73	2,40	8,32	77,59
2	13,85	8,28	20,77	17,39	11,10	19,16	9,69	2,82	6,87	70,90
3	14,57	9,68	21,36	15,37	12,85	23,32	11,27	3,17	8,10	71,89
Média Geral	14,10	9,16	21,46	15,84	11,96	21,96	10,56	2,80	7,76	73,46

Com relação aos parâmetros genéticos observou-se que as condições ambientais afetaram mais os caracteres de homogeneidade de concentração de SST nas diferentes partes do colmo das variedades na fase inicial de colheita. O ambiente afetou a variação fenotípica em aproximadamente 15% dos valores totais. O efeito das variáveis meteorológicas na maturação da cana-de-açúcar é um processo ainda pouco conhecido, apesar de apresentar inúmeros impactos à qualidade da matéria-prima para a indústria sucro-energética (WACLAWOVSKY et al., 2011).

Nesta fase aproximadamente 15,34% da variação observada foi dependente do ambiente (Tabela 2). Na fase tardia de colheita o ambiente contribuiu com 14,63%, confirmando, portanto a ação dos componentes genéticos na manutenção e concentração de SST nestas variedades de cana-de-açúcar. O número de genes sugeridos para esta característica não é superior a cinco (Tabela 2). Segundo CHANDRA et al. (2012) são poucos os genes que controlam o processo de estocagem de sacarose em células do parênquima do colmo (vacúolo).

TABELA 2. Dados médios dos parâmetros genéticos para a análise comparativa entre início e final do período de colheita considerando a média de IAMS das variedades comerciais de cana-de-açúcar, 2012.

Parâmetros	Inicial	Final
Médias Brutas (° Brix)	17,47	18,63
Média (Índice de maturação)	14,10	15,84
Variância fenotípica (σP)	9,16	11,96
Variância ambiental (σE)	1,40	1,175
Variância genética (σG)	7,76	10,21
Herdabilidade ampla (h_a)	84,68	85,37
Número de genes	4,57	4,84

No presente estudo, foram evidenciados que a contribuição genética para o acúmulo e manutenção da sacarose apresentou maior herdabilidade na fase final em relação a fase inicial (h_a 0,70 no início e 0,77 no final), resultados de herdabilidade semelhantes ao encontrados por ISHAQ & OLAOYE (2009).

Este fato pode ser decorrente do conjunto de genes e seus alelos que são expressos segundo o estado fenológico da cultura. Sabe-se que no final do ciclo a cultura concentra energia especificamente para a maturação, enquanto que na fase inicial, muitas outras funções ainda estão sendo expressas (SCARPARI & BEAUCLAIR, 2009).

A estocagem é dependente da presença do metabólito, via de regra o substrato deverá estar disponível em quantidade suficiente e o ciclo de síntese de sacarose e degradação em todos os entrenós (WHITTAKER & BOTHA, 1997). UYS et al., (2007) mostram esta dinâmica por meio de ensaios cinéticos de avaliação de sacarose em colmos e revelam que o efeito genético de alguns poucos genes é afetado circunstancialmente pelo ambiente na maioria das variedades. McCORMICK et al. (2008), ao estudarem a relação entre genes relacionados a biossíntese e acumulação de açúcares em período de estresses ambientais e seu efeito sobre a produtividade, evidenciaram que os genes mais afetados foram aqueles relacionados ao transporte de hexoses, principal componente do açúcar acumulado nos colmos.

BASNAYAKE et al. (2012) realizaram a transformação genética em cana-de-açúcar para isomaltulose sintase, ao final os autores obtiveram plantas transgênicas expressando uma isomaltulose sintase vacuolar em sete genótipos. Após três anos de avaliações em condições de campo, observaram nas variedades transformantes um aumento médio de 170-180 mM para 217 mM (=33% de açúcares totais no caldo).

Foram selecionadas as 10 variedades com os melhores IAMS, tanto no início como no final de colheita. Dentre todas as variedades avaliadas, as SP destacaram-se pela elevada homogeneidade da maturação. No período tardio as estimativas indicaram que as variedades RB se mostraram melhores acumuladoras de SST. Para o melhoramento genético cujo alvo seja o acúmulo e manutenção dos SST, a predição considerando apenas o efeito aditivo apontou que a melhor combinação entre possíveis progenitores poderá ser obtida a partir das variedades RB 955971 e RB 92656 com qualquer outra dentre as 10 variedades RB selecionadas em fase tardia. As variedades colhidas no final do ciclo (tardia) apresentaram as maiores médias de SST (Tabela 3).

Após identificar-se que um caráter é controlado eficientemente pelos seus fatores genéticos, abre-se a possibilidade de novas combinações serem criadas. Um dos principais desafios encontrados pelos melhoristas de plantas, é a escolha das combinações parentais que vão gerar as populações segregantes, para posteriormente serem utilizados como progenitores em cruzamentos induzidos (SACHDEVA et al., 2012).

A estimativa de quais seriam as melhores combinações, de fato, é a premissa básica do programa de melhoramento. Diversos métodos têm sido propostos, mas capacidade geral de combinação (CGC) proposto para cana-de-açúcar por BASTOS et al. (2003), refere-se à performance média de uma cultivar ou um clone em combinações híbridas com base na performance média de cultivares ou clones envolvidos. A CGC está associada a genes de efeitos principalmente aditivos, além dos efeitos epistáticos aditivos x aditivos (CRUZ & REGAZZI, 1997).

TABELA 3. Dados médios capacidade combinatória para as 10 variedades de cana-de-açúcar de melhor maturação homogênea, a partir de valores médios SST e predição de ganho genético para as possíveis progênies em geração F_1 . 2012.

Início	SP80-1842	RB92-5345	IAC86-2210	SP80-1842	SP80-3280	RB96-5911	SP91-1049	SP87-365	SP81-1763	RB947-625
SP80-1842	18,71									
RB925345	18,54	18,37								
IAC86-2210	18,10	17,93	17,48							
SP80-1842	18,08	17,91	17,46	17,44						
SP80-3280	18,05	17,88	17,44	17,42	17,39					
RB965911	18,02	17,85	17,40	17,38	17,36	17,33				
SP91-1049	17,97	17,80	17,35	17,33	17,31	17,28	17,22			
SP87-365	17,94	17,77	17,33	17,31	17,28	17,25	17,20	17,17		
SP81-1763	17,78	17,61	17,16	17,14	17,12	17,09	17,03	17,01	16,84	
RB947625	17,77	17,60	17,15	17,13	17,11	17,08	17,02	17,00	16,83	16,82
Final	RB95-5971	RB92-656	RB96-6928	RB925-345	RB96-5902	RB97-5138	RB86-7515	RB92-579	RB935-744	RB977-512
RB955971	20,10									
RB92656	19,85	19,61								
RB966928	19,71	19,46	19,32							
RB925345	19,62	19,38	19,23	19,15						
RB965902	19,49	19,24	19,10	19,01	18,87					
RB975138	19,37	19,13	18,98	18,90	18,76	18,65				
RB867515	18,94	18,69	18,55	18,46	18,32	18,21	17,77			
RB92579	18,91	18,66	18,52	18,43	18,29	18,18	17,74	17,72		
RB935744	18,87	18,62	18,48	18,39	18,25	18,14	17,70	17,68	17,63	
RB977512	18,85	18,61	18,46	18,38	18,24	18,13	17,69	17,66	17,62	17,60

No presente estudo foi evidenciado que as melhores combinações para o período precoce de colheita é encontrada entre cultivares SP, derivadas do programa Coopersucar (MATSUOKA et al., 2005) atual Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), mas no final de safra, a predição que as melhores progênies sejam obtidas por cruzamentos de variedades RB, que são derivadas do programa de melhoramento da RIDESA (Rede Interinstitucional para o Desenvolvimento Sucoalcooleiro). Estes resultados refletem as premissas de cruzamentos e seleção distintas que foram aplicadas a ambos os programas de melhoramento da cana-de-açúcar no Brasil, como relatado por MATSUOKA et al. (2005).

CONCLUSÕES

A análise de capacidade geral de combinação estimou que as progênies de melhor rendimento produtivo na fase inicial podem ser obtidas dos cruzamentos entre variedades SP e na fase final entre variedades RB. Sendo que o acúmulo de sacarose pode ser controlado por até cinco genes.

Os resultados obtidos nesta pesquisa mostram que o entendimento do comportamento de acumulação da sacarose e da estimativa de que poucos genes controlam este caractere é de fundamental importância para a aplicação nos programas de melhoramento na seleção de genitores e monitoramento da transferência dos caracteres hereditários para as progênies. A compreensão destes

fatores genéticos torna-se importante quando o objetivo do melhorista é obter resultados mais rápidos e variedades de cana-de-açúcar mais produtivas.

AGRADECIMENTOS

A Capes pela concessão da bolsa e ao professor Valdir Diola (*in memoriam*) pela disponibilidade do material vegetal e equipamentos do Laboratório de Melhoramento e Genética Vegetal do Instituto de Biologia da UFRRJ.

REFERÊNCIAS

BASNAYAKE, S. W. V; MORGAN, T. C.; WU, L.; BIRCH, R. G. Field performance of transgenic sugarcane expressing isomaltulose synthase. **Plant Biotechnology Journal** 10, p. 217–225. 2012.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P; CRUZ, C. D; BURNQUIST, W.L; BRESSIANI, J. B; SILVA, F. L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.2, p.199-206. 2003.

BOTHA, F. C. Energy yield and cost in a sugarcane biomass system. **Proceedings of the Australian Society of Sugar Cane Technologists** 31, 1–10. 2009.

CHANDRA, A; JAIN, R; SOLOMON, S. Complexities of invertases controlling sucrose accumulation and retention in sugarcane. **Current Science**, v. 102, n. 6, p. 857-866. 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, UFV, p.380, 1997.

CRUZ CD. **Programa Genes-Versão Windows**: Aplicativo computacional em Genética e Estatística. Versão 2004.2.1. Viçosa: UFV, 2004.

GRIFFING, J. B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel systems. **Australian Journal of Biological Science**, v. 9, p. 463-493. 1956.

HOARAU, J. Y.; OFFMANN, B; D'HONT, A; RISTERUCCI, A. M; ROQUES, D, GLASZMANN J. C.; GRIVET, L. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum* spp). I. Genome Mapping with AFLP markers. **Theor Appl Genet** 103: 84-97. 2001.

INMAN-BAMBER, N. G.; JACKSON, P. A.; HEWITT, M. Sucrose accumulation in sugarcane stalks does not limit photosynthesis and biomass production. **Crop and Pasture Science**, v. 10. p. 848-858. 2011.

ISHAQ, M. N.; OLAOYE, G. Conditions Cane yield attributes and heritability of juice quality characters in sugarcane under moisture deficit. **Sugar Tech**, 11(4) : 360-367. 2009.

JACKSON, P. A. Progress and prospects in genetic improvement in sucrose accumulation. **Field Crops Research** 92, 277–290. 2005.

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

Borém A. Melhoria de Espécies Cultivadas. Viçosa: **Editora da UFV**,. p. 225-274. 2005.

McCORMICK, A. J.; WATT, D. A.; CRAMER, M. D. Supply and demand: sink regulation of sugar accumulation in sugarcane. **J Exp Bot.**; 60(2):357-64. 2009.

McCORMICK, A. J.; CRAMER, M. D.; WATT, D. A. Changes in photosynthetic rates and gene expression of leaves during a source-sink perturbation in sugarcane. **Ann Bot.** 101(1):89-102. 2008.

ROHWER, J. M.; BOTHA, F. C. Analysis of sucrose accumulation in the sugar cane culm on the basis of in vitro kinetic data. **Biochem. J.** 358, 437-445. 2001.

SACHDEVA, M.; BHATIA, S.; BATTI, S. K. Sucrose accumulation in sugarcane: a potential target for crop improvement. **Acta Physiologiae Plantarum**, Volume 33, Issue 5, pp 1571-1583. 2012.

SCARPARI, M. S.; BEAUCLAIR, E. D. F. Sugarcane maturity estimation through edaphic-climatic parameters. **Sci. Agric**, v.61, n.5, p.486-491. 2004.

SCARPARI, M. S.; BEAUCLAIR, E. D. F. Physiological model to estimate the maturity of sugarcane. **Sci. Agric.**, v.66, n.5, p.622-628. 2009.

UYS, L.; BOTHA, F. C.; HOFMEYR, J. H.; ROHWER, J. M. Kinetic model of sucrose accumulation in maturing sugarcane culm tissue. **Phytochemistry**. Aug-Sep;68(16-18). 2007.

VAN HEERDEN, P. D. R.; DONALDSON, R. A.; WATT, D. A.; SINGELS, A. Biomass accumulation in sugarcane: unravelling the factors underpinning reduced growth phenomena. **Journal of Experimental Botany** 61, 2877–2887. 2010.

VERMERRIS, W. Survey of genomics approaches to improve bioenergy traits in maize, sorghum and sugarcane. **J Integr Plant Biol.** 53(2):105-19. 2011.

VINAYAK, V.; DHAWAN, A. K.; GUPTA, V. K. Variability in sucrose content at grand growth phase in tissues of *Saccharum officinarum* × *Saccharum spontaneum* interspecific hybrid progeny. **Journal of Plant Breeding and Crop Science** Vol. 2(7), pp. 173-180. 2010.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H.; SOUZA, G. M. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnol J.** vol 8(3):263-76. 2011.

WHITTAKER, A.; BOTHA, F. C. Carbon partitioning during sucrose accumulation in sugarcane internodal tissue. **Plant Physiology**, v.115, p.1651-1659. 1997.