



## Genotipos élite para la evaluación de cruces en la mejora genética en caña de azúcar

### Elite genotypes for the evaluation of crosses in sugarcane genetic breeding

 Reynaldo Rodríguez Gross<sup>1\*</sup>,  Yaquelin Puchades Izaguirre<sup>1</sup>,  
 Wilfre Abiche Maceo<sup>1</sup>,  Héctor García Pérez<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Investigaciones de la Caña de Azúcar (INICA Santiago de Cuba). Oriente-Sur. Carretera Central Km 2½, Los Coquitos, Palma Soriano, Santiago de Cuba, Cuba. C.P. 92610

<sup>2</sup>Instituto de Investigaciones de la Caña de Azúcar (INICA Habana). Carretera a la CUJAE km 1½, Boyeros, La Habana, Cuba. CP:55100

**RESUMEN:** La eficiencia de los programas de mejoramiento genético en caña de azúcar requiere la diversidad del germoplasma. Esta es facilitada por formulaciones de estrategias y procedimientos de selección. El objetivo del presente estudio es la detección y uso de genotipos o individuos élite como criterio de evaluación de cruces del Programa de Mejoramiento Genético de la caña de azúcar en Cuba. Se utilizaron los datos de selección de las etapas del esquema de mejoramiento genético pertenecientes a la propagación clonal 1, 2 y estudios replicados (período 2000-2014). Se determinó el porcentaje de genotipos élite y la repetibilidad de esta clasificación de una etapa respecto a la otra. Se obtuvo un algoritmo de clasificación de genotipos élite con una efectividad de 85.3 %, para pronosticar cultivares comercializables en etapas tempranas de selección, cuando se detectan en la etapa clonal 2 respecto al 28.3 % en la etapa clonal 1. Se identificaron los 26 cruces con mayor aporte de genotipos élite a estudios replicados. De estos, el 72.8 % se corresponde con cruces de moderadamente comprobado a muy comprobado según la clasificación genética preliminar. Este resultado permite evaluar y pronosticar su respuesta a la selección y actualizar el programa de cruces para la mejora genética de la caña de azúcar en Cuba.

**Palabras clave:** selección, cultivares, hibridación.

**ABSTRACT:** Efficient sugarcane breeding programs require availability of diverse germplasm and they are facilitated by formulation of appropriate selection strategies and procedures. The objective of the present study is the detection and use of genotypes or elite individuals as a criterion for the evaluation of crosses of the Sugarcane Breeding Program in the southeastern region of Cuba. The data from the selection evaluations of the stages of the genetic breeding scheme belonging to clonal propagation 1, 2 and replicated studies (period 2000-2014) were used. A classification algorithm was established to detect elite individuals on the variables diameter, stem length and refractometric brix compared to the control cultivar. The repeatability of the individuals and crosses where the elite individuals were classified from one stage to the other was determined. It was possible to detect the crosses that provide elite individuals, with significantly higher values in the clonal selection stage 2 to replicated studies than in the first clonal selection stage. The repeatability of the elite individuals in the clonal selection stages increases in the final stages of selection with respect to the initial one. The effectiveness of classification of these elite individuals in becoming recommended cultivars was 28.3 % when detected in clonal stage 1 compared to 85.3 % in clonal stage 2.

**Key Word:** selection, hybridization, cultivars.

\*Autor para correspondencia. [reynaldo.rodriguez@inicasz.cuba](mailto:reynaldo.rodriguez@inicasz.cuba)

Recibido: 23/07/2022

Aceptado: 08/05/2024

**Conflicto de intereses:** Los autores declaran no tener conflicto de intereses

**Contribución de los autores:** **Conceptualización-** Reynaldo Rodríguez Gross. **Investigación-** Reynaldo Rodríguez Gross, Yaquelin Puchades Izaguirre, Wilfre Abiche Maceo, Héctor García Pérez. **Escritura del borrador inicial, escritura, edición final y curación de datos-** Reynaldo Rodríguez Gross, Yaquelin Puchades Izaguirre.

Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



## INTRODUCCIÓN

La obtención de cultivares de caña de azúcar ha desempeñado un rol fundamental en el desarrollo de la industria en el mundo (1). El proceso de selección en los programas de mejoramiento genético es complejo y se desarrolla con varias líneas u objetivos de mejoramiento (2).

La eficiencia de los programas de mejoramiento genético en caña de azúcar requiere la diversidad del germoplasma, la cual es facilitada por formulaciones de estrategias y procedimientos de selección, así como la optimización de recursos (3). La elección de progenitores y la predicción de su valor es una de las acciones más importantes y, por ende, el incremento de la selección y la ganancia genética es una medida del éxito de estos programas (4).

El Instituto de Investigaciones de la Caña de Azúcar de Cuba (INICA) desarrolla un Programa de Mejoramiento Genético para dar respuesta a la obtención de nuevos cultivares. La región suroriental de Cuba está insertada en el mismo con la evaluación y selección anual de 40 000 posturas. Esto significa que se tiene un grupo de clones en estudio en diferentes etapas y años de selección.

Por otra parte, los planes de desarrollo varietal requieren constantemente tácticas para el diseño de escenarios de mejoramiento genético, tan eficientes como sea posible e interpretar datos colectados (3). De estos procedimientos se pueden hacer inferencias correctas y conclusiones acerca de la pregunta o preguntas de investigación.

En el proceso de mejoramiento genético se valoran muchos criterios para elegir a los progenitores. Algunos autores consideran el valor genético de un genotipo como la habilidad para producir progenies superiores cuando son utilizados como progenitor y este valor es utilizado como referencia en el mejoramiento genético de plantas y animales (5).

El valor de los cruces también es usado para identificar familias que poseen progenies con alto valor en determinados caracteres, las cuales se conocen como familias élite (6). De igual modo, se pueden localizar individuos élite, con características superiores al resto de las progenies, que permitan clasificar familias destacadas.

En el esquema de mejoramiento genético de la caña de azúcar que desarrolla el INICA se utiliza como método

básico la selección individual, en detrimento de la selección familiar, lo que hace más difícil la estimación del valor de los progenitores y cruces. Además, no se dispone de una metodología para la identificación y conducción de genotipos élite a través de las diferentes etapas de la selección y que estos, a la vez, contribuyan a la recomendación de nuevos cultivares y a la valoración de progenitores y familias.

El objetivo del presente estudio es la detección y uso de genotipos o individuos élite como criterio de evaluación de cruces en el Programa de Mejoramiento Genético de la caña de azúcar en la región sur oriental de Cuba.

## MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se desarrolló en la Estación Experimental de la Caña de Azúcar de la región sur oriental de Cuba, ubicada en la provincia Santiago de Cuba. Se utilizaron los datos de las evaluaciones de selección de las etapas 2, 3 y 4 del esquema de mejoramiento genético, según las normas y procedimientos metodológicos del Instituto de Investigaciones de la Caña de Azúcar (7) (Tabla 1).

Con los criterios establecidos en las normas y procedimientos metodológicos, relacionados con la selección de los individuos en las etapas de propagación clonal, se programaron y simularon cinco algoritmos de clasificación de genotipos élite. Para esto se utilizó la interfase informática SASEL, desarrollada para la gestión de la información del proceso de selección de la caña de azúcar en Cuba (8).

En la programación de los algoritmos se tuvo en cuenta los valores de las variables: brix refractométrico, diámetro y longitud de los tallos, respecto al cultivar testigo C87-51. En el caso de la longitud de los tallos se utilizó la menor presión de selección por ser la variable de menor heredabilidad.

Para el diseño del algoritmo se trabajó en dos estrategias: i- priorizar el contenido azucarero de los individuos seleccionados con brix refractométrico superior o igual al testigo y los componentes del rendimiento agrícola similares al testigo, ii- priorizar los componentes del rendimiento agrícola (diámetro y longitud de los tallos), superior o igual al testigo y el contenido azucarero similar al testigo.

**Tabla 1.** Etapas, años y variables evaluadas en el período de estudio

Etapas	Año	Variables	Cosechas evaluadas	Edad (meses)
Propagación clonal 1 (PC1)	2000-2014	• Brix refractométrico (%) • Diámetro de los tallos(cm) • Longitud de los tallos (m)	Primer retoño	12
Propagación clonal 2 (PC2)	2000-2014	• Brix refractométrico (%) • Diámetro de los tallos (cm) • Longitud de los tallos (m)	Primer retoño	12
Estudios replicados(ER)*	2000-2012	• Número de individuos que participan • Cultivares recomendados	• Caña planta • Primer retoño	18 12

\*Años donde se establecieron los ensayos de variedades

En cada año y etapa de selección se determinaron las siguientes variables:

- Porcentaje de élite respecto a los seleccionados.
- Porcentaje de los cruces donde se clasificó la élite respecto al total de cruces de los individuos seleccionados.
- Porcentaje de repetibilidad de la condición de élite de una etapa respecto a la otra.
- Porcentaje de repetibilidad de cruces élite (familias donde se detectó la élite y que repiten su condición de una etapa a la otra).

A las medias de las variables anteriores se les aplicó la prueba t para la comparación de medias al 5 % de significación. Se registraron, de los genotipos élite en las etapas de PC1 y PC2, los cruces o las familias de los cultivares establecidos en los ER y el número de individuos. Se utilizó la clasificación genética de estos cruces para obtener una posible asociación entre su categorización y el número de élite estudiados en esta etapa (9).

Se determinó el número de variedades liberadas a extensión y su clasificación de la condición de élite en etapas anteriores para establecer la efectividad del algoritmo utilizado, a través del porcentaje de variedades recomendadas versus clasificación preliminar como la élite.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Como resultado de cinco diseños y simulaciones se creó un algoritmo de clasificación de la élite, no concebido en las normas metodológicas (Figura 1). Este esquema detecta las mejores características en los genotipos seleccionados a partir de las variables evaluadas y que representa los objetivos de la mejora genética en la caña de azúcar para el rendimiento agrícola e industrial.

En la primera estrategia (i), cuando se comparó las variables con el cultivar testigo C87-51, se detectaron genotipos de alto brix, superior en 0.5, diámetro de los tallos igual o superior y longitud de los tallos superior o

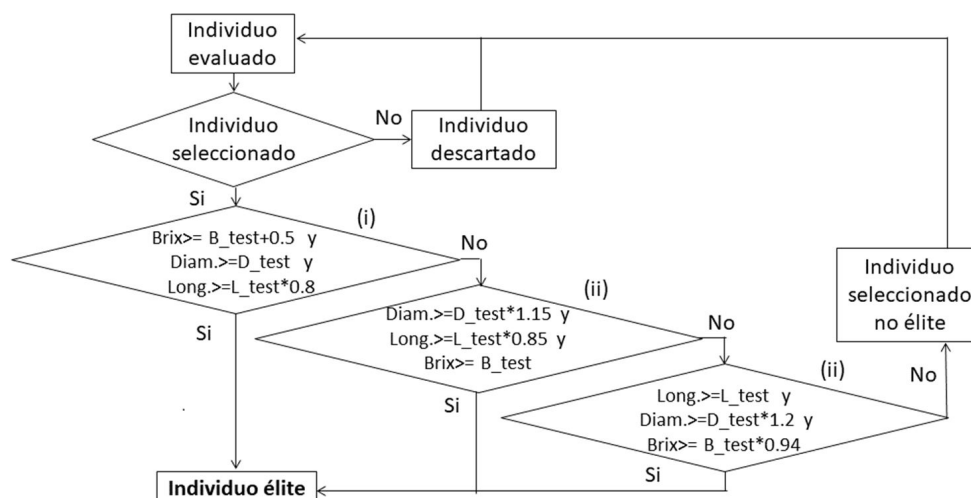
igual al 80 %. En la segunda estrategia (ii), clasificaron los genotipos de brix igual o superior, diámetro igual o superior en un 115 % y longitud de los tallos superior o igual al 85 %. Una segunda variante de esta estrategia reveló los genotipos con brix igual o superior en 94 %, diámetro de los tallos igual o superior en 80% y longitud de los tallos igual o superior.

Al aplicar el algoritmo de clasificación de genotipos élite, los resultados mostraron que, en todas las series estudiadas, a excepción de las de 2004, 2005 y 2008, el porcentaje de individuos élite respecto a los seleccionados es inferior en la etapa de PC1 con relación a la PC2 (Figura 2a). Las medias de estos porcentajes, en ambas etapas, estuvieron en 19 y 37 %, respectivamente, con diferencias significativas al 5 %. Estos resultados pueden estar motivados a que en la etapa 2 de selección el tamaño de las parcelas es superior y con un proceso previo de selección.

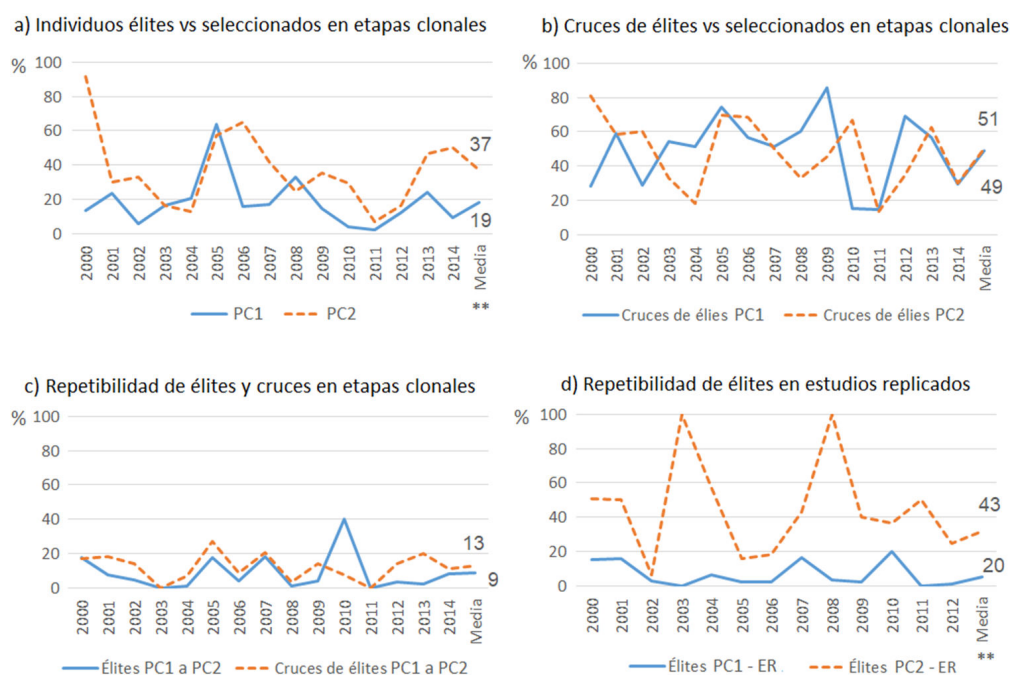
Cuando se analizó el porcentaje de cruces con procedencia de genotipos élite fue superior el valor con relación al porcentaje de los individuos élite, aunque sin diferencias importantes entre las etapas de selección clonal (Figura 2b). Las medias de las dos etapas fueron similares, sin diferencias estadísticas, con un valor ligeramente superior para la selección en la etapa 2 (51 %).

La repetibilidad de los individuos élite a ser seleccionados de una etapa a la otra resultó inferior en las primeras etapas de selección respecto a las finales (Figura 2c y 2d). En las últimas etapas se aprecia un incremento significativo de los porcentajes de repetibilidad de los individuos élite, con mayor valor en la etapa de PC2 a ER (43 %).

Para todas las series evaluadas, excepto la de 2010, la repetibilidad de los cruces que aportan individuos élite de la etapa de PC1 a la PC2 fue superior, con una media del 13 %, lo que ratifica que las familias tienen mayor consistencia en el aporte de élite en las etapas finales de selección que la de los genotipos élite.



Brix- Brix refractométrico; Diam.-diámetros de los tallos; Long.-longitud; B\_test.-Brix del testigo; D\_test.- diámetro de los tallos del testigo; L\_test.-logitud nde los tallos del testigo; i-estrategia de priorizar el contenido azucarero; ii- estrategia de priorizar el rendimiento agrícola  
**Figura 1.** Algoritmo de detección de individuos élite en las etapas de propagación clonal 1 y 2



PC1 - Etapa de propagación clonal 1; PC2 - Etapa de propagación clonal 2;

ER- Etapa de estudios replicados; \*\* - medias diferentes para  $p < 0.05$

**Figura 2.** Porcentaje de participación y repetibilidad de individuos y cruces élite

Al hacer un análisis de los cruces que aportan mayor cantidad de individuos élite a estudios replicados, se encontró que el 72.8 % clasifican como cruces de moderadamente comprobado a muy comprobado, con prevalencia de la clasificación comprobado (29.1 %) (Tabla 2). Solo el 5.1 % de los cruces con aporte de cinco individuos o más clasificaron como moderadamente descartados, no obteniéndose cruces descartados ni muy descartados.

Hay que señalar cruces con 14 o más individuos élites a estudios replicados clasificados como muy comprobado y comprobado, como fueron: C92-524 x Mex66-1235, C96-435 x Mex66-1235, CSG295-92 x B37161, C25-381 x CP70-1133, C229-84 x CP70-1133 y C86-12 x CP70-1133.

La efectividad del algoritmo de detección de la élite quedó evidenciada en los resultados del análisis de las series que culminaron los estudios replicados y recomendaron los cultivares a fase de extensión (Tabla 3). Se corroboró la utilidad de diagnosticar genotipos superiores en la etapa de PC2, debido al porcentaje de coincidencia (85.7 %) con los cultivares que se recomiendan a fase de extensión y uso comercial de los mismos.

El sistema de cruces comprobados en caña de azúcar requiere de varios años para determinar si un cruce es considerado élite o no. Este sistema, se basa en la proporción inicial de posturas respecto a los genotipos que avanzan en etapas posteriores, lo que permite estimar el valor del cruce (6). Los resultados obtenidos en este trabajo permitieron caracterizar los cruces que aportan genotipos a etapas finales de selección y, por tanto, variedades a extensión, lo que contribuye a estimar su valor

genético para incorporarlo al programa de cruzamientos o mantenerlo en el mismo como cruce comprobado.

La evaluación de progenitores con datos de progenie es más efectiva en plantas con genoma complejos como la caña de azúcar (10). Los cruces con alto porcentaje de germinación y avances en etapas subsiguientes de selección pueden ser considerados élite a costa de nuevos cruces o cruces con menos posturas (6).

Diferentes autores han invocado el uso de la selección familiar seguido de la individual para producir ganancias mayores que las obtenidas por la selección en individual, especialmente en caracteres de baja heredabilidad (11). En este sentido, los resultados de este estudio contribuyen a la identificación de individuos y familias élite, lo que permite realizar una mejor elección de las combinaciones que participan en el programa de cruces y de selección familiar.

El objetivo de la selección familiar es identificar familias élite a partir de focalizarse en la selección individual de los genotipos (12) y es un importante procedimiento a considerar en las etapas tempranas de los programas de mejora genética de la caña de azúcar (13). Estos estudios han mostrado que la selección familiar es superior a la individual, con alta ganancia genética para caracteres cuantitativos como el rendimiento agrícola, en las primeras etapas de selección (10, 12). Por tanto, los cruces de progenitores élite deberían tener mayor uso en los programas de mejoramiento por aportar una gran proporción de genotipos con un rendimiento esperado elevado (14). A pesar de que el presente trabajo se basa en la selección individual, logra extraer información para la caracterización de los cruces.

La mejor estrategia en términos de ganancia genética y costo es una combinación de selección familiar y selección dentro de las familias (12). No obstante, los problemas potenciales mostraron significativa correlación entre el grado visual y subsiguiente comportamiento en próximas etapas clonales, incluso con el contenido azucarero (posturas más vigorosas tienden a tener alto contenido en azúcar en próximas etapas) (15).

Otros autores consideran que en la etapa de posturas se justifica el uso de la evaluación familiar y, posterior a

ésta, la selección individual restringida a lo seleccionado en esas familias, debido a la baja heredabilidad de los caracteres cuantitativos unido a la alta variación ambiental y pequeños tamaños de las parcelas presentes en esta etapa (6). No obstante, de acuerdo a los resultados de este trabajo, la selección individual de genotipos élite y la descendencia que lo constituye realiza aportes al Programa de Mejoramiento Genético de la caña de azúcar desarrollado en Cuba.

**Tabla 2.** Clasificación genética versus cruces con aporte de cinco o más individuos élite en estudios replicados

Combinación	Frec.	Clones élite	PNC	Clasificación*	%
C92-524 x Mex66-1235	1	21	FM	Muy comprobado	21.1
C96-435 x Mex66-1235	1	15	M		
CSG295-92 x B37161	1	14	M		
C86-503 x CP70-1527	1	6	FM		
C25-381 x CP70-1133	1	23	M	Comprobado	29.1
C229-84 x CP70-1133	2	22	PNC		
C86-12 x CP70-1133	1	14	PNC		
C112-80 x CP70-1133	1	6	M		
C90-501 x Mex66-1235	1	6	PNC		
CP70-1133 x My5724	1	6	PNC		
C90-501 x C86-531	3	28	PNC	Moderadamente comprobado	22.6
CP36-13 x CP70-1133	1	10	M		
C90-501 x B45181	1	6	PNC		
C90-501 x CSG87-508	1	6	FM		
C323-68 x C84-474	1	5	F		
CP70-1527 x C86-502	1	5	FM		
C86-602 x C87-253	1	10	FM	Inconsistente	21.5
C90-501 x C85-507	1	10	FM		
C86-456 x CP56-59	1	9	PNC		
CP52-43 x CP70-1133	1	9	PNC		
C86-12 x C85-277	1	8	PNC		
CP72-2086 x Ja64-20	2	6	PNC		
Co421 x CP70-1133	1	5	PNC		
C323-68 x CP72-2086	1	5	PNC	Moderadamente descartados	5.7
C86-407 x Ja64-11	1	5	PNC		
C90-501 x Ja64-11	1	5	PNC		
<b>Total</b>		<b>265</b>	<b>14</b>		

Frec. - Frecuencia; \*- Clasificación genética; %- Porcentaje de la clasificación genética de los cruces según el aporte de individuos élite en estudios replicados; PNC- Programa Nacional de Cruces; F- Progenitor femenino del PNC; M- Progenitor masculino del PNC

**Tabla 3.** Cultivares recomendados a fase de extensión versus clasificación de individuos élite en etapas precedentes de selección

Serie	Variedades a extensión	Progenitores		Élite	
		Femenino	Masculino	PC1	PC2
2000	C00-575	C86-12	CP70-1133	No	Si
2002	C02-554	C88-533	PC	No	Si
2003	C03-551	C88-533	PC	No	No
2004	C04-553	ClonT96-40	CSG87-508	No	Si
	C04-570	CP52-43	PC	Si	Si
2006	C06-559	C86-456	CP56-59	Si	Si
Total	7			2	5
%				28.7	85.7

PC1- Etapa de propagación clonal 1; PC2-Etapa de propagación clonal 2; %- Porcentaje de cultivares recomendados a extensión con clasificación de élite en etapas anteriores de selección



## CONCLUSIONES

- Se obtuvo un algoritmo de clasificación de genotipos élite con efectividad para pronosticar cultivares comercializables, en etapas tempranas de selección, de 85.3 % cuando se detectan en la etapa clonal 2 respecto al 28.3 % en la etapa clonal 1.
- Se determinaron 26 cruces con mayor aporte de genotipos élite a estudios replicados, correspondiéndose 72.8 % de los mismos a la clasificación genética preliminar de moderadamente comprobado a muy comprobado, lo que permite evaluar y pronosticar su respuesta a la selección y perfeccionar el programa de cruces en el Programa de Mejoramiento Genético de la caña de azúcar en Cuba.

## BIBLIOGRAFÍA

1. Yadav, S., Jackson, P., Wei, X., Ross, E., Aitken, K., Deomano, E., Atkin, F., Hayes, B., & Voss-Fels, K. (2020). Accelerating Genetic Gain in Sugarcane Breeding Using Genomic Selection. *Agronomy*, 10, 585. <http://doi.org/10.3390/agronomy10040585>
2. Yang, K., Jackson, P., Wei, X., Wu, C., Qing, W., Zhao, J., Yao, L., Zhao, L., Zhao, Y., Zhao, P., Chen, X., Liu, J., & Li, F. (2021). Optimizing selection indices in sugarcane seedlings. *Crop Science*, 61, 3972–3985. <http://doi.org/10.1002/csc2.20602>
3. Hoarau, J., Dumont, T., Wei, X., Jackson, P., & D'Hont, A. (2021). Applications of Quantitative Genetics and Statistical Analyses in Sugarcane Breeding. *Sugar Tech*, 24, 320–340. <http://doi.org/10.1007/s12355-021-01012-3>
4. Zhou, M., & Gwata, E. (2015). Location Effects and Their Implications in Breeding for Sugarcane Yield and Quality in the Midlands Region in South Africa. *Crop Science*, 55(6), 1–11. <http://doi.org/10.2135/cropsci2015.02.0101>
5. Mbuma, N., Zhou, M., & Van der Merwe, R. (2020). Estimating breeding values of genotypes for sugarcane yield using data from unselected progeny populations. *Euphytica*, 2, 216. <http://doi.org/10.1007/s10681-019-2540-0>
6. Mbuma, N., Zhou, M., & Van der Merwe, R. (2017). Identifying Elite Families and Determining Optimum Family Selection Rates in Sugarcane Breeding. *Crop Science*, 57, 2525–2537. <http://doi.org/10.2135/cropsci2017.01.001>
7. Jorge, H., González, R., Casas, M., & Jorge, I. (2011). Normas y Procedimientos del Programa de Mejoramiento Genético de la Caña de Azúcar en Cuba. INICA: PUBLINICA La Habana. <https://www.revista.icidca.azcuba.cu/wp-content/uploads/2023/03/Vol.-57-No.1.-enero-abril-2023.pdf>
8. Rodríguez, R., Puchades, Y., Abiche, W., Rill, S., & García, H. (2016). SASEL: software for data management generated in the Cuban sugarcane-breeding program. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists*, 29, 63–66. <https://www.google.com/url?sa=t&source=web&rct=j&opi=89978449&url=https://ediciones.inca.edu.cu/index.php/ediciones/article/download/1685/3332/8947&ved=2ahUKEwiE2-G-25CJAxVpSzABHVNRHXoQFnoECBkQAQ&usg=AOvVaw2EvA0MgnIB9dDoISV-q6tU>
9. Rodríguez, R., Puchades, Y., & Abiche, W. (2020). Metodología de validación y manejo de cruces en la mejora genética en caña de azúcar. *Cultivos Tropicales*, 41(1), e02. <https://www.google.com/url?sa=t&source=web&rct=j&opi=89978449&url=https://ediciones.inca.edu.cu/index.php/ediciones/article/view/1536&ved=2ahUKEwjW7PDI25CJAxVuTDABHVnfBUYQFnoECBMQAQ&usg=AOvVaw19IZw8mgMXrl4bUSMcYcVcK>
10. Stringer, J., Cox, M., Atkin, F., Wei, X., Hogarth, D. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. *Sugar Tech*, 2011, 13, 36–41. <http://doi.org/10.1007/s12355-011-0073-5>
11. Peternelli, L., Bernardes, D., Brasileiro, B., Barbosa, M., Silva, R. Decision Trees as a Tool to Select Sugarcane Families. *American Journal of Plant Sciences*, 2018, 9, 216-230. <http://doi.org/10.4236/ajps.2018.92018>
12. Kimbeng, C., Cox, M. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. *Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists*, 2003, 23, 20–39. Disponible en: [https://www.researchgate.net/publication/313172965\\_Early\\_generation\\_selection\\_of\\_sugarcane\\_families\\_and\\_clones\\_in\\_Australia\\_A\\_review](https://www.researchgate.net/publication/313172965_Early_generation_selection_of_sugarcane_families_and_clones_in_Australia_A_review)
13. Cursi, D., Cox, M., Anoni, C., Hoffmann, H., Gazaffi, R., Franco, A. Comparison of different selection methods in the seedling stage of sugarcane breeding. *Agronomy Journal*, 2020, 112, 6, 4879-4897. <http://doi.org/10.1002/agj2.20431>
14. Mbuma, N., Zhou, M., Van der Merwe, R. Evaluating parents for cane yield in sugarcane breeding using best linear unbiased prediction analysis of progeny data derived from family plots. *South African Journal of Plant and Soil*, 2018, 1-8. <http://doi.org/10.1080/02571862.2018.1465136>
15. Jackson, P. What is the optimal selection intensity of seedlings (stage 1) in sugarcane breeding programs? *International Sugar Journal*, 2018, 1435, 542–546. Disponible en: [https://www.semanticscholar.org/paper/What-is-the-optimal-selection-intensity-of-\(stage-Jackson/f8840dc5017e77e04f69453c1bac073f15611818](https://www.semanticscholar.org/paper/What-is-the-optimal-selection-intensity-of-(stage-Jackson/f8840dc5017e77e04f69453c1bac073f15611818)