



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
PRODUÇÃO VEGETAL E BIOPROCESSOS ASSOCIADOS

APLICABILIDADE DE ÍNDICES COLORIMÉTRICOS NO MELHORAMENTO
GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*).

RACHEL CRUZ CARVALHO TAIRUM

Araras
2020



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
PRODUÇÃO VEGETAL E BIOPROCESSOS ASSOCIADOS

APLICABILIDADE DE ÍNDICES COLORIMÉTRICOS NO MELHORAMENTO
GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*).

RACHEL CRUZ CARVALHO TAIRUM

ORIENTADOR: PROF. DR. RODRIGO GAZAFFI

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados como requisito parcial à obtenção do título de MESTRE EM PRODUÇÃO VEGETAL E BIOPROCESSOS ASSOCIADOS

Araras

2020

Tairum, Rachel Cruz Carvalho

Aplicabilidade de índices colorimétricos no
melhoramento genético da cana-de-açúcar (*Saccharum
spp.*) / Rachel Cruz Carvalho Tairum -- 2020.
88f.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de São
Carlos, campus Araras, Araras
Orientador (a): Rodrigo Gazaffi
Banca Examinadora: Roberto Fritsche Neto, Livia Maria
Chamma Davide de Carvalho
Bibliografia

1. Ciências Agrárias. 2. Melhoramento Genético de Cana-
de-Açúcar. 3. Índices Colorimétricos. I. Tairum, Rachel
Cruz Carvalho. II. Título.

Ficha catalográfica desenvolvida pela Secretaria Geral de Informática
(SIn)

DADOS FORNECIDOS PELO AUTOR

Bibliotecário responsável: Maria Helena Sachi do Amaral - CRB/8
7083



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SÃO CARLOS

Centro de Ciências Agrárias

Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados

Folha de Aprovação

Defesa de Dissertação de Mestrado da candidata Rachel Cruz Carvalho Tairum, realizada em 29/07/2020.

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Rodrigo Gazaffi (UFSCar)

Prof. Dr. Roberto Fritsche Neto (ESALQ/USP)

Profa. Dra. Livia Maria Chamma Davide de Carvalho (UFGD)

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

O Relatório de Defesa assinado pelos membros da Comissão Julgadora encontra-se arquivado junto ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus, que me proporcionou estar aqui hoje e por ter proporcionado a oportunidade de ingressar e finalizar este projeto.

Agradeço a meus pais, Claudia e Tomaz, por todo o apoio, incentivo, acolhimento e compreensão durante este período, por todo o carinho e paciência que suportaram o distanciamento e as horas de silêncio para estudo. Também aos meus amigos, que me ouviram, apoiaram e auxiliaram nos momentos de tensão e ansiedade, me distraíndo e divertindo.

Agradeço a meu orientador, Prof. Dr. Rodrigo Gazaffi, por todos os incentivos, ensinamentos, aprendizados, a amizade e conselhos. Sem sua ajuda não teria finalizado esta dissertação.

Ainda, gostaria de agradecer a Prof.^a Dr.^a Adriana Cavalieri, pelo apoio durante o projeto, pelos ensinamentos e toda a ajuda para com o uso do drone e os softwares de processamento.

Meus sinceros agradecimentos também a UFSCar e ao Programa de Pós Graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados, por me aceitarem como estudante de pós-graduação. E a toda equipe do PMGCA e a Prof.^a Dr.^a Monalisa Carneiro, por disponibilizarem o campo para a avaliação e conseguinte desenvolvimento desta dissertação.

Agradeço a CAPES, pois “O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenadoria de aperfeiçoamento de pessoal de Nível Superior (CAPES) – Brasil – Código de financiamento 001”

“Agradeço todas as dificuldades que enfrentei; não fosse por elas, eu não teria saído do lugar. As facilidades nos impedem de caminhar. Mesmo as críticas nos auxiliam muito.”

Chico Xavier

SUMÁRIO

	Página
ÍNDICE DE TABELAS	i
ÍNDICE DE FIGURAS	ii
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
INTRODUÇÃO	01
OBJETIVOS	05
REVISÃO DA LITERATURA	06
1 Botânica e taxonomia da Cana-de-Açúcar.....	06
2 Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar no Brasil.....	07
3 Redução dos ganhos genéticos no melhoramento da cana-de- açúcar.....	09
4 A Agricultura de Precisão, Sensoriamento Remoto e a Captura de Imagens.....	11
5 Índices de vegetação e colorimétricos.....	15
6 Integração de tecnologia de SR com o melhoramento genético.....	19
LITERATURA CITADA	22
CAPÍTULO 1. APLICAÇÃO DE ÍNDICES COLORIMÉTRICOS VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM ETAPA INICIAL DO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR	31
1 Resumo.....	31
2 Introdução.....	32
3 Materiais e Métodos.....	33
3.1 Experimento de campo.....	33
3.2 Dados obtidos por VANT.....	34
3.3 Construção do ortomosaico e delimitação dos genótipos.....	34
3.4 Índices colorimétricos.....	35
3.5 Análise estatística.....	35
4 Resultados e Discussão.....	37
5 Conclusões.....	47
6 Literatura citada.....	47

CAPÍTULO 2. ÍNDICES COLORIMÉTRICOS PARA AVALIAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO DO PAINEL BRASILEIRO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	52	
1	Resumo.....	52
2	Introdução.....	53
3	Materiais e Métodos.....	55
3.1	População de estudo.....	55
3.2	Aquisição de Imagens.....	56
3.3	Construção do ortomosaico.....	56
3.4	Identificação das parcelas experimentais.....	57
3.5	Obtenção do índice de colorimétrico.....	57
3.6	Estimação dos parâmetros genéticos.....	58
4	Resultados.....	60
4.1	Captura e processamento de imagens.....	60
4.2	Análises estatísticas.....	62
4.2.1	Seleção do modelo estatístico.....	62
4.2.2	Componentes de variância.....	63
4.2.3	Distribuição e associação entre médias ajustadas.....	66
5	Discussão.....	73
6	Conclusões.....	78
7	Literatura citada.....	78
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	84	
APÊNDICE.....	85	

ÍNDICE DE TABELAS

Página

Capítulo 1

Tabela 1. Sumarização dos valores ajustados após a análise de modelos mistos obtidos para as variáveis número de colmos (NC), peso de parcela (PP em Kg), Brix indicado em °Brix e KBP expresso em Kg de Brix.parcela ⁻¹ , além das estimativas de herdabilidade (h^2), coeficientes de variação genético (CV_g) e residual (CV_r) e acurácia (AC).....	38
--	----

Capítulo 2

Tabela 1. Informações de data, hora e condições climáticas para cada um dos voos com o drone para aquisição de imagens do painel de cana-de-açúcar cultivado em Araras, SP para o período de cana planta.....	61
Tabela 2. Valores de AIC e BIC para seleção de estruturas de variância e covariância para a análise de modelos mistos para os índices colorimétricos ExG e VARI. A matriz residual está fixada assumindo um modelo de heterogeneidade de variâncias.....	62
Tabela 3. Componentes de variância para ExG obtidos para cada uma das 17 avaliações, em uma população com 265 genótipos. Apresentam-se as variâncias ambientais ($\hat{\sigma}_e^2$), variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_g^2$), variâncias fenotípicas ($\hat{\sigma}_f^2$), assim como seus coeficientes de variação, herdabilidade para sentido amplo em nível individual (h^2) e em sentido de médias (h_x^2) e a acurácia ($r_{y\hat{y}}$), considerando quatro repetições no experimento.....	64
Tabela 4. Componentes de variância para VARI obtidos para cada uma das 17 avaliações, em uma população com 265 genótipos. Apresentam-se as variâncias ambientais ($\hat{\sigma}_e^2$), variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_g^2$), variâncias fenotípicas ($\hat{\sigma}_f^2$), assim como seus coeficientes de variação, herdabilidade para sentido amplo em nível individual (h^2) e em sentido de médias (h_x^2) e a acurácia ($r_{y\hat{y}}$), considerando quatro repetições no experimento.....	64
Tabela 5. Valores mínimos, médios, máximos e medianas referentes a distribuição das 265 médias ajustadas dos genótipos de cana-de-açúcar ao longo de cada uma das 17 épocas de avaliação para ExG e VARI.....	88

ÍNDICE DE FIGURAS

Página

Capítulo 1

Figura 1. Ortomosaico da área experimental do segundo ciclo de seleção de genótipos de cana-de-açúcar localizado no município de Araras, SP.....	37
Figura 2. Gráfico de dispersão, histogramas e correlação linear para as variáveis número de colmos (NC), peso de parcela (PP), Brix, rendimento de açúcar por parcela (KBP) e os índices colorimétricos ExG, GLI, GRVI, RGBVI e VARI.....	41
Figura 3. Gráfico de dispersão considerando as variáveis número de colmos (NC), peso de parcela (PP), BRIX, produção de açúcar por parcela (KBP) versus índice colorimétrico ExG. As cultivares comerciais estão representados com seus respectivos nomes e indivíduos codificados apenas por números indicam clones em seleção.....	43
Figura 4. Estatística multivariada indicando os diferentes graus de associações entre as nove variáveis. A. Dendrograma obtido com análise de agrupamento UPGMA. B. Gráfico <i>Biplot</i> para todas as nove variáveis. C. valores das rotações (<i>loadings</i>) obtidos para os dois primeiros componentes principais utilizados no gráfico B. D. Gráfico <i>Biplot</i> para os cinco índices colorimétricos. E. valores das rotações (<i>loadings</i>) obtidos para os dois primeiros componentes principais, utilizados no gráfico D.....	45

Capítulo 2

Figura 1. <i>Boxplot</i> representando a distribuição das médias ajustadas de 265 genótipos de cana-de-açúcar que compõem o Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar, ao longo das 17 avaliações, para as variáveis ExG e VARI.....	67
Figura 2. Análise de correlação entre as 17 avaliações realizadas no Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar. Abaixo da diagonal principal tem-se os gráficos de dispersão para cada par de avaliações, para variável ExG.....	68
Figura 3. Análise de correlação entre as 17 avaliações realizadas no Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar. Abaixo da diagonal principal tem-se os gráficos de dispersão para cada par de avaliações, para variável VARI...	69

Figura 4. Dendrograma obtido através da distância euclidiana e o método de agrupamento foi o UPGMA, para variáveis ExG e VARI.....	70
Figura 5. Análise de componentes principais sumarizada para ExG destacando as duas primeiras combinações lineares e o gráfico <i>biplot</i>	72
Figura 6. Análise de componentes principais sumarizada para VARI destacando as duas primeiras combinações lineares e o gráfico <i>biplot</i>	73
Figura 7. Variedades e bordaduras (em azul) delimitadas na repetição 4 do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar em outubro de 2018.....	85
Figura 8. Variedades e bordaduras (em azul) delimitadas na repetição 4 do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar de abril a dezembro de 2018.....	86
Figura 9. Variedades e bordaduras (em azul) delimitadas na repetição 4 do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar de janeiro a agosto de 2019.....	87

APLICABILIDADE DE ÍNDICES COLORIMÉTRICOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*).

Autor: RACHEL CRUZ CARVALHO TAIRUM

Orientador: Prof. Dr. RODRIGO GAZAFFI

RESUMO

No contexto atual da agricultura, técnicas e equipamentos modernos tem se demonstrado de grande valia na aceleração da colheita e produtividade das lavouras. Isto se deve a agricultura de precisão que tem evoluído para a melhoria do conhecimento do campo, entretanto, não é somente no contexto de produção final que as melhorias podem ser observadas mas também no desenvolvimento de variedades durante o melhoramento genético de plantas, em que técnicas de sensoriamento remoto tem sido empregadas para melhor conhecimento das áreas de cultivo e a genética dos indivíduos a serem selecionados. Para tal, o emprego de Veículos Aéreos Não-Tripulados (VANTs) tem se demonstrado de grande valia como um método de avaliação remoto, preciso e rápido do campo, incorporado com câmeras RGB que usualmente são equipamentos de fábrica do VANT. Entretanto, além da visualização pura das imagens obtidas, índices colorimétricos também podem ser empregados para exploração mais detalhada das plantas. Na cultura da cana-de-açúcar, trabalhos envolvendo este tipo de abordagem são raros, principalmente em convergência com atributos genéticos. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estudar como o uso de VANTs e índices colorimétricos podem ser incorporados ao melhoramento genético de cana-de-açúcar através do estudo de duas áreas: Uma população de melhoramento na uma segunda fase de seleção de variedades (T2) e no Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA). Com o estudo foi possível averiguar que os índices possuem correlação entre si, entretanto não apresentaram correlação com os índices de campo avaliados durante a população de melhoramento. Já na avaliação do painel, foi possível determinar algumas épocas ideais de avaliação da cultura, assim como a distinção entre um período chuvoso, um período seco e um período de crescimento da planta. De modo geral, na presente dissertação foi verificado que os índices colorimétricos têm potenciais para uso no processo de mensuração de variabilidade genética e seleção, sendo o índice colorimétrico ExG mais adequado, ao considerar os componentes de variância e herdabilidade. Associações entre uso de índices e variáveis de campo ainda necessitam de maiores estudos.

PALAVRAS-CHAVE: VANT; ExG; VARI; T2; PBGCA; herdabilidade

APPLICATION OF COLOR INDICES FOR SUGARCANE (*Saccharum spp.*) BREEDING.

Author: RACHEL CRUZ CARVALHO TAIRUM

Adviser: Prof. Dr. RODRIGO GAZAFFI

ABSTRACT

Modern techniques and equipment have proved to be of great value in accelerating the harvest and productivity of crops. This is due to precision agriculture that has evolved to improve the knowledge of the field, however, it is not only in the context of final production that the improvements can be observed but also in the development of varieties during the genetic improvement of plants, where techniques of Remote sensing has been used to better understand the field areas and the genetics of the individuals to be selected. To this end, the use of Unmanned Aerial Vehicles (UAVs) has proven to be of great value as a method of remote, accurate and rapid assessment of the field, incorporated with RGB cameras that are usually factory equipment with the UAV. However, in addition to the pure visualization of the images obtained, color indices can also be used for more detailed exploration of the plants. In the culture of sugarcane, works involving this type of approach are rare, mainly in convergence with genetic attributes, an area that has grown and may be better explored. Thus, the objective of this work was to study how the use of UAVs and color indices can be incorporated into the genetic breeding of sugarcane through the study of two areas: The Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA) and a second phase of selection of varieties (T2) in the genetic breeding program. With this study, it was possible to ascertain that the indices are correlated with each other, however they do not correlate with the field indices evaluated during the second improvement phase, observing a distinction between color indices and field indices. In the panel evaluation, it was possible to determine some ideal crop evaluation times, as well as the distinction between a rainy season, a dry period and a plant growth period. In general, the present dissertation can consider the use of color indices as a future tool to be incorporated in breeding programs for the selection of individuals, and the ExG color index was the most appropriate considering the components of variance and heritability. However, it was not yet possible to find associations with variables commonly used in the field, thus requiring further studies on the subject.

KEYWORDS: UAV; ExG; VARI; T2; BPSG; heritability

INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar tem elevada importância para o Brasil, sendo os seus dois principais produtos o açúcar e o álcool. Este último apresenta elevado apelo a sustentabilidade por se tratar de um biocombustível alternativo àqueles derivados do petróleo, mais precisamente a gasolina (UNICA, 2019). Ainda, sua utilização como veículo de higienização para prevenção de doenças em tempos de Pandemia mundial de corona vírus (COVID-19), aumenta a relevância deste subproduto da cana-de-açúcar. Para a safra 2019/20, estima-se que a produtividade seja de 642,7 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, um acréscimo de 3,6% em relação à safra anterior (CONAB, 2019). O estado de São Paulo é o maior produtor, em que gera 18,9 milhões de toneladas de açúcar e 16,4 bilhões de litros de etanol (CONAB, 2019; CEPEA, 2020). Para que estes números sejam alcançados, a presença de variedades comerciais mais produtivas, resistentes a diferentes estresses bióticos e abióticos e ainda, adaptadas aos diferentes ambientes de produção são necessárias. Assim, nota-se que a contribuição dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar para o setor produtivo é fundamental liberando matéria prima para a indústria.

No país, o melhoramento genético da planta é realizado majoritariamente por três instituições: o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC); o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e a RIDESA (Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético) que é composta por dez universidades federais do país no

sistema de parceria setor público e privado (BARBOSA et al., 2012; DAROS et al., 2015; GAZAFFI et al., 2016). Apesar de diferentes instituições estarem envolvidas com melhoramento genético, o procedimento comum a todos é a obtenção de uma população geneticamente heterogênea através do cruzamento entre diferentes genitores, seguida por diversas etapas de seleção e clonagem fundamentadas por experimentação agrônômica (MATSUOKA et al., 1999, LANDELL; BRESSIANI, 2010). O número de etapas de seleção, formato de experimentos e objetivos de seleção variam em função das especificidades de cada programa, contudo, Matsuoka et al. (1999) sumariza que o programa da UFSCar/RIDESA está estruturado em quatro fases, nas quais o número de genótipos vem sendo reduzido e a seleção é feita com base na produção de colmos, açúcar e resistência a doenças.

Estudos paralelos ao fluxograma de melhoramento podem ser conduzidos visando a melhor compreensão da arquitetura e de caracteres de interesse comercial, por exemplo, mapeamento de QTLs com uso de cruzamentos biparentais (SILVEIRA, 2016; BALSALOBRE et al., 2016, 2017) ou, ainda, estudos relativos a mapeamento associativos (ROSA, 2011; BARRETO, 2017; BARRETO et al., 2019; MEDEIROS; BALSALOBRE; CARNEIRO, 2020). Uma vantagem dos estudos relacionados ao mapeamento associativo está na possibilidade de que as inferências são baseadas em um grupo de genótipos de forma que a variabilidade genética é representada por diversos alelos ampliando a identificação de variantes de maior interesse para o programa de melhoramento (BARRETO 2017). No contexto da RIDESA tem-se o Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA) que foi inicialmente estudado por Rosa (2011) e Barreto et al. (2019) em sua primeira versão, porém a expansão deste conjunto de genótipos foi caracterizada fenotipicamente por Barreto (2017).

Um desafio para o melhoramento genético nos dias de hoje, refere-se às etapas relacionadas com experimentação agrônômica, em especial na mensuração de variáveis de interesse que possam auxiliar o processo de seleção. Isto porque em muitos casos, o procedimento não é automatizado requerendo elevada mão de obra, implicando na morosidade para aquisição de dados, além da maior susceptibilidade a erros, tais como falha de mensuração e/ou subjetividade na avaliação dos indivíduos (ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; HU et al., 2019). Com o desenvolvimento das chamadas plataformas de fenotipagem

de alto desempenho ou larga escala (*high-throughput phenotyping platform* - HTPP) tornou-se possível estudar as diferenças fenotípicas entre os indivíduos utilizando ferramentas automatizadas e não destrutivas inclusive relacionando a respostas em função das condições ambientais (GROßKINSKY et al., 2015; ARAUS et al., 2018; HU et al., 2019; REBETZKE et al., 2019). Na última década, os estudos acerca de HTPP concentram-se em explorar técnicas de sensoriamento remoto, cujo princípio está em se monitorar objetos ou plantas remotamente, sendo nos últimos anos utilizado o Veículo Aéreo Não Tripulado (VANT) equipado com câmeras para a captura de assinaturas espectrais de tecido das plantas, que vem sendo usadas para estimar a evolução espaço-temporal das culturas e monitorar seus parâmetros biofísicos por grandes áreas agrícolas, minimizando assim a subjetividade humana (ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; LISBOA et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; MICHEZ et al., 2018; TUNCA et al., 2018).

Großkinsky et al. (2015) revisam que o uso de imagens aéreas pode ser realizado através de diferentes tipos de equipamentos/sensores de forma que várias informações são possíveis de ser extraídas. Dentre estes, as câmeras RGB são equipamentos simples de uso e de baixo custo se comparadas aos demais e são capazes de captar o espectro eletromagnético visível (MAKANZA et al., 2018; HU et al., 2019). Ainda, elas têm se demonstrado eficazes no reconhecimento de falhas de plantio e avaliação de crescimento da cultura, contudo seu melhor e mais comum uso se encontra na utilização de índices colorimétricos (WOEBBECKE et al., 1995; MICHEZ et al., 2018; NIU et al., 2019). Índices colorimétricos, em sua essência, são funções matemáticas que buscam compreender e facilitar a análise do que foi capturado nas imagens obtidas pelas câmeras (BANNARI et al., 1995; BERNARDI et al., 2014; CANDIAGO et al., 2015; KHAN et al., 2018; YUAN et al., 2018). Alguns estudos, obtiveram sucesso em correlacionar esses valores com variáveis fenotípicas (BENDIG et al., 2015; DI GENNARO et al., 2018; MICHEZ et al., 2018). Além disso, Di Gennaro et al. (2018) estudando uma área experimental composta por 912 parcelas de cevada buscaram classificar os genótipos utilizando câmeras de alta resolução RGB e NGR (*NIR, GREEN, RED*), cuja informação foi melhor entendida utilizando-se índices de vegetação e índices colorimétricos. O primeiro considera a banda eletromagnética infravermelha (NIR) e RGB. A segunda utiliza apenas o espectro visual (RGB). A associação entre diferentes índices e o índice fotossintético resultou em um índice de seleção.

Trabalhos relacionados a cana-de-açúcar são, de modo geral, escassos no contexto de utilização de HTPP, dentre os exemplos encontrados, destaca-se o uso de métodos mais complexos utilizando o comprimento de onda infravermelho próximo para estimativa da área foliar (PEREIRA et al., 2016), manejo de irrigação (ALFACE et al., 2019), estimativa de produtividade (LISBOA et al., 2018). Para o melhoramento genético, Natarajan et al. (2019) desenvolveram um índice único de seleção para ser aplicado em fases iniciais em que baseava-se em características indiretas, dentre as quais tinha-se o índice de vegetação com diferença normalizada ou NDVI (*Normalized Difference Vegetation Index*) (ROUSE et al., 1974).

O uso de tecnologia de sensoriamento remoto para o melhoramento genético é uma abordagem promissora e inovadora, principalmente ao se observar o cenário da cana-de-açúcar permitindo a fenotipagem em larga escala e, conseqüentemente, a melhor distinção entre os genótipos. A compreensão da associação entre os índices colorimétricos e caracteres de importância comercial permite inferir a forma que estas novas variáveis podem ser inseridas no fluxograma de melhoramento.

OBJETIVOS

- **Geral:**

Estudar a aplicabilidade de índices colorimétricos obtidos com base em tecnologia de sensoriamento remoto para a integração no melhoramento genético da cana-de-açúcar

- **Específicos:**

Comparar cinco índices colorimétricos com base em seus componentes de variância, associações e relações com dados fenotípicos utilizando para tanto uma população de melhoramento na primeira avaliação clonal.

Mensurar a variabilidade genética do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA) ao longo do primeiro ano agrícola (cana planta) para detectar período ideal para uso dos índices colorimétricos.

REVISÃO DA LITERATURA

1. Botânica e taxonomia da Cana-de-Açúcar.

A cana-de-açúcar é pertencente à família Gramineae (Poaceae), tribo Andropogoneae, gênero *Saccharum*, seu principal centro de origem está localizado na Ásia e as principais espécies históricas deste cultivar são *S. officinarum* e *S. spontaneum*. A primeira é denominada como cana nobre por apresentar alto acúmulo de açúcar, baixo teor de fibras; colmos grossos (mais de 3,5 cm de diâmetro), sistema radicular superficial reduzido e é exigente quanto às condições edafoclimáticas. Já a segunda possui colmos curtos e finos, alto teor de fibra, sistema radicular bem desenvolvido e tolerante às condições edafoclimáticas diversas, além de ser uma espécie altamente poliploide (MATSUOKA et al., 1999; MORAIS et al., 2015). Esta gramínea possui raízes fasciculadas, folhas lanceoladas, alternadas e únicas para cada internódio, a inflorescência é do tipo panícula ramificada e conoidal, podendo chegar a alguns metros de altura, além de apresentar elevada capacidade de rebrota e pode ser multiplicada pela propagação vegetativa que ocorre pela brotação das gemas localizada nos entrenós (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011; CHAVES, 2012). Seu ciclo de crescimento é longo, observando uma etapa de desenvolvimento vegetativo caracterizado pelo início do crescimento, perfilhamento e aumento da altura, atividades favorecidas pelo clima quente e úmido, seguido por uma fase de

maturação em que há o acúmulo de açúcar devido às baixas temperaturas e reduzida disponibilidade de água, resultando em elevadas produções de matéria seca (RODRIGUES, 1995; MARIN, 2019). O clima ideal para o cultivo é em regiões de clima tropical com variação térmica entre 19 e 32°C e estação de chuvas e seca definidas o que torna o estado de São Paulo um local de condições ideais para cultivo (MARIN, 2019).

2. Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar no Brasil.

A cana-de-açúcar foi introduzida no país juntamente com a colonização portuguesa, sendo que registros oficiais de importação somente datam depois de 1530. O seu estabelecimento da cultura predominou na região Nordeste, inicialmente, expandindo-se para o Rio de Janeiro e São Paulo (FIGUEIREDO et al., 2011) tornando-se a primeira cultura de importância econômica para o país. A primeira variedade amplamente adotada foi a Crioula, então, vários ciclos de substituição foram sendo conduzidos de modo a reduzir doenças e/ou pragas, para isso, sendo realizada a importação e difusão de novos genótipos de cana-de-açúcar (LANDELL; BRESSIANI, 2011).

A estruturação de programas voltados para o melhoramento genético da cana-de-açúcar ocorreu no início do século XX, com o objetivo de realizar hibridações e seleção de genótipos de interesse. Landell e Bressiani (2011) relatam que ao considerar as estratégias adotadas dos programas de melhoramento para cana-de-açúcar é possível dividir a história do melhoramento em alguns ciclos. O primeiro consistiu no processo de hibridações sendo realizado apenas entre *S. officinarum*. O segundo momento foi caracterizado pela obtenção de híbridos interespecíficos principalmente entre *S. officinarum* e *S. spontaneum*, seguido por retrocruzamentos destes híbridos com *S. officinarum* visando à recuperação de características de interesse (nobilização), tais como produção de açúcar. O ciclo seguinte consistiu no cruzamento entre estes inúmeros híbridos resultantes de nobilização visando obter uma nova geração de cultivares, desta forma seguiu-se um sistema de seleção recorrente até a obtenção das cultivares atuais. Atualmente, adicionou-se ao processo de hibridações, esforços para ampliação da base genética da cana-de-açúcar, em trabalhos voltados especialmente ao pré melhoramento, uma vez que os ganhos genéticos estão diminuindo ao longo do tempo (DAL-BIANCO et al., 2012; NATARAJAN et al., 2019).

Historicamente, pode-se destacar 15 principais iniciativas de melhoramento genético conduzido no Brasil sendo que vários programas já foram descontinuados, por exemplo, como os responsáveis pela liberação das variedades EB, CB, SBP, IANE, COP, PO e CV; e que outros três ainda estão ativos: O programa de melhoramento de capital privado do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) que sucedeu o programa da COPERSUCAR (programa SP), Instituto Agrônomo (IAC) fomentado pelo governo do estado de São Paulo e a RIDESA (Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético) que é composta pelas universidades federais que absorveram o antigo PLANALSUCAR extinto em 1990, sendo responsável pela liberação das variedades RB (MATSUOKA et al., 1999; CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011; BARBOSA et al., 2014; GAZAFFI et al., 2016). A RIDESA, especificamente, é composta pelas universidades federais de Alagoas (UFAL), Goiás (UFG), Mato Grosso (UFMT), Paraná (UFPR), Piauí (UFPI), Rural de Pernambuco (UFRPE), Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), São Carlos (UFSCar), Sergipe (UFS) e Viçosa (UFV) com dois bancos de germoplasma um na estação Devaneio localizado em Amaraji, Pernambuco e na estação Serra do Ouro em Murici, Alagoas (DAROS et al., 2015).

De forma geral, o processo de melhoramento da UFSCar/RIDESA é iniciado com a geração de uma população de melhoramento de ampla variabilidade genética através de progênies de irmãos completos ou meios irmãos. Posteriormente, quatro etapas de experimentação e seleção são conduzidas. Em cada etapa, a quantidade de genótipos é reduzida e tem-se o aumento do tamanho da parcela, assim como do número de repetições e/ou locais de avaliação, até a obtenção de clones com maior potencial de interesse comercial (MATSUOKA et al., 1999, LANDELL; BRESSIANI, 2010; CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011).

A primeira etapa de experimentação (T1) corresponde na implantação de experimentos em que cada touceira corresponde a um genótipo distinto e a organização destes genótipos está em nível de família. Neste caso, é usual a prática de seleção massal no segundo ano (cana soca) ou mesmo procedimento de teste de família no primeiro ano, seguido por seleção individual dentro das melhores famílias no segundo ano (CURSI, 2016). Para a seleção considera-se resistência a doenças, número de colmos e atributos visuais. Natarajan et al. (2019), comentam e discutem que este método não permite o acompanhamento da planta ao longo do ciclo, reduzindo as opções de seleção dos melhoristas as características finais do ciclo da

cultura, que não são tão acuradas dada a limitação de repetições e grande quantidade de indivíduos.

Os genótipos selecionados são clonados para a segunda etapa (T2), junto com testemunhas comerciais, dispostos em delineamento em blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956), na qual são realizadas avaliações para o primeiro e segundo ano. As principais avaliações ocorrem para resistência às doenças em condições naturais, tais como ferrugem amarela e alaranjada, carvão, mosaico, escaldadura, estria vermelha e falsa estria; além disso, obtêm-se o teor de açúcar (Brix), sendo já disponíveis também dados de produtividade como produção de colmos da parcela através da inferência do peso de dez colmos e número de colmos total da parcela, não sendo este um caráter determinante para a seleção, devido à falta de repetições e a baixa precisão que este tipo de delineamento apresenta.

Os melhores genótipos são novamente selecionados e clonados para compor a terceira fase (T3), assumindo agora experimentos multiambientais implantados em blocos ao acaso, com duas repetições, implantados em diferentes locais e avaliados por dois anos. A parcela é de duas linhas de cinco metros ou dez metros, em função do tipo de sistema de colheita e pesagem adotado. A última etapa é composta pelos melhores genótipos já considerando o conceito de interação entre genótipos, ambientes e locais, porém sendo avaliados mais locais e em quatro cortes, a partir de parcelas com quatro linhas de 10 metros (MATSUOKA et al., 1999). O processo completo de melhoramento é lento e demanda cerca de 15 anos, isto é, desde a etapa de cruzamento até a liberação de uma nova cultivar (CURSI, 2016; NATARAJAN et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020).

3. Redução dos ganhos genéticos no melhoramento da cana-de-açúcar.

O melhoramento genético tem grande contribuição para a cultura da cana-de-açúcar, por exemplo, o desenvolvimento de variedades (hiper) precoces possibilitou a antecipação da safra da cana-de-açúcar na região Centro-Sul do Brasil, assim como o aumento pronunciado de produção de biomassa e de açúcar por unidade de área (DAL-BIANCO et al., 2012; GAZAFFI et al., 2016). Desta forma o país tornou-se o maior produtor e exportador mundial de açúcar responsável por aproximadamente 20% da produção e 40% das exportações (UNICA, 2016; CONAB, 2019). No entanto, nota-se que a taxa de incremento de açúcar ao longo das variedades lançadas, tanto no Brasil como em outros locais, vem reduzindo, podendo sugerir

que os ganhos genéticos estejam atingindo um comportamento de platô (DAL-BIANCO et al., 2012; NATARAJAN et al., 2019). Este mesmo fenômeno também é apontado na produtividade de outras culturas, tais como cereais que reduziram as taxas de ganho ao longo das últimas décadas (ARAUS et al., 2018).

Para contornar esta situação tem-se procurado a maior integração com novas tecnologias para obtenção de dados, integrando-as no melhoramento genético, seja através de informação molecular para aplicação em estudos de seleção assistida por marcadores e/ou seleção genômica ou a adoção de novas técnicas de fenotipagem permitindo melhor discriminação entre os diferentes genótipos, inclusive, com a integração com marcadores moleculares (CABRERA-BOSQUET et al., 2012; ARAUS et al., 2018; REBETZKE et al., 2019; ROITSCH et al., 2019; SINGH et al., 2019).

Estudos de mapeamento genético e expressão gênica podem ser considerados complementares ao fluxograma de melhoramento, pois possibilitam, inicialmente, a detecção de regiões candidatas ou mesmo genes para posterior incorporação no processo de seleção (SINGH et al., 2019). Para estes estudos, as novas plataformas de genotipagem possibilitam a geração de uma grande quantidade de dados genotípicos em larga escala, com reduzido valor por data point.

Por outro lado, ao se observar os dados fenotípicos, observa-se um grande desafio na obtenção destes dados, pois, muitas das variáveis ou são mensuradas através de observações humana ou são baseadas em métodos destrutivos que impedem o acompanhamento dos indivíduos ao longo do experimento (CABRERA-BOSQUET et al., 2012; ARAUS; CAIRNS, 2014; GHANEM; MARROU; SINCLAIR, 2015; GROßKINSKY et al., 2015; ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; HU et al., 2019; NATARAJAN et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Deve-se ressaltar que a fenotipagem atual demanda uma elevada quantidade de mão de obra e tempo no campo, o que conseqüentemente oneram o processo de avaliação. Neste contexto, novas tecnologias derivadas do sensoriamento remoto têm sido incorporadas aos estudos de genética e melhoramento visando à obtenção de novos tipos de variáveis, tais como índices de vegetação ou colorimétrico, obtidos a partir do uso de sensores para captação de imagens permitindo a avaliação constante da cultura, reduzindo possíveis erros de mensuração, melhorando assim a eficiência do processo, além de possibilitar o acompanhamento do experimento de uma maneira contínua, em especial para fases iniciais de seleção que ainda são um

desafio devido à baixa herdabilidade dos principais caracteres em avaliação (DI GENNARO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; NATARAJAN et al., 2019).

4. A Agricultura de Precisão, Sensoriamento Remoto e a Captura de Imagens.

A Agricultura de Precisão (AP) tem como princípio o reconhecimento da variabilidade e heterogeneidade de áreas de produção de forma que ações podem ser planejadas e executadas em função tal heterogeneidade (INAMASU; BERNARDI, 2014). A essência da AP está na utilização de taxas variáveis de insumos permitindo uma maior redução do impacto ambiental, melhorando a produtividade e, inclusive, a qualidade dos produtos (INAMASU; BERNARDI, 2014). O uso de máquinas e/ou implementos que utilizam o Sistema de Posicionamento Global (GPS) é essencial para a aplicação da AP, pois sua utilização permite ao usuário a identificação precisa do local que as leituras foram realizadas, fornecendo o fundamento para a aplicação de técnicas geoestatísticas para construção de mapas interpolados visando à identificação de variabilidade em áreas de produção e consequentemente permitindo o manejo racionalizado de insumos e defensivos (INAMASU; BERNARDI, 2014; CANDIAGO et al., 2015; CHAVES et al., 2015; ROKHMANA, 2015; MAES e STEPPE, 2019).

Além do uso de máquinas e implementos acoplados com GPS, outra forma de tecnologia que tem sido útil para o conhecimento da área de cultivo, são as derivadas do Sensoriamento Remoto (SR) que pode ser definido como a análise de objetos que compõe a superfície terrestre por meio de informações obtidas remotamente, isto é, sem contato direto com o objeto (MORAES, 2002). A aquisição deste tipo de dado é realizada com sensores específicos acoplados a equipamentos, tais como satélites ou mesmo veículos aéreos tripulados e/ou não tripulados, que detectam, capturam e analisam a energia eletromagnética emitida ou refletida pelos objetos (plantas, neste trabalho) permitindo a identificação de suas características espectrais (MORAES, 2002; ARAUS; CAIRNS, 2014; CHAVES et al., 2015; CANDIAGO et al., 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; DI GENNARO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; MICHEZ et al., 2018; TUNCA et al., 2018). A principal vantagem do uso do SR está no fato de que é um método não destrutivo de avaliação das culturas, além de ter uma rápida, eficiente e de alta qualidade aquisição de dados (ARAUS; CAIRNS, 2014; HU et al., 2018; NIU et al., 2019; YUE

et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020) permitindo a estimação de alguns parâmetros como biomassa, índice de área foliar e conteúdo de clorofila que podem revelar informações sutis não observáveis a nível de solo (CHAVES et al., 2015; GHANEM; MARROU; SINCLAIR, 2015; ZHOU et al., 2017; MICHEZ et al., 2018; NIU et al., 2019; ZHENG et al., 2019).

Inicialmente, a captura de imagens com uso de satélites foi uma grande inovação para o setor por permitir a avaliação de grandes áreas de uma única vez sendo por muitos anos a melhor opção para avaliações de campo por SR e se mantendo como a forma mais tradicional (CANDIAGO et al., 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; DI GENNARO et al., 2018). No entanto, o uso de satélites apresenta algumas ressalvas, por exemplo, a captura das imagens é diretamente influenciada pela presença de nuvens, além do intervalo de monitoramento, uma vez que depende do realinhamento do satélite ao ponto de interesse. Zhou et al. (2017), por exemplo, relatam a influência de nuvens sobre as imagens ao estudar regiões ao sul da China, além de apontarem o elevado custo das imagens como um outro fator de dificuldade. Nota-se que a qualidade da imagem é adequada para monitoramento de áreas maiores, mas para estudos de fenotipagem de alta resolução a resolução das imagens obtidas, ainda, não seriam suficientes (ZHANG; KOVACS, 2012; CANDIAGO et al., 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; ZHOU et al., 2017; DI GENNARO et al., 2018; FUENTES-PEAILILLO et al., 2018; TUNCA et al., 2018; NIU et al., 2019; ZHENG et al., 2019).

As aeronaves contendo sensores acoplados foram uma solução para contornar a interferência das nuvens presentes nas imagens por satélites e a dificuldade em relação ao intervalo de tempo entre a aquisição das imagens. Contudo, aeronaves tripuladas apresentam outras limitações que também dificultam o processo, tais como o elevado custo para sobrevoo, além da manutenção onerosa e de necessidade de mão de obra especializada. A baixa velocidade para captura de imagens também é um desafio para estes equipamentos (ARAUS; CAIRNS, 2014; CANDIAGO et al., 2015; DI GENNARO et al., 2018; TUNCA et al., 2018; NIU et al., 2019).

Com os avanços na tecnologia de sensores e de aeronaves, o SR foi capaz de se utilizar dos Veículos Aéreos Não Tripulados (VANTs) ou popularmente conhecidos como drones. Os VANTs são equipamentos acessíveis e capazes de suportar o peso dos sensores e câmeras que tiveram seu tamanho reduzido mas,

ainda assim, mantendo a eficiência (KHAN et al., 2018) permitindo aquisição de imagens com baixo custo, alta resolução de imagens (podendo ser de alta ou ultra resolução), reduzida mão de obra, altura e velocidade de voo controlável, fácil manuseio e manutenção, fornecendo imagens de todo campo experimental, sendo alguns modelos equipados com até mais de um sensor acoplado (ARAUS; CAIRNS, 2014; BENDIG et al., 2015; CANDIAGO et al., 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; ZHOU et al., 2017; ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; HU et al., 2018; LI et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; MICHEZ et al., 2018; TUNCA et al., 2018; YUAN et al., 2018; HU et al., 2019; KOH et al., 2019; NIU et al., 2019; SINGH et al., 2019). O uso de VANTs permite que a captura de imagens seja feita em curto período de tempo, o que reduz drasticamente as variações climáticas e de iluminação, obtendo-se leituras mais homogêneas para as parcelas no campo, além de reduzir o custo da operação (ZHOU et al., 2017; DI GENNARO et al., 2018; KHAN et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; TUNCA et al., 2018; NIU et al., 2019; ZHENG et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). O uso de drones ou VANTs pode ser útil para predição de produtividade (ZHOU et al., 2017; LISBOA et al., 2018; MICHEZ et al., 2018; TUNCA et al., 2018), índice de área foliar (PEREIRA et al., 2016; ZHOU et al., 2017; TUNCA et al., 2018), análise da variabilidade em campo (DI GENNARO et al., 2018), biomassa acima do solo (MICHEZ et al., 2018; ZHENG et al., 2019), avaliação de nitrogênio (LI et al., 2018; NIU et al., 2019), estimativa de densidade de plantas (KOH et al., 2019), estimativa do coeficiente de cultivo (ALFACE et al., 2019) e determinação de índice de seleção (DI GENNARO et al., 2018; NATARAJAN et al., 2019).

Ainda, pode-se citar o uso de radiômetros manuais ou suspensos por cabos que são utilizados em pesquisas científicas. São de fácil manuseio, não estão sujeitos a dificuldades como a presença de nuvens e são de fácil operação, além de que os dados experimentais resultantes são de fácil processamento e podem obter uma alta acurácia na estimativa das bandas do espectro luminoso, contudo, são equipamentos que consomem grande tempo e esforço em sua utilização, o que restringe seu uso em grandes áreas experimentais, além de poderem sofrer influência das condições de solo e luminosidade no momento da aferição (ARAUS; CAIRNS, 2014; GHANEM; MARROU; SINCLAIR, 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; DI GENNARO et al., 2018; TUNCA et al., 2018; NIU et al., 2019; ZHENG et al., 2019). Estudos comparativos entre uso de radiômetros manuais e

VANTs apontou que os resultados foram similares (BENDIG et al., 2015; DIGENNARO et al., 2018; TUNCA et al., 2018).

Por outro lado, outro ponto fundamental é o tipo de sensor considerado podendo-se destacar os sensores do tipo RGB, RGB modificadas, multiespectrais e hiperespectrais. Os sensores ou câmeras RGB capturam imagens no espectro da luz visível, essencialmente nas cores vermelho, verde e azul. A sua alta resolução espacial pode auxiliar na identificação de falhas de plantio, avaliação de crescimento da cultura, além de fornecerem informação para cálculo de índices colorimétricos. Dentre as principais vantagens tem-se suas dimensões e peso reduzidos, além do baixo custo do equipamento, facilidade de manuseio e virem normalmente equipadas de fábrica em VANTs (ARAUS; CAIRNS, 2014; GROßKINSKY et al., 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; ZHOU et al., 2017; LI et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; MAES; STEPPE, 2019; NIU et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). As câmeras RGB modificadas são câmeras digitais comuns onde um dos filtros de cores é removido e/ou substituído por um filtro de infravermelho próximo (NIR), trazendo uma abrangência maior do espectro luminoso (ARAUS; CAIRNS, 2014; MAES; STEPPE, 2019).

Já as câmeras multiespectrais, consistem em um conjunto de sensores onde cada um abrange um determinado espectro luminoso, em que as mais comuns contam com o espectro RGB e uma lente NIR para que seja feita a montagem da imagem espectral. Estas câmeras são úteis para o cálculo índices de vegetação e monitoramento da cultura (ARAUS; CAIRNS, 2014; GROßKINSKY et al., 2015; ZHOU et al., 2017; KHAN et al., 2018; LI et al., 2018; MAES; STEPPE, 2019). As câmeras hiperespectrais capturam comprimentos de onda estreitos e contínuos que cobrem normalmente a região entre 400 a 1.000 nm, também sendo utilizadas para cálculo de índices de vegetação. Estas câmeras podem também ser utilizadas no monitoramento das culturas e seus indicadores bioquímicos bem como para avaliação de características complexas, como a fotossíntese do dossel e a fluorescência em condições de luz solar natural (ARAUS; CAIRNS, 2014; GROßKINSKY et al., 2015; ZHOU et al., 2017; ARAUS et al., 2018; MAES; STEPPE, 2019). Ressalta-se ainda, que o uso de câmeras multiespectrais e RGB tem maior aplicabilidade em condições práticas por estarem mais disponíveis em mercado. Contudo, os demais sensores, incluindo multiespectrais, possuem um custo mais elevado quando comparada às câmeras RGB, que podem ser câmeras digitais de

mais baixo custo (NIU et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Outra desvantagem é o processamento necessário das imagens capturadas destes sensores que requerem equações mais complexas para obter os resultados esperados e são de complexa calibração de cores (NIU et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Uma importante aplicação dos sensores está na possibilidade de obter índices de vegetação ou colorimétricos, sendo que estes valores podem ser correlacionados com dados de campo permitindo assim a identificação de variáveis que serviriam como indicadores indiretos para parâmetros da cultura, assim reduzindo o tempo e o labor de certos processos, como por exemplo a análise de nitrogênio da planta (LI et al., 2018; NIU et al., 2019), se tornando uma ferramenta prática e bem útil de produtores e melhoristas (MICHEZ et al., 2018).

5. Índices de vegetação e colorimétricos.

Por definição, um índice de vegetação é uma combinação algébrica de bandas espectrais que criam um valor único para cada ponto da imagem analisada, formando um novo mapa com escala de cores, majoritariamente os índices consideram duas bandas, porém há situações em que mais bandas possam estar envolvidas (BANNARI et al., 1995; BERNARDI et al., 2014; CANDIAGO et al., 2015; KHAN et al., 2018; YUAN et al., 2018; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Para tal, são explorados os recursos fotossintéticos da planta que tem maior absorção de bandas eletromagnéticas vermelhas e azuis; e maior refletância das bandas verde e vermelho próximo. Estes índices são soluções rápidas e de baixo custo para se obter informações acerca das culturas (COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Shiratsuchi et al. (2014) destacam 16 índices utilizados no monitoramento de culturas, sendo que dez abrangem características estruturais e seis refletem propriedades bioquímicas. Por outro lado, os índices podem ser classificados em dois grupos: índices colorimétricos e índices de vegetação. No primeiro caso utilizam-se apenas as bandas referentes ao espectro RGB e no segundo caso o uso da banda do vermelho próximo ou infravermelha é empregado (ZHOU et al., 2017; LI et al., 2018; ZHENG et al., 2019). Os índices colorimétricos, apesar de possuírem um intervalo de comprimentos de onda menor, são relevantes, pois podem permitir a visualização de diferenças de caráter bioquímico, tornando-os próprios para estudos agrônômicos (MICHEZ et al., 2018). Neste sentido, ao considerar que plantas saudáveis

devem exibir alta refletância infravermelha e verde, normalmente os principais índices indicam valores mais elevados, principalmente quando comparando os mesmos indivíduos submetidos a algum tipo de estresse ou mesmo em senescência, uma vez que há maior reflexão do espectro eletromagnético (CANDIAGO et al., 2015; KHAN et al., 2018).

Os índices de vegetação têm demonstrado alto potencial científico na agricultura como para monitorar, analisar e mapear culturas (BANNARI et al., 1995; ZHOU et al., 2017; DI GENNARO et al., 2018; FUENTES-PEAILILLO et al., 2018), bem como a estimação da altura de plantas de sorgo (HU et al., 2018), emergência e sobrevivência sob condições de campo (SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015), estimação de fechamento de copa e senescência de milho (MAKANZA et al., 2018), estimação de biomassa acima do solo (MICHEZ et al., 2018; ZHENG et al., 2019), conteúdo de nitrogênio foliar (LI et al., 2018; NIU et al., 2019), variabilidade genética em cevada (DI GENNARO et al., 2018) e predição de produtividade e índice de área foliar (RAHMAN; ROBSON, 2016; ZHOU et al., 2017; LISBOA et al., 2018; TUNCA et al., 2018). Ao mesmo tempo que apresenta estas vantagens, nota-se que a utilização da banda infravermelha próxima é complementar a visão humana, o que também a torna de difícil avaliação humana, uma vez que não faz parte do espectro visível da luz (MEYER; NETO, 2008). Dentre os principais índices de vegetação tem-se o índice de vegetação da diferença normalizada ($NDVI = \frac{R_{NIR} - R_{RED}}{R_{NIR} + R_{RED}}$) (ROUSE et al., 1974), o mais famoso e comum em estudos de SR, mas pode-se destacar o índice da razão simples ($SR = \frac{R_{NIR}}{R_{RED}}$) (BIRTH; McVEY, 1968) e o índice de clorofila verde ($CGI = \frac{R_{NIR}}{R_{GREEN}} - 1$) (GITELSON et al., 2003). Os valores R_{NIR} , R_{RED} e R_{GREEN} correspondem a refletância dos comprimentos de ondas para o infravermelho ou vermelho próximo, vermelho e verde, respectivamente.

Uma alternativa a estes índices são os índices baseados apenas nas bandas RGB, que não deixam de ser eficientes nas análises biológicas das culturas. Zhou et al. (2017) averiguaram que na cultura do arroz, índices colorimétricos e índices de vegetação, obtiveram resultados positivos na interação com índice de área foliar (IAF) e ganho de produtividade, apesar do estágio em que a correlação com o índice de campo foi mais acurada foi diferente entre eles; ainda, os índices colorimétricos estudados apresentaram bom desempenho prevendo o IAF e produtividade nos estágios iniciais de crescimento. Além deste, os trabalhos de Di Gennaro et al.

(2018); Li et al. (2018); Michez et al. (2018); Niu et al. (2019); Zheng et al. (2019) e Costa; Nunes e Ampatzidis (2020) utilizaram-se de ambos tipos de índice de forma a selecionar um que pudesse ser utilizado para previsão de características fenológicas das culturas estudadas, chegando à conclusão que ambos possuem respostas bem próximas, o que demonstra a eficácia destes índices. Dentre os índices colorimétricos pode-se destacar o índice de vegetação verde-vermelho ($GRVI = \frac{R_{GREEN} - R_{RED}}{R_{GREEN} + R_{RED}}$) (TUCKER, 1979) e índice visível resistente atmosféricamente ($VARI = \frac{R_{GREEN} - R_{RED}}{R_{GREEN} + R_{RED} - R_{BLUE}}$) (GITELSON et al., 2002). Outros índices também podem ser citados, tais como: Excesso verde ou *Excess Green* ($ExG = 2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE}$) (WOEBBECKE et al., 1995), índice folha verde ($GLI = \frac{2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE}}{2R_{GREEN} + R_{RED} + R_{BLUE}}$) (LOUHAICHI; BORMAN; JOHNSON, 2001) e índice de vegetação vermelho, verde e azul ($RGBVI = \frac{R_{GREEN}^2 - (R_{RED} \times R_{BLUE})}{R_{GREEN}^2 + (R_{RED} \times R_{BLUE})}$) (BENDING et al., 2015). O R_{BLUE} corresponde a refletância do comprimento de onda do azul e R_{RED} e R_{GREEN} foram definidos anteriormente.

Ainda, pode-se destacar que os índices colorimétricos são menos espécie específicas do que os índices que envolvem uso do vermelho próximo (GITELSON et al., 2002; DI GENNARO et al., 2018; MICHEZ et al., 2018). Os índices colorimétricos possuem como vantagem a maior estabilidade em relação a variações de iluminação do ambiente, acentuando determinada cor do espectro luminoso visível que evidencie certa característica da cultura estudada, além de serem de mais simples comparação com situações e respostas de campo ao olho humano (MEYER; NETO, 2008). Contudo, estes índices como os anteriores ainda estão sujeitos à saturação quando a cobertura vegetal se torna muito importante (MICHEZ et al., 2018).

Dentre os índices colorimétricos, o VARI foi desenvolvido para monitoramento de áreas fracionais cobertas por vegetação (GITELSON et al., 2002; SKYGLYPH, 2017; FUENTES-PEAILILLO et al., 2018). Matematicamente, a diferença entre os índices VARI e GRVI, por exemplo, está no fato do primeiro considerar a banda azul que é incluída no denominador, o que confere correção para os efeitos atmosféricos, efeito mais evidenciado quando utilizado o VANT em baixa altitude e controle de variação de luminosidade ao longo do período de estudo. Entretanto, novas aplicações para o índice são conhecidos como a estimação de biomassa acima do

solo em arroz e milho (MICHEZ et al., 2018; ZHENG et al., 2019), determinação do conteúdo de nitrogênio foliar em trigo de inverno e arroz (LI et al., 2018; NIU et al., 2019) e predição de ganho de produtividade na cultura do arroz (ZHOU et al., 2017). Apesar do potencial de uso deste índice, poucos trabalhos estão disponíveis o que indica que estudos visando abordar principalmente sua associação com dados de campo é desejável.

Outro índice estudado é o ExG (Índice de Excesso Verde) (WOEBBECKE et al., 1995), desenvolvido para distinguir material foliar de seu fundo em imagens capturadas bem próximas das plantas estudadas em estufa. Di Gennaro et al. (2018), apresentando outras aplicações ao índice, observaram o poder de seleção de alguns índices de vegetação e colorimétricos, dentre eles o ExG, na distinção de genótipos de cevada onde o índice não obteve o melhor resultado do estudo, mas conseguiu discriminar os genótipos. Para Beniaich et al. (2019) o índice foi utilizado para determinação de cobertura vegetal em plantas de feijão de porco e milheto obtendo grande sucesso sendo inclusive recomendado como variável a ser utilizada. Já para Niu et al. (2019) que estudaram o conteúdo de nitrogênio foliar, buscando uma forma não destrutiva para a medida, dois dos índices colorimétricos utilizados no estudo foram o VARI e o ExG, que não obteve bons resultados se comparado com o VARI. Neste sentido observa-se que o índice ainda pode ser mais bem explorado, de modo a se compreender melhor onde pode ser melhor empregado.

Ainda, o GRVI (Índice de vegetação verde vermelho) (TUCKER, 1979) foi desenvolvido como um indicador fenológico contudo, sendo explorado por Bendig et al. (2015) como indicativo de biomassa em plantas de cevada, obtendo bons resultados, enquanto no estudo de Di Gennaro et al. (2018) obteve desempenho mediano na seleção de plantas de cevada para melhoramento. Já o índice RGBVI (Índice de Vegetação Vermelho Verde Azul) (BENDIG et al., 2015) foi criado como forma de predição de biomassa em plantas de cevada, obtendo um desempenho adequado quando comparado aos demais índices utilizados inclusive alguns índices de vegetação, entretanto, apresentando o pior desempenho entre os índices utilizados por Niu et al. (2019) para estimação de nitrogênio foliar em trigo de inverno.

Por fim, o GLI (Índice de Folha Verde) (LOUHAICHI; BORMAN; JOHNSON, 2001) foi criado para acompanhamento da devastação de lavouras de trigo de inverno por gansos, mas o índice foi também avaliado para prever a produção de

massa seca em grama, em que não obteve bons resultados (LUSSEM et al., 2018); mensuração de status de nitrogênio em arroz obtendo resultado mediano mas não o suficiente para uma comparação (LI et al., 2018); predição de ganho de produtividade em arroz mostrando resultados satisfatórios, principalmente na predição de área foliar (ZHOU et al., 2017); estimativa de conteúdo de nitrogênio em trigo de inverno onde assim como para a cultura de arroz, não obteve resultados relevantes (NIU et al., 2019). Contudo, sua relação com senescência poderia ser melhor explorada sendo mais estudos necessários para a compreensão do índice.

Apesar dos diferentes estudos, a correlação de índices colorimétricos com variáveis utilizadas no melhoramento genético de plantas, especialmente de cana-de-açúcar, é uma abordagem ainda não observada, mas que pode vir a ser relevante em estudos fenotípicos da cultura.

6. Integração de tecnologia de SR com o melhoramento genético.

A evolução da tecnologia de SR tem proporcionado maiores aplicações na agricultura. Para o setor do melhoramento genético a aplicação ocorre principalmente com a chamada fenotipagem de alto rendimento ou larga escala (HTPP - *high throughput phenotyping platform*) que permite o monitoramento integral da cultura no campo, desde o plantio até a colheita, além de possibilitar detecção de falhas de plantio, contagem de plantas, estimativa de produção, identificação de estresses, tais como hídrico, nutricional, presença de pragas e/ou doenças (CANDIAGO et al., 2015; CHAVES et al., 2015; ROUPHAEL et al., 2018). A fenotipagem de alto rendimento é uma forma automatizada de avaliação não invasiva com alta capacidade de aquisição, processamento, visualização e alimentação de dados padronizados em bancos de dados integrados (GROßKINSKY et al., 2015; ARAUS et al., 2018; HU et al., 2019; REBETZKE et al., 2019) subsidiando o processo de tomadas de decisões. Um exemplo da aplicabilidade desta tecnologia está no estudo de caracteres de interesse comercial que podem ser melhor analisados com base em HTPP (MAKANZA et al., 2018; ROITSCH et al., 2019), por exemplo, Reynolds e Landridge (2016) exemplificam que a produtividade é um caráter quantitativo e que está relacionado com fenótipos fisiológicos, tais como NDVI, temperatura de dossel e clorofila, uma vez que locos para características quantitativas, ou QTL (*Quantitative Traits Loci*) estáveis foram detectados para estes caracteres e também para produtividade em população de

trigo, ou seja, um caráter complexo pode ser fracionado em caracteres fisiológicos de maior facilidade de mensuração e potencialmente com herdabilidade mais elevada.

Desta forma, o uso de índices de vegetação e/ou colorimétricos tem potencial para identificação de novas variáveis, as quais podem ser incorporadas em estudos para associação com caracteres quantitativos.

Ao considerar a forma de aquisição dos dados, o uso de veículos aéreos não tripulados (VANTs) tem elevado potencial, pois apresentam imagens sem interferência de condições climáticas e com elevada resolução dos indivíduos. Neste contexto, destacam-se os trabalhos de Chapman et al. (2014), Sankaran; Khot e Carter (2015), Kock (2016), Zhou et al. (2017), Hu et al. (2018), Khan et al. (2018), Li et al. (2018), Makanza et al. (2018), Michez et al. (2018), HU et al. (2019), NIU et al. (2019) e Zheng et al. (2019). Para estes estudos, Michez et al. (2018) e Zheng et al. (2019) buscaram compreender a correlação entre os índices que podem ser produzidos a partir das imagens de VANT e a biomassa acima do solo de arroz e milho; Li et al. (2018) e Niu et al. (2019), procuram encontrar a correlação destes índices com nível de nitrogênio foliar em arroz e trigo de inverno respectivamente, Zhou et al. (2017) e Tunca et al. (2018) correlacionaram estes índices com o índice de área foliar em arroz e girassol, respectivamente. Makanza et al. (2018) utilizando sensores do tipo RGB permitiram a estimação mais rápida para cobertura vegetal e senescência na cultura do milho e características fenotípicas de fechamento de cobertura vegetal e vigor da planta, argumentando que tratam-se de indicativo de robustez e desenvolvimento de arquitetura de planta bem como características de interesse quando se seleciona a resposta de plantas ao estresse, fatores altamente influenciados geneticamente. Para sorgo características de arquitetura também foram estudadas, por exemplo, para altura de planta (HU et al., 2018).

Di Gennaro et al. (2018) consideraram um experimento de cevada com ampla variabilidade genética e que utilizando VANT estudaram seis índices (NDVI, GNDVI, ExG, ExG-R, CIVE e GRVI) visando discriminar diferenças entre genótipos e conseqüentemente compararam com medições realizadas em solo apresentando valores de correlação acima de 0,70, além de discutir que o NDVI se correlaciona com a fração ativa fotossintética e que GNDVI se correlaciona com o conteúdo de clorofila. Di Gennaro et al. (2018) concluíram que a metodologia de comparação entre sensores de campo e câmeras montadas em VANT foi promissora, dada e

redução do tempo de avaliação, garantindo homogeneidade nas condições climáticas para a avaliação de grande número de parcelas.

Os diferentes tipos de sensores possibilitam a identificação de informações distintas e úteis para determinados contextos, sendo a escolha do sensor realizada em função do interesse do pesquisador. Contudo, estudos visando identificar a variabilidade genética destes sensores correlacionados com índices colorimétricos e a associação destes com características de interesse prático, ainda não estão disponíveis em culturas como a cana-de-açúcar. Natarajan et al. (2019) estudaram uma população inicial de melhoramento, compararam resultados obtidos em campo para características indiretas como temperatura de dossel, cobertura de dossel, estresse hídrico e altura de planta com valores obtidos através de VANT, ainda, calcularam o índice de vegetação NDVI de modo a comparar os valores do índice com os valores das variáveis de campo. A seleção combinada utilizando NDVI em um índice de seleção foi proposta, uma vez que esta abordagem demonstrou maior acurácia do que a seleção tradicional.

A possibilidade de uma fenotipagem rápida para centenas de parcelas de campo em uma única imagem tem elevado potencial para o melhoramento genético e deve receber mais estudos, em especial para o uso de índices colorimétricos que dentre nosso conhecimento pouca informação se tem até o momento para a cultura da cana-de-açúcar.

LITERATURA CITADA

ALFACE, A. B. et al. Sugarcane spatial-temporal monitoring and crop coefficient estimation through NDVI. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 23, n. 5, p. 330–335, 2019.

ALMEIDA, Cláudia et al. LIDAR. Disponível em: <<http://www.dsr.inpe.br/DSR/areas-de-atuacao/sensores-plataformas/lidar>>. Acesso em: 20 jul. 2019.

ARAUS, J. L.; CAIRNS, J. E. Field high-throughput phenotyping: The new crop breeding frontier. **Trends in Plant Science**, v. 19, n. 1, p. 52–61, 2014.

ARAUS, J. L. et al. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, v. 23, n. 5, p. 451–466, 2018.

BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.

BANNARI, A. et al. A review of vegetation indices. **Remote Sensing Reviews**, v. 13, n. 1–2, p. 95–120, 1995.

BARBOSA, M. H. P. et al. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied**

Biotechnology, v. 12, n. spe, p. 87–98, 2012.

BARRETO, Fernanda Zatti; MARGARIDO, Gabriel Rodrigues Alves; CARNEIRO, Monalisa Sampaio. **CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E MOLECULAR DO PAINEL BRASILEIRO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2016. 91 f. **Dissertação (Mestrado)** - Curso de Produção Vegetal e Bioprocessos Associados, Ppgpvba, Universidade Federal de São Carlos, Araras, 2016. Cap. 2. Disponível em: <<https://repositorio.ufscar.br/handle/ufscar/10901>>. Acesso em: 28 maio 2019.

BARRETO, F. Z. et al. A genome-wide association study identified loci for yield component traits in sugarcane (*Saccharum* spp.). **PLoS ONE**, v. 14, n. 7, p. 1–22, 2019.

BENDIG, J. et al. Combining UAV-based plant height from crop surface models, visible, and near infrared vegetation indices for biomass monitoring in barley. **International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation**, v. 39, p. 79–87, 2015.

BENIAICH, A. et al. Determination of vegetation cover index under different soil management systems of cover plants by using an unmanned aerial vehicle with an onboard digital photographic camera. **Semina:Ciencias Agrarias**, v. 40, n. 1, p. 49–66, 2019.

BIRTH, G. S.; MCVEY, G. R. Measuring the Color of Growing Turf with a Reflectance Spectrophotometer 1 . **Agronomy Journal**, v. 60, n. 6, p. 640–643, 1968.

CABRERA-BOSQUET, L. et al. High-throughput Phenotyping and Genomic Selection: The Frontiers of Crop Breeding Converge. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 54, n. 5, p. 312–320, 2012.

CANDIAGO, S. et al. Evaluating multispectral images and vegetation indices for precision farming applications from UAV images. **Remote Sensing**, v. 7, n. 4, p. 4026–4047, 2015.

CEPEA. **PIB DO AGRONEGÓCIO BRASILEIRO**. Disponível em: <https://www.cepea.esalq.usp.br/br/pib-do-agronegocio-brasileiro.aspx>. Acesso em: 8

fev. 2020.

CHAPMAN, S. C. et al. Pheno-copter: A low-altitude, autonomous remote-sensing robotic helicopter for high-throughput field-based phenotyping. **Agronomy**, v. 4, n. 2, p. 279–301, 2014.

CHAVES, Bruno Edson. ASPECTOS ANATÔMICOS DA RAIZ E LÂMINA FOLIAR DE *Saccharum L.* (POACEAE) NATIVAS DO BRASIL. 2012. 260 f. **Dissertação (Mestrado)** - Curso de Pós-Graduação Em Botânica, Departamento de Botânica, Universidade de Brasília, Brasília, 2012. Disponível em: <http://repositorio.unb.br/bitstream/10482/12815/1/2012_BrunoEdsonChaves.pdf>. Acesso em: 08 jul. 2019.

CHAVES, A. A. et al. Uso de VANTs e processamento digital de imagens para a quantificação de áreas de solo e de vegetação. **XVII Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto**, n. 1, p. 5642–5649, 2015.

CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A. et al. Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A Reference Study for the Regulation of Genetically Modified Cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 1, p. 62–89, 2011.

CONAB. Acompanhamento da safra Brasileira de Cana-de-açúcar -Safra 2019/2020. **Monitoramento Agrícola - Cana-de-açúcar**, v. 6, n. 3, p. 58, 2019.

COSTA, L.; NUNES, L.; AMPATZIDIS, Y. A new visible band index (vNDVI) for estimating NDVI values on RGB images utilizing genetic algorithms. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 172, n. March, p. 105334, 2020.

DAL-BIANCO, M. et al. Sugarcane improvement: How far can we go? **Current Opinion in Biotechnology**, v. 23, n. 2, p. 265–270, 2012.

DAROS, E; OLIVEIRA, RA; BARBOSA, GVS (2015). **45 Anos de variedades RB de cana-de-açúcar. 25 anos de RIDESA**. 1ed. 154p.

DI GENNARO, S. F. et al. UAV-based high-throughput phenotyping to discriminate barley vigour with visible and near-infrared vegetation indices. **International Journal of Remote Sensing**, v. 39, n. 15–16, p. 5330–5344, 2018.

FIGUEIREDO, P. (Org.); LANDELL, M. G. A. (Org.); CAMPANA, M. P. (Org.); SCARPARI, M. S. (Org.); XAVIER, M. A. (Org.); ANJOS, I. A. (Org.). **O Instituto Agrônomo (IAC) e fatos históricos relacionados ao desenvolvimento da cultura de cana-de-açúcar até o fim do século XX**. 1 ed. Campinas: IAC, 2011. p. 47.

FUENTES-PEAILILLO, F. et al. Comparison of vegetation indices acquired from RGB and Multispectral sensors placed on UAV. **IEEE ICA-ACCA 2018 - IEEE International Conference on Automation/23rd Congress of the Chilean Association of Automatic Control: Towards an Industry 4.0 - Proceedings**, 2019.

GAZAFFI, R; CURSI, DE; CHAPOLA; RG; SANTOS, JM; FERANDES JR, AR; CARNEIRO, MS. BARBOSA, GVS; HOFFMANN, HP (2016) RB varieties: a major contribution to the sugarcane industry in Brazil. **Proc. of the International Society of Sugar Cane Technologists**, 29: 1677-1682.

GHANEM, M. E.; MARROU, H.; SINCLAIR, T. R. Physiological phenotyping of plants for crop improvement. **Trends in Plant Science**, v. 20, n. 3, p. 139–144, 2015.

GITELSON, A. A. et al. Novel algorithms for remote estimation of vegetation fraction. **Remote Sensing of Environment**, v. 80, n. 1, p. 76–87, 2002.

GITELSON, A. A. et al. Remote estimation of leaf area index and green leaf biomass in maize canopies. **Geophysical Research Letters**, v. 30, n. 5, p. n/a-n/a, 2003.

GROSSKINSKY, D. K. et al. Plant phenomics and the need for physiological phenotyping across scales to narrow the genotype-to-phenotype knowledge gap. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 18, p. 5429–5440, 2015.

HU, P. et al. Estimation of plant height using a high throughput phenotyping platform based on unmanned aerial vehicle and self-calibration: Example for sorghum breeding. **European Journal of Agronomy**, v. 95, n. November 2017, p. 24–32, 2018.

HU, P. et al. Pixel size of aerial imagery constrains the applications of unmanned aerial vehicle in crop breeding. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote**

Sensing, v. 154, n. June, p. 1–9, 2019.

INAMASU, Ricardo Yassushi; BERNARDI, Alberto Carlos de Campos. Agricultura de Precisão. In: BERNARDI, Alberto Carlos de Campos et al. **Agricultura de Precisão: resultados de um novo olhar. Resultados de um Novo Olhar**. Brasília: Embrapa, 2014. Cap. 1. p. 21-33

KHAN, Z. et al. Estimation of vegetation indices for high-throughput phenotyping of wheat using aerial imaging. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 1–11, 2018.

KHAN, Z. et al. Quantitative estimation of wheat phenotyping traits using ground and aerial imagery. **Remote Sensing**, v. 10, n. 6, p. 1–19, 2018.

KOCK, M. E.; GALLACHER, D. From drone data to decisions : Turning images into ecological answers. **Conference: Innovation Arabia 9**, n. February, 2016.

KOH, J. C. O. et al. Estimation of crop plant density at early mixed growth stages using UAV imagery. **Plant Methods**, v. 15, n. 1, p. 1–9, 2019.

LANDELL, MGA; BRESSIANI, JA (2010). Melhoramento Genético, caracterização e manejo varietal. In: Dinardo-Miranda et al. **CANA-DE-AÇÚCAR**. 1ed. 101-155

LI, S. et al. Comparison RGB digital camera with active canopy sensor based on UAV for rice nitrogen status monitoring. **2018 7th International Conference on Agro-Geoinformatics, Agro-Geoinformatics 2018**, p. 1–6, 2018.

LISBOA, I. P. et al. Prediction of sugarcane yield based on NDVI and concentration of leaf-tissue nutrients in fields managed with straw removal. **Agronomy**, v. 8, n. 9, 2018.

LOUHAICHI, M.; BORMAN, M. M.; JOHNSON, D. E. Spatially located platform and aerial photography for documentation of grazing impacts on wheat. **Geocarto International**, v. 16, n. 1, p. 65–70, 2001.

LUSSEM, U. et al. Evaluation of RGB-based vegetation indices from UAV imagery to estimate forage yield in Grassland. **International Archives of the Photogrammetry, Remote Sensing and Spatial Information Sciences - ISPRS Archives**, v. 42, n. 3, p. 1215–1219, 2018.

MAES, W. H.; STEPPE, K. Perspectives for Remote Sensing with Unmanned Aerial Vehicles in Precision Agriculture. **Trends in Plant Science**, v. 24, n. 2, p. 152–164, 2019.

MAKANZA, R. et al. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, v. 10, n. 2, 2018.

MARIN, Fábio Ricardo. **Cana-de-Açúcar**. Disponível em: http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/cana-de-acucar/arvore/CONTAG01_20_3112006152934.html. Acesso em: 8 jul. 2019.

MATSUOKA, S; GARCIA, AAF; ARIZONO, H (1999) Melhoramento da Cana-de-Açúcar. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. 1.ed. 225-274.

MEYER, G. E.; NETO, J. C. Verification of color vegetation indices for automated crop imaging applications. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 63, n. 2, p. 282–293, 2008.

MEDEIROS, C.; ALMEIDA BALSALOBRE, T. W.; CARNEIRO, M. S. Molecular diversity and genetic structure of Saccharum complex accessions. **PLoS ONE**, v. 15, n. 5, p. 1–17, 2020.

MICHEZ, A. et al. How far can consumer-grade UAV RGB imagery describe crop production? A 3D and multitemporal modeling approach applied to Zea mays. **Remote Sensing**, v. 10, n. 11, 2018.

MORAES, E. C. DE. Fundamentos de sensoriamento remoto. **Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais. Ministério da Ciência e Tecnologia**, v. Capítulo 1, p. 3–12, 2002.

MORAIS, Lizz Kezzy de; AGUIAR, Marcelo Sfeir de; SILVA, Paulo de Albuquerque e; CÂMARA, Tassiano Maxuell Marinho; CURSI, Danilo Eduardo; FERNANDES JÚNIOR, Antônio Ribeiro; CHAPOLA, Roberto Giacomini; CARNEIRO, Monalisa Sampaio; BESPALHOK FILHO, João Carlos. Breeding of Sugarcane. In: CRUZ, von Mark V.; DIERIG, David A.. **Industrial Crops: breeding for bioenergy and bioproducts**. Breeding for BioEnergy and Bioproducts. 9. ed. Nova York: Springer,

2015. Cap. 2. p. 29-42.

NATARAJAN, S. et al. High-throughput phenotyping of indirect traits for early-stage selection in sugarcane breeding. **Remote Sensing**, v. 11, n. 24, 2019.

NIU, Q. et al. **Estimation of leaf nitrogen concentration of winter wheat using uav-based RGB imagery**. [s.l.] Springer International Publishing, 2019. v. 546

PEREIRA, R. M. et al. Sugarcane leaf area estimate obtained from the corrected Normalized Difference Vegetation Index (NDVI). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 46, n. 2, p. 140–148, 2016.

REBETZKE, G. J. et al. Review: High-throughput phenotyping to enhance the use of crop genetic resources. **Plant Science**, v. 282, n. April, p. 40–48, 2019.

REYNOLDS, M.; LANGRIDGE, P. Physiological breeding. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 31, p. 162–171, 2016.

RODRIGUES, J. D. 1995. **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Instituto de Biociências, p. 1-10

ROITSCH, T. et al. Review: New sensors and data-driven approaches—A path to next generation phenomics. **Plant Science**, v. 282, n. November 2017, p. 2–10, 2019.

ROKHMANA, C. A. The Potential of UAV-based Remote Sensing for Supporting Precision Agriculture in Indonesia. **Procedia Environmental Sciences**, v. 24, p. 245–253, 2015.

ROSA, J. R. B. F. Análise do desequilíbrio de ligação e da estrutura populacional do germoplasma brasileiro de cana-de-açúcar. p. 97p., 2011.

ROUPHAEL, Y. et al. High-throughput plant phenotyping for developing novel biostimulants: from lab to field or from field to lab? **Frontiers in Plant Science**, v. 9, n. August, p. 1–6, 2018.

ROUSE, J.W.; HASS, R.H.; SCHELL, J.A.; DEERING, D.W. Monitoring vegetation systems in the Great Plains with ERTS. In: EARTH RESOURCES TECHNOLOGY

Satellite Symposium, 3., 1973, Washington. Proceedings. Washington: NASA, 1974. p.309-317

SANKARAN, S.; KHOT, L. R.; CARTER, A. H. Field-based crop phenotyping: Multispectral aerial imaging for evaluation of winter wheat emergence and spring stand. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 118, p. 372–379, 2015.

SANSECHAN, P. et al. Use of vegetation indices in monitoring sugarcane white leaf disease symptoms in sugarcane field using multispectral UAV aerial imagery. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, v. 301, n. 1, 2019.

SHIRATSUCHI, Luciano S. et al. **Sensoriamento Remoto**: conceitos básicos e aplicações na Agricultura de Precisão. In: BERNARDI, Alberto Carlos de Campos et al. Agricultura de Precisão: Resultados de um Novo Olhar. Brasília: Embrapa, 2014. Cap. 4. p. 58-73

SILVEIRA, Bianca Rocha. **MAPEAMENTO DE QTL PARA RESISTÊNCIA A *Sporisorium scitamineum* EM POPULAÇÃO BI-PARENTAL DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2016. 58 f. **Dissertação (Mestrado)** - Curso de Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados, Universidade Federal de São Carlos, Araras, 2016. Disponível em: <<https://repositorio.ufscar.br/handle/ufscar/9453>>. Acesso em: 22 set. 2019.

SINGH, D. et al. High-throughput phenotyping enabled genetic dissection of crop lodging in wheat. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, n. April, p. 1–11, 2019.

SKYGLYPH. What are index maps: NDVI, gNDVI, VARI. 2017. Disponível em: <<https://skyglyph.freshdesk.com/support/solutions/articles/9000136160-what-are-index-maps-ndvi-gndvi-vari>>. Acesso em: 23 jul. 2019.

TUCKER, C. J. Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. **Remote Sensing of Environment**, v. 8, n. 2, p. 127–150, 1979.

TUNCA, E. et al. Yield and leaf area index estimations for sunflower plants using unmanned aerial vehicle images. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 190, n. 11, 2018.

UNICA, 2016. **União da indústria de cana-de-açúcar**. Disponível em: <http://www.unica.com.br/documentos/>. Acessado: 31/07/2018

UNICA. **União da Indústria de Cana-de-Açúcar**. 2019. Disponível em: <http://unicadata.com.br/historico-de-area-ibge.php?idMn=33&tipoHistorico=5>. Acesso em: 20 maio 2019.

UNICA. **ETANOL GERA ECONOMIA DE R\$ 5,8 BILHÕES AOS CONSUMIDORES**. 2019. Disponível em: <https://unica.com.br/noticias/etanol-gera-economia-de-r-58-bilhoes-aos-consumidores/>. Acesso em: 25 maio 2020.

WOEBBECKE, D. M. et al. Color indices for weed identification under various soil, residue, and lighting conditions. **Transactions of the American Society of Agricultural Engineers**, v. 38, n. 1, p. 259–269, 1995.

YUAN, H. et al. Research on Vegetation Information Extraction from Visible UAV Remote Sensing Images. **5th International Workshop on Earth Observation and Remote Sensing Applications, EORSA 2018 - Proceedings**, p. 1–5, 2018.

YUE, J. et al. Estimate of winter-wheat above-ground biomass based on UAV ultrahigh-ground-resolution image textures and vegetation indices. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v. 150, n. September 2018, p. 226–244, 2019.

ZHANG, C.; KOVACS, J. M. The application of small unmanned aerial systems for precision agriculture: A review. **Precision Agriculture**, v. 13, n. 6, p. 693–712, 2012.

ZHENG, H. et al. Improved estimation of rice aboveground biomass combining textural and spectral analysis of UAV imagery. **Precision Agriculture**, v. 20, n. 3, p. 611–629, 2019.

ZHOU, X. et al. Predicting grain yield in rice using multi-temporal vegetation indices from UAV-based multispectral and digital imagery. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v. 130, p. 246–255, 2017.

CAPÍTULO 1. APLICAÇÃO DE ÍNDICES COLORIMÉTRICOS VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM ETAPA INICIAL DO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR

1. Resumo

A fenotipagem de alto rendimento (HTPP) possibilita a utilização de índices colorimétricos como novas variáveis para o melhoramento da cana-de-açúcar, porém estudos deste tipo ainda são escassos para esta cultura. O objetivo do presente trabalho foi verificar a aplicabilidade de cinco índices colorimétricos visando a seleção de genótipos no segundo ciclo de seleção do programa de melhoramento. Para tanto, considerou-se uma população composta por 2074 clones e oito variedades comerciais, utilizadas como testemunhas. No total, 1273 clones foram avaliados para os seguintes caracteres fenotípicos: número de colmos (NC), peso de parcela (PP), Brix e rendimento de Brix por parcela (KBP). Os índices colorimétricos ExG, GLI, GRVI, RGBVI e VARI foram estimados com o auxílio de um VANT equipado com câmera RGB. Análises de modelos mistos foram realizadas permitindo a estimação dos componentes de variância e a obtenção das médias ajustadas. Com os valores genotípicos, as associações entre as variáveis foram estudadas com base nos valores de correlação linear, além da metodologia de agrupamento e componentes principais. Os índices ExG e GLI apresentaram maiores valores para herdabilidade e acurácia, mas os índices GRVI e VARI

potencializam as variâncias genéticas e ambientais. A associação entre índices colorimétricos e fenótipos associados a produtividade foi baixa, indicando que mais estudos são demandados para compreender a utilização dos índices para integração no melhoramento genético da cana-de-açúcar.

PALAVRAS CHAVE: ExG; GLI; GRVI; RGBVI; VARI; Componentes de variância fenotípica.

2. Introdução

O melhoramento genético da cana-de-açúcar tem papel fundamental no setor sucroenergético brasileiro por meio da obtenção e liberação de novas cultivares, mais adaptadas às diferentes condições ambientais e demandas industriais. Usualmente, o ciclo completo para obter uma nova cultivar pode demandar mais de uma década, necessitando de elevada quantidade de recursos e mão de obra especializada (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011; BARBOSA et al., 2012; MORAIS et al., 2015; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020).

Ao longo do processo de obtenção de novas cultivares, gargalos limitam a seleção, principalmente, pela cana-de-açúcar ser uma cultura semiperene, as avaliações ocorrem majoritariamente na época da colheita (NATARAJAN et al., 2019). Pode-se afirmar que a aquisição de dados é onerosa, pois em alguns casos as avaliações de campo não são automatizadas, resultando em elevada demanda de tempo e recursos humanos. Outro fator limitante consiste na maior subjetividade ou ainda possibilidade de erros de mensuração devido ausência de automatização (ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; NATARAJAN et al., 2019; HU et al., 2019). Por outro lado, o desenvolvimento de sistemas automatizados e não invasivos de fenotipagem (*high-throughput phenotyping platform*- HTPP) permite o monitoramento dos indivíduos no campo ao longo do ciclo de produção, a partir da aquisição, processamento e alimentação de banco de dados integrados (GROßKINSKY et al., 2015; ARAUS et al., 2018; LISBOA et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; HU et al., 2019; REBETZKE et al., 2019).

Neste contexto, destaca-se o uso de sensores (câmeras) embarcados em veículos aéreos não tripulados (VANTs). Dentre estes sensores, as câmeras RGB

comerciais, são capazes de captar os comprimentos de onda relativo ao vermelho, verde e azul, têm ampla disponibilidade no mercado e geralmente menor preço. Também, há sensores capazes de captar comprimentos de onda do tipo vermelho limítrofe (Red Edge), infravermelho próximo (NIR) e termal. A partir dos comprimentos de ondas refletidos é possível estabelecer combinações algébricas entre as bandas espectrais, denominadas índices de vegetação ou colorimétricos, os quais podem ser relacionados com processos ou características agronômicas (ARAUS; CAIRNS, 2014; CANDIAGO et al., 2015; SANKARAN; KHOT; CARTER, 2015; ZHOU et al., 2017; DI GENNARO et al., 2018; HU et al., 2018; LI et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; MICHEZ et al., 2018; TUNCA et al., 2018; YUAN et al., 2018; NIU et al., 2019; ZHENG et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Quando os índices consideram exclusivamente bandas espectrais do campo visível ao ser humanos têm-se índices colorimétricos, mas se outros comprimentos de ondas forem considerados têm-se os índices de vegetação (ZHOU et al., 2017; LI et al., 2018; ZHENG et al., 2019).

Para cana-de-açúcar, a utilização de sensores em VANTs tem enfoque no contexto fitotécnico e no uso do índice de vegetação por diferença normalizada (NDVI - *Normalized Difference Vegetation Index*) que considera a relação entre o vermelho e o infravermelho próximo (LISBOA et al. 2018; NATARAJAN et al. 2019; SANSECHAN et al., 2019; ZHANG et al. 2019). Recentemente, Natarajan et al. (2019) estudando fases iniciais de melhoramento de cana-de-açúcar propôs o uso de índices de seleção considerando a variável NDVI, obtida com sensores embarcados em VANT, para incremento da qualidade de seleção de genótipos. Ao considerar que há poucos estudos envolvendo HTPP em cana-de-açúcar, o presente trabalho teve por objetivo verificar a aplicabilidade de cinco índices colorimétricos visando a seleção de genótipos no segundo ciclo de seleção do programa de melhoramento. Para tanto, os componentes de variância foram estimados, assim como as relações entre índices e características associadas a produção.

3. Materiais e Métodos

3.1. Experimento de campo

Para o desenvolvimento do presente trabalho, utilizou-se uma população de melhoramento obtida no ano de 2014 pelo Programa de Melhoramento Genético de

Cana-de-Açúcar (PMGCA), da Universidade Federal de São Carlos (UFSCar) uma das dez universidades integrantes da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA). Considerou-se um experimento da segunda fase de seleção, denominado T2, no estádio de cana-soca. A colheita foi realizada no mês de julho/2019 (12 meses de cultivo). O experimento foi instalado no Centro de Ciências Agrárias (CCA/UFSCar), no município de Araras, estado de São Paulo (22°21'25" S; 47°23'03" W; 611 masl), assumindo o delineamento de blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956) com 2074 clones e oito testemunhas (RB855156, RB855453, RB867515, RB965902, RB966928, RB975201, RB975952, RB985476). As parcelas constituíam-se de um sulco de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 1,4 m entre linhas. A adubação e tratos culturais foram realizados conforme recomendação para a cultura da cana-de-açúcar, pela equipe de campo do PMGCA/UFSCar.

Os genótipos foram avaliados considerando as variáveis, número de colmo (NC), Peso de Parcela (PP), Brix e Peso (Kg) de Brix por parcela (KBP). O cálculo de PP foi realizado com auxílio da expressão $PP = \frac{NC \times P10}{10}$, sendo P10 o peso de dez colmos amostrados de forma aleatória dentro de cada parcela; Brix foi amostrado com uso de refratômetro manual, considerando a média de três colmos escolhidos de forma aleatória dentro da parcela; KBP foi obtido pela expressão $KBP = \frac{PP \times BRIX}{100}$.

3.2. Dados obtidos por VANT

A captura de imagens foi realizada no dia 10 de julho de 2019, às 15:30, com a condição de céu limpo. O veículo aéreo não tripulado (VANT) utilizado foi o Phantom 4 Pro-DJI, China com peso de 1388g e equipado com câmera própria (RGB) com 20 megapixels, com tecnologia HD, ainda, equipado com um cartão de memória para armazenamento das imagens. O voo foi realizado de modo autônomo, cujo plano de voo foi estabelecido pelo software gratuito Dronedeploy. A altura de voo foi definida em 40 metros e a velocidade de cruzeiro em 3m s⁻¹. A sobreposição das imagens foi 70% (lateral) e 80% (frontal) para a construção do ortomosaico final.

3.3. Construção do ortomosaico e delimitação dos genótipos

Para a construção do ortomosaico foi utilizado o software *Agisoft PhotoScan Pro* (<https://www.agisoft.com/>). O mosaico finalizado apresentava uma definição de

1,31cm px⁻¹ e referenciou-se geograficamente o mesmo como SIRGAS 2000/ UTM ZONE 23S, sistema de coordenadas planas (em metros) da região de Araras-SP onde a captura foi realizada. Posteriormente, o mosaico foi exportado para o software de processamento QGis (https://www.qgis.org/pt_BR/site/) no formato *raster* (.tiff) como camada base. Uma camada *shapefile* foi definida para delimitar e codificar os genótipos. Os índices colorimétricos foram obtidos para cada pixel do mosaico com uso da calculadora *raster* presente no software. Com a sobreposição do arquivo *shapefile*, as camadas dos índices colorimétricos e utilizando o comando estatísticas zonais foi obtido o valor médio dos pixels na área delimitada para cada parcela experimental. Estes valores foram organizados em uma planilha para melhor visualização e análises estatísticas.

3.4. Índices colorimétricos

Para este estudo foram considerados cinco índices colorimétricos baseados no espectro RGB de comprimentos de onda, a saber: *Excess Green* (ExG) definido como $ExG = 2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE}$ (WOEBBECKE et al., 1995); *Green Leaf Index* ($GLI = \frac{2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE}}{2R_{GREEN} + R_{RED} + R_{BLUE}}$) (LOUHAICHI; BORMAN; JOHNSON, 2001); *Green Red Vegetation Index* ($GRVI = \frac{R_{GREEN} - R_{RED}}{R_{GREEN} + R_{RED}}$) (TUCKER, 1979); *Red Green Blue Vegetation Index* ($RGBVI = \frac{R_{GREEN}^2 - (R_{RED} \times R_{BLUE})}{R_{GREEN}^2 + (R_{RED} \times R_{BLUE})}$) (BENDIG et al., 2015) e *Visible Atmospheric Resistant Index* ($VARI = \frac{R_{GREEN} - R_{RED}}{R_{GREEN} + R_{RED} - R_{BLUE}}$) (GITELSON et al., 2002), em que R_{RED} , R_{GREEN} e R_{BLUE} representam as refletâncias dos comprimentos de onda para vermelho, verde e azul, respectivamente.

3.5. Análise estatística

Inicialmente foi considerada uma análise de modelos mistos para cada um dos cinco índices colorimétricos (ExG, GLI, GRVI, RGBVI e VARI) e quatro variáveis fenotípicas (NC, PP, Brix e KBP). O modelo estatístico considerado foi:

$$y_{ijkw} = \mu + g_i + b_j + r_{ik} + c_{jw} + e_{ijkw}, \text{ em que:}$$

y_{ijkw} : fenótipo obtido para o i -ésimo genótipo, localizado no j -ésimo bloco, considerando a k -ésima linha e w -ésima coluna; μ : intercepto; g_i : efeito aleatório de i -ésimo genótipos; b_j : efeito fixo de j -ésimo bloco ($j=1, 2, 3$); r_{ik} : efeito aleatório da

k -ésima linha aninhada no j -ésimo bloco; c_{jw} : efeito aleatório da w -ésima coluna aninhada no j -ésimo bloco; e_{ijkw} : erro aleatório do modelo. As estimativas dos componentes de variâncias, assim como as médias ajustadas foram obtidas com uso do software Genstat (PAYNE et al., 2015).

Para cada característica, o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo foi obtido como $h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$, sendo $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ as variâncias genética e ambiental (residual), respectivamente; o coeficiente de variação genético e residual foram estimados por $CVg = \frac{\hat{\sigma}_g}{\bar{x}}$ e $CVr = \frac{\hat{\sigma}_e}{\bar{x}}$, em que $\hat{\sigma}_g$ e $\hat{\sigma}_e$ correspondem aos desvios padrões genético e ambiental e \bar{x} a média dos valores genotípicos ajustados. A acurácia das

estimativas foi obtida pela fórmula $AC = \left\{ 1 - \frac{1}{\left[1 + r \cdot \left(\frac{CVg}{CVr} \right)^2 \right]} \right\}^{\frac{1}{2}}$, sendo CVg e CVr os

coeficientes de variação genético e residual, respectivamente, e r corresponde ao número de repetições do experimento (RESENDE; DUARTE, 2007). Por se tratar de blocos aumentados com amplo desbalanceamento foi considerada média harmônica do número de repetições dos genótipos e padrões.

As associações entre os pares de variáveis foram mensuradas por meio dos índices de correlação linear utilizando a função *ggpairs* presente na biblioteca GGally executada no software R (www.r-project.org). Contudo, estas associações foram mais bem detalhadas com auxílio das metodologias de agrupamento e componentes principais. Para aplicação das duas técnicas de estatística multivariada, os valores genotípicos foram padronizados para ter média zero e variância unitária, a partir da fórmula $z_i = \frac{y_i - \bar{x}}{\hat{\sigma}}$, sendo, z_i : valor genotípico do i -ésimo indivíduo padronizado, y_i : valor genotípico ajustado, após análise de modelos mistos, \bar{x} : média e $\hat{\sigma}$: desvio padrão dos valores genotípicos ajustados. Para a análise de agrupamento, as distâncias genéticas foram obtidas com base na distância euclidiana, presente na função *dist* e o algoritmo de agrupamento foi UPGMA presente na função *h.cluster*. O dendrograma foi obtido com a função *ggdendrogram* da biblioteca *ggdendro*. A metodologia de componentes principais também foi considerada com uso da função *prcomp* e os resultados sumarizados no gráfico *biplot* obtido com a função *ggbiplot* da biblioteca com nome análogo.

4. Resultados e Discussão

Para este trabalho foi considerada uma população de melhoramento estruturada em blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1956), cuja área experimental está ilustrada na Figura 1. A utilização dos blocos aumentados de Federer é comum nesta etapa do melhoramento da cana-de-açúcar, devido ao elevado tamanho populacional e reduzida disponibilidade de material vegetal por genótipos, por exemplo, como utilizados por Oliveira et al. (2013) e Cursi et al. (submetido). Neste caso, a seleção ocorre preferencialmente em caracteres com herdabilidade mais elevadas e menor intensidade para herdabilidades moderadas.



Figura 1- Ortomosaico da área experimental do segundo ciclo de seleção de genótipos de cana-de-açúcar localizado no município de Araras, SP.

Foram avaliados 1273 dentre 2074 clones. Isto pode ser justificado devido ao processo de seleção realizado pela equipe de melhoramento. Estes genótipos não foram avaliados para NC, PP, Brix e KBP, pois não atenderam os pré-requisitos

mínimos de seleção, isto é, apresentaram doenças ou não tiveram boa capacidade de germinação, perfilhamento ou rebrota.

Os resultados das análises de modelos mistos para os caracteres associados a rendimento de cana e açúcar, assim como os índices colorimétricos, estão indicados na Tabela 1.

Tabela 1- Sumarização dos valores ajustados após a análise de modelos mistos obtidos para as variáveis número de colmos (NC), peso de parcela (PP em Kg), Brix indicado em °Brix e KBP expresso em Kg de Brix.parcela⁻¹, além das estimativas de herdabilidade (h^2), coeficientes de variação genético (CV_g) e residual (CV_r) e acurácia (AC).

Descritiva	NC	PP	BRIX	KBP	ExG	GLI	GRVI	RGBVI	VARI
Mínimo	54,57	132,90	17,57	26,77	15,34	0,0235	-0,0443	0,1145	-0,0635
Mediana	70,77	148,30	20,19	30,05	24,95	0,0370	-0,0330	0,1562	-0,0454
Média	71,14	149,10	20,12	30,21	25,04	0,0371	-0,0330	0,1562	-0,0453
Máximo	96,61	203,20	22,39	44,45	31,20	0,0431	-0,0152	0,1751	-0,0190
h^2	0,58	0,35	0,81	0,36	0,33	0,33	0,15	0,28	0,18
CV_g	0,25	0,22	0,09	0,24	0,27	0,28	0,40	0,22	0,44
CV_r	0,21	0,30	0,04	0,31	0,39	0,40	0,98	0,36	1,05
AC	0,76	0,59	0,90	0,60	0,57	0,57	0,38	0,53	0,39

Ao considerar as diferentes variáveis fenotípicas, após as análises com modelos mistos, obteve-se uma média de 71 colmos para variável NC, com valores variando entre os extremos de 55 e 97 colmos. Já para PP a média foi de 149,10Kg, Brix, 20,12 °Brix e para KBP, 30,21Kg de Brix.parcela⁻¹. A herdabilidade estimada (h^2) foi de 0,35 (PP), 0,36 (KBP), 0,58 (NC) e 0,81 (Brix). Os coeficientes de variação genético (CV_g) foram de 0,09 (Brix), 0,22 (PP), 0,24 (KBP) e 0,25 (NC). Os coeficientes de variação residual (CV_r) foram de 0,04 (Brix), 0,21 (NC), 0,30 (PP) e 0,31 (KBP) e as acurácias foram de 0,59 (PP), 0,60 (KBP), 0,76 (NC) e 0,90 (Brix). Por tratar de um delineamento com baixa precisão, pode-se considerar que os valores obtidos foram satisfatórios indicando uma precisão adequada para o estudo. Cursi et al. (submetido) estudando diferentes estratégias de seleção em cana-de-açúcar, verificaram que na segunda etapa de seleção, também utilizando delineamento de blocos aumentados de Federer, com 1083 genótipos, os componentes de variância para produção de açúcar (TBH – toneladas de Brix por hectare) foram mais elevados para herdabilidade (0,61), acurácia (0,78) e CV_g

(0,31), mas menor para CV_r (0,23). Milligan et al. (2007) estudando tamanho de parcelas para segunda fase de seleção, ao considerar parcelas com 4,85 metros, encontraram valores de h^2 semelhantes para NC (0,52) e produção de colmos (0,31). Apesar do caráter produção de colmos apresentado por Milligan et al (2007) estar expresso em unidades distintas ao presente estudo, os valores de herdabilidade são similares, sendo nosso valor de h^2 igual a 0,28.

A fenotipagem para obtenção dos índices colorimétricos foi realizada para todos os 2074 clones. No entanto, para que as estimativas dos parâmetros genéticos de ExG, GLI, RGBVI, GRVI e VARI fossem comparáveis com as características de rendimento, os resultados foram obtidos com base em 1273 clones (Tabela 1). Assim, para ExG a média foi 25,04 (mínimo de 15,34 e máximo de 31,20), magnitude próxima aos valores de Brix e KBP. Para GLI e RGBVI, os valores médios foram de 0,0371 (amplitude entre 0,0235 e 0,0431) e 0,1562 (0,1145 e 0,1751), respectivamente. Já os índices GRVI e VARI apresentaram médias negativas de -0,0330 (-0,0443 e -0,0152) e -0,0453 (-0,0635 e -0,0190), respectivamente. O coeficiente de herdabilidade dos índices foram 0,15 (GRVI), 0,18 (VARI), 0,28 (RGBVI) e 0,33 (ExG e GLI). Os CV_g foram estimados em 0,22 (RGBVI), 0,27 (ExG), 0,28 (GLI), 0,40 (GRVI) e 0,44 (VARI). Os CV_r foram de 0,36 (RGBVI), 0,39 (ExG), 0,40 (GLI), 0,98 (GRVI) e 1,05 (VARI). Vale lembrar que apesar dos índices GRVI e VARI apresentarem média negativa, para os cálculos dos CV_g e CV_r foi considerado o módulo da média para ambos os casos, o que permitiu a obtenção de coeficientes de variação positivos. As acurácias foram 0,38 (GRVI), 0,39 (VARI), 0,53 (RGBVI) e 0,57 (ExG e GLI).

Com base nestes resultados, nota-se que, teoricamente, os índices GRVI e VARI potencializam os valores de variabilidade tanto em termos genéticos (CV_g) quanto residual (CV_r). Ao considerar o CV_g , estes dois índices demonstraram maior possibilidade para detectar variabilidade entre genótipos, inclusive, maior do que em NC, PP, BRIX e KBP. Logo, poderiam ser recomendados quando o interesse estivesse em detectar genótipos candidatos a seleção. Por outro lado, o objetivo do melhoramento genético está em encontrar clones superiores, mas relacionados a fatores genéticos, e neste contexto, os cinco índices apresentaram baixos valores de herdabilidade, se comparados as características de produção. Isto é um fator limitante, pois na etapa T2 é usual o uso de delineamentos específicos para

situações em que os clones não apresentam repetições, tais como blocos aumentados de Federer. Assim valores elevados para herdabilidade são desejáveis. Os índices colorimétricos ExG e GLI apresentaram valores próximos de PP ($h^2=0,35$), isto é, desde que a intensidade de seleção seja baixa, ambos os índices podem ter potencial para utilização. Logo, diante dos parâmetros estimados, considera-se que os índices ExG e GLI apresentariam maiores potenciais de uso no melhoramento devido as maiores herdabilidades.

A acurácia é um outro importante parâmetro e que para os índices colorimétricos foram de baixo valor. Isto pode ser justificado pelo baixo número de repetições considerados. A estimativa do número médio de repetições foi inferida com uso da média harmônica, sendo estimado como 1,0059. Isto ocorreu, pois dentre as oito testemunhas, o número de repetições variou de 17 a 21, porém, todos os 1273 clones estavam representados uma única vez no experimento. Nota-se que a estrutura de delineamento de blocos aumentados de Federer, sem uso de repetições para os clones, dificulta a aplicação dos índices colorimétricos, uma vez que tanto as herdabilidades quanto as acurácias apresentam valores reduzidos. Assim, sugere-se fortemente que o uso de repetições seja considerado para integração com esta tecnologia de fenotipagem.

Ao considerar que as estimativas dos componentes de variância para os índices colorimétricos, estes representavam apenas parte da variabilidade disponível do experimento. Assim, os valores foram reobtidos considerando também 2074 clones. Neste caso, as principais modificações ocorreram com os índices GRVI e VARI. Numericamente, para o primeiro caso, a herdabilidade aumentou de 0,15 (com base em 1273 clones) para 0,22 (2074 clones), análogo ao CVg ($CVg_{(1273)}=0,40$ vs $CVg_{(2074)}=0,51$) e acurácia ($AC_{(1273)}=0,38$ vs $AC_{(2074)}=0,47$). O CVr alterou de 0,98 (1273 clones) para 0,95 (2074 clones). O mesmo padrão foi detectado para o índice VARI, isto é, a herdabilidade apresentou valor mais elevado ($h^2_{(2074)}=0,22$ vs $h^2_{(1273)}=0,17$), análogo ao CVg ($CVg_{(2074)}=0,54$ vs $CVg_{(1273)}=0,44$) e acurácia ($AC_{(2074)}=0,47$ vs $AC_{(1273)}=0,39$). O CVr alterou de 1,05 ($CVr_{(1273)}$) para 1,02 ($CVr_{(2074)}$). Por outro lado, os índices ExG e GLI não apresentaram diferenças nos valores ao considerar duas casas decimais. Já para o índice RGBVI houve uma pequena alteração tanto para a herdabilidade ($h^2_{(2074)}=0,26$ versus $h^2_{(1273)}=0,28$) quanto para a acurácia ($AC_{(2074)}=0,51$ versus $AC_{(1273)}=0,53$), o que em termos

práticos pode ser considerado como variação nula. Para CV_g e CV_r , os valores se mantêm considerando duas casas decimais.

A etapa posterior foi compreender as associações entre as características estudadas. Assim, os valores de correlação linear e o gráfico de dispersão foram obtidos para cada par de variáveis (Figura 2).

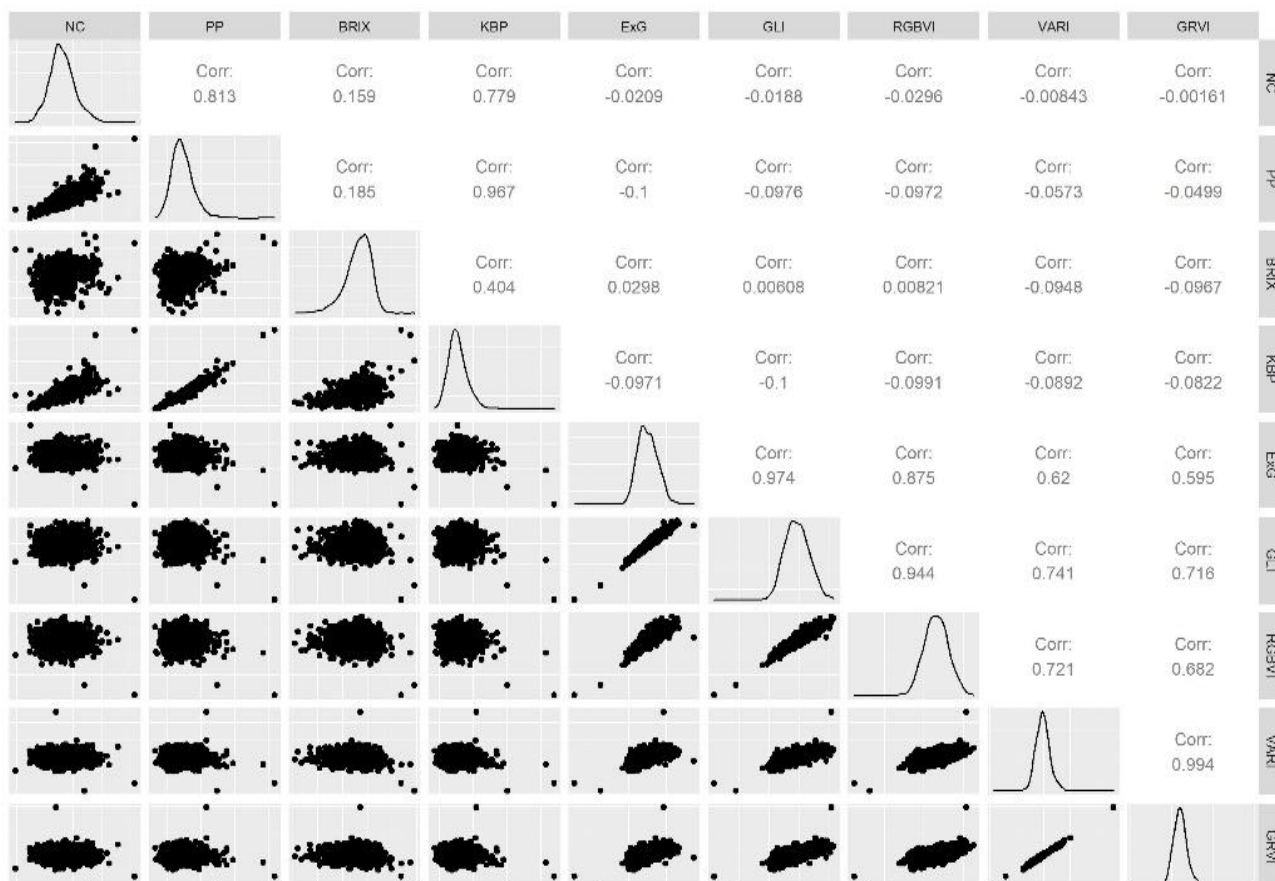


Figura 2- Gráfico de dispersão, histogramas e correlação linear para as variáveis número de colmos (NC), peso de parcela (PP), Brix, rendimento de açúcar por parcela (KBP) e os índices colorimétricos ExG, GLI, GRVI, RGBVI e VARI.

As associações entre as variáveis podem ser estruturadas em três grupos, a saber: associação entre características relacionadas a produção, associação entre os índices colorimétricos e associação entre ambos os grupos. Para as variáveis associadas a produção, os dados apresentavam correlações fortes e positivas (Figura 2), por exemplo, as mais pronunciadas foram entre PP vs KBP (0,967), NC vs PP (0,813) e NC vs KBP (0,779). A associação entre Brix vs KBP foi de 0,404 e Brix vs PP (0,185), Brix vs NC (0,159), indicando que a correlação entre acúmulo de açúcar e produção de biomassa não é necessariamente forte. Estes resultados podem ser contextualizados com Balsalobre et al. (2016) que estudando características relacionadas a produção de cana-de-açúcar com base em duas

famílias de irmãos completos, SR1 (SP80-3280 x RB835486) e SR2 (SP81-3250 x RB925345), verificaram uma forte correlação entre NC e produtividade, representada por TCH (tonelada de cana por hectare) (0,96) para SR1 e associações praticamente nulas entre NC e BRIX (0,04) e TCH e Brix (menor que 0,10), em ambas as populações. A comparação entre as correlações entre produtividade de açúcar para os dois trabalhos não é direta uma vez que Balsalobre et al. (2016) apresentam a medida como tonelada de Pol por hectare, mas TCH e TPH apresentam alta correlação (maior que 0,90) concordando com PP e KBP (0,96).

Por outro lado, entre os cinco índices colorimétricos as maiores correlações foram entre GRVI vs VARI (0,994), GLI vs ExG (0,974) e RGBVI vs GLI (0,944). A menor correlação foi entre ExG vs GRVI (0,595) e os demais valores variaram entre 0,620 (ExG vs VARI) a 0,875 (ExG vs RGBVI). Estas associações foram coerentes ao obtido com as interpretações dos componentes de variâncias.

A associação entre os índices e as variáveis de produção apresentaram baixos valores, os quais variaram entre -0,100 (ExG vs PP e GLI vs KBP) a 0,008 (RGBVI vs BRIX) indicando uma associação nula entre as variáveis. Contudo, estas associações podem ser melhor compreendidas com auxílio da Figura 2, em que estão apresentados os histogramas e os gráficos de dispersão para todas as pares de combinação. Essencialmente, os histogramas indicam que todas as nove características sugerem uma distribuição normal, mas quando os gráficos de dispersão entre grupos dos índices colorimétricos versus variáveis de produção são considerados, nota-se que a distribuição conjunta dos dados sugere uma elipse, em torno do ponto mediano para os dois eixos, simultaneamente.

Contudo, a análise bidimensional facilitou a diferenciação das variedades comerciais (Figura 3). Isto é evidenciado para as variedades RB855156, RB855453, RB867515 e RB975952 no gráfico de dispersão para NC vs ExG. Para PP vs ExG e KBP vs ExG destacam-se RB855156, RB855453, RB965902 e RB975952. Já para BRIX vs ExG, os genótipos que se destacaram foram RB855156, RB855453, RB965902, RB966928 e RB975952. Padrão similar pode ser observado considerando os demais índices. Ao considerar que o índice colorimétrico ExG indica uma comparação entre verde versus vermelho e azul ($2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE}$), observa-se que os menores valores do índice ExG foram observados para RB855156 e RB975952; atualmente, as variedades de ciclo de

Ainda, com auxílio de métodos de estatística multivariada, a relação entre as variáveis foi identificada (Figura 4). A Figura 4A contém o dendrograma obtido a partir da análise de agrupamento que identifica dois grupos de variáveis, um referente aos índices colorimétricos e outro para os dados de produtividade. Este resultado corrobora com os valores de correlação indicados na Figura 2. Os índices ainda se subdividem em três grupos, a saber: GRVI e VARI; GLI e ExG; e apenas RGBVI, o qual está mais próximo do grupo formado pelos índices GLI e ExG. Nota-se que as interpretações obtidas com os componentes de variância corroboram com esses resultados.

A Figura 4B indica um gráfico *biplot* obtido a partir da análise de componentes principais considerando as nove características. Percebe-se que os dois primeiros componentes explicam 77,4% de toda a variação do conjunto de dados, sendo o primeiro (46,7%) interpretado como uma média ponderada dos índices colorimétricos e o segundo (30,7%) corresponde a uma média ponderada entre as características associadas a produção (Figura 4C). O terceiro componente é essencialmente explicado pela variável Brix explicando 11% dos dados. O gráfico *biplot* novamente demonstra que os índices colorimétricos e as variáveis de produção têm pouca associação, uma vez que há a formação de um ângulo perpendicular entre elas.

Com o intuito de detalhar as relações entre os índices colorimétricos, a análise de componentes principais foi repetida, porém removendo as variáveis NC, PP, Brix e KBP (Figuras 4D e 4E). Neste caso, o primeiro componente principal continuou sendo uma média ponderada entre os índices colorimétricos, mas agora explicando 83% da variação total e o segundo componente foi uma comparação entre VARI e GRVI versus ExG, GLI e RGBVI, explicando 14,5% dos dados. O ângulo entre estes dois grupos é menor que 45° , o que também indica uma relação moderada entre as medidas. Com todas estas análises torna-se claro que independente da estratégia de análise considerada há duas fortes relações, a primeira entre os índices VARI e GRVI e a segunda entre ExG e GLI.

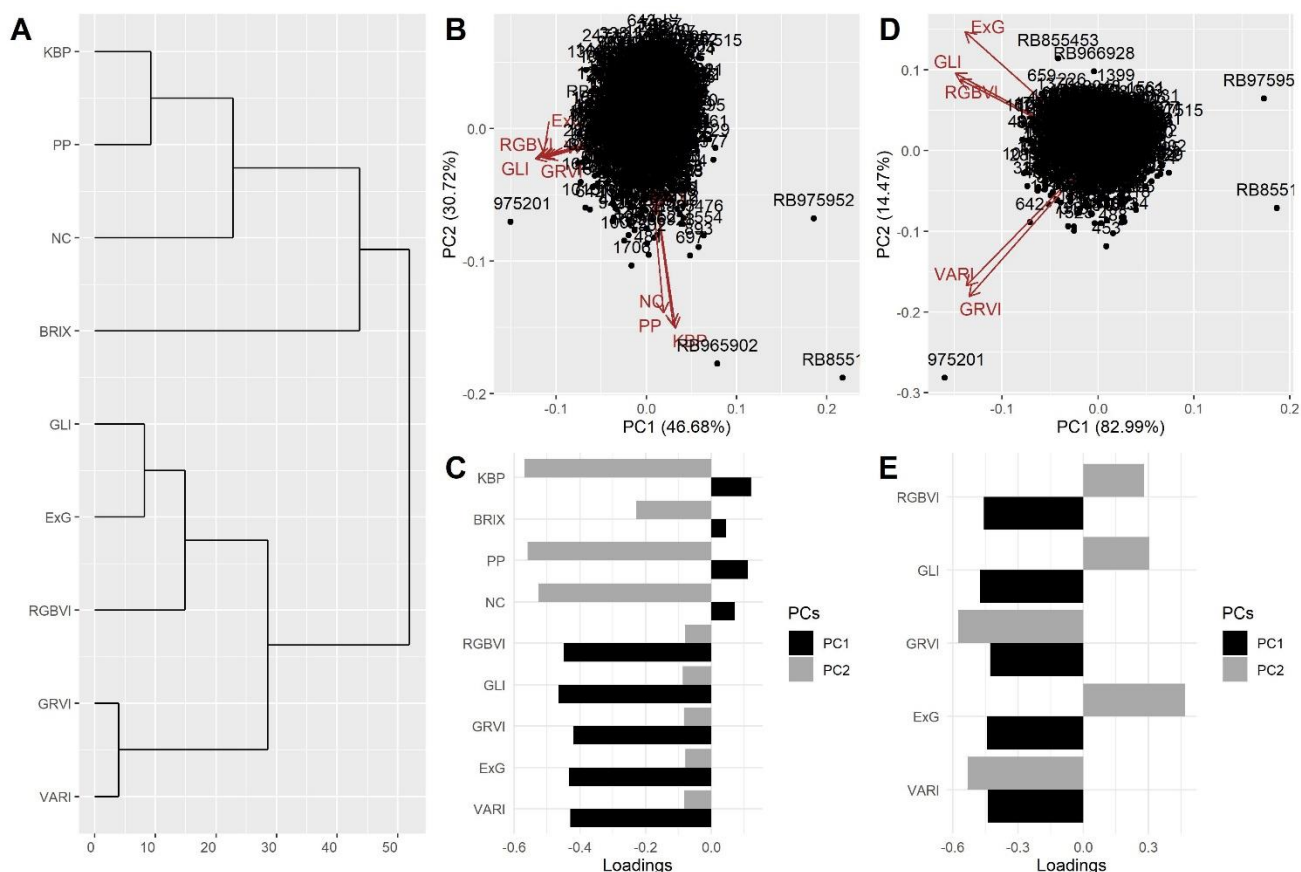


Figura 4- Estatística multivariada indicando os diferentes graus de associações entre as nove variáveis. **A.** Dendrograma obtido com análise de agrupamento UPGMA. **B.** Gráfico *Biplot* para todas as nove variáveis. **C.** valores das rotações (*loadings*) obtidos para os dois primeiros componentes principais utilizados no gráfico B. **D.** Gráfico *Biplot* para os cinco índices colorimétricos. **E.** valores das rotações (*loadings*) obtidos para os dois primeiros componentes principais, utilizados no gráfico D.

A comparação entre os índices pode ser contextualizada a partir dos diferentes cenários que foram propostos. O índice GRVI, explora a refletância das plantas no verde e a absorção do vermelho e foi apresentado por Tucker (1979) visando monitoramento de vegetação. Hunt et al. (2005) citado por Bendig et al. (2015) comentam que o índice GRVI pode ser utilizado como um indicador fenológico tendo potencial de estimação de biomassa. Também foi utilizado para discriminação de estresse hídrico em plantas de algodão, principalmente por apresentar sensibilidade a variação da coloração verde nas folhas (BALLESTER et al. 2019). Por outro lado, Bendig et al. (2015) citam que a utilização do índice GRVI não permitiu a identificação de correlação com biomassa em cevada. Já o índice VARI (GITELSON et al., 2002), conceitualmente, é semelhante ao GRVI, porém aplicando uma correção para os efeitos atmosféricos. Isto é obtido subtraindo o comprimento de onda azul do denominador do índice. Michez et al. (2018) e Zheng et al. (2019) descrevem que este índice pode ser correlacionado com estimativas de biomassa

com milho e arroz, respectivamente. O índice RGBVI foi proposto visando capturar refletâncias devido a absorção de clorofila, sendo uma alternativa para medição de biomassa em plantas de cevada, com resultados mais promissores quando os dados são obtidos para plantas em estágios iniciais de desenvolvimento (BENDIG et al., 2015). O índice ExG (WOEBBECKE et al., 1995) apresentou maior contraste dentre oito diferentes propostas para distinguir material vegetal vivo de um fundo não vegetal. O índice GLI foi apresentado com o intuito de mensurar a degradação de campos de trigos devido ao ataque de gansos, a partir do contraste entre verde e vermelho das imagens digitais (LOUHAICHI; BORMAN; JOHNSON, 2001).

Para o contexto do presente estudo, os índices ExG e GLI desenvolvidos para detectar contraste entre verde e vermelho se mostraram semelhantes em todas as análises, explicado pelo mesmo numerador nos dois índices, isto é, um contraste entre verde vs vermelho e azul ($2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE}$). Os índices GRVI e VARI potencializaram a variabilidade genética e residual ao desconsiderar a banda de cor azul do numerador ($R_{GREEN} - R_{RED}$) e potencializaram a herdabilidade. Ressalta-se que a correção atmosférica obtida realizada no índice VARI em comparação a não correção (GRVI) pouco afetou a quantificação da variabilidade do experimento. O índice RGBVI se comportou de maneira intermediária em relação aos demais, o que pode ser explicado pela sua fórmula ($R_{GREEN}^2 - R_{RED} \times R_{BLUE}$), ou seja, há uma comparação entre verde versus vermelho, mas há uma diferença na ponderação dos valores de verde e/ou vermelho. As comparações entre os cinco denominadores não permitiram nenhuma inferência em relação aos resultados obtidos.

Neste estudo foi possível identificar que os índices colorimétricos mensuraram a variabilidade genética entre os indivíduos, o que é fundamental para o melhoramento genético, mas a associação com componentes de produção foi baixa. Para explicar a ausência de associação deve-se contextualizar que as cultivares comerciais, reconhecidamente superiores, se distinguiram da população. Assim, acredita-se que a população ou a época de obtenção das imagens não foram adequadas. Bendig et al. (2015) trabalhando com cevada relataram que o índice GRVI não teve associação com produtividade e RGBVI teve fraca associação antes da fase de enchimento de grãos, provavelmente, devido ao amarelecimento das plantas que dificultou a predição. O mesmo efeito de envelhecimento pode ter dificultado as análises. Ainda, Natarajan et al. (2019) encontraram forte correlação entre NC e cobertura de dossel (0,72) e altura de planta vs altura de dossel (0,69),

para amostra de clones obtida a seis meses de plantio. Logo, recomenda-se que em estudos futuros envolvendo cana-de-açúcar, leituras ao longo do ciclo da cultura sejam conduzidos visando compreender da evolução temporal dos índices colorimétricos e verificar se existe um período de saturação destes índices (MICHEZ et al., 2018).

Dentre as vantagens dos índices colorimétricos destacam-se a maior estabilidade em relação a variações de iluminação do ambiente, além de serem de simples a comparação com situações e respostas de campo ao olho humano (MEYER; NETO, 2008). Vale ressaltar que o órgão de acúmulo de açúcar é o colmo, o que a priori não é identificável a partir da visão do dossel do experimento. Assim, predição de biomassa em cana-de-açúcar ainda é um desafio e deve demandar mais estudos. Contudo, a tecnologia de fenotipagem de alto rendimento utilizando VANT/drone potencialmente é a principal ferramenta que possibilitará a detecção de novas variáveis para inclusão no fluxograma dos programas de melhoramento visando torná-lo mais eficiente na identificação de genótipos superiores.

5. Conclusões

- Todos os cinco índices colorimétricos foram capazes de mensurar a variabilidade genética em uma população de melhoramento de cana-de-açúcar.
- Os índices ExG e GLI apresentaram os maiores valores de herdabilidade, logo, apresentaram maiores potenciais de uso no melhoramento.
- Os índices GRVI e VARI potencializaram a variabilidade genética e residual
- A associação entre os índices colorimétricos e características de produção foi baixa dificultando a integração no procedimento de melhoramento.

6. Literatura citada

ARAUS, J. L. et al. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, v. 23, n. 5, p. 451–466, 2018.

ARAUS, J. L.; CAIRNS, J. E. Field high-throughput phenotyping: The new crop breeding frontier. **Trends in Plant Science**, v. 19, n. 1, p. 52–61, 2014.

BALLESTER, C. et al. Monitoring the effects of water stress in cotton using the green red vegetation index and red edge ratio. **Remote Sensing**, v. 11, n. 7, p. 1–21, 2019.

BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.

BARBOSA, M. H. P. et al. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. spe, p. 87–98, 2012.

BENDIG, J. et al. Combining UAV-based plant height from crop surface models, visible, and near infrared vegetation indices for biomass monitoring in barley. **International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation**, v. 39, p. 79–87, 2015.

CANDIAGO, S. et al. Evaluating multispectral images and vegetation indices for precision farming applications from UAV images. **Remote Sensing**, v. 7, n. 4, p. 4026–4047, 2015.

CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A. et al. Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A Reference Study for the Regulation of Genetically Modified Cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, v. 4, n. 1, p. 62–89, 2011.

COSTA, L.; NUNES, L.; AMPATZIDIS, Y. A new visible band index (vNDVI) for estimating NDVI values on RGB images utilizing genetic algorithms. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 172, n. March, p. 105334, 2020.

CURSI, D. E.; COX, M.C.; ANONI, C.O.; HOFFMANN, H.P.; GAZAFFI, R.; GARCIA, A.A.F. (submetido). Comparison of diferent selection methods in the early stage of sugarcane breeding. **Agronomy Journal**.

DI GENNARO, S. F. et al. UAV-based high-throughput phenotyping to discriminate barley vigour with visible and near-infrared vegetation indices. **International Journal of Remote Sensing**, v. 39, n. 15–16, p. 5330–5344, 2018.

FEDERER, WT (1956) Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, 55, 191-208.

FUENTES-PEAILILLO, F. et al. Comparison of vegetation indices acquired from RGB and Multispectral sensors placed on UAV. **IEEE ICA-ACCA 2018 - IEEE International Conference on Automation/23rd Congress of the Chilean**

Association of Automatic Control: Towards an Industry 4.0 - Proceedings, 2019.

GITELSON, A. A. et al. Novel algorithms for remote estimation of vegetation fraction. **Remote Sensing of Environment**, v. 80, n. 1, p. 76–87, 2002.

GROSSKINSKY, D. K. et al. Plant phenomics and the need for physiological phenotyping across scales to narrow the genotype-to-phenotype knowledge gap. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 18, p. 5429–5440, 2015.

HU, P. et al. Estimation of plant height using a high throughput phenotyping platform based on unmanned aerial vehicle and self-calibration: Example for sorghum breeding. **European Journal of Agronomy**, v. 95, n. November 2017, p. 24–32, 2018.

HU, P. et al. Pixel size of aerial imagery constrains the applications of unmanned aerial vehicle in crop breeding. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v. 154, n. June, p. 1–9, 2019.

HUNT, E. R. et al. Evaluation of digital photography from model aircraft for remote sensing of crop biomass and nitrogen status. **Precision Agriculture**, v. 6, n. 4, p. 359–378, 2005.

LI, S. et al. Comparison RGB digital camera with active canopy sensor based on UAV for rice nitrogen status monitoring. **2018 7th International Conference on Agro-Geoinformatics, Agro-Geoinformatics 2018**, p. 1–6, 2018.

LISBOA, I. P. et al. Prediction of sugarcane yield based on NDVI and concentration of leaf-tissue nutrients in fields managed with straw removal. **Agronomy**, v. 8, n. 9, 2018.

LOUHAICHI, M.; BORMAN, M. M.; JOHNSON, D. E. Spatially located platform and aerial photography for documentation of grazing impacts on wheat. **Geocarto International**, v. 16, n. 1, p. 65–70, 2001.

MAKANZA, R. et al. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, v. 10, n. 2, 2018.

MEYER, G. E.; NETO, J. C. Verification of color vegetation indices for automated

crop imaging applications. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 63, n. 2, p. 282–293, 2008.

MICHEZ, A. et al. How far can consumer-grade UAV RGB imagery describe crop production? A 3D and multitemporal modeling approach applied to *Zea mays*. **Remote Sensing**, v. 10, n. 11, 2018.

MILLIGAN, S. B. et al. Early stage sugarcane selection using different plot sizes. **Crop Science**, v. 47, n. 5, p. 1859- 1864, 2007.

MORAIS, Lizz Kezzy de et al. Breeding of Sugarcane. In: CRUZ, von Mark V.; DIERIG, David A.. **Industrial Crops: breeding for bioenergy and bioproducts**. Breeding for BioEnergy and Bioproducts. 9. ed. Nova York: Springer. Cap. 2. p. 29-42, 2015.

NATARAJAN, S. et al. High-throughput phenotyping of indirect traits for early-stage selection in sugarcane breeding. **Remote Sensing**, v. 11, n. 24, 2019.

NIU, Q. et al. **Estimation of leaf nitrogen concentration of winter wheat using uav-based RGB imagery**. [s.l.] Springer International Publishing, 2019. v. 546

OLIVEIRA, R. A. et al. Seleção precoce em famílias de cana-de-açúcar via procedimentos BLUP e BLUPIS. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 35, n. 4, p. 427–434, 2013.

PAYNE, Roger et al. **Introduction to Genstat ® for Windows TM**. 18. ed. Uk: Vsn International, 2015. 150 p.

REBETZKE, G. J. et al. Review: High-throughput phenotyping to enhance the use of crop genetic resources. **Plant Science**, v. 282, n. April, p. 40–48, 2019.

RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

SANKARAN, S.; KHOT, L. R.; CARTER, A. H. Field-based crop phenotyping: Multispectral aerial imaging for evaluation of winter wheat emergence and spring stand. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 118, p. 372–379, 2015.

SANSECHAN, P. et al. Use of vegetation indices in monitoring sugarcane white leaf

disease symptoms in sugarcane field using multispectral UAV aerial imagery. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, v. 301, n. 1, 2019.

TUCKER, C. J. Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. **Remote Sensing of Environment**, v. 8, n. 2, p. 127–150, 1979.

TUNCA, E. et al. Yield and leaf area index estimations for sunflower plants using unmanned aerial vehicle images. **Environmental Monitoring and Assessment**, v. 190, n. 11, 2018.

WOEBBECKE, D. M. et al. Color indices for weed identification under various soil, residue, and lighting conditions. **Transactions of the American Society of Agricultural Engineers**, v. 38, n. 1, p. 259–269, 1995.

YUAN, H. et al. Research on Vegetation Information Extraction from Visible UAV Remote Sensing Images. **5th International Workshop on Earth Observation and Remote Sensing Applications, EORSA 2018 - Proceedings**, p. 1–5, 2018.

ZHENG, H. et al. Improved estimation of rice aboveground biomass combining textural and spectral analysis of UAV imagery. **Precision Agriculture**, v. 20, n. 3, p. 611–629, 2019.

ZHOU, X. et al. Predicting grain yield in rice using multi-temporal vegetation indices from UAV-based multispectral and digital imagery. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v. 130, p. 246–255, 2017.

CAPÍTULO 2. ÍNDICES COLORIMÉTRICOS PARA AVALIAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO DO PAINEL BRASILEIRO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR.

1. Resumo

A fenotipagem em larga escala por meio do uso de veículos aéreos não tripulados (VANTs) embarcados com sensores surge com o potencial de gerar novas variáveis para o melhoramento genético, tais como os índices colorimétricos. No entanto, faltam estudos para compreender o comportamento destes índices ao longo do ciclo de produção da cana-de-açúcar. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar, mensalmente, o Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA) desenvolvido pela UFSCar/RIDESa, utilizando os índices colorimétricos ExG e VARI, para cana planta, assim como compreender a relação entre as diferentes épocas de avaliação. Para tanto, o PBGCA continha 265 genótipos e foi implantado no delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições em março de 2018, em Araras-SP, e colhido em setembro de 2019. O software Dronedeploy foi utilizado para planejamento das missões de voos e para construção do ortomosaico foi utilizado o Agisoft Metashape Pro. A delimitação das parcelas e obtenção dos índices ExG e VARI foram realizadas com o software QGis. Os componentes de variância e médias ajustadas foram obtidos com base em modelos mistos, com o software Genstat. Ainda, análises de correlação, agrupamento e componentes

principais foram realizadas no software R. Para ambos índices, a variação genética foi significativa e variável ao longo do ciclo da cultura e que são condizentes com a fisiologia da planta. As herdabilidades e acurácias foram altas. O índice ExG foi preferível em relação ao VARI em função dos componentes de variância. A análise de agrupamento identificou cinco grupos que refletiam condições de climatológicas e os estádios de desenvolvimento das plantas. A análise de componente principal indicou forte associação entre as avaliações. Os principais genótipos discriminados no gráfico *biplot* foram classificados como genótipos ancestrais. Ao considerar todas as análises e as forte correlações entre avaliações, recomenda-se que um experimento seja avaliado na fase de estabelecimento da cultura, no final do período chuvoso e próximo do período de colheita.

PALAVRAS CHAVE: VANT; RGB; ExG; VARI; PBGCA; herdabilidade.

2. Introdução

A cana-de-açúcar é uma importante cultura brasileira para o agronegócio nacional, sendo o Centro-Sul a principal região produtora (CONAB, 2019; CEPEA, 2020). Para sustentar o setor, programas de melhoramento genético trabalham continuamente seguindo um fluxograma de desenvolvimento de novas cultivares. Estudos complementares são comuns para ampliar o conhecimento sobre a arquitetura genética das principais características para melhoramento e, ainda, tornam o processo de seleção mais eficiente.

Neste contexto, destacam-se estudos de mapeamento genético, tais como mapeamento de QTLs utilizando cruzamento biparentais (BALSALOBRE et al., 2016; SILVEIRA, 2016) e mapeamento associativo baseado em uma coleção de genótipos de interesse formando um painel associativo (ROSA, 2011; BARRETO, 2017, BARRETO et al., 2019). O Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA), desenvolvido pela RIDESA, foi inicialmente desenvolvido com 135 genótipos, sendo estudado por Rosa (2011) e Barreto et al. (2019) visando mensurar o desequilíbrio de ligação e detectar a presença de estrutura populacional. Esta coleção foi ampliada, em uma segunda versão, para 265 genótipos e caracterizados molecularmente e agronomicamente por Barreto (2017).

Atualmente, a fenotipagem em cana-de-açúcar é um processo que demanda mão de obra, tempo e recursos (CURSI, 2016; NATARAJAN et al., 2019; COSTA;

NUNES; AMPATZIDIS, 2020), se concentrando em características de produtividade mensuradas, usualmente, no final de cada ciclo produtivo (NATARAJAN et al., 2019). Algumas limitações podem ocorrer durante o processo de fenotipagem, tais como falhas de mensuração e/ou subjetividade na avaliação visual. Além disto o monitoramento do desenvolvimento de todas as parcelas experimentais durante a experimentação torna-se impraticável com as tecnologias tradicionais de fenotipagem (CABRERA-BOSQUET et al., 2012; ARAUS; CAIRNS, 2014; GHANEM; MARROU; SINCLAIR, 2015; GROßKINSKY et al., 2015; ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; HU et al., 2019; NATARAJAN et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Por outro lado, o desenvolvimento de plataformas automatizadas permitem a realização da fenotipagem de alto rendimento (HTPP – *High Throughput Phenotyping Platform*) que é um sistema não invasivo que permite o monitoramento constante da cultura ao longo de seu desenvolvimento (GROßKINSKY et al., 2015; ARAUS et al., 2018; DI GENNARO et al., 2018; MAKANZA et al., 2018; HU et al., 2019; NATARAJAN et al., 2019; REBETZKE et al., 2019). Isto possibilitaria a melhor compreensão do desenvolvimento diferencial dos genótipos, cuja informação poderia ser incorporada no processo de seleção, possibilitando melhor entendimento dos genótipos selecionados.

Dentre as técnicas de HTPP, o Sensoriamento Remoto realizado com base em veículos aéreos não tripulados (VANTs) e sensores RGB capazes de captar o espectro vermelho, verde e azul, respectivamente, apresenta grande destaque por ser um método rápido, simples, de baixo custo e eficiente de análise das culturas (COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Uma aplicação para estes sensores está na obtenção dos índices colorimétricos definidos como combinações algébricas de bandas espectrais visíveis, sendo obtidas para cada pixel da imagem (BANNARI et al., 1995; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Com a delimitação das unidades experimentais é possível obter estatísticas zonais para cada parcela gerando, conseqüentemente, uma nova variável que pode ser incluída no procedimento de avaliação do experimento (BANNARI et al., 1995; INAMASU; BERNARDI, 2014; CANDIAGO et al., 2015; ZHOU et al., 2017; KHAN et al., 2018; LI et al., 2018; YUAN et al., 2018; ZHENG et al., 2019; COSTA; NUNES; AMPATZIDIS, 2020). Dentre os índices colorimétricos pode-se destacar o índice visível de resistência atmosférica ou VARI (*Visible Atmospheric Resistant Index*) (GITELSON et al., 2002) e o Excesso Verde ou ExG (*Excess Green*) (WOEBBECKE et al., 1995).

Ao considerar o contexto do melhoramento genético da cana-de-açúcar, dentre nosso conhecimento, não há trabalhos que consideram o uso de índices colorimétricos para acompanhamento do desenvolvimento da cultura. Natarajan et al. (2019) utilizou-se do índice de vegetação com diferença normalizada ou NDVI (*Normalized Difference Vegetation Index*), assim como cobertura vegetal, temperatura e altura de dossel para compor um índice de seleção visando mensurar de forma indireta caracteres associados a produtividade. Os caracteres mensurados de forma indireta apresentaram maiores herdabilidades e fortes correlações com produção de colmos, indicando maior potencial para seleção combinada. Vale ressaltar que o uso do NDVI requer sensores do tipo multiespectrais capazes de captar a banda infravermelha próxima, nem sempre tão acessíveis (MEYER; NETO, 2008).

Nesse sentido, estudos para incorporação dos índices colorimétricos como novas variáveis para avaliação de experimentos é de grande valia, pois possibilitaria a aquisição de dados em campo de maneira rápida, precisa e contínua do experimento possibilitando inclusive determinar períodos ideais para coleta de dados.

3. Materiais e Métodos

3.1. População de estudo

Para a realização do presente trabalho, foi considerado o Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar (PBGCA), estabelecido pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), integrante da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA). A atual versão do PBGCA considera 265 genótipos, os quais podem ser agrupados em três grupos, a saber: genótipos ancestrais, tais como, representantes de *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. barberi*, *S. officinarum*; genótipos estrangeiros, tais como, variedades Co (obtidas na Índia), POJ (Indonésia), Q (Austrália), NA e TUC (Argentina), NCo (África do Sul), NG (Nova Guiné), CIMCA (Bolívia), CP, L e H (Estados Unidos); genótipos derivados de programas de melhoramento brasileiros, como variedades RB produzidas inicialmente pelo PLANALSUCAR e, atualmente, sob responsabilidade da RIDESA, variedades SP produzidas pela Copersucar, atualmente CTC, além de variedades produzidas pelo IAC (Instituto Agrônomo/SP) e variedades CB produzidas pelo

programa de Campos, RJ que liberou variedades até a primeira metade do século XX. A composição do PBGCA foi apresentada por Medeiros; Balsalobre e Carneiro, 2020.

O experimento foi instalado no Centro de Ciências Agrárias (CCA/UFSCar), em Araras/SP (22°21'25''S e 47°23'03''W, 611m de altitude) utilizando delineamento blocos completos ao acaso com quatro repetições, sendo as parcelas compostas por duas linhas de três metros com espaçamento de 1,40 m entre as linhas. O plantio foi realizado com uso de mudas pré brotadas, de forma que cada linha recebeu seis mudas, previamente produzidas, análogo ao apresentado por Barreto (2017). O plantio em campo foi realizado em março de 2018 e foi colhido em setembro de 2019.

3.2. Aquisição de imagens

O acompanhamento do painel ocorreu de abril/2018 até agosto/2019 com imagens capturadas mensalmente. Dentre os meses de abril até dezembro/2018 foi considerado um VANT (veículo aéreo não tripulado) Inspire 1 T600 – DJI, China pesando 2845g e equipado com câmera RGB Zenmuse X3, 12 megapixels, com tecnologia HD. Já para os meses de janeiro até agosto/2019 foi utilizado um Phantom 4 Pro - DJI, China com peso de 1388g e câmera RGB própria com 20 megapixels, com tecnologia HD. Ambas as câmeras foram equipadas com cartão de memória para armazenamento das imagens em formato JPEG para seguinte processamento em computador. O plano de voo foi realizado pela versão gratuita do software Dronedeploy (<https://www.dronedeploy.com/>) configurado para captura de imagens a cada 3 segundos, com 70% de sobreposição lateral e 80% de sobreposição frontal com velocidade de voo entre 2 e 3 m s⁻¹ a uma altura de 30 m do solo.

3.3. Construção do ortomosaico

Após a aquisição das imagens com VANT, construiu-se o ortomosaico através da sobreposição das imagens individuais, a partir da localização do GPS nas mesmas. O sistema de referenciamento foi WGS 84/ Pseudo Mercator. O software utilizado para o desenvolvimento dos mosaicos foi *Agisoft Metashape Pro* (<https://www.agisoft.com/>). Dentro do software, foram inseridas as imagens realizadas pela câmera RGB, por conseguinte realizado o alinhamento das imagens.

A seguir, foi construído o Digital Elevation Model (DEM) como uma base dimensional para então ser montado o ortomosaico. Ao considerar que dois tipos de VANTs foram utilizados, definiu-se para o processamento final dos ortomosaicos uma definição de $0,77\text{cm px}^{-1}$ visando padronizar a resolução de todos os ortomosaicos.

3.4. Identificação das parcelas experimentais

O ortomosaico construído foi exportado para o software de processamento QGis (https://www.qgis.org/pt_BR/site/) no formato *raster* (.tiff), sendo, portanto, a camada de base ao estudo. Desta forma, uma camada denominada *shapefile* foi criada para identificar os blocos e suas respectivas bordaduras. Esta camada *shapefile* foi considerada para subdividir o mosaico de forma que os procedimentos pudessem ser obtidos para cada bloco visando a posterior análise dos dados. Vale ressaltar que esta camada possuía georreferenciamento baseado na camada base inserida.

Ao considerar o croqui do experimento, foi criada uma segunda camada *shapefile* para delimitar e codificar as parcelas em função dos genótipos considerados. Vale ressaltar que a parcela era composta por duas linhas, cada uma contendo seis plantas. Assim, duas formas retangulares foram utilizadas delimitando assim o espaço de cada uma das linhas. Os retângulos inseridos para cada bloco apresentavam aproximadamente o mesmo tamanho e forma. A delimitação da parcela foi essencial para definir os *pixels* a serem extraídos e as eventuais variações ocorreram apenas para situações em que o número de plantas foi menor que seis na linha devido a não desenvolvimento das plantas, visando, deste modo, obter o maior número de pixels representativos das plantas. Estes procedimentos foram repetidos mensalmente para cada ortomosaicos obtido.

3.5. Obtenção do índice de colorimétrico

Após a identificação das parcelas e dos blocos, a próxima etapa consistiu no cálculo dos índices em estudo, através da calculadora *raster* presente no QGis. Esta aplicação, permitiu que fossem apresentadas as bandas RGB individuais da camada base possibilitando assim o cálculo dos índices em estudo. Os índices ExG (WOEBBECKE et al., 1995) e VARI (GITELSON et al., 2002) foram escolhidos em função dos resultados obtidos no primeiro capítulo desta dissertação, em que ExG

apresentou maior herdabilidade e o VARI maximizava as estimativas de variâncias genéticas e residuais. Estes índices podem ser definidos como:

$$ExG = 2R_{GREEN} - R_{RED} - R_{BLUE};$$

$$VARI = \frac{R_{GREEN} - R_{RED}}{R_{GREEN} + R_{RED} - R_{BLUE}}, \text{ em que:}$$

R_{GREEN} , R_{RED} e R_{BLUE} correspondem à refletância das bandas de cores verde, vermelho e azul, respectivamente.

Os valores dos índices foram obtidos para cada *pixel* formando assim uma nova camada *raster* própria de cada índice. Estatísticas descritivas como média e contagem dos valores de ExG e VARI foram obtidas para cada parcela. Estes valores foram obtidos através da aplicação Estatísticas Zonais presente no próprio software QGis, que com os valores de índice de cada pixel, calcula as estatísticas descritivas desejadas para o espaço delimitado pela camada *shapfile*. Tais valores foram exportados para planilhas de dados para formatação e realização das análises estatísticas.

3.6. Estimação dos parâmetros genéticos

A análise estatística foi realizada por meio da análise de modelos mistos utilizando o software GenStat (PAYNE et al., 2015), sendo as variáveis respostas valores médios de VARI ou ExG para cada parcela e o modelo estatístico foi:

$$y_{ijk} = \mu + b_k + t_j + gt_{ij} + e_{ijk}, \text{ em que:}$$

y_{ijk} : média do índice VARI ou ExG de cada pixel da parcela, considerando a avaliação do i -ésimo genótipo, no j -ésimo tempo e na k -ésima repetição; μ : intercepto do modelo; b_k : efeito fixo de repetição ou bloco; t_j : efeito fixo de avaliação no j -ésima avaliação (mês); gt_{ij} : efeito aleatório para genótipos aninhado no j -ésimo mês; e_{ijk} : erro aleatório do modelo.

Inicialmente, buscou-se selecionar as estruturas de variância e covariância que melhor modelassem as matrizes R e G. Para a matriz residual consideraram-se as estruturas de homogeneidade de variâncias (homocedasticidade) e heterogeneidade de variâncias (heterocedasticidade) para as diferentes épocas de avaliação. Já para a matriz G sete modelos foram utilizados, os quais podem ser classificados em quatro grupos: i) modelos que consideram nula a covariância entre épocas; ii)

modelos de simetria composta (CS), ou seja, a covariância entre as diferentes leituras assume um único valor; iii) modelo de autocorrelação (AR) de primeira ordem, isto é, há associação variável entre as medidas, de forma que quanto mais próximas as épocas de leituras mais forte seria a correlação; iv) modelo não estruturado, no qual cada variância e covariância pode assumir quaisquer valores independente de restrições. Os três primeiros grupos podem ainda ser subdivididos em modelo que apresentam homogeneidade (identidade, CS-homogêneo e AR-homogêneo) ou heterogeneidade (diagonal, CS-heterogêneo e AR-heterogêneo) de variâncias genéticas. A seleção da melhor estrutura foi conduzida segundo os critérios de informação de Akaike ou AIC e critério de informação bayesiana ou BIC sendo o menor valor preferível, análogo ao realizado por Balsalobre et al. (2016). Com a definição das estruturas foi possível obter os componentes de variância e calculando os valores de variâncias ambientais, genóticas e fenotípicas, assim como os coeficientes de variação para melhor interpretação. Também foram calculadas as herdabilidades no sentido amplo em nível individual, $h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$, e em

nível de médias, $h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r}}$, sendo $\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_e^2$ e r as variâncias genética, ambiental

(residual) e o número de repetições, respectivamente. Os coeficientes de variação genético, residual e fenotípico foram estimados por $CVg = \frac{\hat{\sigma}_g}{\bar{x}}$ e $CVr = \frac{\hat{\sigma}_e}{\bar{x}}$, em que $\hat{\sigma}_g$ e $\hat{\sigma}_r$ correspondem aos desvios padrões genético e ambiental e \bar{x} a média dos valores genotípicos ajustados. Caso a média fosse um valor negativo, considerou-se o módulo de seu valor. A acurácia das estimativas foi obtida pela fórmula

$$AC = \left\{ 1 - \frac{1}{\left[1 + r \cdot \left(\frac{CVg}{CVr} \right)^2 \right]} \right\}^{\frac{1}{2}}, \text{ sendo } CVg \text{ e } CVr \text{ os coeficientes de variação genético e}$$

residual, respectivamente, e r corresponde ao número de repetições do experimento (RESENDE; DUARTE, 2007). A obtenção das médias ajustadas para os genótipos em cada tempo de avaliação permitiu a visualização da amplitude dos dados, assim como a identificação da associação entre os tempos de avaliação.

Com o intuito de complementar o entendimento das diferentes avaliações foi conduzida uma análise de agrupamento. Considerou-se a distância euclidiana e o método de agrupamento foi UPGMA, sendo o resultado visualizado com dendrograma. Esta análise foi realizada no software R (www.r-project.org) utilizando

a função nativa *hcluster*. Para compreender a variabilidade das avaliações foi realizada uma análise de componentes principais sendo calculada com a função *prcomp* e o resultado sumarizado em um gráfico *biplot*. Os gráficos foram realizados utilizando a biblioteca *ggplot2*.

4. Resultados

4.1. Captura e processamento de imagens

O ciclo de desenvolvimento do PBGCA em estudo foi de 19 meses, ocorrendo de março/2018 a setembro/2019, em que mensalmente foram realizadas imagens do campo gerando 17 avaliações, com codificação de Av01 até Av17, dos meses de abril/2018 a agosto/2019 (17 meses). Para a aquisição das imagens procurou-se padronizar os horários dos voos para aproximadamente 10 horas devido a inclinação solar não incidir de forma direta nas folhas obtendo-se assim um valor mais verídico acerca dos índices a serem medidos a seguir. Dentre os 17 voos, nove ocorreram neste horário, dois ocorreram às 10h30min, dois às 11 horas, um ao meio dia, outros dois às 13 horas e sendo um voo antecipado para 09h30min (Tabela 1). A opção pelo atraso ocorreu, predominantemente pela presença de rajadas de ventos, assim, a espera possibilitou que a missão de voo fosse realizada em melhores condições. Com relação à captura de imagens deve-se ressaltar que a intensidade de luz afetou diretamente os resultados, pois quanto maior a luminosidade no momento da missão de voo, maior a reflexão da luz pelas folhas podendo influenciar o valor do índice a ser calculado. Por outro lado, situações com menor luminosidade, tais como os observados em dias nublados ou mesmo a luminosidade durante o inverno permitem uma coloração das folhas de forma mais fidedigna. As condições climáticas no momento dos voos estão indicadas na Tabela 1.

TABELA 1- Informações de data, hora e condições climáticas para cada um dos voos com o drone para aquisição de imagens do painel de cana-de-açúcar cultivado em Araras, SP para o período de cana planta.

Avaliação	Data	Horário	Condição Climática
Av01	05 / 04 / 2018	10:00	Céu limpo sem nuvens
Av02	03 / 05 / 2018	13:00	Céu limpo sem nuvens
Av03	06 / 06 / 2018	13:00	Céu encoberto com raras aberturas de sol
Av04	06 / 07 / 2018	10:00	Céu nublado com muitos ventos
Av05	01 / 08 / 2018	10:00	Céu bastante encoberto, pouco vento
Av06	13 / 09 / 2018	10:00	Céu limpo com brisa leve
Av07	04 / 10 / 2018	10:00	Céu encoberto e poucas aberturas de sol
Av08	13 / 11 / 2018	10:00	Sol entre nuvens, pouco vento
Av09	04 / 12 / 2018	12:00	Pleno sol, pouco vento, sem nuvens
Av10	09 / 01 / 2019	11:00	Céu limpo sem nuvens e sem vento
Av11	07 / 02 / 2019	11:00	Céu limpo sem nuvens e sem vento
Av12	12 / 03 / 2019	10:00	Sol entre nuvens, muito vento
Av13	09 / 04 / 2019	9:30	Sol com algumas nuvens e rajadas de vento
Av14	16 / 05 / 2019	10:00	Sol com algumas nuvens, sem vento
Av15	14 / 06 / 2019	10:30	Céu limpo, sem nuvens com pouco vento
Av16	10 / 07 / 2019	10:00	Céu limpo sem ventos ou nuvens
Av17	02 / 08 / 2019	10:30	Sol com poucas nuvens, vento com algumas rajadas mais fortes

As missões de captura de imagens somente foram interrompidas para troca de bateria do VANT, de forma que o tempo total utilizado para a fenotipagem do experimento foi em média de 55 minutos. O software Dronedeploy foi utilizado para definir o plano de voo autônomo da aeronave, apesar de competente e ter uma interface amigável (*user friendly*), algumas limitações foram observadas antes do início das missões, tais como lentidão ao iniciar o software e algumas falhas de comunicação com a aeronave retardando o início da missão.

Para a obtenção dos mosaicos finalizados foi utilizado o software *Agisoft Metashape Pro* que realizou os mosaicos de forma precisa mantendo a definição destes em $7,77\text{mm px}^{-1}$. Para alguns meses houve problemas na obtenção do mosaico que foi solucionado com a realização de novos voos.

Após a obtenção dos ortomosaico foi necessário definir a localização das parcelas. Para tanto, considerou-se o ortomosaico da Av07 (10/2018), uma vez que as plantas possuíam altura e desenvolvimento suficiente para a melhor localização e demarcação dos indivíduos em seus sulcos. A partir destas marcações, fez-se os ajustes para os demais ortomosaicos. Esta estratégia permitiu que a uma mesma

parcela não apresentasse variação de tamanho entre mosaicos (Apêndice 1). Nos apêndices 2 e 3 apresentam-se a evolução do campo experimental para a quarta repetição durante todo o experimento.

4.2. Análises estatísticas

4.2.1. Seleção do modelo estatístico

Após as coletas e processamento dos dados, a estrutura do experimento era análoga ao modelo de parcela subdividida no tempo, porém preferiu-se adotar a abordagem de modelos mistos permitindo, assim, modelar as variações genotípicas e ambientais. Assim, o primeiro passo foi definir a estrutura para a matriz R que considerou a relação entre as variâncias ambientais. Para as duas variáveis ExG e VARI, o modelo heterocedástico para as diferentes épocas de avaliação foi melhor do que o modelo homocedástico. Para ExG, isto pode ser verificado pelos valores de AIC 140836,17 (homocedasticidade) versus 139735,14 (heterocedasticidade) e BIC 140851,74 (homocedasticidade) versus 139875,3 (heterocedasticidade). Para VARI os valores de AIC foram -43550,86 (homocedasticidade) versus -45987,7 (heterocedasticidade) e BIC foram -43535,28 (homocedasticidade) e -45847,54 (heterocedasticidade).

Ao estabelecer a matriz residual, o próximo passo foi definir as associações entre as variâncias e covariâncias genéticas, modeladas pela matriz G. Para tanto, sete modelos foram considerados e os valores de AIC e BIC calculados (Tabela 2).

Tabela 2- Valores de AIC e BIC para seleção de estruturas de variância e covariância para a análise de modelos mistos para os índices colorimétricos ExG e VARI. A matriz residual está fixada assumindo um modelo de heterogeneidade de variâncias.

Modelo	Número de parâmetros	ExG		VARI	
		AIC	BIC	AIC	BIC
Identidade (homogeneidade)	1	139735,1	139875,3	-45987,7	-45847,5
Diagonal (heterogeneidade)	17	138747,8	139012,6	-47025,3	-46760,5
CS-homogêneo*	2	137861,9	138009,9	-47742,1	-47594,1
CS-heterogêneo*	18	136623,1	136895,7	-49099,2	-48826,7
AR1-homogêneo**	2	135517,9	135665,8	-49806,1	-49658,1
AR1-heterogêneo**	18	134289,9	134562,4	-50980,5	-50707,9
não estruturado	153	132835,0	134158,7	X	X

*CS: modelo de simetria composta

**AR1: modelo de autocorrelação de primeira ordem

Para o índice ExG o modelo selecionado foi o não estruturado (AIC = 132834,95 e BIC = 134158,69) e para VARI a estrutura mais indicada foi autorregressivo heterocedástico de primeira ordem (AIC = -50980,47 e BIC = -50707,93). Para ambas as variáveis, o pior modelo foi o que assumia homogeneidade de variância genética e ausência de associação entre épocas. Ao considerar a Tabela 2, algumas verificações podem ser inferidas: i) todos modelos heterocedásticos foram superiores aos homocedásticos, tanto para AIC quanto BIC; ii) maior complexidade na modelagem das covariâncias genéticas foi preferível, isto é, ao comparar os modelos CS-heterogêneo versus diagonal, o primeiro modelo foi recomendado, mas ao comparar o modelo CS-heterogêneo versus AR-heterogêneo, o segundo foi preferível. Ainda, para o índice ExG foi possível ajustar o modelo não estruturado e este foi preferível em relação ao AR-heterogêneo. Para VARI o modelo não estruturado não foi possível de ser ajustado.

4.2.2. Componentes de variância

Com as estruturas de variância e covariância selecionadas, a análise final permitiu testar os efeitos fixos de blocos e avaliação, além de predizer os demais componentes de variância. Para ambas variáveis, o efeito de blocos foi significativo, assim como as épocas de avaliação.

Os resultados dos componentes de variância para ExG e VARI estão indicados nas Tabelas 3 e 4, respectivamente.

Tabela 3- Componentes de variância para ExG obtidos para cada uma das 17 avaliações, em uma população com 265 genótipos. Apresentam-se as variâncias ambientais ($\hat{\sigma}_e^2$), variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_g^2$), variâncias fenotípicas ($\hat{\sigma}_f^2$), assim como seus coeficientes de variação, herdabilidade para sentido amplo em nível individual (h^2) e em sentido de médias (h_x^2) e a acurácia ($r_{y\hat{y}}$), considerando quatro repetições no experimento.

Mês	média	$\hat{\sigma}_e^2$	CV_e	$\hat{\sigma}_g^2$	CV_g	$\hat{\sigma}_f^2$	CV_f	h^2	h_x^2	$r_{y\hat{y}}$
Av01(04/18)	-38,09	40,06	0,17	0,00	0,00	40,00	0,17	0,00	0,00	0,00
Av02(05/18)	2,18	162,70	5,86	149,70	5,62	312,40	8,12	0,48	0,79	0,89
Av03(06/18)	12,35	143,90	0,97	285,10	1,37	429,00	1,68	0,66	0,89	0,94
Av04(07/18)	31,19	151,20	0,39	247,10	0,50	398,30	0,64	0,62	0,87	0,93
Av05(08/18)	47,56	131,50	0,24	234,20	0,32	365,70	0,40	0,64	0,88	0,94
Av06(09/18)	48,93	97,47	0,20	192,10	0,28	289,57	0,35	0,66	0,89	0,94
Av07(10/18)	57,87	80,29	0,15	140,90	0,21	221,19	0,26	0,64	0,88	0,94
Av08(11/18)	67,58	55,42	0,11	85,87	0,14	141,29	0,18	0,61	0,86	0,93
Av09(12/18)	57,85	99,38	0,17	52,33	0,13	151,71	0,21	0,34	0,68	0,82
Av10(01/19)	58,41	51,65	0,12	38,09	0,11	89,74	0,16	0,42	0,75	0,86
Av11(02/19)	75,69	54,24	0,10	83,34	0,12	137,58	0,15	0,61	0,86	0,93
Av12(03/19)	64,18	99,35	0,16	65,86	0,13	165,21	0,20	0,40	0,73	0,85
Av13(04/19)	64,71	123,90	0,17	91,98	0,15	215,88	0,23	0,43	0,75	0,86
Av14(05/19)	51,51	118,30	0,21	78,91	0,17	197,21	0,27	0,40	0,73	0,85
Av15(06/19)	43,93	130,00	0,26	30,43	0,13	160,43	0,29	0,19	0,48	0,70
Av16(07/19)	37,33	111,90	0,28	41,02	0,17	152,92	0,33	0,27	0,59	0,77
Av17(08/19)	25,19	144,40	0,48	35,83	0,24	180,23	0,53	0,20	0,50	0,71

Tabela 4 - Componentes de variância para VARI obtidos para cada uma das 17 avaliações, em uma população com 265 genótipos. Apresentam-se as variâncias ambientais ($\hat{\sigma}_e^2$), variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_g^2$), variâncias fenotípicas ($\hat{\sigma}_f^2$), assim como seus coeficientes de variação, herdabilidade para sentido amplo em nível individual (h^2) e em sentido de médias (h_x^2) e a acurácia ($r_{y\hat{y}}$), considerando quatro repetições no experimento.

Mês	média	$\hat{\sigma}_e^2$	CV_e	$\hat{\sigma}_g^2$	CV_g	$\hat{\sigma}_f^2$	CV_f	h^2	h_x^2	$r_{y\hat{y}}$
Av01(04/18)	-0,32	0,0006	0,08	0,0000	0,02	0,0007	0,08	0,07	0,24	0,49
Av02(05/18)	-0,15	0,0040	0,41	0,0027	0,34	0,0066	0,54	0,41	0,73	0,86
Av03(06/18)	-0,11	0,0028	0,50	0,0047	0,64	0,0075	0,81	0,63	0,87	0,93
Av04(07/18)	-0,06	0,0022	0,82	0,0043	1,15	0,0065	1,42	0,66	0,89	0,94
Av05(08/18)	0,03	0,0019	1,71	0,0040	2,53	0,0059	3,05	0,69	0,90	0,95
Av06(09/18)	0,05	0,0022	1,00	0,0046	1,46	0,0068	1,77	0,68	0,89	0,95
Av07(10/18)	0,13	0,0023	0,37	0,0049	0,54	0,0071	0,65	0,68	0,90	0,95
Av08(11/18)	0,19	0,0026	0,26	0,0024	0,25	0,0050	0,36	0,49	0,79	0,89
Av09(12/18)	0,32	0,0093	0,30	0,0025	0,16	0,0118	0,34	0,21	0,52	0,72
Av10(01/19)	0,29	0,0117	0,37	0,0013	0,12	0,0130	0,39	0,10	0,31	0,55
Av11(02/19)	0,18	0,0015	0,22	0,0018	0,24	0,0033	0,33	0,55	0,83	0,91
Av12(03/19)	0,17	0,0038	0,37	0,0022	0,28	0,0060	0,46	0,37	0,70	0,84
Av13(04/19)	0,13	0,0030	0,43	0,0022	0,37	0,0052	0,56	0,43	0,75	0,87
Av14(05/19)	0,10	0,0041	0,63	0,0026	0,51	0,0067	0,81	0,39	0,72	0,85
Av15(06/19)	0,04	0,0036	1,64	0,0014	1,01	0,0050	1,92	0,28	0,61	0,78
Av16(07/19)	-0,02	0,0022	2,24	0,0012	1,65	0,0034	2,78	0,35	0,68	0,83
Av17(08/19)	-0,04	0,0021	1,19	0,0009	0,78	0,0029	1,42	0,30	0,63	0,79

Para ExG, os coeficientes de variação residual obtido para Av02 (5,86) e Av03 (0,97) foram discrepantes, uma vez que os demais variaram entre 0,10 (Av11) e 0,48 (Av17). A média dos CV_e desconsiderando Av02 e Av03 foi de 0,26. Vale ressaltar que entre Av02 e Av08 houve uma drástica redução nos valores de CV_e , entre Av11 e Av17 houve um aumento dos valores e entre Av08 e Av13 obteve-se as menores estimativas para CV_e . Padrões similares foram verificados para CV_a e CV_f , isto é, para Av02 ($CV_a=5,62$ e $CV_f = 8,12$) e Av03 ($CV_a=1,37$ e $CV_f = 1,68$). Nota-se que não houve variação genética para a Av01 ($CV_a= 0,00$). Ao excluir as três primeiras avaliações os menores valores foram observados para Av10 ($CV_a= 0,11$ e $CV_f= 0,16$) e Av11 ($CV_a= 0,12$ e $CV_f= 0,15$), já o maior ocorreu em Av04 ($CV_a= 0,50$ e $CV_f= 0,64$).

Ao considerar os diferentes coeficientes de variação obtidos para VARI tem-se um comportamento semelhante entre CV_e , CV_a e CV_f , porém o padrão ao longo das avaliações é distinto ao verificado para ExG. Assim, o coeficiente de variação ambiental (CV_e) variou dentre o menor valor de 0,08 para a Av01 até 2,24 para Av16, com média de 0,74 e mediana de 0,43. Já o coeficiente de variação genética (CV_a) variou de 0,02 (Av01) a 2,53 (Av05), com média de 0,71 e mediana de 0,51. O coeficiente de variação fenotípica (CV_f) variou de 0,08 para Av01 a 3,05 para Av05, com média de 1,04 e mediana de 0,65. Ao considerar a distribuição dos valores de CV ao longo do tempo nota-se um padrão bimodal (Av05 e Av16). Ao comparar ExG e VARI nas últimas três avaliações (Av15, Av16 e Av17) nota-se que ExG foi mais preciso.

Outro parâmetro genético fundamental para a caracterização genética dos índices ExG e VARI é a herdabilidade, a qual pode ser interpretada em nível individual ou em nível de médias. Para ExG, os maiores valores foram observados entre Av03 ($h^2 = 0,66$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,89$) e Av08 ($h^2 = 0,61$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,86$). A menor herdabilidade foi verificada para Av01 (0,00), uma vez que não houve variabilidade genética. Já o segundo menor valor ocorreu em Av15 ($h^2 = 0,19$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,48$). Ao considerar o VARI, verifica-se poucas diferenças de resultados, por exemplo, Av01 apresentou herdabilidade maior que zero ($h^2 = 0,07$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,24$) e os menores valores foram estimados para Av09 ($h^2 = 0,21$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,52$) e Av10 ($h^2 = 0,10$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,31$). Os máximos ocorrem entre os períodos de Av03 ($h^2 = 0,63$ e $h_{\bar{x}}^2 = 0,87$) e Av07 ($h^2 = 0,68$ a $h_{\bar{x}}^2 = 0,90$).

Ainda, os valores de acurácia obtidos foram elevados. Para ExG, a maior acurácia foi de 0,94 (Av03, Av05, Av06 e Av07), a menor acurácia foi observada para Av01 (0,00), considerado como dados discrepante, uma vez que o segundo menor valor foi 0,70 (Av15). A média das acurácias foi de 0,82 e a mediana, 0,86. Para VARI, as menores acurácias foram observadas para Av01 (0,49) e Av10 (0,55), todas as demais estavam acima de 0,70. A maior foi de 0,95 (Av05, Av06 e Av07). A média das acurácias foi de 0,82 e a mediana de 0,86.

4.2.3. Distribuição e associação entre médias ajustadas

Com a obtenção das médias ajustadas dos valores genotípicos foi possível estudar a distribuição dos dados e sua evolução ao longo das diferentes épocas (Figura 1 e Apêndice 4). Ao observar a Figura 1 para o índice ExG foi notado um primeiro momento em que houve um aumento gradativo dos valores genotípicos, o que ocorreu entre Av01 (mínimo, média e máximo de -51,88, -38,09 e -24,05, respectivamente) e Av08 (mínimo, média e máximo de 20,89, 67,58, 92,88, respectivamente). Já entre Av11 (mínimo, média e máximo de 35,88, 75,69, 106,88, respectivamente) e Av17 (mínimo, média e máximo de 5,84, 25,19, 48,60, respectivamente) houve uma redução dos valores. Para Av09 e Av10 notou-se que a distribuição dos valores genotípicos ficou abaixo do que observado para suas medidas adjacentes, justamente, nos meses que a herdabilidade apresentou valores menores.

Ao considerar a amplitude dos dados, Av01 apresentou menor valor (27,83) e o maior foi verificado para Av04 (135,55). Para determinar os limites dos *boxplots*, considerou-se 1,5 vezes o valor da amplitude interquartílica, em que valores fora deste limite estão indicados no gráfico na forma de pontos e são possíveis candidatos a *outliers*. Logo, até Av10 houve predomínio dados extremos abaixo do limite inferior do *boxplot* e a partir de Av11 houve uma maior concentração de valores acima do limite superior do *boxplot*.

Para VARI houve um aumento dos valores genotípicos entre Av01 (mínimo, média e máximo de -0,341, -0,321 e -0,301, respectivamente) e Av09 (mínimo, média e máximo de 0,166, 0,320 e 0,422, respectivamente). A partir de Av09 verificou-se a redução dos valores genotípicos até Av17. Diferentemente do que observado para ExG, Av09 foi o ponto de máximo para os valores genotípicos.

Novamente, ao considerar a amplitude dos dados, Av01 apresentou o menor valor (0,04) e o maior foi para Av03 (0,43), assim como a maior concentração de candidatos a *outliers* foram observados até Av09 abaixo do limite inferior do *boxplot*.

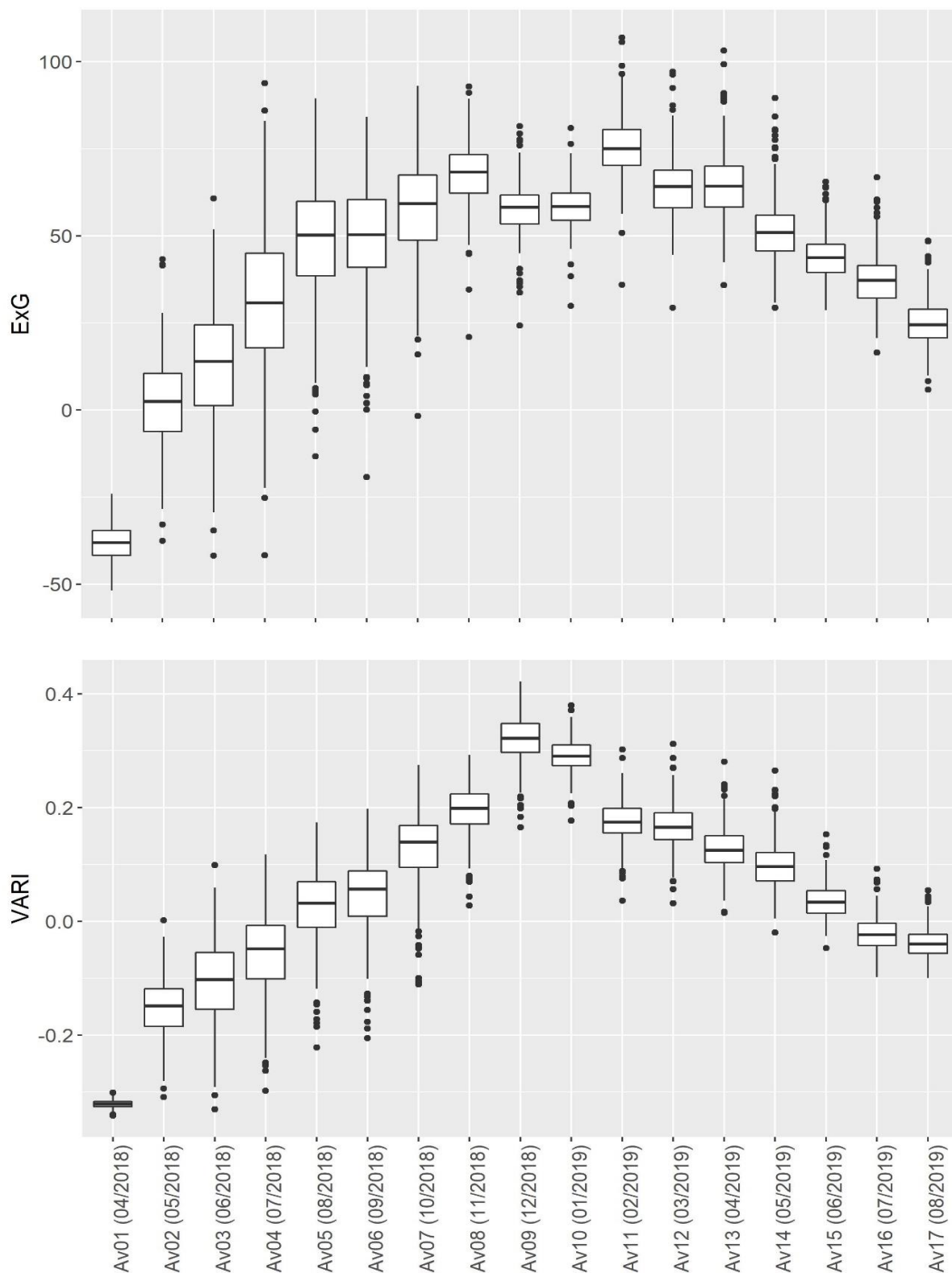


Figura 1- *Boxplot* representando a distribuição das médias ajustadas de 265 genótipos de cana-de-açúcar que compõem o Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar, ao longo das 17 avaliações, para as variáveis ExG e VARI

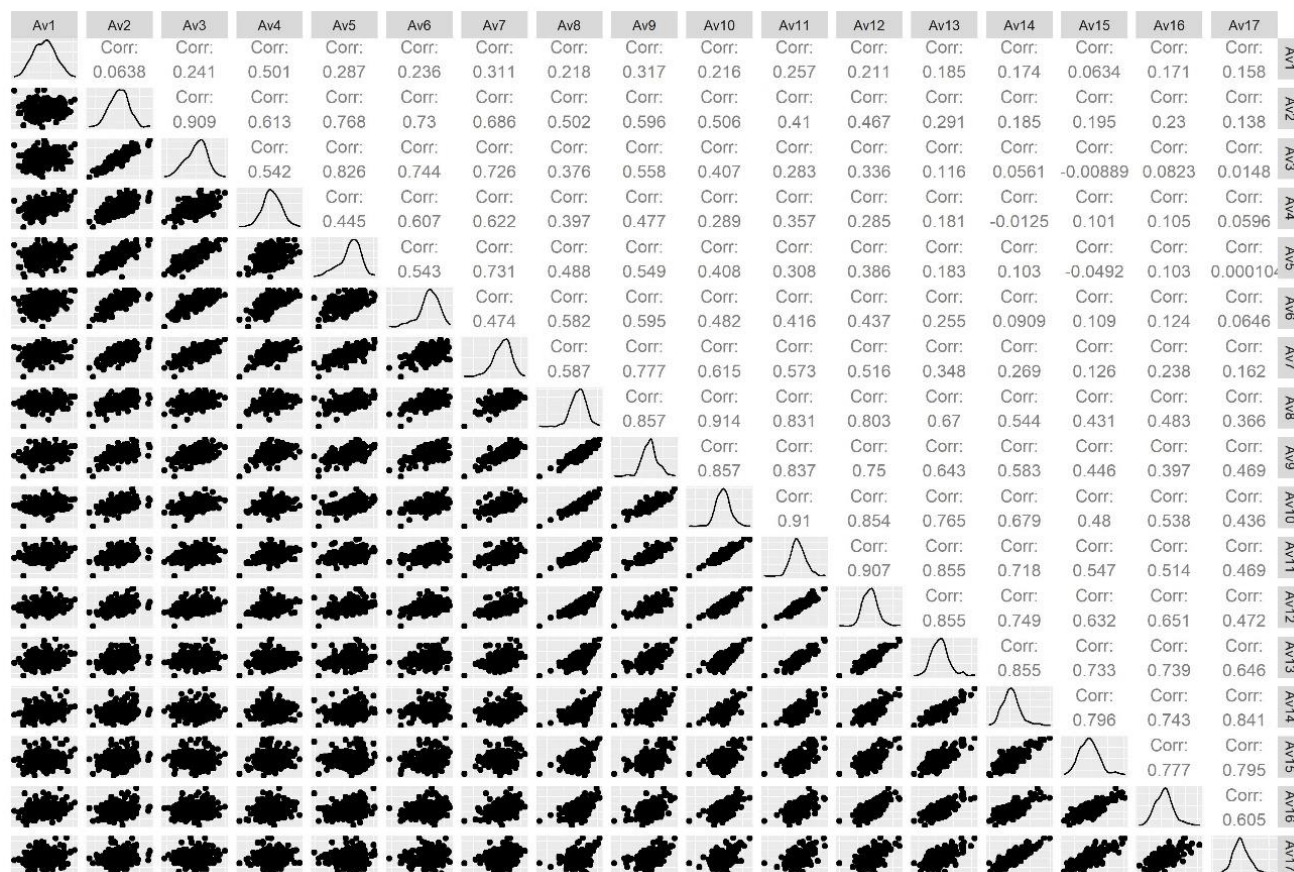


Figura 2- Análise de correlação entre as 17 avaliações realizadas no Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar. Abaixo da diagonal principal tem-se os gráficos de dispersão para cada par de avaliações, para variável ExG.

As relações entre as mensurações dos genótipos com o índice ExG está indicada na Figura 2. Abaixo da diagonal é possível ver o gráfico de dispersão para os pares de avaliação e acima, os valores de correlação. Nota-se que as correlações entre avaliações consecutivas apresentaram valores variáveis entre 0,91 (Av10-Av11) a 0,06 (Av01-Av02). De maneira geral, tem-se uma redução dos valores de correlação, porém não de maneira uniforme, o que é condiz com o modelo não estruturado, chegando inclusive até a estimativas negativas, por exemplo, Av05-Av15 (-0,05) e Av04-Av14 (-0,0125). Por outro lado, as correlações obtidas para o índice VARI (Figura 3) foram positivas e variaram entre 0,99 (Av01-Av02 e Av16-Av17) e 0,207 (Av05-Av17). Nota-se que as correlações foram maiores para as avaliações realizadas em épocas consecutivas e quanto mais distantes as avaliações, menores foram às correlações, concordante com o padrão autorregressivo de primeira ordem utilizado na análise de modelos mistos.

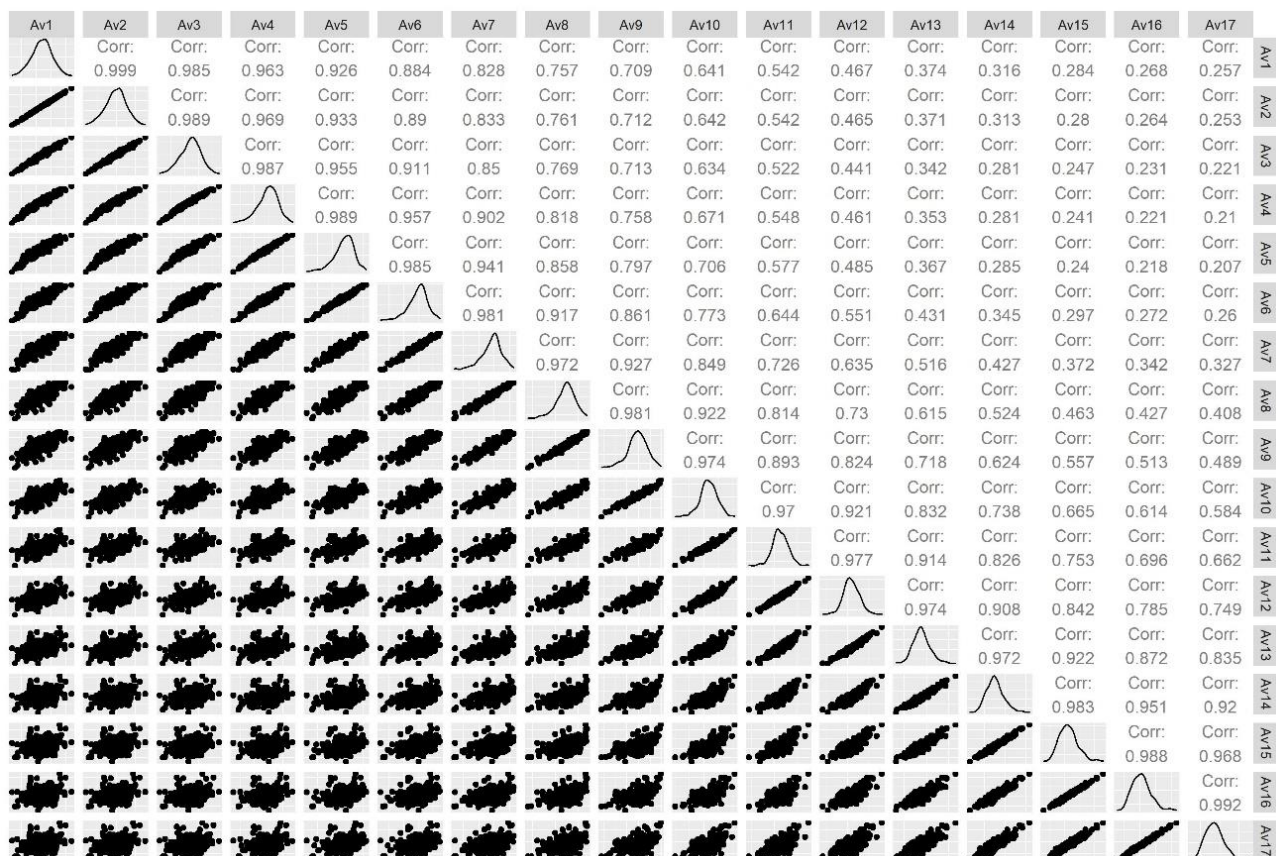


Figura 3- Análise de correlação entre as 17 avaliações realizadas no Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar. Abaixo da diagonal principal tem-se os gráficos de dispersão para cada par de avaliações, para variável VARI.

Ainda, correlações entre ExG e VARI foram conduzidas para cada avaliação e o menor valor foi de 0,38 (Av01) e os maiores foram 0,91 (Av02) e 0,93 (Av03), a média e a mediana das correlações entre os índices foram de 0,73 e 0,74, respectivamente.

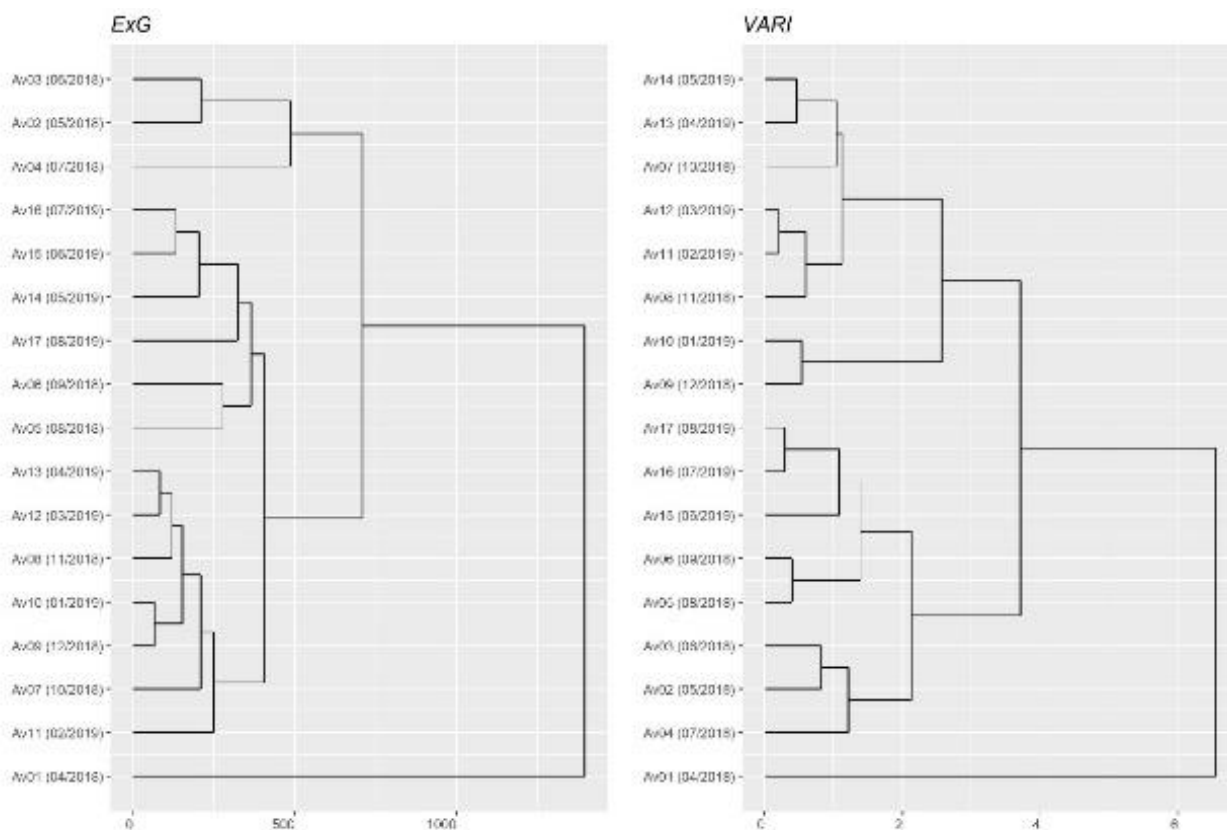


Figura 4- Dendrograma obtido através da distância euclidiana e o método de agrupamento foi o UPGMA, para variáveis ExG e VARI.

Com o intuito de compreender as associações entre as diferentes épocas foram realizadas análise de agrupamento para cada um dos índices (Figura 4). Para ExG, ao considerar um ponto de corte no dendrograma próximo a 390 tem-se a formação de cinco grupos: e1) Av01; e2) Av02 e Av03; e3) Av04; e4) Av05, Av06, Av14, Av15, Av16 e Av17; e5) Av07, Av08, Av09, Av10, Av11, Av12 e Av13. Ainda, pode-se considerar que os grupos “e2” e “e3” formam um grupo maior, assim como “e4” e “e5”. O grupo “e1” se difere de todos os demais. O dendrograma para VARI identificou novamente cinco grupos, ao considerar o valor 2,0 como limiar, têm-se: v1) Av01; v2) Av02, Av03 e Av04; v3) Av05, Av06, Av15, Av16 e Av17; v4) Av09 e Av10; v5) Av07, Av08, Av11, Av12, Av13 e Av14. Vale ressaltar que os grupos “v2” e “v3” formam um grupo maior quando o limiar é alterado para três, o mesmo ocorre com os grupos “v4” e “v5”. Uma comparação entre dendrogramas permitiu identificar semelhanças entre os grupos estabelecidos, por exemplo, o grupo “e1” e “v1” tinham mesmas características nos dois casos; os grupos “e2” e “e3” correspondiam ao grupo “v2” para VARI. O grupo “e4” correspondia ao grupo “v3” de VARI, exceto pela Av14 e o grupo “e5” correspondia aos grupos “v4” e “v5”.

A associação entre as diferentes avaliações para cada índice também foi explorada via análise de componentes principais (PCA). Para o índice ExG, o procedimento indicou que os dois primeiros componentes explicavam conjuntamente 72,34%, sendo 50,93% explicado pelo primeiro componente (PC1) e 21,41% explicado pelo segundo (PC2). Para a composição do PC1 todas as variáveis apresentavam mesmo sinal, sendo a maior contribuição ocorrendo para Av01 (-0,11) e as menores Av09 e Av10 (-0,31 para ambas). Para PC2 foi verificado um contraste entre as Av01 a Av09 versus Av10 a Av17, em que Av03 (-0,37) e Av05 (-0,33) apresentavam maior contribuição para as avaliações iniciais, assim como Av15 (0,32) e Av14 (0,31) para as avaliações finais. O gráfico *biplot* permitiu visualizar as relações entre as 17 avaliações, na qual três grupos são identificados. O primeiro corresponde a fase inicial, ou seja, Av01 a Av07. O segundo grupo corresponde aos períodos de Av08 à Av12 e o terceiro grupo é composto pelas avaliações de Av13 à Av17. Vale ressaltar que dentro destes grupos há forte correlação entre os dados devido à proximidade dos vetores destas avaliações. A correlação é moderada entre o primeiro e segundo grupo, assim como segundo e terceiro grupo e praticamente nula entre primeiro e terceiro, uma vez que os ângulos entre os vetores destes grupos formam ângulos próximos a ortogonalidade. Dentre os genótipos, destacam-se o A035 (CINCA77-316), A086 (IJ76-314, híbrido entre *S. robustum* x *S.officinatum*), A117 (MZ151 - *S.officinatum*) e A120 (NG21-17 - *S. officinatum*) para PC1 e A043 (Co997), A065 (H.KAWANDANG), A089 (IJ76-318), A092 (IJ76-560), A097 (IN84-104 - *S. robustum*), A102 (IN84-58), A117 (MZ-151), A224 (SES 205A - *S.spontaneum*), A257 (US57-141-5 *S. robustum*) e A263 (ZOPILOTA) para o PC2. O único genótipo destacado simultaneamente foi A117 (MZ151 - *S.officinatum*).

Ao considerar a análise para VARI verificou-se que os dois primeiros componentes explicavam 92,36% (PC1 = 68,4% e PC2 = 23,96%), variação superior ao observado para ExG. Para PC1, novamente, todas as avaliações apresentam valores com o mesmo sinal, mas as principais contribuições foram de Av15 (-0,20), Av16 (-0,19) e Av17 (-0,19). Já o PC2 indicou também um contraste entre períodos iniciais e finais, com destaque para Av03, Av04 e Av05 (todos com valor 0,26) e Av15 (-0,34), Av16 (-0,34) e Av17 (-0,33). O gráfico *biplot* indica que dentre Av01 a Av05 a correlação é próxima a máxima, uma vez que os vetores apresentam sobreposição. O mesmo ocorre para as avaliações que ocorrem de Av14 a Av17. Nota-se que entre estes dois grupos há formação de um ângulo aproximadamente

de 90°, o que sugere independência entre as medidas. As avaliações intermediárias (Av06 a Av13) estão distanciadas de forma equidistante e entre estes dois grupos, o que sugere que as avaliações consecutivas têm maior correlação e esta associação se torna mais fraca com o distanciamento das épocas consideradas. Ao considerar os genótipos no PC1 destacam-se A035 (CINCA77-316), A058 (D625), A086 (IJ76-314), A117 (MZ151 - *S. officinarum*), A120 (NG21-17), A126 (POJ2878), A157 (RB805276), A231 (SP71-1406) e A263 (ZOPILOTA). Para PC2 destaca-se A109 (Kavangira - *S. sinense*), na parte superior do gráfico e A224 (SES 205A - *S. spontaneum*), A257 (US57-141-5 - *S. robustum*), A043 (Co997), A104 (IN84-77 - *Erianthus* spp.), A097 (N84-104 *S. robustum*), A117 (MZ151 - *S. officinarum*).

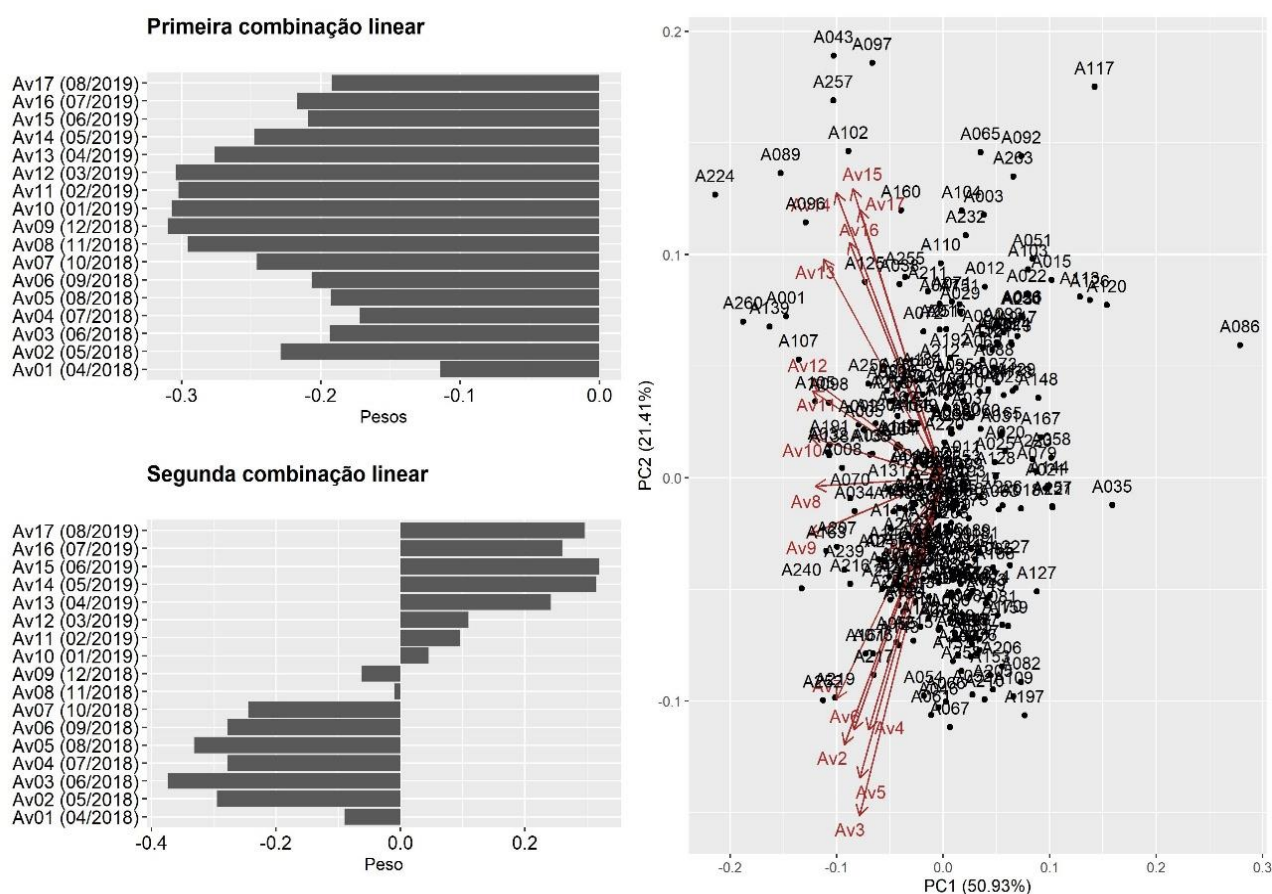


Figura 5- Análise de componentes principais resumida para ExG destacando as duas primeiras combinações lineares e o gráfico *biplot*.

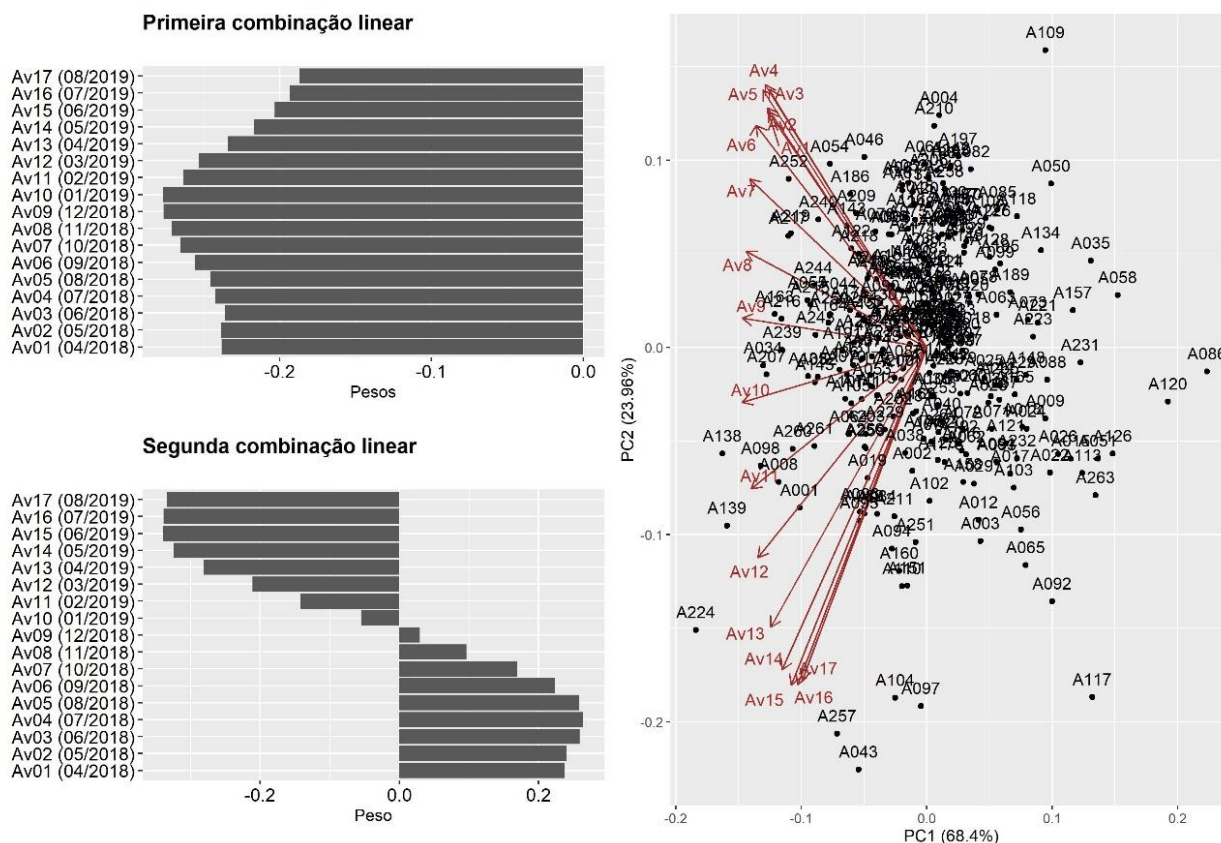


Figura 6- Análise de componentes principais resumida para VARI destacando as duas primeiras combinações lineares e o gráfico *biplot*.

5. Discussão

Neste trabalho, buscou-se acompanhar mensalmente o desenvolvimento do PBGCA durante o período de cana planta. Para tanto, utilizou-se VANT portando um sensor RGB, sendo os resultados das imagens sumarizados nos índices ExG (WOEBBECKE et al., 1995) e VARI (GITELSON et al., 2002) e os parâmetros genéticos foram estimados assim como a relação entre as avaliações de cada índice.

Com a tecnologia de fenotipagem tradicional, a avaliação de experimentos de cana-de-açúcar ocorre de forma pontual e, predominantemente, no final de cada ciclo produtivo, sendo que avaliações contínuas de desenvolvimento da cultura são algo não tecnicamente viável (NATARAJAN et al., 2019). Isto porque, as principais características de melhoramento são produção de colmos e rendimento de açúcar (MORAIS et al., 2014), as quais são mensuráveis por meio de métodos destrutivos. Por outro lado, a adoção de tecnologias derivadas de sensoriamento remoto, principalmente baseados no uso de VANT, permite o monitoramento da cultura ao

longo do período de desenvolvimento de forma rápida e não invasiva (ARAUS et al., 2018; LISBOA et al., 2018; MAKANZA et al., 2018).

Neste experimento, ao longo do processo de captação de imagens alguns pontos apresentaram grande importância, como por exemplo, a luminosidade no momento das avaliações e a ocorrência de tombamento. A alta incidência de luz sobre as folhas gera maior reflexão, influenciando no valor do índice calculado. No entanto, a menor luminosidade seja por dias nublados ou pela menor incidência luminosa no inverno permitiram uma coloração das folhas mais próxima da realidade, sendo assim os melhores períodos para a captura de imagens. Desta forma, considerou-se o início da manhã, o melhor momento para realização da captura de imagens. Nesta mesma linha de raciocínio, Zhou et al. (2017), Di Gennaro et al. (2018), Li et al. (2018) e Niu et al. (2019), relataram condições de voos sob céu limpo, usualmente na parte da manhã são preferenciais, devido a uma menor luminosidade. Zheng et al. (2019) consideram também a necessidade de que os voos ocorram perante luz uniforme, o que também verificado neste trabalho. Com relação ao horário, Alves Junior (2015) concluiu que devido ao pouco vento, o melhor período de avaliações foi entre 6h00min e 7h00min, mas avaliações entre 9h00min e 10h00min, também forneceram bons resultados. Outro problema encontrado nesse trabalho foi a presença de falhas na obtenção do ortomosaico para algumas épocas, sendo contornado com a realização de voo adicional perpendicular ao voo original, considerando cada bloco independentemente. Pode-se afirmar que, predominantemente, as falhas ocorreram devido a presença de tombamento de plantas. Para este experimento, as parcelas eram pequenas e assim, a presença de plantas tombadas dificultava a montagem da imagem final. Falhas na montagem do ortomosaico também foram relatadas por Alves Junior (2015) em que ao analisar um campo de 25ha de cana-de-açúcar em Goiás encontrou dificuldades devido as imagens serem muito homogêneas, o que foi um complicador para a montagem da figura final pelos softwares de processamento (DRONENG DRONES E ENGENHARIA, 2019).

Após as coletas e processamento dos dados, optou-se por analisar as 17 avaliações conjuntamente, mas separando os resultados para ExG e VARI. A estrutura do experimento foi similar ao modelo de parcela dividida no tempo (ZIMMERMANN, 2014), porém preferiu-se adotar a abordagem de modelos mistos, em função da flexibilidade em modelar as variações genotípicas e ambientais

(PASTINA et al., 2012; BALSALOBRE et al., 2017). Inicialmente, foi verificado para ambos os índices que a suposição de homogeneidade da variância ambiental ao longo do tempo não é adequada. Houve, também, evidência de interação entre genótipos e épocas de avaliação, especialmente para mensurações realizadas para épocas mais distantes. Isto é justificado, pelo fato de ambos os índices apresentarem matrizes G com heterogeneidade de variância, além de covariâncias (ExG) ou correlações (VARI) variáveis sugerindo a presença tanto de interação simples como complexa (BERNARDO, 2002).

Ao observar os componentes de variância (Tabelas 3 e 4), nota-se que há potencial para uso de índices colorimétricos como variável para avaliar e classificar genótipos, pois a variação detectada no experimento majoritariamente era de natureza genética e com alta acurácia. A herdabilidade entre os dois índices foi semelhante tanto em termos individual quanto em média. As principais diferenças foram observadas para Av09 e Av10, sendo o índice VARI inferior ao ExG. Para Av01, o VARI identificou diminuta variabilidade genética diferentemente de ExG, em que a estimativa foi nula. Trabalhos envolvendo comparação entre índices colorimétricos no contexto do melhoramento genético de cana-de-açúcar, dentre nosso conhecimento, não estão disponíveis exceto ao apresentado nesta dissertação. No primeiro capítulo, fez-se a comparação de cinco índices colorimétricos (ExG, GLI, RGBVI, VARI e GRVI), mas em uma população de melhoramento genético na segunda etapa seleção, o que implica em uma variabilidade genética menor do que a utilizada com o PBGCA. Naquela situação valores muito menores foram observados, por exemplo, o índice ExG apresentou a maior herdabilidade estimada (0,33) e o VARI foi teve a segunda menor estimativa (0,18). Logo, a superioridade de ExG versus VARI em termos de herdabilidade não foi confirmada neste segundo capítulo. Ainda, a interpretação dos coeficientes de variação permitiu comparações adicionais entre os dois índices. O coeficiente de variação residual pode ser utilizado para avaliar qualidade de experimentos (COUTO; PETERNELLI; BARBOSA, 2013). Neste caso, o índice ExG apresentou valores menores e mais adequados. O índice VARI tem potencial de distinguir melhor os genótipos nas etapas iniciais (Av04 a Av09) e finais (Av14 a Av17), mas o aumento do coeficiente de variação residual que é proporcional ao genético não o torna preferível. Assim, dentre os dois índices o ExG é recomendado para uso futuro.

Os resultados gerados permitem a contextualização com o desenvolvimento das plantas, ou seja, a primeira avaliação apresentou variabilidade genética mínima para ambos os índices e isto pode ser explicado pelo recém transplante das mudas para a área experimental. Neste estágio as plantas eram aproximadamente homogêneas devido ao processo de produção de mudas, com o passar do tempo o desenvolvimento diferencial permitiu a identificação de variabilidade genética. Conseqüentemente, para cada parcela houve o predomínio de *pixels* com cor vermelha representando o solo e poucos *pixels* verdes, representando as plantas. Por este motivo, a variação residual foi maior que a genética resultando em uma baixa herdabilidade e alto coeficiente de variação residual. A influência do solo também está representada pelo predomínio de médias ajustadas dos genótipos com valores baixos e até mesmo negativos. Isto ocorre devido a composição dos numeradores dos índices ExG ($2R_{green} - R_{red} - R_{blue}$) e VARI ($R_{green} - R_{red}$). Ao longo do período de crescimento, as médias dos genótipos aumentaram consideravelmente. A explicação pode ser atribuída ao perfilhamento e crescimento das plantas que gradualmente foram substituindo os *pixels* com predomínio de vermelho para verde. Ao observar os numeradores dos índices, percebe-se que o maior predomínio de verde ao longo das avaliações tende a aumentar os valores dos índices. O ápice ocorreu entre Av08 (novembro/2018) e Av11 (fevereiro/2019). A partir deste período as médias reduziram por uma combinação de fatores, tais como tombamento de genótipos mais susceptíveis a acamamento e a partir abril/2019, iniciou-se do processo de senescência dos genótipos classificados como precoces para acúmulo de sacarose.

Com base nos dados coletados com VANT, nota-se que há forte associação entre as avaliações, principalmente, as consecutivas. Para VARI, este efeito foi mais pronunciado, uma vez que a variabilidade genética foi modelada com base em um modelo autorregressivo de primeira ordem. Para ExG, as correlações variam entre moderadas e fortes, mas o padrão de redução do valor para medidas mais distantes foi mantido. A forte associação entre medidas também foi verificada na análise de agrupamento e nos gráficos *biplot* da análise de PCA. A análise de agrupamento indicou para ExG cinco grupos: o mais distinto de todos (“e1”) corresponde a implantação do experimento; o segundo e o terceiro corresponderam ao período de estabelecimento inicial das mudas, em que a demanda de água era suplementada por irrigação, mas o tempo era seco e frio; o grupo “e4” correspondia ao período em

que as plantas já estavam estabelecidas no campo, mas durante período de seca e o grupo “e5” caracterizava-se pelos meses com clima quente e úmido, que foi entre outubro e abril. Para a região de Araras, o mês de abril é mais seco, mas provavelmente, o solo ainda tinha grande disponibilidade de água, por isto a classificação neste grupo. Para VARI, o agrupamento ocorreu de maneira mais clara, pois exceto a Av01 as demais podem ser classificadas em um grupo de avaliações realizadas em períodos de estresse hídrico, tanto inicial (maio/2018 a setembro/2018) denominado por “v2”, quanto final (junho/2019 a agosto/2019) denominado por “v3” ou período de menor estresse, caracterizado pelos grupos “v4” e “v5” (outubro/2018 a maio/2019). A análise de componentes principais revelou para ambos os índices interpretações similares, isto é, para PC1 há uma média ponderada dos índices e para o PC2 há um contraste entre avaliações realizadas em períodos iniciais, em que as plantas ainda estão se estabelecendo no campo e aumentando os índices colorimétricos versus período de estabilização e redução do índice colorimétrico. O gráfico *biplot* para ExG reforça os grupos obtidos com a análise de agrupamento, pois três grupos são formados: Av01 a Av07 correspondendo ao plantio, estabelecimento inicial e até o início chuvoso; Av08 a Av12 caracterizando o período de chuvas e Av13 (abril/2019) a Av17 (agosto/2019) definido o período de seca e conseqüentemente maturação dos genótipos. Logo, recomenda-se que a aquisição de dados ocorra em três momentos: o primeiro entre Av02 e Av04 podendo identificar o perfilhamento e crescimento inicial; entre Av10 e Av12 final do período chuvoso; e entre Av15 e Av16 próximo a época de colheita, preferencialmente sem que as plantas estejam tombadas.

A associação entre índices colorimétricos e fenótipos é desejável para complementar o trabalho, mas não estavam disponíveis até o momento da redação. Potencialmente, a identificação com características associadas a biomassa é desejável, principalmente, se a herdabilidade for superior a característica agrônômica. Para o primeiro capítulo, não foi identificadas associações significativas entre índices colorimétricos e dados de campo, porém a população tinha base genética restrita. Isto pode ser visualizado pelos resultados obtidos com os gráficos *biplot* (Figuras 5 e 6), pois dentre os genótipos destacados, 11 foram classificados como ancestrais (A065 - H. KAWANDANG; A086 - IJ76-314; A089 - IJ76-318; A092 - IJ76-560; A097 - IN84-104; A102 - IN84-58; A104 - IN84-77; A117 - MZ-151; A117 - MZ-151; A120 - NG21-17; A224 - SES 205A e A257 - US57-141-5), quatro como

genótipos estrangeiros (A035 - CINCA77-316; A043 - Co997 e A058 - D625) e apenas dois como genótipos nacionais (A157 - RB805276 e A231 - SP71-1406). Por um lado, com maior contraste entre genótipos acredita-se que a associação com caracteres de campo pode fornecer resultados mais promissores, por exemplo, como obtidos para estimativas de herdabilidade. Por outro lado, nota-se que o melhoramento genético tende a uma homogeneização visual das variedades e, conseqüentemente, gerando um maior desafio no processo de diferenciação entre genótipos. Por estes argumentos, acredita-se que este tipo de índice possa favorecer a identificação primária de genótipos com boa capacidade de crescimento inicial e/ou identificação de diferentes ciclos de maturação em estágio final. Por fim, entende-se que este trabalho possibilitou a melhor dinâmica dos índices colorimétricos em uma população com ampla variabilidade genética durante o primeiro ciclo de produção.

6. Conclusões

- Os índices colorimétricos ExG e VARI têm potenciais de uso como variáveis para avaliar e classificar genótipos, pois apresentaram alta herdabilidade e acurácia no PBGCA.
- A variabilidade genética é variável ao longo do período do primeiro ciclo de produção da cana-de-açúcar
- O índice ExG é preferível em relação ao VARI especialmente pelo maior controle da variação ambiental
- Ao longo do primeiro ciclo de produção a aquisição de dados pode ocorrer em três momentos: na fase de estabelecimento da cultura, no final do período chuvoso e próximo do período de colheita

7. Literatura citada

ALFACE, A. B. et al. Sugarcane spatial-temporal monitoring and crop coefficient estimation through NDVI. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 23, n. 5, p. 330–335, 2019.

ALVES JUNIOR, L. R. Análise de produtos cartográficos obtidos com câmera digital não métrica acoplada a um veículo aéreo não tripulado em áreas urbanas e rurais no estado de Goiás. 2015. 113 f. **Dissertação (Mestrado em Geografia)** -

Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015. Disponível em: <<https://repositorio.bc.ufg.br/tede/handle/tede/4952#preview-link0>>. Acesso em: 11 de maio de 2020.

ARAUS, J. L.; CAIRNS, J. E. Field high-throughput phenotyping: The new crop breeding frontier. **Trends in Plant Science**, v. 19, n. 1, p. 52–61, 2014.

ARAUS, J. L. et al. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant ReScience**, v. 23, n. 5, p. 451–466, 2018.

BALSALOBRE, T. W. A. et al. Mixed modeling of yield components and brown rust resistance in sugarcane families. **Agronomy Journal**, v. 108, n. 5, p. 1824–1837, 2016.

BANNARI, A. et al. A review of vegetation indices. **Remote Sensing Reviews**, v. 13, n. 1–2, p. 95–120, 1995.

BARRETO, Fernanda Zatti; MARGARIDO, Gabriel Rodrigues Alves; CARNEIRO, Monalisa Sampaio. **CHARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E MOLECULAR DO PAINEL BRASILEIRO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2016. 91 f. **Dissertação (Mestrado)** - Curso de Produção Vegetal e Bioprocessos Associados, Ppgpvba, Universidade Federal de São Carlos, Araras, 2016. Cap. 2. Disponível em: <<https://repositorio.ufscar.br/handle/ufscar/10901>>. Acesso em: 28 maio 2019.

BARRETO, F. Z. et al. A genome-wide association study identified loci for yield component traits in sugarcane (*Saccharum spp.*). **PLoS ONE**, v. 14, n. 7, p. 1–22, 2019.

BERNADO, R. *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. Stemma Press, 2002. ISBN-13: 978-0972072403. 2nd edition; 260p.

CABRERA-BOSQUET, L. et al. High-throughput Phenotyping and Genomic Selection: The Frontiers of Crop Breeding Converge. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 54, n. 5, p. 312–320, 2012.

CANDIAGO, S. et al. Evaluating multispectral images and vegetation indices for precision farming applications from UAV images. **Remote Sensing**, v. 7, n. 4, p. 4026–4047, 2015.

CEPEA. **PIB DO AGRONEGÓCIO BRASILEIRO**. Disponível em: <https://www.cepea.esalq.usp.br/br/pib-do-agronegocio-brasileiro.aspx>. Acesso em: 8

fev. 2020.

CONAB. Acompanhamento da safra Brasileira de Cana-de-açúcar -Safra 2019/2020. **Monitoramento Agrícola - Cana-de-açúcar**, v. 6, n. 3, p. 58, 2019.

COSTA, L.; NUNES, L.; AMPATZIDIS, Y. A new visible band index (vNDVI) for estimating NDVI values on RGB images utilizing genetic algorithms. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 172, n. March, p. 105334, 2020.

COUTO, M. F.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. **Ciência Rural**, v. 43, n. 6, p. 957–961, 2013.

CURSI, D. E. 2016. Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Dissertação (Mestrado)** — Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

DI GENNARO, S. F. et al. UAV-based high-throughput phenotyping to discriminate barley vigour with visible and near-infrared vegetation indices. **International Journal of Remote Sensing**, v. 39, n. 15–16, p. 5330–5344, 2018.

DRONENG DRONES E ENGENHARIA. **Buracos no Ortofotomosaico**: como evitar. 2019. Disponível em: <https://blog.droneng.com.br/buracos-no-ortofotomosaico-como-evitar/>. Acesso em: 11 maio 2020.

GHANEM, M. E.; MARROU, H.; SINCLAIR, T. R. Physiological phenotyping of plants for crop improvement. **Trends in Plant Science**, v. 20, n. 3, p. 139–144, 2015.

GITELSON, A. A. et al. Novel algorithms for remote estimation of vegetation fraction. **Remote Sensing of Environment**, v. 80, n. 1, p. 76–87, 2002.

GROßKINSKY, D. K. et al. Plant phenomics and the need for physiological phenotyping across scales to narrow the genotype-to-phenotype knowledge gap. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 18, p. 5429–5440, 2015.

HU, P. et al. Pixel size of aerial imagery constrains the applications of unmanned aerial vehicle in crop breeding. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v. 154, n. June, p. 1–9, 2019.

INAMASU, Ricardo Yassushi; BERNARDI, Alberto Carlos de Campos. Agricultura de Precisão. In: BERNARDI, Alberto Carlos de Campos et al. **Agricultura de Precisão**:

resultados de um novo olhar. Resultados de um Novo Olhar. Brasília: Embrapa, 2014. Cap. 1. p. 21-33.

KHAN, Z. et al. Estimation of vegetation indices for high-throughput phenotyping of wheat using aerial imaging. **Plant Methods**, v. 14, n. 1, p. 1–11, 2018.

LI, S. et al. Comparison RGB digital camera with active canopy sensor based on UAV for rice nitrogen status monitoring. **2018 7th International Conference on Agro-Geoinformatics, Agro-Geoinformatics 2018**, p. 1–6, 2018.

LISBOA, I. P. et al. Prediction of sugarcane yield based on NDVI and concentration of leaf-tissue nutrients in fields managed with straw removal. **Agronomy**, v. 8, n. 9, 2018.

MAKANZA, R. et al. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, v. 10, n. 2, 2018.

MEDEIROS, C.; ALMEIDA BALSALOBRE, T. W.; CARNEIRO, M. S. Molecular diversity and genetic structure of *Saccharum* complex accessions. **PLoS ONE**, v. 15, n. 5, p. 1–17, 2020.

MEYER, G. E.; NETO, J. C. Verification of color vegetation indices for automated crop imaging applications. **Computers and Electronics in Agriculture**, v. 63, n. 2, p. 282–293, 2008.

MORAIS, Lizz Kezzy de et al. Breeding of Sugarcane. In: CRUZ, von Mark V.; DIERIG, David A.. **Industrial Crops: breeding for bioenergy and bioproducts. Breeding for BioEnergy and Bioproducts**. 9. ed. Nova York: Springer. Cap. 2. p. 29-42, 2015.

NATARAJAN, S. et al. High-throughput phenotyping of indirect traits for early-stage selection in sugarcane breeding. **Remote Sensing**, v. 11, n. 24, 2019.

NIU, Q. et al. **Estimation of leaf nitrogen concentration of winter wheat using uav-based RGB imagery**. [s.l.] Springer International Publishing, 2019. v. 546

PASTINA, M. M. et al. A mixed model QTL analysis for sugarcane multiple-harvest-location trial data. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 5, p. 835–849, 2012.

- PAYNE, Roger et al. **Introduction to Genstat ® for Windows TM**. 18. ed. Uk: Vsn International, 2015. 150 p.
- PEREIRA, R. M. et al. Sugarcane leaf area estimate obtained from the corrected Normalized Difference Vegetation Index (NDVI). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 46, n. 2, p. 140–148, 2016.
- REBETZKE, G. J. et al. Review: High-throughput phenotyping to enhance the use of crop genetic resources. **Plant Science**, v. 282, n. April, p. 40–48, 2019.
- RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.
- ROSA, J. R. B. F. Análise do desequilíbrio de ligação e da estrutura populacional do germoplasma brasileiro de cana-de-açúcar. p. 97p., 2011.
- SANSECHAN, P. et al. Use of vegetation indices in monitoring sugarcane white leaf disease symptoms in sugarcane field using multispectral UAV aerial imagery. **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**, v. 301, n. 1, 2019.
- SILVEIRA, Bianca Rocha. **MAPEAMENTO DE QTL PARA RESISTÊNCIA A *Sporisorium scitamineum* EM POPULAÇÃO BI-PARENTAL DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2016. 58 f. **Dissertação (Mestrado)** - Curso de Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados, Universidade Federal de São Carlos, Araras, 2016. Disponível em: <<https://repositorio.ufscar.br/handle/ufscar/9453>>. Acesso em: 22 set. 2019.
- TUCKER, C. J. Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. **Remote Sensing of Environment**, v. 8, n. 2, p. 127–150, 1979.
- WOEBBECKE, D. M. et al. Color indices for weed identification under various soil, residue, and lighting conditions. **Transactions of the American Society of Agricultural Engineers**, v. 38, n. 1, p. 259–269, 1995.
- YUAN, H. et al. Research on Vegetation Information Extraction from Visible UAV Remote Sensing Images. **5th International Workshop on Earth Observation and Remote Sensing Applications, EORSA 2018 - Proceedings**, p. 1–5, 2018.
- ZHENG, H. et al. Improved estimation of rice aboveground biomass combining textural and spectral analysis of UAV imagery. **Precision Agriculture**, v. 20, n. 3, p.

611–629, 2019.

ZHOU, X. et al. Predicting grain yield in rice using multi-temporal vegetation indices from UAV-based multispectral and digital imagery. **ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing**, v. 130, p. 246–255, 2017.

ZIMMERMANN, F.J.P. Estatística aplicada à pesquisa agrícola. EMBRAPA, 2014 ISBN-13: 978-85-7035-344-3. 2ed, 582p

CONSIDERAÇÕES FINAIS

- No presente trabalho verificou-se que índices colorimétricos tem potencial para integração no melhoramento genético, uma vez que há herdabilidade para essas variáveis.
- Os índices colorimétricos têm melhor comportamento, quando avaliado em experimentos com ampla variação genética.
- O índice mais adequado foi o ExG (Excess Green), em função das estimativas dos componentes de variância.
- Para uma população de melhoramento, os índices estudados apresentaram baixa associação com peso de parcela e teor de açúcar.
- Ao avaliar mensalmente um experimento de cana-de-açúcar, verifica-se que as avaliações se agrupam em função da época de desenvolvimento das culturas e de condições climáticas.

APÊNDICES

Apêndice 1

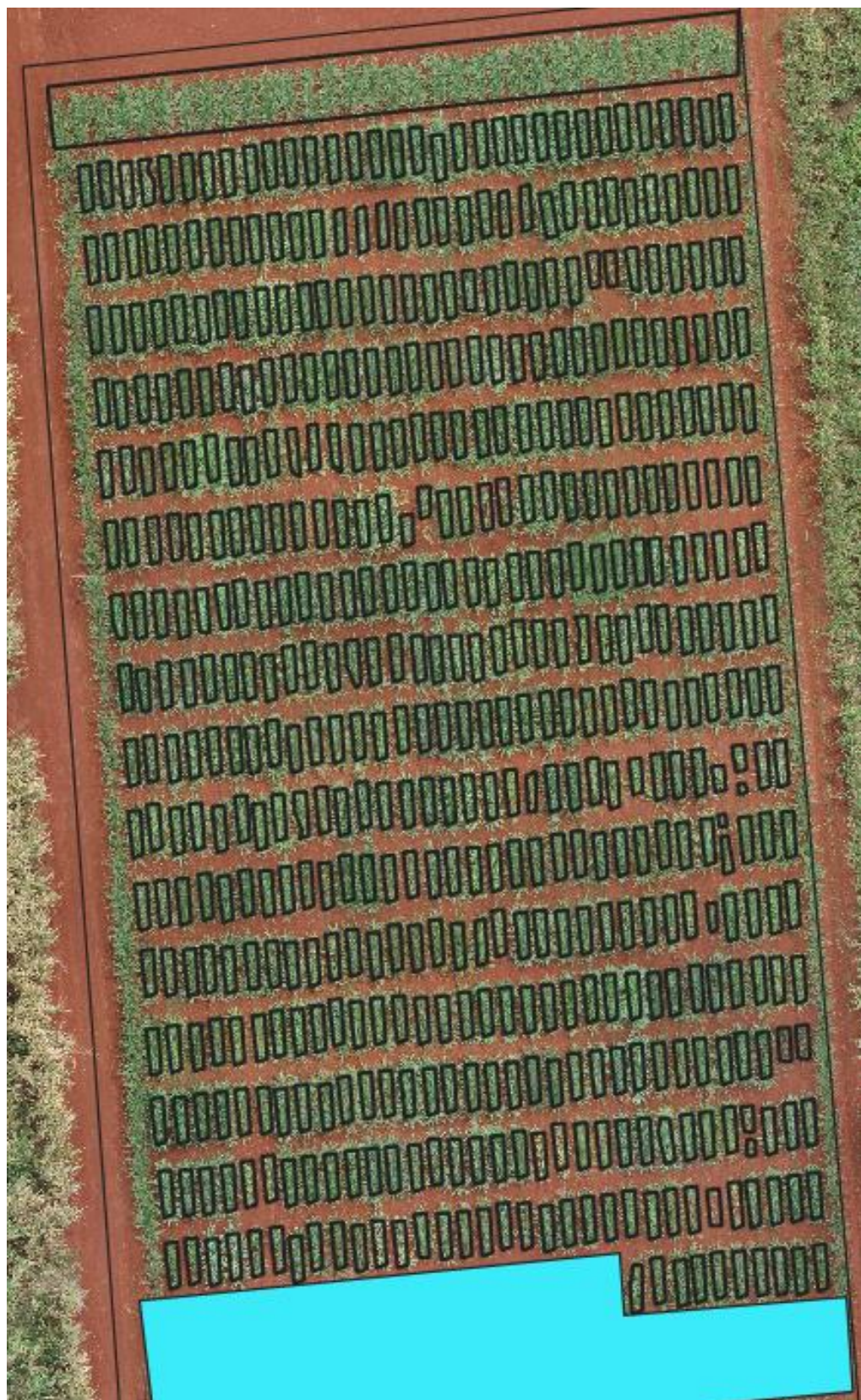


Figura 7- Variedades e bordaduras (em azul) delimitadas na repetição 4 do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar em outubro de 2018.

Apêndice 2



Figura 8- Variedades e bordaduras (em azul) delimitadas na repetição 4 do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar de abril a dezembro de 2018

Apêndice 3

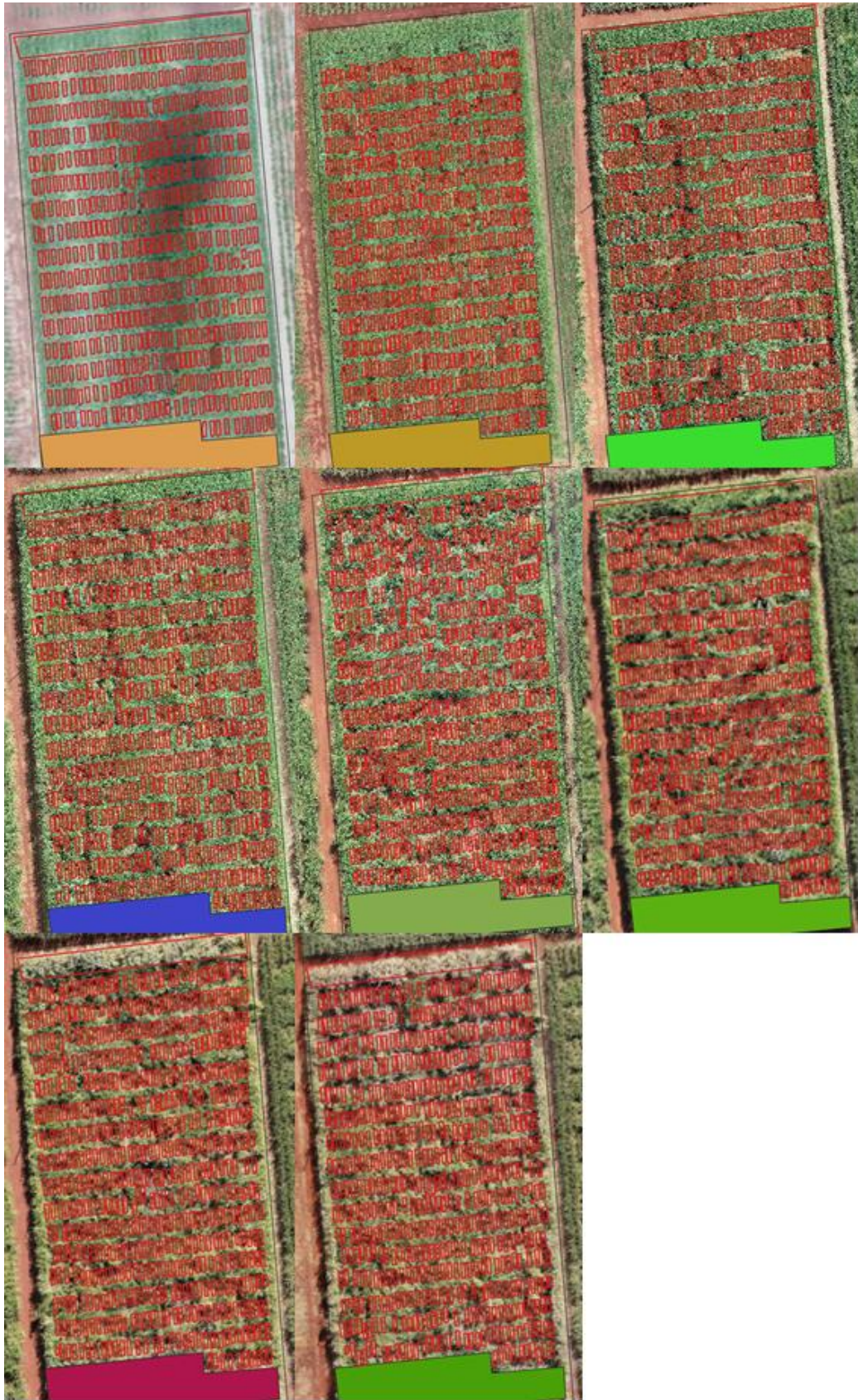


Figura 9- Variedades e bordaduras (em azul) delimitadas na repetição 4 do Painel Brasileiro de Genótipos de Cana-de-Açúcar de janeiro a agosto de 2019

Apêndice 4

Tabela 5 – Valores mínimos, médios, máximos e medianas referentes a distribuição das 265 médias ajustadas dos genótipos de cana-de-açúcar ao longo de cada uma das 17 épocas de avaliação para ExG e VARI.

Mês	ExG				VARI			
	Mínimo	Mediana	Média	Máximo	Mínimo	Mediana	Média	Máximo
Av01(04/18)	-51,88	-38,11	-38,09	-24,05	-0,341	-0,321	-0,321	-0,301
Av02(05/18)	-37,61	2,46	2,18	43,23	-0,309	-0,149	-0,152	0,002
Av03(06/18)	-41,88	13,95	12,35	60,75	-0,330	-0,102	-0,107	0,099
Av04(07/18)	-41,77	30,76	31,19	93,78	-0,298	-0,048	-0,057	0,118
Av05(08/18)	-13,33	50,13	47,56	89,43	-0,221	0,032	0,025	0,174
Av06(09/18)	-19,32	50,25	48,93	84,13	-0,206	0,057	0,046	0,198
Av07(10/18)	-1,78	59,17	57,87	93,03	-0,111	0,139	0,130	0,275
Av08(11/18)	20,89	68,26	67,58	92,88	0,028	0,199	0,195	0,292
Av09(12/18)	24,27	58,12	57,85	81,50	0,166	0,322	0,320	0,422
Av10(01/19)	29,84	58,32	58,41	80,89	0,177	0,290	0,291	0,380
Av11(02/19)	35,88	74,98	75,69	106,88	0,036	0,175	0,177	0,302
Av12(03/19)	29,30	64,11	64,18	97,11	0,032	0,165	0,168	0,312
Av13(04/19)	35,82	64,19	64,71	103,19	0,015	0,125	0,128	0,280
Av14(05/19)	29,29	50,93	51,51	89,58	-0,020	0,096	0,101	0,265
Av15(06/19)	28,54	43,64	43,93	65,52	-0,047	0,033	0,037	0,153
Av16(07/19)	16,41	37,24	37,33	66,76	-0,098	-0,024	-0,021	0,092
Av17(08/19)	5,84	24,42	25,19	48,60	-0,100	-0,040	-0,038	0,055