



Universidade Federal de São Carlos
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
Curso de Engenharia Agrônoma



LUCAS FERNANDES NAJAR

**Interação entre famílias e ambientes na fase inicial do
melhoramento genético da cana-de-açúcar.**

ARARAS - 2023



Universidade Federal de São Carlos
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
Curso de Engenharia Agrônoma



LUCAS FERNANDES NAJAR

**Interação entre famílias e ambientes na fase inicial do
melhoramento genético da cana-de-açúcar**

Monografia apresentada ao Curso de
Engenharia Agrônoma – CCA – UFSCar para
a obtenção do título de Engenheiro Agrônomo.

Orientador: Prof. Dr. Rodrigo Gazaffi

ARARAS – 2023

A minha família, que sempre me apoiou. Aos meus colegas e professores, pela minha formação pessoal e acadêmica.

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer a todos aqueles que contribuíram para a realização deste trabalho.

Primeiramente, agradeço à minha família, que sempre esteve presente e me apoiou em todas as etapas da minha vida. Agradeço aos meus amigos e colegas da XXIV turma de engenharia agrônômica, que me ajudaram a superar os desafios e compartilharam momentos inesquecíveis comigo. Em especial aos que tive a honra de dividir moradia , Guilherme Patrício de Araújo e Gabriel Fortes de Oliveira.

Também gostaria de agradecer ao meu orientador Prof. Dr. Rodrigo Gazaffi, que com sua sabedoria e conhecimento, me guiou ao longo deste trabalho e me ensinou a importância da dedicação e persistência. Agradeço aos professores e funcionários da UFSCar, que com seu trabalho árduo e comprometimento, proporcionaram um ambiente de aprendizado estimulante e enriquecedor, numa formação acadêmica de excelência

Por fim, agradeço a todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a conclusão deste trabalho, incluindo os participantes da pesquisa do PMGCA, e aos colaboradores da RIDESA e todas as pessoas que forneceram seu apoio, conselhos e sugestões valiosas.

Meus mais sinceros agradecimentos a todos!.

**“Não rir, nem lamentar, nem odiar, mas
compreender.”**

Baruch Spinoza

RESUMO

O melhoramento da cana-de-açúcar é baseado em etapas de seleção e clonagem cujo objetivo é obtenção de genótipo superior. As fases iniciais são caracterizadas por elevado número de genótipos sendo necessário utilizar diferentes ambientes para contemplar toda a população. Assim, o objetivo deste trabalho foi compreender os efeitos da interação entre famílias e ambiente na primeira fase de melhoramento. A população inicial foi composta por 287 cruzamentos avaliados em três locais: Araras-SP (CCA), Valparaíso-SP (EVA) e Ivinhema-MS (MS). O delineamento estatístico foi estruturado em blocos aumentados de Federer, em que duas variedades, RB92579 e RB966928, foram utilizadas como testemunhas ao longo do experimento para estimação da variação ambiental. A variável analisada foi produção em toneladas de Brix por hectare (TBH) e analisada via modelos mistos no software R, estimando-se os parâmetros genéticos, tais como coeficiente de variação genético (CVg), residual (CVr), herdabilidade (h^2) e correlação genética entre locais. Além disto, foram estimados os ganhos de seleção predito (Gs) considerando intensidades de seleção (IS) 10% e 40%. Os parâmetros genéticos obtidos foram 0,38 (h^2), 0,11 (CVg) e 0,13 (CVr), para o CCA; 0,37 (h^2), 0,23 (CVg) e 0,30 (CVr) para MS e 0,33 (h^2), 0,16 (CVg) e 0,30 (CVr), para EVA. As correlações genéticas foram de 0,22 (CCA-MS) e 0,34 (EVA-CCA e EVA-MS). De forma que o ambiente MS apresentou maior potencial de seleção e CCA a melhor condução experimental. Já ao assumir a classificação das famílias obtidas no CCA e IS de 10% no mesmo local, o Gs foi de 0,99 TBH, mas ao extrapolar a classificação para MS e EVA, os Gs foram de 0,09 e 0,57, respectivamente. Analogamente, ao considerar a classificação obtida no MS, os Gs preditos foram de 1,24 (MS), 0,40 (EVA) e 0,14 (CCA); já para a classificação em EVA, Gs preditos foram de 2,02 (EVA), 0,21 (MS) e 0,31 (CCA). Logo, demonstra-se uma forte interação complexa entre famílias e ambientes, uma vez que a extrapolação das famílias selecionadas não é eficiente quanto a seleção no próprio local. Ao considerar IS de 40% tem-se as mesmas considerações do que observado a 10%, sendo a principal diferença que o Gs para os locais em que as famílias são originalmente selecionadas apresentam uma redução mais pronunciada.

Palavras-chave: TBH; ganho de seleção; herdabilidade; intensidade de seleção.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 Representação gráfica da interação entre genótipos e ambientes, sendo a primeira (a) ausência de interação, (b) presença de interação simples, (c) presença de interação complexa. Fonte: BESPALHOK-FILHO (2017)..... 18
- Figura 2 Gráfico de dispersão, histograma e correlação linear para as famílias avaliadas nos ambientes CCA, EVA e MS para a característica produção em toneladas de brix por hectare (TBH).29
- Figura 3 Histograma representando a distribuição dos valores genotípicos das famílias avaliadas no CCA, EVA e MS para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH). .30

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Parâmetros Genéticos obtidos por meio da análise de modelos mistos para os experimentos implantados pela RIDESA em Araras (CCA), Valparaíso (EVA) e Ivinhema (MS).....	27
Tabela 2 – Estimativa de média selecionada (\bar{x}_s), diferencial de seleção (ds) e Ganho de seleção (gs) para tonelada de Brix por hectare (TBH) na primeira fase de seleção do melhoramento de cana-de-açúcar, para os ambientes CCA, EVA e MS, a partir da seleção das melhores famílias nos três ambientes de seleção, considerando intensidade de seleção a 10%.....	32
Tabela 3 – Estimativa de média selecionada (\bar{x}_s), diferencial de seleção (ds) e Ganho de seleção (gs) para tonelada de Brix por hectare (TBH) na primeira fase de seleção do melhoramento de cana-de-açúcar, para os ambientes CCA, EVA e MS, a partir da seleção das melhores famílias nos três ambientes de seleção, considerando intensidade de seleção de 40%, de acordo com a seleção de família sequencial.....	34

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	13
2.1. IMPORTÂNCIA DA CANA-DE-AÇÚCAR E A SUA RELAÇÃO COM A ECONOMIA.....	13
2.2. MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	14
2.3. MÉTODOS DE SELEÇÃO NA PRIMEIRA ETAPA DO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	16
2.4. INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS E AMBIENTES	17
2.5. APLICAÇÃO DE MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR	19
3. OBJETIVO GERAL.....	21
3.1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	21
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	22
4.1. DADOS EXPERIMENTAIS.....	22
4.2. ABORDAGEM DE MODELOS MISTOS.....	22
4.3. PARÂMETROS GENÉTICOS	23
4.3.1. Coeficientes de variação.....	23
4.3.2. Herdabilidade	23
4.3.3. Acurácia	24
4.3.4. Correlação genética entre os ambientes.....	24
4.3.5. Ganho de seleção predito	24
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
5.1. PARÂMETROS GENÉTICOS	26
5.2. IDENTIFICAÇÃO DAS MELHORES FAMÍLIAS E CORRELAÇÃO ENTRE OS AMBIENTES.....	28
5.3. GANHO DE SELEÇÃO PREDITO COM AS 29 (10%) MELHORES FAMÍLIAS 31	
5.4. GANHO DE SELEÇÃO PREDITO NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS.....	33
6. CONCLUSÃO	35
7. REFERÊNCIAS.....	36

1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das culturas de maior importância socioeconômica do mundo, em função de seu papel na produção de açúcar, seu alto rendimento energético e sua eficácia no processo de produção de álcool e biomassa, que geram subprodutos de grande interesse ambiental, como biocombustíveis (ARANTES, 2013; CURSI, 2016; KEZZY DE MORAIS *et al.*, 2015)

De acordo com os dados mais recentes da Food and Agriculture Organization - FAO (2023), em 2021 o Brasil despontou como o maior produtor de cana-de-açúcar, sendo sua produção concentrada na região Centro-Sul do país e responsável por 525 milhões de toneladas na safra 2021/2022, sendo São Paulo o maior estado produtor (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2023)

Embora a complexidade genética da cultura, a produtividade brasileira de cana-de-açúcar cresceu 66% entre 1975 a 2010, devido tanto ao desenvolvimento de novas variedades via melhoramento genético quanto um melhor conjunto de práticas agrônomicas (CURSI, 2016; DAL-BIANCO *et al.*, 2012). O melhoramento genético da cana-de-açúcar é conduzido por diferentes instituições de pesquisas e tem por objetivo produzir novos materiais voltados a maior produtividade e tolerância a estresses biótico e abiótico. Para tanto, a presença de um banco de germoplasma com ampla diversidade genética é fundamental para sustentar estas pesquisas ao longo do tempo (KEZZY DE MORAIS *et al.*, 2015).

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético que geram novas variedades de cana-de-açúcar no Brasil são o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), ambos localizados no estado de São Paulo, e a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), que teve surgimento após a extinção do Instituto do Açúcar e Alcool e teve suas atividades assumidas por universidade federais (REIS, 2009). Apesar das divergências quanto a condução das etapas iniciais de seleção, os programas se baseiam na seleção e clonagem de genótipos superiores (SOUZA, 2015).

Além do desenvolvimento de variedades mais produtivas, que envolve fatores como maior teor de sacarose, resistência a doenças, pragas e estresses abióticos, o melhoramento genético também é uma ferramenta que garante a sustentabilidade da cultura da cana-de-açúcar, na eficiência da cultura, na redução dos custos de

produção e ampliação de áreas da cultura em diversas regiões do Brasil (GOES; ARAÚJO; MARRA, 2009).

Visando a maior produção de etanol e de açúcar, os programas de melhoramento genético vêm dando maior ênfase no desenvolvimento de cultivares com maior rendimento de sacarose, que é divergente conforme a época da colheita e os caracteres genéticos da variedade, e aprofundado o conhecimento sobre a herdabilidades do teor de açúcar (AQUINO *et al.*, 2014; SILVEIRA, 2014). Uma forma de analisar o os rendimentos de açúcar da cultura por hectare é através da produtividade de toneladas de Brix por hectare (TBH), que em seu cálculo abrange caracteres que influenciam diretamente na produção de etanol por hectare (TEIXEIRA *et al.*, 2017).

A seleção faz parte da fase inicial do melhoramento e é uma das etapas mais importantes e complexas do processo devido ao alto número de genótipos envolvidos na busca de indivíduos superiores e também da correlação entre esses em futuras gerações clonais (CURSI, 2016). Entretanto, quando os genótipos são testados em vários ambientes, a classificação relativa entre eles pode ser diferente devido da interação entre genótipo e ambiente, assim, interferindo diretamente nos processos de seleção (ARANTES, 2013; LEME, 2018; SANTOS, 2008).

A interação entre genótipo e ambiente é um dos principais alvos de exploração dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, que realizam experimentos em diferentes regiões e períodos do ano visando se obter o genótipo que sofre menos interferência da interação com o ambiente (BASTOS *et al.*, 2007). Devido à falta de equilíbrio dos dados obtidos, modelos tradicionais podem ter limitações na análise de dados, e metodologias como a de modelos mistos mais adequadas para obter os maiores informações sobre os parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos das famílias nas fases iniciais (FREITAS *et al.*, 2013; MELO, 2014).

Tendo isso, o principal objetivo deste trabalho foi analisar a interação entre famílias e ambientes distintos na etapa inicial do melhoramento de cana-de-açúcar através da metodologia de modelos mistos.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. IMPORTÂNCIA DA CANA-DE-AÇÚCAR E A SUA RELAÇÃO COM A ECONOMIA

A cana-de-açúcar é uma das culturas de maior importância mundial, sendo cultivada em diversos países de clima tropical e subtropical, tendo o Brasil como maior produtor com cerca de 715 milhões de toneladas, seguido da Índia com 405 milhões de toneladas, e China com 106 milhões de toneladas produzidas (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, 2023; KEZZY DE MORAIS *et al.*, 2015). Ademais, a cana-de-açúcar tem papel essencial na economia brasileira devido a ao valor comercial de seus principais produtos, açúcar, etanol e a cogeração de energia elétrica (BANCO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL, 2008).

.Em 2021, a produção de cana-de-açúcar gerou 75 bilhões de reais para o Brasil, sendo o estado de São Paulo o maior produtor desta cultura na safra de 2021/2022, com 4,2 milhões hectares, correspondendo a 50,42% de área plantada, seguido dos estados de Goiás e Minas Gerais, com, respectivamente, 962,9 mil e 846,5 mil hectares, representado 11,53% e 10,14% do espaço destinado ao cultivo no Brasil (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2023; INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, 2021).

A introdução da cultura no Brasil se no início do século XV na Ilha de São Vicente, a partir de variedades portuguesas da Ilha da Madeira, com o objetivo central de produção de açúcar, e foi se expandindo pelo litoral brasileiro (FONTANETTI; BUENO, 2017). No século XVIII, a produção de cana-de-açúcar atingiu outras regiões do país, em destaque o planalto paulista e no início do século XIX a área entre Sorocaba, Piracicaba, Mogi Guaçu e Jundiaí, constituindo o “Quadrilátero do Açúcar” (RODRIGUES; ROSS, 2020).

Apenas em meados do século XVIII houve a introdução de variante híbridas oriundas de programas de melhoramento da Índia e de Java, estimulando assim a criação de centros de pesquisas nacionais voltados ao melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil, visando variedades mais produtivas e mais resistentes a doenças e pragas (BANCO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL, 2008).

A partir da década de 1970, houve uma promoção da produção de álcool coma finalidade de diminuir a dependência das importações de petróleo, e com isso a implementação de plataformas como o Programa Nacional do Álcool, que trouxe inovações para a produção de cana-de-açúcar com o propósito de obtenção do etanol, o que levou ao impulsionamento da produção agrícola direcionada ao mercado de combustíveis (ARAÚJO; SANTOS, 2013; FONTANETTI; BUENO, 2017).

De acordo com Departamento de Energia dos Estados Unidos (2022) o Brasil é o segundo maior produtor de etanol, sendo sua produção na safra 2021/2022 estimada em 26,4 bilhões de litros afirmando a importância da indústria sucroenergética no país (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2023). Além disso, a redução de fontes energéticas fósseis requer a substituição por energias renováveis, tornando o etanol e a energia elétrica em sistemas de cogeração, fontes energéticas sustentáveis, modernas e competitivas (BANCO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL, 2008).

2.2. MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

No Brasil, o lançamento de novas variedades de cana-de-açúcar é realizado por três principais programas: Instituto Agrônomo de Campinas, com financiamento do governo do estado de São Paulo, Centro de Tecnologia Canavieira, com financiamento privado, e o programa de melhoramento das universidades federais que compõem a Rede Interuniversitárias para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético, com financiamento federal, e todos tem como princípio a obtenção de variedades mais produtivas, resistentes a pragas, doenças e adaptáveis a variações climáticas (BEZERRA *et al.*, 2018).

O processo de desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar demanda aproximadamente uma década e pode ser sumarizado por meio da obtenção inicial de populações com variabilidade genética, seguido por diversas etapas de experimentação agrônômica, nas quais os melhores indivíduos são selecionados e clonados. O uso da propagação vegetativa a permite transmissão integral do genótipo explorando os efeitos genéticos aditivos e não aditivos (dominância e epistasia) dos indivíduos superiores (FERREIRA, 2020; RAM, 2014). Assim, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar estão divididos em três

principais etapas, sendo elas a geração de variabilidade genética, seguida pela seleção e clonagem nas etapas iniciais e finais (CURSI *et al.*, 2022; LEME, 2018).

A geração de variabilidade é realizada através de cruzamentos de irmãos completos e/ou meios irmãos. Apesar, da cana-de-açúcar ser uma espécie que apresenta alogamia, alguns desafios são encontrados, dentre os quais pode-se destacar: i) a dificuldade em obter o florescimento natural das plantas, uma vez que sua indução ocorre devido a condições específicas de fotoperíodo, umidade e temperatura, sendo que no Brasil estas condições são mais propícias no Nordeste; ii) complexidade genética dos indivíduos, isto é, como a cana-de-açúcar apresenta auto e aloploidia, com níveis diversos de aneuploidia tem-se meiose irregular o que pode dificultar/inviabilizar a formação de indivíduos. (AQUINO *et al.*, 2014; KEZZY DE MORAIS *et al.*, 2015). Após a obtenção das sementes, há o processo de individualização dos cruzamentos (ou famílias), beneficiamento, germinação e produção de plântulas ou *seedlings* para iniciar as etapas experimentais (KEZZY DE MORAIS *et al.*, 2015; BEZERRA *et al.*, 2018).

A etapa de experimentação agrônômica varia em função de cada programa de melhoramento e seus objetivos, porém conceitualmente é possível definir duas etapas principais, as iniciais e as finais. Para o programa de melhoramento genético conduzido pela UFSCar/RIDESA, a etapa inicial consiste nas fases T1 e T2 e a etapa final consiste nas fases T3 e FE (fase experimental).

A fase T1 consiste no plantio das plântulas em condições experimentais, porém cada indivíduo é uma combinação específica de forma que a variabilidade está maximizada (CURSI, 2016; MELO, 2014). Usualmente, os indivíduos são agrupados de acordo com os genitores, formando famílias e as plantas são selecionadas após o segundo ano agrícola ou cana soca (LEME, 2018). Uma alternativa é a condução do chamado teste de família, que consiste na avaliação do desempenho e classificação destes grupos de indivíduos no primeiro ano agrícola, sendo a intensidade de seleção realizada no segundo ano é função do seu desempenho no ano anterior (KIMBENG; COX, 2003). As características utilizadas para a seleção de indivíduos são resistências a doenças, teor de açúcar e aspectos agrônômicos. O uso da estratégia de famílias permite inferir o desempenho de produtividade de açúcar médio de cada família, representado em TBH ou toneladas de Brix por hectare (SILVEIRA, 2014; TEIXEIRA *et al.*, 2017).

Já na segunda fase (T2), os indivíduos selecionados são plantados em parcelas individualizadas, e novamente avaliados por dois anos e selecionados. As fases finais T3 e FE são conduzidas em blocos ao acaso, avaliadas entre três e quatro safras (anos ou cortes) e avaliadas em vários locais para estudos de interação entre genótipo e ambientes, visando identificar a melhor alocação dos indivíduos remanescentes. Estes passos adicionais são necessários para que a avaliação seja criteriosa e a identificação do genótipo superior seja validada (MELO, 2014; PEDROZO *et al.*, 2008; LEME, 2018; CURSI, 2016; CURSI *et al.*, 2022).

2.3. MÉTODOS DE SELEÇÃO NA PRIMEIRA ETAPA DO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR

A identificação e seleção dos melhores indivíduos na fase T1 é um desafio devido à dificuldade em distinguir o mérito genético do indivíduo e a influência ambiental. Deste modo, algumas estratégias são propostas dentre as quais pode-se citar a seleção massal, seleção de família e a análise individual de todas as plantas. Vale ressaltar que em todos os casos, a seleção é aplicada apenas no segundo ano e os métodos se diferenciam conforme a estratégia utilizada no primeiro ano agrícola (CURSI, 2016).

A seleção massal, ou seleção individual, é o método mais simples uma vez que a seleção das plantas é baseada nos valores fenotípicos, sendo de fácil execução em populações com ampla variabilidade genética (AUGUSTO DE OLIVEIRA *et al.*, 2011; MELO, 2014). Essencialmente, a cultura é colhida no primeiro ano, e com base no desempenho das plantas rebrotadas faz-se a seleção dos indivíduos desejados. Entretanto, esta proposta tem baixa eficiência para caracteres com baixa herdabilidade (KIMBENG; COX, 2003; AUGUSTO DE OLIVEIRA *et al.*, 2008; DUTRA FILHO, 2010).

Por outro lado, pode-se utilizar os dados de cana planta para nortear a seleção no segundo ano. A proposta de análise de plantas individuais (BLUPi conforme notação de CURSI, 2016), consiste na avaliação biométrica de todas as plantas da população assumindo a estrutura de família e plantas dentro de famílias para inferir os melhores genótipos. Contudo, esta metodologia não é viável devido a questões

logísticas e operacionais, pois demanda muito tempo e mão de obra. Assim, uma estratégia que se mostra em equilíbrio entre as duas propostas anteriores é a seleção de famílias, em que baseia-se na avaliação no primeiro ano, de todos o conjunto de indivíduos agrupados em função de seus genitores (famílias) para que no segundo ano a intensidade de seleção praticada seja proporcional ao desempenho da família no ano anterior. Logo, uma família superiora é aquela que predomina um elevado número de indivíduos favoráveis. A identificação destas é altamente desejável, acredita-se que há uma maior possibilidade de identificar novas variedades a partir de famílias superiores (KIMBENG; COX, 2003; AUGUSTO DE OLIVEIRA *et al.*, 2011; MELO, 2014; CURSI, 2016). Neste caso, a seleção no segundo ano consiste na remoção dos indivíduos inferiores destas famílias (ANDRADE, 2010; CURSI, 2016).

Para o estudo de famílias de cana-de-açúcar têm se adotado diversos métodos como a seleção sequencial, que consiste na combinação entre a seleção entre famílias seguida pela seleção individual, e a seleção via BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) individual, que além de utilizar simultaneamente a informação de família e de indivíduos para a seleção, desloca os resultados da progênie na direção da média observada que auxilia na obtenção de dados com precisão alta (AUGUSTO DE OLIVEIRA *et al.*, 2013; CURSI, 2016). Entretanto devido as complicações no alcance de informações individuais das plantas, Resende e Barbosa (2006) propuseram a seleção BLUP individual simulado (BLUPIS) que não requer avaliação individual e se baseia nos efeitos genotípicos das famílias avaliadas, e indica o número de indivíduos que devem ser selecionados por família. CURSI (2016) apontou que entre a seleção sequencial e BLUPIS, o primeiro apresentou maior ganho de seleção predito, já o segundo permitiu a seleção de indivíduos de mais famílias mantendo uma maior variabilidade dentre os indivíduos selecionados.

2.4. INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS E AMBIENTES

A fim de se obter melhor produtividade em diferentes regiões, os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar buscam variedades econômicas com melhor adaptabilidade a diferentes solos e técnicas de cultivo (RAIZER, 1998). A maior parte dos caracteres de grande importância agrônômica e econômica dessa cultura

são quantitativos e controlados por muitos genes, estando sujeitos às interações que ocorrem entre o genótipo e o ambiente (IGA) (ARANTES, 2013).

A IGA é entendida como a resposta diferencial dos genótipos às mudanças do ambiente evidenciando a dependência entre os efeitos genéticos e ambientais (BOS; CALIGARI, 2008). Além disso, sua presença dificulta a seleção e a recomendação dos genótipos, já que os ganhos genéticos esperados com a seleção podem ser superestimados, com um crescimento exagerado das estimativas de variância genética durante as etapas preliminares do melhoramento. (LEME, 2018). Há três diferentes situações de IGA: ausência de interação, em que a resposta dos genótipos ao ambiente é, em proporção, igual ou semelhante; interação simples, em que há diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, mas não há alteração da classificação; e por fim, interação complexa, em que os genótipos apresentam diferentes respostas às variações ambientais, e conseqüentemente há alteração em sua classificação (Figura 1) (BESPALHOK-FILHO, 2017; LEME, 2018; SANTOS, 2008).

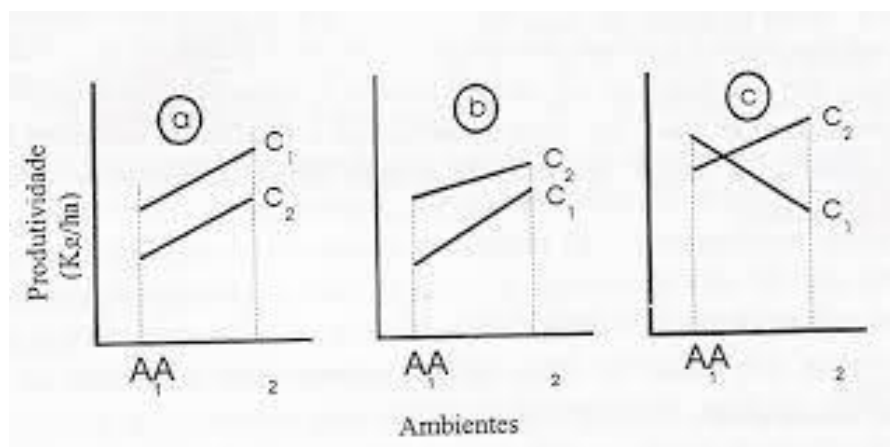


Figura 1 Representação gráfica da interação entre genótipos e ambientes, sendo a primeira (a) ausência de interação, (b) presença de interação simples, (c) presença de interação complexa. Fonte: BESPALHOK-FILHO (2017).

Este fenômeno é de extrema relevância para o lançamento de uma nova variedade e para a constatação da constância da superioridade de seu material genético em diferentes condições ambientais, ou seja, de sua estabilidade fenotípica, e de sua capacidade de aproveitar positivamente as variações do ambiente (FREITAS *et al.*, 2013; RAIZER, 1998; SILVA, 2008).

Diversas metodologias estatísticas são utilizadas para a avaliação da estabilidade e adaptabilidade, uma das metodologias mais utilizada é de Eberhart e Russell (1966), baseada em regressão linear em que é calculado um índice ambiental através da subtração entre a média de todos os genótipos em um ambiente e a média geral de todos os genótipos em todos os ambientes. O índice ambiental é utilizado como abscissa (X) e o valor observado do genótipo no ambiente como ordenada (Y) na regressão linear ($Y = a + bX$) para cada genótipo testado. O coeficiente angular (b) corresponde a adaptabilidade do genótipo, e pode dar três diferentes respostas em relação a melhoria ambiental: se $b < 1$, tem-se genótipos menos responsivos a melhorias ambientais, por outro lado, são costumeiramente materiais mais rústicos, adaptados a condições marginais de cultivo; se $b = 1$, os genótipos respondem de forma mediana; e se $b > 1$, os genótipos respondem de forma acentuada, e, portanto, são mais indicados para os melhores ambientes. Ainda, a estimativa da estabilidade é feita pela somatória dos desvios (ARANTES, 2013).

Outro método comumente empregado para o estudo da IGA é o método de Lin e Binns (1988) baseado em análise não paramétrica em que o desempenho é quantificado pelo índice de estabilidade (P_i) dado pelo quadrado médio da distância entre a média de um acesso para um dado ambiente e a resposta máxima para o mesmo ambiente, em todos os ambientes avaliados, indicando superioridade geral do genótipo avaliado (BESPALHOK-FILHO, 2017).

2.5. APLICAÇÃO DE MODELOS MISTOS NO MELHORAMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR

Nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar os experimentos são conduzidos em vários locais, e a colheita é realizada em diferentes períodos durante um mesmo ano e em anos diferentes com o objetivo de se comparar o desempenho de novos clones com as variedades disponíveis comercialmente e avaliar a intensidade dos efeitos ambientais e genéticos da interação entre esses fatores, critérios de grande importância para a seleção de genótipos superiores (BASTOS *et al.*, 2007; MATTOS *et al.*, 2013).

Os modelos tradicionais possuem limitações devido ao desequilíbrio dos dados obtidos, tanto pela dificuldade de obtenção de genótipos com o mesmo número de repetição quanto pelas eventuais falhas de plantio e colheita (SANTOS, 2017).

Por isso, o emprego de metodologias analíticas com modelos tanto para a estrutura de variância genética quanto para a estrutura de variância residual, como as estruturas de variância-covariâncias (VCOV), são os mais indicados para análise de interação entre ambiente e genótipo (FREITAS *et al.*, 2013).

A metodologia de modelos mistos é utilizada para a descrição de dados que tem envolto em sua estrutura efeitos que são fixos e aleatórios, e o tratamento dos dados por esse sistema garante uma série de vantagens como a flexibilização das análises e o contorno das dificuldades geradas pelo desbalanceamento (MELO, 2014; SILVA *et al.*, 2013).

3. OBJETIVO GERAL

Analisar a interação entre as famílias e os ambientes distintos na etapa inicial do melhoramento da cana-de-açúcar.

3.1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Avaliar os parâmetros genéticos das famílias em cada um dos locais de avaliação;
- Obter o desempenho das famílias em cada ambiente para estimar a correlação entre os ambientes;
- Compreender as diferenças entre os locais, em termos de experimentação para a fase inicial do melhoramento genético da cana-de-açúcar
- Estimar o ganho de seleção predito considerando as melhores famílias e considerando o método de seleção de famílias.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. DADOS EXPERIMENTAIS

A população de melhoramento foi composta por 287 famílias obtidas pela UFSCar/RIDESA, as quais foram avaliadas em três locais: na Estação Experimental de Valparaíso (EVA), no Centro de Ciências Agrárias (CCA) e na Usina Adecoagro em Ivinhema/MS (MS). De forma sintética, EVA está localizado nas coordenadas 21° 13' 20" S; 50° 52' 00" W; 460m, apresenta clima Aw (clima tropical com inverno seco), com precipitação média de 1168mm e solos predominantemente arenosos. Já CCA está localizado em 22° 21' 25" S; 47° 23' 03" W; 650m, clima Cwa (clima subtropical de inverno seco), com precipitação média de 1300 mm, com predomínio de solos argilosos. (CURSI et al. 2021). Ivinhema está localizado em 22°18'18"S; 53°48'54"W; 362m, clima Aw, com precipitação média está entre 1400 e 1700 mm.

A unidade experimental para as famílias constitui em 108 plântulas distribuídas em duas linhas de 27 m, com espaçamento de 0,5 m entre plantas e 1,4 m entre linhas. O delineamento experimental aplicado foi o de blocos aumentados de Federer. Neste caso, o resíduo foi estimado pela distribuição aleatória das variedades RB92579 e RB966928 (testemunhas) ao longo da área experimental, cujo plantio foi em parcelas de iguais dimensões, mas com o plantio baseado em toletes ao longo dos sulcos. O plantio ocorreu entre março e abril de 2020 e a colheita foi realizada após 13 meses de cultivo. A variável utilizada foi TBH (toneladas de brix por hectare), a qual foi obtida pela equação:

$$TBH = (TCH \times Brix) / 100, \text{ em que:}$$

TCH é a produção (toneladas) de colmos por hectare obtido por meio total da parcela baseada em colheita mecanizada e pesada com caminhão balança; posteriormente, o peso da parcela foi convertido para produção por hectare considerando o tamanho da parcela e o número de touceiras vivas; *Brix* é média obtida de dez plantas por parcela da medição de sólidos solúveis obtido por refratômetro.

4.2. ABORDAGEM DE MODELOS MISTOS

A análise de modelos mistos foi utilizada para obtenção dos valores

genéticos de cada família nos três locais de experimentação. Optou-se por conduzir análises independentes para cada local, utilizando o modelo:

$$y_{ij} = \mu + b_i + g_j + e_{ij}, \text{ em que:}$$

y_{ij} = é a variável fenotípica analisada (TBH) para cada parcela; μ = intercepto do modelo; c_i = efeito fixo para blocos, ou seja, controle local; g_j = efeito aleatório genotípico (famílias + testemunhas) e e_{ij} = erro experimental.

A obtenção das estimativas foram conduzidas com a função *lmer* do pacote *lme4* disponível no software R (www.r-project.org). Com a obtenção das médias genotípicas das famílias foi possível obter estimativas para parâmetros genéticos, conforme descritos a seguir:

4.3. PARÂMETROS GENÉTICOS

4.3.1. Coeficientes de variação

A variância fenotípica (σ_F^2) da característica em estudo (TBH) pode ser decomposta em um componente genético (σ_G^2) e outro ambiental (σ_E^2), conforme equação a seguir:

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2$$

Conceitualmente, os programas de melhoramento desejam minimizar σ_E^2 e maximizar σ_G^2 de forma que o potencial de obter genótipos superiores seja potencializado. Estas três variâncias podem ser obtidas nas análises de modelos mistos, porém é usual que a apresentação e interpretação sejam conduzidas a partir da padronização em relação à média geral do ambiente, a qual definido como coeficiente de variação. Logo, o CV pode ser expresso por:

$$CV = \sqrt{\sigma^2}/\bar{x}, \text{ em que:}$$

σ^2 = variância fenotípica, genética ou ambiental e x = média geral do local.

4.3.2. Herdabilidade

Ao considerar que o melhoramento da cana-de-açúcar explora a capacidade de propagação vegetativa, é possível estimar a herdabilidade no sentido amplo, seguindo a seguinte relação (CURSI, D.E. 2016):

$$h_{(Amplo)}^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \sigma_E^2}$$

4.3.3. Acurácia

A acurácia (Ac) pode ser interpretada como a covariância entre o valor real e o predito, indicando a qualidade das análises e estimativas. Algebricamente, pode ser obtida, como a raiz quadrada da herdabilidade:

$$Ac = \sqrt{h^2}$$

4.3.4. Correlação genética entre os ambientes

A variação do comportamento das famílias nos diferentes ambientes pode ser mensurada por meio da correlação genética. Os valores de correlação entre os ambientes foram calculados da seguinte forma:

$$Correl(X, Y) = \frac{\sum(x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sqrt{\sum(x - \bar{x})^2 \sum(y - \bar{y})^2}}$$

onde X e Y = (CCA ou MS ou EVA), x e y = TBH da família, \bar{x} e \bar{y} = média geral das famílias (TBH). Esta medida varia entre -1 e 1, sendo 0 a ausência total de correlação entre os locais, 1 a correlação direta e -1 a correlação inversa entre os ambientes.

4.3.5. Ganho de seleção predito

Com a classificação das famílias em função do mérito genético pode-se praticar a seleção dentro das famílias superiores, por meio de diferentes critérios. Para o presente trabalho, duas estratégias foram consideradas: i) uma seleção restritiva, baseada apenas nas 29 melhores famílias (10%); ii) uma seleção mais ampla aplicada a 116 melhores famílias (40%), porém utilizando diferentes taxas de seleção, a qual varia em função de sua classificação, por exemplo, as 10% melhores famílias, tem 40% de intensidade de seleção, as famílias classificadas até 20%, 30% e 40% têm taxas de seleção de 30%, 20% e 10%, respectivamente.

Para a estimação do ganho genético predito nos dois cenários de seleção, as seguintes equações foram utilizadas:

$$Ds = x_s - \bar{x}$$

$$Gs = h^2 Ds$$

em que Ds = diferencial de seleção, x_s = média das famílias selecionadas para TBH, \bar{x} = média geral da população. h^2 = herdabilidade no sentido amplo obtida com a análise de modelos mistos.

Ressalta-se que a média selecionada, conceitualmente, deveria ser baseada na avaliação fenotípica de cada indivíduo selecionado na população. No entanto, devido a restrições operacionais que inviabiliza a avaliação individual de cada planta seleção massal é praticada. Logo, para fins de estudo, assumiu-se para o primeiro cenário (seleção das 10% melhores) a média aritmética de todas as 29 famílias selecionadas; já ao considerar o segundo cenário em que se utiliza 40% das melhores famílias, mas com intensidade de seleção diferencial, x_s será a média ponderada das famílias segunda a intensidade de seleção recomendada, a qual pode ser ilustrada pela equação abaixo:

$$x_s = 0,40 \times G_{10\%} + 0,30 \times G_{11-20\%} + 0,20 \times G_{21-30\%} + 0,10 \times G_{31-40\%}, \quad \text{em}$$

que:

x_s = média selecionada das famílias; $G_{10\%}$ = média das 10% melhores famílias, $G_{11-20\%}$ = média das famílias classificadas até 11% e 20% melhores; $G_{21-30\%}$ = média das famílias classificadas entre 21% e 30%; $G_{31-40\%}$ = média das famílias classificadas entre 31% e 40%

Ao considerar que estas famílias foram plantadas em três ambientes distintos, é possível compreender os efeitos da interação entre famílias e ambientes por meio dos ganhos de seleção obtidos pelas diferentes classificações, por exemplo, utilizando a classificação do CCA tem-se a identificação das 29 melhores famílias (esquema 1) e com isto é possível obter o ganho de seleção predito. Contudo, também têm-se a possibilidade de avaliar o comportamento destas famílias em EVA e MS, de forma a obter os ganhos preditos destas mesmas famílias em diferentes ambientes. Este mesmo cenário foi aplicado com para os rankings obtidos nos três locais e expandidos para os demais. Além disto, o procedimento foi repetido para os dois cenários de seleção: 10% das melhores famílias e 40% das melhores famílias. Desta forma, é possível identificar o impacto que a interação entre famílias e ambientes podem apresentar

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. PARÂMETROS GENÉTICOS

Conforme indicado na Tabela 1, é possível perceber que o menor coeficiente de variação (CV) residual foi de 0,13 para CCA, enquanto EVA e MS apresentaram os valores de 0,30, indicando uma melhor condução experimental para CCA e, conseqüentemente, uma maior precisão experimental. Por outro lado, o menor CV genotípico foi verificado para o CCA (0,11), sendo o ambiente com menor variabilidade genética. Já o MS apresentou CV genético de 0,23 e para EVA o valor foi de 0,16.

Para o melhoramento genético a interpretação das medidas relacionadas a variabilidade é de fundamental importância, pois o intuito está em maximizar a variância genética e minimizar a variância ambiental. Ao considerar que as mesmas famílias foram avaliadas nos três ambientes, é possível considerar a hipótese de homogeneidade para as variâncias genéticas. Contudo, de acordo com os valores obtidos, observou-se que os três ambientes apresentaram diferentes potenciais de discriminação de famílias, ou seja, o maior CV genético para MS indicou que as mesmas famílias apresentaram mais diferenças do que nos outros ambientes. Já CCA apresentou uma baixa capacidade de discriminação e EVA apresentou um comportamento intermediário. A primeira fase de seleção da RIDESA-UFSCar é distribuída entre os três ambientes, pois há uma dificuldade logística de implantar todo o experimento em um único local, neste caso, os resultados apontaram que a utilização de EVA e MS foi extremamente benéfica, pois foram dois locais que contribuíram para a melhor discriminação das famílias, em especial o MS que apresentou o dobro da variabilidade do que observado no CCA.

A variação residual pode ser utilizada para indicar a precisão do experimento, uma vez que permite a quantificação da variabilidade ambiental. Ao considerar que o experimento foi instalado em blocos de Federer, este delineamento já apresenta uma menor precisão devido à ausência de repetições para as famílias. Neste caso, o grande destaque ocorreu para a estimativa de CV residual no CCA (0,13) valor considerado como uma alta precisão. O CV residual do MS (0,30) foi equivalente a EVA. Vale ressaltar que o melhor cenário seria a precisão do CCA sendo

observada em MS, local com maior capacidade de discriminação dos genótipos.

Apesar dos CV residuais e genéticos terem variado para os locais, notou-se que a relação entre as diferenças foram proporcionais, o que foi evidenciado nos valores de herdabilidade e também para a acurácia que foram muito similares entre os diferentes ambientes. Novamente, o cenário ideal seria aquele que apresentaria o CV residual mínimo (observado no CCA) e máximo CV genético (MS) em um mesmo ambiente, refletindo em maior valor de herdabilidade e conseqüentemente, maior potencial para selecionar genótipos superiores. Nota-se que para o CCA ocorre o contrário, isto é, apesar de haver o menor CV genético, provavelmente, resultados satisfatórios são passíveis de serem obtidos, pois a condução experimental é muito adequada, compensando a redução da variabilidade genética entre famílias.

Por fim, nota-se que a maior média para TBH foi observado no CCA seguido de EVA e MS, respectivamente. No entanto, ao considerar os parâmetros associados com variabilidade genética, percebe-se que o ambiente CCA é superior em termos de desempenho, isto é, as famílias demonstram mais potencial para acúmulo de açúcar, porém o ambiente é menos discriminativo do que EVA e MS, em outras palavras, os dois últimos ambientes tem maior potencial para indicar famílias superiores provavelmente devido a suas condições mais desafiadoras.

Tabela 1 Parâmetros Genéticos obtidos por meio da análise de modelos mistos para os experimentos implantados pela RIDESA em Araras (CCA), Valparaíso (EVA) e Ivinhema (MS).

Parâmetro	CCA	MS	EVA
Média Geral (TBH)	20,74	13,02	18,91
Varição Genotípica	4,80	9,21	16,29
CV Genotípico	0,11	0,23	0,16
Varição Fenotípica	12,58	24,96	48,86
CV Fenotípico	0,17	0,38	0,37
Varição Residual	7,78	15,76	32,57
CV Residual	0,13	0,30	0,30
Herdabilidade	0,38	0,37	0,33
Acurácia	0,62	0,61	0,58

5.2. IDENTIFICAÇÃO DAS MELHORES FAMÍLIAS E CORRELAÇÃO ENTRE OS AMBIENTES

Ao considerar a classificação das famílias para cada local notou-se que para o CCA, a melhor família foi 6149 (26,5 TBH), além disto 30 famílias estavam classificadas acima da testemunha RB966928 (22,4 TBH) e 83 se posicionaram acima de RB92579 (21,5). Para EVA, a melhor família foi 434A (37,3 TBH), a segunda (9035) e terceira família (519B) apresentaram TBH de 28,8 e 27,5, respectivamente. Ainda, 16 famílias foram superiores a RB966928 e 19 foram superiores a RB92579. Para MS, nenhuma família superou RB92579 (19,8) e nove foram superiores a RB966928 (17,02). A melhor família apresentou TBH de 19,62 (8098).

Ao observar as correlações genóticas entre os ambientes, notou-se valores baixos, isto é, menores que 0,35 ou 35% (Figura 3), porém todas diferiram estatisticamente de zero. A principal consequência desta baixa correlação é a ausência de famílias superiores em dois ambientes simultaneamente. A família com comportamento mais próximo deste ideal foi a 519B, posicionada como a quarta melhor família em MS e a terceira em EVA. Na prática é uma evidência de interação complexa, pois nota-se uma alteração na classificação dos genótipos, ou seja, as famílias quando submetidas a diferentes condições ambientais modificam o padrão de resposta. Por este resultado, o comportamento das famílias em cada um dos locais deve ser considerado com cautela caso haja o interesse em extrapolação os resultados para outro ambiente de avaliação. Contudo, até o momento não temos demonstrado o impacto que a baixa correlação pode causar na seleção de famílias.

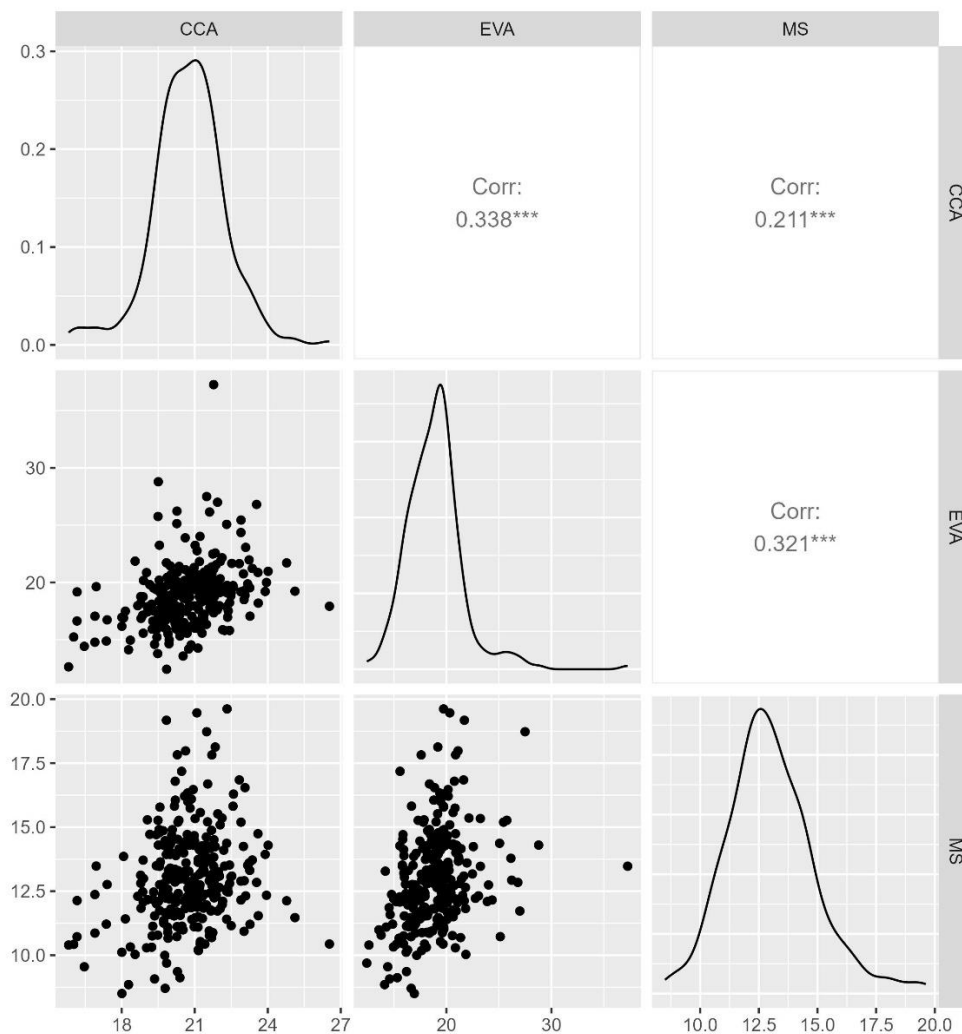


Figura 2 Gráfico de dispersão, histograma e correlação linear para as famílias avaliadas nos ambientes CCA, EVA e MS para a característica produção em toneladas de brix por hectare (TBH).

Ao considerar o comportamento médio das famílias nos três ambientes, a Figura 4 observações relevantes, uma vez que os eixo x estão padronizados para os três gráficos. Neste caso, observa-se que a menor média foi observada em MS e que neste caso, as melhores famílias apresentavam comportamento próximo a média em EVA e CCA. Já a menor distribuição foi para o CCA, em que provavelmente os efeitos genéticos são menos discriminados devido as condições favoráveis dos ambientes.

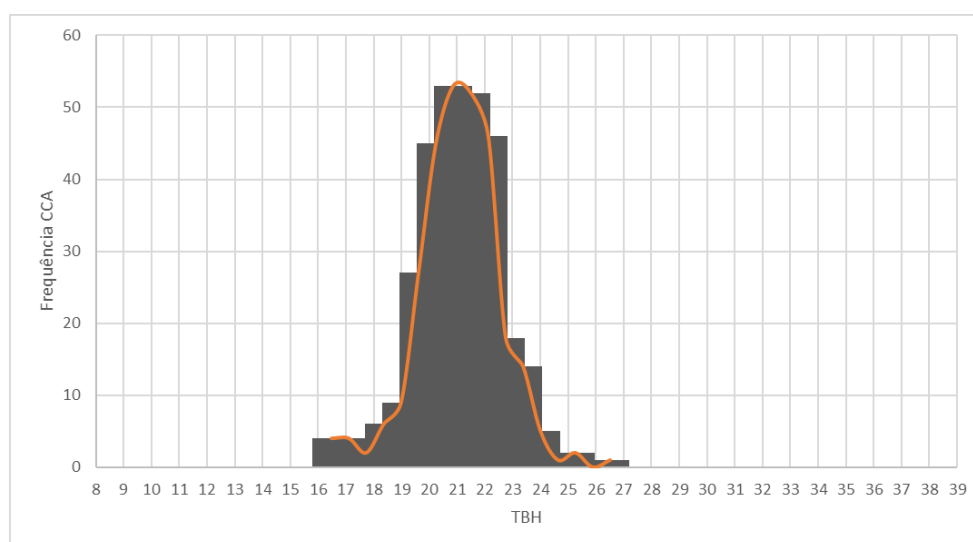
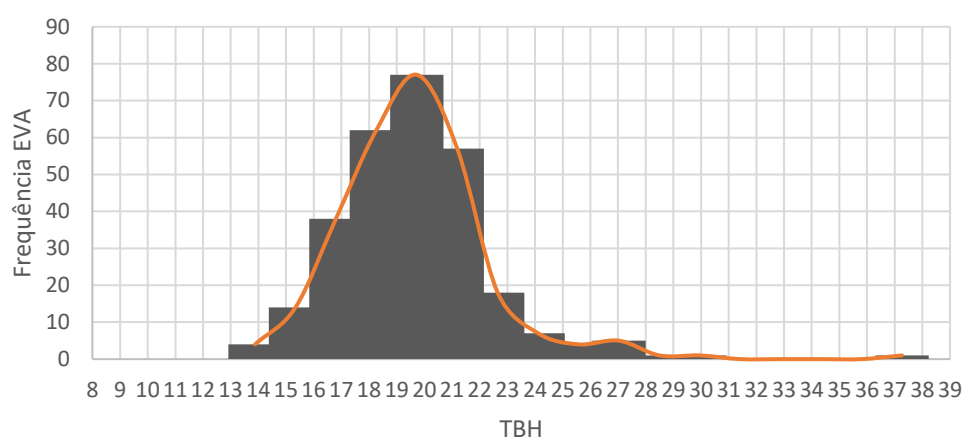
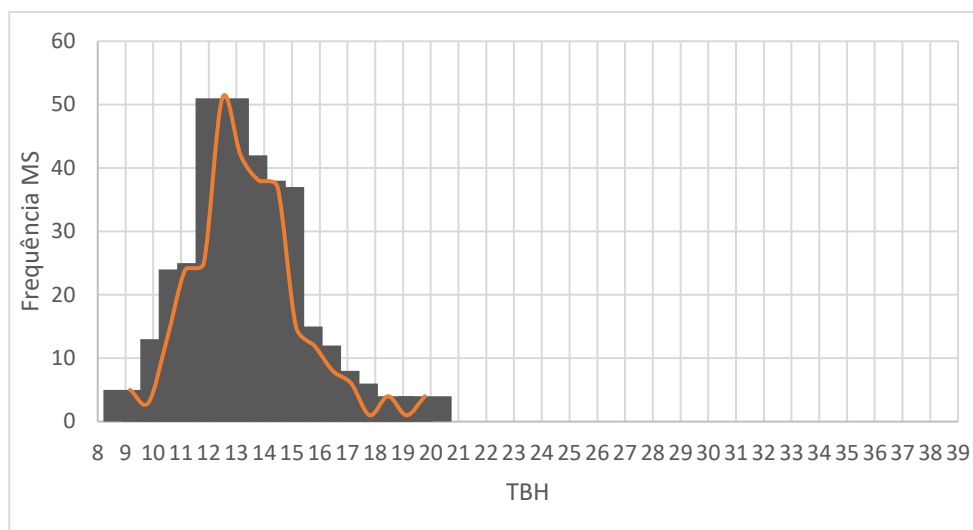


Figura 3 Histograma representando a distribuição dos valores genotípicos das famílias avaliadas no CCA, EVA e MS para o caráter toneladas de Brix por hectare (TBH).

5.3. GANHO DE SELEÇÃO PREDITO COM AS 29 (10%) MELHORES FAMÍLIAS

Para quantificar a influência da baixa correlação genética entre ambientes foi calculado o ganho de seleção predito com as 10% melhores famílias. Esta intensidade de seleção não é praticada em condições reais por ser muito restritiva, porém em termos de ilustração pode auxiliar na compreensão da influência da IGA. Ao considerar o desempenho das famílias no CCA, a média das famílias selecionadas foi de 23,35 TBH, assumindo que a média geral foi de 20,74 e herdabilidade 0,38 (Tabela 1) tem-se um diferencial de seleção 2,61 TBH e Gs de 0,99 TBH. No entanto, ao considerar o desempenho deste mesmo grupo de famílias em EVA, a média selecionada foi de 20,44 versus 18,91 (média original), o que resultou em um ganho de seleção de 0,57 TBH. Já para MS a média selecionada foi de 13,29 versus 13,02 ocasionando um ganho de seleção de apenas 0,10 TBH. Logo, o melhor ganho predito dessas famílias foi no CCA, pois a extrapolação desta classificação não foi eficiente, uma vez que estas famílias não conseguiram manter a superioridade tanto em EVA quanto MS. Este mesmo raciocínio foi aplicado para as demais situações, isto é, seleção de grupo de famílias em EVA e MS para predição nos demais locais. Ao assumir a classificação das famílias no MS, os Gs preditos foram de 1,24 (MS), 0,40 (EVA) e 0,14 (CCA); para a classificação em EVA, os Gs preditos foram de 2,02 (EVA), 0,31 (CCA) e 0,21 (MS) (Tabela 2). Portanto, devido a influência de IGA o maior ganho de seleção será obtido utilizando os resultados das avaliações do próprio local, fazendo necessário trabalhar cada ambiente com a sua seleção específica.

Tabela 2 – Estimativa de média selecionada (\bar{x}_s), diferencial de seleção (ds) e Ganho de seleção (G_s) para tonelada de Brix por hectare (TBH) na primeira fase de seleção do melhoramento de cana-de-açúcar, para os ambientes CCA, EVA e MS, a partir da seleção das melhores famílias nos três ambientes de seleção, considerando intensidade de seleção a 10%.

Ambientes que as famílias foram inicialmente selecionadas	Parâmetros Genéticos estimados	Ambientes em que a resposta à seleção foi predita		
		CCA	EVA	MS
CCA	\bar{x}_s	23,35	20,44	13,29
	ds	2,61	1,53	0,27
	G_s	0,99	0,57	0,09
EVA	\bar{x}_s	21,56	24,38	13,64
	ds	0,82	5,47	0,62
	G_s	0,31	2,02	0,20
MS	\bar{x}_s	21,12	20,00	16,78
	ds	0,38	1,09	3,76
	G_s	0,14	0,40	1,24

5.4. GANHO DE SELEÇÃO PREDITO NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS

O mesmo raciocínio foi aplicado ao método de seleção de famílias, considerando uma intensidade de seleção (IS) de 40%, o que é apresentado em detalhes em CURSI (2016) e CURSI *et al.* (2022). No entanto, diferentemente, de CURSI (2016) não se tem, até o momento, a avaliação dos clones selecionados para obtenção do ganho de seleção real. Assim, a estratégia foi calcular uma média ponderada das famílias em função de sua classificação conforme detalhado na metodologia. Com a nova média selecionada foi possível recalcular os valores de diferencial de seleção e ganho de seleção (Tabela 3).

Novamente, os maiores ganhos de seleção foram obtidos no próprio ambiente em que a seleção foi praticada. Nota-se que o ganho de seleção no esquema de família é reduzido em comparação a intensidade de 10%, por exemplo, quando a seleção ocorreu no CCA e a resposta foi observada no CCA o Gs predito foi de 0,64 TBH (IS de 40%) versus 0,99 TBH (IS de 10%), o mesmo ocorreu para EVA (1,03 TBH com IS de 40% versus 2,02 TBH com IS de 10%) e MS (0,84 TBH com IS 40% versus 1,24 TBH com IS de 10%). Contudo, este efeito foi menos pronunciado quando compara-se o ganho de seleção predito para a seleção em outro local, por exemplo, o Gs predito para MS quando considerado as melhores famílias no CCA para IS de 40% foi de 0,11 TBH e para IS de 10% foi de 0,09 TBH; o mesmo ocorreu para seleção em EVA e resposta em MS, isto é, o Gs foi de 0,21 TBH para IS de 40% versus 0,20 TBH para IS de 10%. Logo, pode-se afirmar que a utilização de uma intensidade de seleção menor, situação na qual mais famílias são selecionadas, reduz o ganho de seleção para a seleção e avaliação no próprio local, mas pouco afeta a resposta indireta ou via extrapolação, uma vez que os Gs continuam baixos.

Tabela 3 – Estimativa de média selecionada (\bar{x}_s), diferencial de seleção (ds) e Ganho de seleção (G_s) para tonelada de Brix por hectare (TBH) na primeira fase de seleção do melhoramento de cana-de-açúcar, para os ambientes CCA, EVA e MS, a partir da seleção das melhores famílias nos três ambientes de seleção, considerando intensidade de seleção de 40%, de acordo com a seleção de família sequencial.

Ambientes que as famílias foram inicialmente selecionadas	Parâmetros Genéticos estimados	Ambientes em que a resposta à seleção foi predita		
		CCA	EVA	MS
CCA	\bar{x}_s	22,41	20,01	13,33
	ds	1,67	1,11	0,31
	G_s	0,64	0,37	0,11
EVA	\bar{x}_s	21,30	22,00	13,60
	ds	0,56	3,10	0,58
	G_s	0,21	1,03	0,21
MS	\bar{x}_s	21,00	19,81	15,30
	ds	0,26	0,91	2,28
	G_s	0,10	0,30	0,84

6. CONCLUSÃO

A partir dos resultados conseguimos concluir que:

- A estratégia de dividir as famílias em diferentes locais é benéfica e deve ser mantida, pois, a variabilidade é diferentemente explorada em cada ambiente
- O ambiente CCA apresentou melhor precisão experimental, mas menor capacidade de distinção de famílias que EVA e principalmente MS
- O ambiente MS apresentou média menor que outros ambientes, porém maior potencial para discriminar famílias.
- Os ganhos de seleção preditos indicam que a extrapolação das melhores famílias de um ambiente de seleção não deve ser extrapolada para os demais, pois há perdas nas duas intensidades de seleção estudadas.
- Notou-se forte interação do tipo complexa entre famílias e ambientes de forma que o melhor cenário é que a avaliação e a seleção sejam conduzidas no mesmo ambiente experimental.

7. REFERÊNCIAS

ANDRADE, J. D. S. C. D. O. **AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS GERMANOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DA SÉRIE RB07 NA FASE INICIAL DE SELEÇÃO DO MELHORAMENTO**. 2010. 64 f. - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2010.

AQUINO, A. F. *et al.* O ETANOL DA CANA-DE-AÇÚCAR: POSSIBILIDADES ENERGÉTICAS DA REGIÃO DE CEARÁ-MIRIM-RN. **HOLOS**, Rio Grande do Norte, v. 1, p. 105–125, 2014.

ARANTES, F. C. **INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2013. 94 f. - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2013.

ARAÚJO, E. D. S.; SANTOS, J. A. P. O DESENVOLVIMENTO DA CULTURA DA CANA-DE-AÇÚCAR NO BRASIL E SUA RELEVÂNCIA NA ECONOMIA NACIONAL. **FACIDER - Revista Científica**, [s. l.], v. 4, n. 4, 2013. Disponível em: <http://revista.sei-cesuacol.edu.br/index.php/facider/article/view/37/86>. Acesso em: 15 mar. 2023.

AUGUSTO DE OLIVEIRA, R. *et al.* Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 4, p. 427–434, 2013. Disponível em: <http://www.uem.br/acta>. Acesso em: 10 mar. 2023.

AUGUSTO DE OLIVEIRA, R. *et al.* Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 4, p. 796–800, 2011.

AUGUSTO DE OLIVEIRA, R. *et al.* SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA MODELOS MISTOS. **Scientia Agraria**, [s. l.], v. 9, n. 3, p. 269–274, 2008. Disponível em: <https://revistas.ufpr.br/agraria/article/view/11564>. Acesso em: 10 mar. 2023.

BANCO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO ECONÔMICO E SOCIAL. **Bioetanol de cana-de-açúcar: energia para o desenvolvimento sustentável**. 1. ed. Rio de Janeiro: Banco Nacional de Desenvolvimento Econômico e Social, 2008-. ISSN 1098-6596. Disponível em: <http://web.bndes.gov.br/bib/jspui/handle/1408/2002>. Acesso em: 21 mar. 2023.

BASTOS, I. T. *et al.* Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesq Agropec Trop**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195–203, 2007. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/228681427_Avaliacao_da_interacao_genotipo_x_ambiente_em_cana-de-acucar_via_modelos_mistos?enrichId=rgreq-c61d36e73ae938636fd3da2455786301-XXX&enrichSource=Y292ZXJQYWdlOzlyODY4MTQyNzBUzo5NzA5Mjc5ODI1NTExNkAxNDAwMTYwMTM1NTYw&el=1_x_3&_esc=publicationCoverPdf. Acesso em: 10 mar. 2023.

BESPALHOK-FILHO, J. C. Interação genótipo ambiente. *In*: MELHORAMENTO DE

PLANTAS. Curitiba: UFPR, 2017.

BEZERRA, J. D. C. *et al.* Cana-de-açúcar: Melhoramento genético e suas finalidades forrageiras. **Nucleus Animalium**, [s. l.], v. 10, n. 2, p. 131–147, 2018. Disponível em: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6814726&info=resumen&idioma=ENG>. Acesso em: 15 mar. 2023.

BOS, I.; CALIGARI, P. Selection methods in plant breeding: 2nd edition. **Selection Methods in Plant Breeding: 2nd Edition**, [s. l.], p. 1–461, 2008.

BRASILEIRO, B. P. **ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR**. 2013. 62 f. - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Cana-de-Açúcar - Agrícola**. [S. l.], 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras/itemlist/category/891-cana-de-acucar-agricola>. Acesso em: 1 mar. 2023.

CURSI, D. E. **Análise comparativa de diferentes métodos de seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar**. 2016. 72 f. - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.

CURSI, D. E. *et al.* History and Current Status of Sugarcane Breeding, Germplasm Development and Molecular Genetics in Brazil. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 24, n. 1, p. 112–133, 2022. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12355-021-00951-1>. Acesso em: 2 mar. 2023.

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

DE RESENDE, M. D. V.; PEREIRA BARBOSA, M. H. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l.], v. 41, n. 3, p. 421–429, 2006. Disponível em: <http://www.scielo.br/j/pab/a/Q6W9LgT8znkgH66MGYdkkbT/?lang=en>. Acesso em: 6 mar. 2023.

DEPARTAMENTO DE ENERGIA DOS ESTADOS UNIDOS. **Alternative Fuels Data Center: Maps and Data - Global Ethanol Production by Country or Region**. [S. l.], 2022. Disponível em: <https://afdc.energy.gov/data/10331>. Acesso em: 2 mar. 2023.

DUTRA FILHO, J. D. A. **AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA E GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD E SSR**. 2010. 153 f. - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2010. Disponível em: <http://www.livrosgratis.com.br>. Acesso em: 10 mar. 2023.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability Parameters for Comparing Varieties1. **Crop Science**, [s. l.], v. 6, n. 1, p. 36–40, 1966. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>. Acesso em: 8 mar. 2023.

FERREIRA, P. H. S. **Seleção de genótipos em fase inicial do melhoramento da cana-de-açúcar via o método convencional e o sistema simplificado**. 2020. 39 f. - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2020. Disponível em: https://www.locus.ufv.br/bitstream/123456789/28730/1/texto_completo.pdf. Acesso em: 1 mar. 2023.

FONTANETTI, C. S.; BUENO, O. C. **Cana-de-açúcar e seus impactos: uma visão acadêmica**. Bauru: Canal 6, 2017. *E-book*. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Miguel-Angel-Soto/publication/318704642_Cana_de_acucar_e_seus_impactos_Uma_visao_academica_-_Capitulos_6_1113_e_14/links/59789bdca6fdcc30bdc1390e/Cana-de-acucar-e-seus-impactos-Uma-visao-academica-Capitulos-6-11-13-e-14.pdf#page=13. Acesso em: 1 mar. 2023.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **FAOSTAT**. [S. l.], 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em: 1 mar. 2023.

FREITAS, E. G. de *et al.* Modelos mistos para seleção de genótipos superiores e de futuros genitores de cana-de-açúcar. *In: , 2013, Campina Grande. (A. A. F. GARCIA, Org.)Anais*. Campina Grande: UEP - Depto de Estatística/Centro de Ciências e Tecnologia, 2013. p. 343–354. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/976557/modelos-mistos-para-selecao-de-genotipos-superiores-e-de-futuros-genitores-de-cana-de-acucar>. Acesso em: 13 mar. 2023.

GOES, T.; ARAÚJO, M. de; MARRA, R. Novas fronteiras tecnológicas da cana-de-açúcar no Brasil. **Revista de Política Agrícola**, [s. l.], v. 18, n. 1, p. 50–59, 2009. Disponível em: <https://seer.sede.embrapa.br/index.php/RPA/article/view/364>. Acesso em: 1 mar. 2023.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção de Cana-de-açúcar no Brasil | IBGE**. [S. l.], 2021. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/cana-de-acucar/br>. Acesso em: 15 mar. 2023.

KEZZY DE MORAIS, L. *et al.* **Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar**. Aracajú: [s. n.], 2015. Disponível em: www.embrapa.com.br. Acesso em: 1 mar. 2023.

KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: A review. **Journal American Society of Sugarcane Technologists**, [s. l.], v. 23, p. 20–39, 2003. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/313172965_Early_generation_selection_of_sugarcane_families_and_clones_in_Australia_A_review. Acesso em: 4 mar. 2023.

LEME, G. E. S. **ESTUDO DA INTERAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS, LOCAIS E ANOS E DO COEFICIENTE DE REPETIBILIDADE EM ETAPAS FINAIS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**. 2018. 110 f. - Universidade Federal de São Carlos, Araras, 2018.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A method of analyzing cultivar x location x year

experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 76, n. 3, p. 425–430, 1988. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00265344>. Acesso em: 8 mar. 2023.

MATTOS, P. H. C. De *et al.* Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 13, p. 83–90, 2013.

MELO, L. J. O. T. DE. **SISTEMA SIMPLIFICADO DE SELEÇÃO PARA A FASE INICIAL DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**. 2014. 142 f. Universidade Federal do Paraná, 2014.

PEDROZO, C. Â. *et al.* Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Ceres**, São Paulo, v. 55, n. 1, p. 1–8, 2008.

RAIZER, A. J. **INTERAÇÕES GENÓTIPOS X AMBIENTES E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DE SÃO PAULO**. 1998. 103 f. - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

RAM, M. **Plant Breeding Methods**. [S. l.: s. n.], 2014. *E-book*. Disponível em: https://books.google.com/books/about/PLANT_BREEDING_METHODS.html?hl=pt-BR&id=HINEBQAAQBAJ. Acesso em: 2 mar. 2023.

REIS, A. J. dos S. O melhoramento genético e a expansão da cana-de-açúcar no bioma Cerrado. **Revista UFG**, [s. l.], p. 14–17, 2009. Disponível em: <https://revistas.ufg.br/revistaufg/article/view/48250/23606>. Acesso em: 6 mar. 2023.

RESENDE, M. D. V. de; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Florestas, 2005. *E-book*. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/286194/melhoramento-genetico-de-plantas-de-propagacao-assexuada>. Acesso em: 21 mar. 2023.

RODRIGUES, G. S. de S. C.; ROSS, J. L. S. **A trajetória da cana-de-açúcar no Brasil: perspectivas geográfica, histórica e ambiental**. Uberlândia: EDUFU, 2020. *E-book*. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/29699>. Acesso em: 21 mar. 2023.

SANTOS, E. G. D. dos. **Interação genótipos x locais em cana-de-açúcar e perspectivas de estratificação ambiental**. 2008. 63 f. - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SANTOS, E. G. D. DOS. **USO DE MODELOS MISTOS E GGE BILOT NA SELEÇÃO DE MEGA-AMBIENTES E DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**. 2017. 65 f. - Instituto Agrônomo, Campinas, 2017.

SILVA, M. D. A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia**, [s. l.], v. 67, n. 1, p. 109–117, 2008. Disponível em: <http://www.scielo.br/j/brag/a/KMBLhPrvYybdff6GMPSzPsq/?lang=pt>. Acesso em: 7 mar. 2023.

SILVA, M. A. G. da *et al.* MODELOS MISTOS NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR APARENTADAS SOB O ENFOQUE CLÁSSICO E BAYESIANO. **Rev. Bras. Biom.**, [s. l.], v. 31, n. 1, p. 1–12, 2013.

SILVEIRA, L. C. I. da. **MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA OBTENÇÃO DE CANA ENERGIA**. 2014. 1–84 f. - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2014.

SOUZA, M. S. X. D. A. **ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR NOS ESTADOS DE GOIÁS E MINAS GERAIS PELO MÉTODO GGEbiplot**. 2015. 67 f. - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2015.

TEIXEIRA, T. P. M. *et al.* CARACTERIZAÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE TONELADAS DE BRIX POR HECTARE (TBH) EM SORGO SACARINO. *In:* , 2017, Ribeirão Preto. **Anais**. Ribeirão Preto: XI Workshop Agroenergia Matérias-Primas, 2017. p. 1–5.