

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRARIAS

**SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA TONELADAS
DE COLMO POR HECTARE E AÇÚCAR TOTAL RECUPERÁVEL EM
NOVE AMBIENTES CONTRASTANTES**

LUCAS DA SILVA LEITE
MARIA EDUARDA DE OLIVEIRA VENANCIO

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL

2025

**SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA TONELADAS
DE COLMO POR HECTARE E AÇÚCAR TOTAL RECUPERÁVEL EM
NOVE AMBIENTES CONTRASTANTES**

Lucas da Silva Leite
Maria Eduarda de Oliveira Venancio

Orientadora: Profa. Dra. Livia Maria Chamma Davide
Coorientador: João Carlos Civiero

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Universidade Federal da Grande Dourados, como
parte dos requisitos para obtenção do título de
Engenheiro(a) Agrônomo(a).

Dourados
Mato Grosso do Sul
2025

Espaço reservado para a ficha catalográfica.

**SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DEAÇÚCAR PARA TONELADAS
DE COLMO POR HECTARE E AÇÚCAR TOTAL RECUPERÁVEL EM
NOVE AMBIENTES CONTRASTANTES**

Por

Lucas da Silva Leite
Maria Eduarda de Oliveira Venancio

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como parte dos requisitos exigidos para
obtenção do título de ENGENHEIRO(A) AGRÔNOMO(A)

Aprovado em: 13 de junho de 2025.

Prof. Dr. Livia Maria Chamma Davide
Orientador – UFGD/FCA

Prof. Dr. Liliam Silva Candido
Membro da banca – UFGD/FCA

Prof. Dr. Shahid Khan
Membro da banca – UFGD/FCA

Gabriela Pereira de Oliveira
Membro da banca – UFGD/FCA

AGRADECIMENTOS

Devemos lembrar primeiramente, de agradecer à Deus, que nos deu força, coragem, capacidade, discernimento dia após dia, e fizeste com que nossos objetivos fossem alcançados, durante os anos de estudos.

Aos nossos pais, irmãos, familiares e amigos, que nos incentivaram em todos os momentos da nossa jornada dentro da Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD, além disso, compreenderam a nossa ausência enquanto dedicávamos nosso tempo para a realização deste trabalho.

A professora Livia Maria Chamma Davide, por ter sido nossa orientadora, por sempre estar disponível a ajudar e auxiliar, além disso, por todos ensinamentos e oportunidades de adquirirmos conhecimentos que nos permitiu um melhor desempenho no nosso processo de formação profissional ao longo do curso e desempenhou tal função com dedicação e amizade.

Ao Grupo de Pesquisa em Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV) que fez com que tivéssemos muitas oportunidades de aquisição de conhecimento além disso, contribuiu muito com a nossa formação como profissionais.

Aos pesquisadores do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da RIDESA/UFSCar pelo fornecimento de dados e informações necessárias para o desenvolvimento deste trabalho, em particular ao João Carlos Civiero o qual nos auxiliou de forma excepcional, pelo apoio técnico na condução dos trabalhos.

As Usinas parceiras da RIDESA/UFSCar pela concessão das áreas experimentais e condução dos ensaios.

Por fim, mas não menos importante, aos membros da banca de avaliação, por terem aceito participar, pelo tempo e atenção concedidos para estar aqui fazendo parte desse dia tão importante, muito obrigada.

LEITE, Lucas; VENANCIO, Maria. **SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA TONELADAS DE COLMO POR HECTARE E AÇÚCAR TOTAL RECUPERÁVEL EM NOVE AMBIENTES CONTRASTANTES**. 2025. 39 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Engenharia Agrônômica) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, 2025.

RESUMO

A cultura da Cana-de-Açúcar (*Saccharum officinarum* L.) possui grande importância no setor econômico mundial, devido ao acúmulo de sacarose presente na planta, onde a mesma é extraída e transformada em açúcar, etanol, e outros derivados. Sendo assim, é possível visualizar tamanha importância da Cana-de-Açúcar mundialmente. Dessa forma, o presente trabalho tem como objetivo selecionar clones de Cana-de-Açúcar que sejam superiores para toneladas de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR), visando o estudo da interação genótipos por ambientes. Os dados de TCH e ATR foram coletados na safra de 2024, em experimentos de primeira época que foram colhidos entre maio e junho e experimentos de segunda época que foram colhidos entre setembro e outubro. As áreas experimentais estão na Fase de Experimentação (FE) do Programa de Melhoramento de Cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA/UFSCar). Foram avaliados 35 genótipos, sendo 28 clones (G1 – G28), e 7 são cultivares comerciais (G29 - IACSP01-553, G30 - CV7870, G31 - CTC9003, G32 - CTC9001BT, G33 - CTC9001, G34 - CTC4 e G35 - CTC4). O delineamento utilizado foi de blocos a caso com três repetições. As análises estatísticas foram conduzidas no *Software R*, e foram realizadas com base em modelos lineares mistos, utilizando o método REML (*Máxima Verossimilhança Restrita*) para estimação de variâncias e o BLUP (*Best Linear Unciased Prediction*) para predição dos valores genéticos. A partir dos dados foi obtida a análise de *deviance* e foram estimados parâmetros genéticos. Foi construído um mapa de calor (*heatmap*) com base nos valores do BLUP, para facilitar a visualização dos genótipos mais promissores quanto a TCH e ATR. Os resultados mostraram que ATR apresentou maior herdabilidade, demonstrando que o ambiente não interferiu de forma significativa na característica avaliada, tornando-se mais eficiente para seleção direta, já para TCH foi notório que o ambiente teve efeito direto na característica avaliada, dificultando a seleção por essa característica. Os clones como G28 e G27 destacaram-se para TCH, enquanto G11, G12 e G29 foram superiores para ATR. Entretanto o clone G12 teve desempenho equilibrado nas duas características e boa estabilidade entre os ambientes.

Palavras-chave: *Saccharum officinarum* L., interação genótipos por ambientes, REML/BLUP.

ABSTRACT

The sugarcane crop (*Saccharum officinarum* L.) holds significant importance in the global economic sector due to the high sucrose content present in the plant, which is extracted and processed into sugar, ethanol, and other by-products. Given this, the global relevance of sugarcane becomes evident. Therefore, the objective of this study is to select superior sugarcane clones based on tons of stalks per hectare (TSH) and total recoverable sugar (TRS), aiming to analyze genotype-by-environment interactions. Data on TSH and TRS were collected during the 2024 harvest season from early-season trials harvested between May and June, and late-season trials harvested between September and October. The experimental fields are part of the Experimentation Phase (EP) of the Sugarcane Breeding Program under the Interuniversity Network for the Development of the Sugar-Energy Sector (RIDESA/UFSCar). A total of 35 genotypes with 28 clones (G1 – G35) and seven commercial cultivars (G29 – IACSP01-553, G30 – CV7870, G31 – CTC9003, G32 – CTC9001BT, G33 – CTC9001, G34 – CTC4, and G35 – CTC4) were evaluated. The experimental design used was randomized complete blocks with three replications. Statistical analyses were performed using R software, based on linear mixed models. The REML (*Restricted Maximum Likelihood*) method was employed to estimate variance components, while BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) was used to predict genetic values. From these data, a deviance analysis was conducted, and genetic parameters were estimated. A *heatmap* was generated based on BLUP values to facilitate the visualization of the most promising genotypes for TSH and TRS. The results indicated that TRS exhibited higher heritability, suggesting that environmental factors had little influence on this trait, making it more efficient for direct selection. In contrast, TSH was notably affected by environmental variation, which posed challenges for selection based on this trait. Clones G28 and G27 stood out for TSH, while G11, G12, and G29 showed superior performance for TRS. Notably, clone G12 demonstrated balanced performance for both traits and good stability across environments.

Keywords: *Saccharum officinarum* L., genotype-by-environment interaction, REML/BLUP.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Fases do desenvolvimento da cana-de-açúcar. Fonte: EMBRAPA (2022).	4
Figura 2. Ambientes de produção para cana-de-açúcar. Fonte: BERTOLANI et al., (2015). ...	5
Figura 3. Efeitos do déficit hídrico. Fonte: Alexandrius de Moraes Barbosa (2021).....	6
Figura 4. Ilustrações e procedimentos de hibridação da cana-de-açúcar na Estação de Floração e Cruzamento Serra do Ouro da Ridesa, Murici (AL). Fonte: DINARDO-MIRANDA, L. L. et al., 2015.	7
Figura 5. Fluxograma de etapas para produção de matérias genéticos realizado por programas de melhoramento de cana-de-açúcar. Fonte: Universidade Federal de São Carlos. Centro de Ciências Agrárias, 2008.....	8
Figura 6. Valores médios mensais de temperatura mínima (°C), temperatura máxima (°C) e precipitação (mm) durante o período de janeiro a dezembro de 2024. Fonte: (INMET, 2025); (CPTEC/INPE, 2025).	12
Figura 7. Análise tecnológica da cana-de-açúcar. Fonte: ALCARDE (2023).	15
Figura 8. Mapa de calor correspondente às médias de tonelada de colmo por hectare (TCH) de 35 clones de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes.	20
Figura 9. Mapa de calor correspondente às médias de açúcar total recuperável (ATR) de 35 clones de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes.	21

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Duração do ciclo da cana-de-açúcar em função do planejamento da época de plantio.	4
Tabela 2. Identificação dos ambientes experimentais utilizados no estudo, com os respectivos locais, cidade, estado, latitude, longitude, corte e a data do corte.	11
Tabela 3. Análise de deviance para tonelada de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) de 35 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 9 ambientes.	17
Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos para tonelada de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) de 35 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 9 ambientes.	18

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Cana-de-açúcar: Importância, Origem, Fisiologia e Manejo	3
2.2. Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar	6
2.3. Interação Genótipos por Ambientes	9
2.4. REML/BLUP	10
3. MATERIAL E MÉTODOS	11
3.1. Descrição das Áreas Experimentais	11
3.2. Material Genético	13
3.3. Instalações e Condução da Áreas Experimentais	13
3.4. Avaliação dos Clones de Cana-de-açúcar	14
3.5. Análise Estatística	16
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
4.1. Análise de <i>Deviance</i>	17
4.2. Parâmetros Genéticos	18
5. CONCLUSÃO	23
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	24

1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (híbridos de *Saccharum spp.*) é considerada uma das culturas industriais mais promissoras do mundo (KANDEL et al., 2018). Originária do sul da Ásia, especialmente da Índia, China e Nova Guiné, sua história de cultivo remonta a aproximadamente 10 mil anos, iniciando-se na região da Nova Guiné (ZHANG et al., 2018). Inicialmente restrita a países tropicais, a cultura se expandiu significativamente graças ao desenvolvimento de variedades superiores, como 'POJ2878', 'NCo310', 'Co281', 'F134' e 'ROC22', permitindo seu cultivo também em regiões subtropicais e até em zonas temperadas quentes (BHATT, 2020; CURSI et al., 2022).

Atualmente, a cana-de-açúcar é cultivada em mais de 100 países e regiões, ocupando uma área total de cerca de 26 milhões de hectares. Sua produção anual gira em torno de 1,9 bilhão de toneladas de colmos frescos, respondendo por aproximadamente 80% do açúcar e 40% do bioetanol produzidos globalmente, com um valor estimado em US\$ 80 bilhões (FAO, 2021). Além disso, apresenta uma relação produção-insumo para etanol cerca de cinco vezes superior à do milho (WACLAWOVSKY et al., 2010), podendo ainda ser utilizada na fabricação de compostos químicos de alto valor agregado (ROSSI et al., 2021). Seus subprodutos também são amplamente aproveitados, sendo utilizados na produção de etanol, rações animais, substratos agrícolas e geração de energia por meio da queima direta (SINDHU et al., 2016; HUANG et al., 2020).

No território brasileiro, a cana-de-açúcar não apenas movimenta a economia como também transforma paisagens, gera empregos e sustenta milhares de famílias no campo. Estimativas da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2025) apontam para uma produção de mais de 660 milhões de toneladas na safra 2025/26, cultivadas em quase 9 milhões de hectares. Esse desempenho reflete o compromisso de produtores, pesquisadores e indústrias com o aprimoramento constante das práticas agrícolas e industriais. Além da produção interna, o Brasil também se destaca no mercado global: segundo o USDA (2025), o país deve exportar cerca de 35,8 milhões de toneladas de açúcar, abastecendo mercados importantes como China, Argélia e Indonésia.

A importância dessa cultura vai além da economia. A cana-de-açúcar tem grande impacto ambiental e social, especialmente por sua contribuição à matriz energética por meio do etanol. Em um cenário onde a busca por fontes renováveis e limpas é cada vez mais urgente, o etanol se apresenta como uma alternativa viável e estratégica, inclusive para o transporte coletivo e individual. Contudo, nem tudo são facilidades: o setor também enfrenta desafios

sérios. Um exemplo recente foi o impacto das queimadas em 2024, que comprometeram cerca de 80 mil hectares de lavouras e acenderam o alerta sobre os riscos climáticos à produção (REUTERS, 2024).

Nesse contexto, o melhoramento genético tem sido um grande aliado. Graças ao trabalho de instituições como o CTC, IAC e RIDESA, o Brasil desenvolveu cultivares cada vez mais produtivas, resistentes a pragas, doenças e ao estresse hídrico. Estima-se que os avanços promovidos pelas novas variedades proporcionem um ganho anual médio de 140 kg de açúcar total recuperável (ATR) por tonelada de cana (USDA, 2024). No entanto, mais do que criar genótipos promissores, é fundamental saber onde plantá-los. Isso porque o desempenho das variedades está diretamente ligado ao ambiente em que são cultivadas.

Desse modo, antes de introduzir uma nova variedade no mercado, é crucial que ela seja submetida a testes em vários ambientes. Isso ocorre devido o fenômeno conhecido como interação genótipos por ambientes (GA) (GUIMARÃES, 2010). Entretanto, um dos grandes desafios no melhoramento genético de plantas é conhecer com precisão o valor genético de cada indivíduo. Isso é fundamental para que a seleção genotípica seja feita de forma eficiente e com alta confiabilidade. Para alcançar esse nível de precisão, é essencial estimar corretamente os parâmetros genéticos e os componentes de variância (GOMES JÚNIOR et al., 2015).

Pensando em tornar o processo de seleção de genótipos de cana-de-açúcar mais assertivo, especialmente considerando características como adaptabilidade e estabilidade, é adotada a metodologia REML/BLUP, de tal forma que REML (*Restricted Maximum Likelihood*) tem como função estimar, de forma precisa, os componentes de variância, e garantir informações essenciais para calcular os parâmetros genéticos, por outro lado o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) permite a predição dos valores genotípicos de forma eficiente, utilizando o melhor preditor linear não viesado (RODRIGUES et al., 2013).

Diante disso, este trabalho tem como objetivo selecionar clones de cana-de-açúcar com base em duas características agrônômicas fundamentais: toneladas de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR). As avaliações foram realizadas em nove ambientes, buscando identificar materiais com alto desempenho e ampla adaptabilidade. Optou-se pela utilização do método REML/BLUP principalmente devido à natureza desbalanceada dos experimentos, ou seja, nem todos os clones foram avaliados em todos os ambientes, o que inviabiliza o uso de métodos mais tradicionais. Essa abordagem estatística é especialmente adequada para lidar com dados incompletos ou desiguais, permitindo uma análise mais robusta e confiável.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Cana-de-açúcar: Importância, Origem, Fisiologia e Manejo

A cana-de-açúcar é um cultivo de grande relevância para a economia brasileira, com o país ocupando posição de destaque na produção global de etanol e açúcar (BROCHIER et al., 2016). Por ser rica em sacarose, representa a principal matéria-prima responsável por cerca de 70% da produção mundial de açúcar (HUANG et al., 2015). O uso concentra-se na fabricação de açúcar e etanol, embora também seja empregada para alimentação animal e produção de aguardente, entre outros fins (BRASIL, 2018). Sua importância está relacionada à ampla gama de aplicações, desde o uso *in natura* como forragem, até a produção de rapadura, melado, açúcar e álcool (LUI et al., 2011).

O Brasil ocupa a liderança mundial na produção de cana-de-açúcar, com um volume estimado em 713,2 milhões de toneladas, o que corresponde a 45,72% da produção global. Na sequência, destacam-se Índia, China, Tailândia e Paquistão, já no cenário nacional, o Estado de São Paulo é o principal produtor, respondendo por mais de 50% da produção do país, com uma área cultivada de aproximadamente 4,09 milhões de hectares, equivalente a 49% da área total destinada à cultura no Brasil. Ao longo das últimas dezenove safras, a participação paulista na produção nacional variou entre 51% (safra 2021/22) e 61,2% (safra 2005/06), apresentando produtividades médias entre 69,9 Mg ha⁻¹ (2011/12) e 93,7 Mg ha⁻¹ (2023/24) (CONAB, 2024).

Seu centro de origem se localiza nas regiões entre o sudeste da Indochina e a Oceania. Segundo Lopes (2011), destacam duas áreas principais: o Sudeste Asiático (especialmente Java e Sumatra) e regiões que abrange a Austrália, Nova Guiné e seus arredores. Por sua vez, Heerdt (2008), aponta a Melanésia, Indonésia e Nova Guiné como as regiões de origem, de onde a planta se espalhou, ao longo do tempo, para outras partes do mundo.

A parte aérea da cana-de-açúcar tem origem, com o colmo de formato cilíndrico, as folhas longas e as flores. Além disso, se tem a presença da parte subterrânea, onde fica presente as raízes que são extensa e altamente desenvolvidas, conhecido como fasciculado e os rizomas e essas partes possuem estruturas de reprodução que originam novos brotos após a quebra da dominância apical, que é realizada a partir do corte (SZMRECSÁNYI, 1979 citado por RODRIGUES e ROSS, 2020).

Dentre as estruturas morfológicas da cana, se tem o colmo, estrutura de grande importância e de maior interesse industrial, dessa estrutura que extrai o caldo para a produção tanto do açúcar quanto do álcool. A estrutura tem diferentes características de acordo com sua

forma de uso, um exemplo é a cana energia, na qual possui altura acima de 4 metros quando adulta (FAO, 2012). Além disso, a cana-de-açúcar possui flores hermafroditas agrupadas em uma inflorescência do tipo panículo terminal, que se caracteriza por ser bastante ramificada e por apresentar formato cônico. Essa estrutura, conhecida popularmente como bandeira, exibe a variedade cultivada (DINARDO-MIRANDA; VASCONCELOS; LANDELL, 2014).

O desenvolvimento da cana-de-açúcar segue uma escala fenológica com fases bem definidas, que incluem brotação, emergência, perfilhamento, crescimento e maturação dos colmos, observa-se a Figura 1. O ciclo começa com o enraizamento do colmo primário, seguido pelo perfilhamento e formação do sistema radicular. Os colmos crescem e acumulam açúcar. A maturação ocorre principalmente no outono e inverno, com maior acúmulo de sacarose e menor crescimento. A colheita depende da variedade, do ciclo, do plantio e das condições climáticas, como mostra a Tabela 1. (EMBRAPA, 2022).

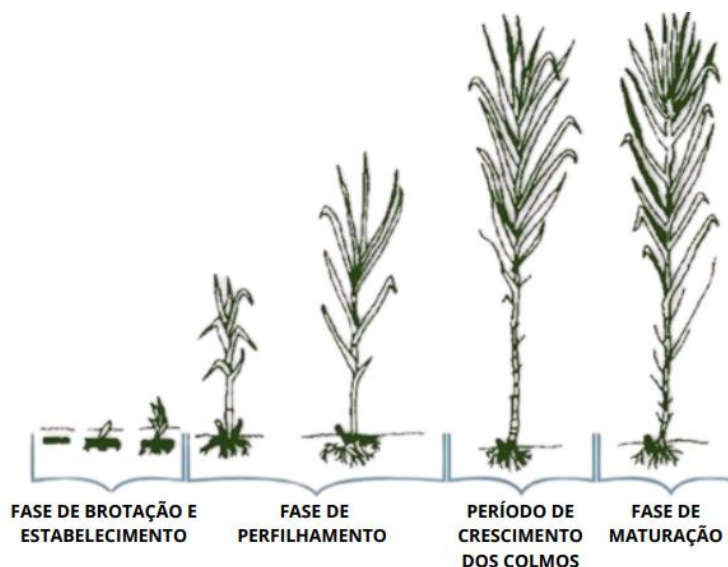


Figura 1. Fases do desenvolvimento da cana-de-açúcar. **Fonte:** EMBRAPA (2022).

Tabela 1. Duração do ciclo da cana-de-açúcar em função do planejamento da época de plantio.

TIPO DE CANA	DURAÇÃO DOS CICLOS
Cana de ano e meio	14 a 22 meses
Cana de ano	12 meses
Cana soca	12 meses
Cana de inverno	12 a 16 meses

Fonte: Gascho e Shih (1983) citado por Embrapa (2022).

Na cana-de-açúcar, os termos "cana planta" e "cana soca" são comuns no manejo da cultura. "Cana planta" é o primeiro ciclo da cultura, colhido entre 12 e 18 meses após o plantio, dependendo da variedade e do manejo adotado. Após essa colheita, ocorre a brotação natural, dando origem à "cana soca", que permite nova colheita sem replantio (DA SILVA, 2020).

O sistema de ano e meio é um método de cultivo da cana-de-açúcar em que o plantio ocorre entre janeiro e março. A planta inicia seu desenvolvimento, mas desacelera com a seca e o inverno (abril a agosto). Depois, retoma o crescimento até abril do ano seguinte, acumulando sacarose durante a maturação, totalizando um ciclo de 16 a 18 meses (AIRES, 2024).

De acordo com Bertolani et al., (2015), na classe A (ambiente A), encontram-se os solos com maior potencial para o desenvolvimento e a produtividade da cana; já os da classe B (ambiente B) apresentam um potencial inferior ao da classe A, e essa tendência continua até a classe E (ambiente E), que engloba os solos com menor potencial. Definido as classes de potencial de produção, denominados de ambientes de produção (A, B, C, D e E) foram determinadas as faixas de produtividade da cana-de-açúcar para cada ambiente (Figura 2).

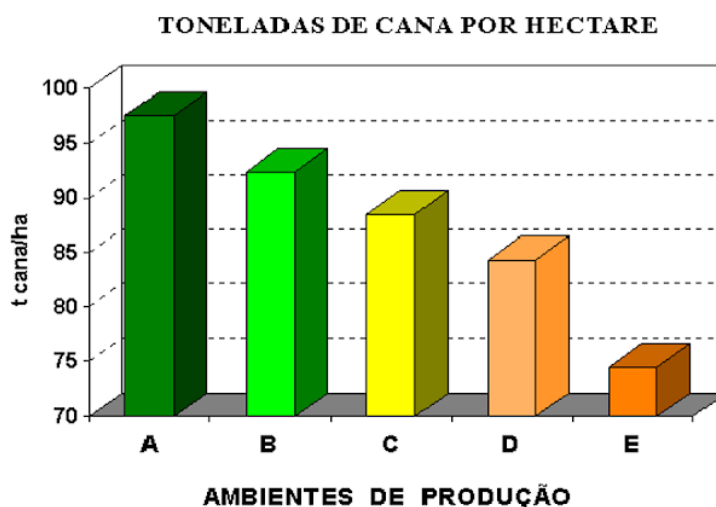


Figura 2. Ambientes de produção para cana-de-açúcar. **Fonte:** BERTOLANI et al., (2015).

A categorização dos ambientes de produção tem se mostrado extremamente útil na gestão agrícola, pois através dessa análise é viável obter produtividades elevadas, sem desconsiderar a sustentabilidade. Isso se deve ao fato de que sua aplicação resulta em práticas de conservação do solo, favorecendo uma das qualidades desejadas em canaviais: a durabilidade das plantas (ARANTES, 2016).

A disponibilidade de água é um fator determinante para o desenvolvimento da cultura. O estresse hídrico na cana-de-açúcar pode causar tanto efeitos visíveis quanto não visíveis

(Figura 3). Os efeitos mais evidentes tendem a ocorrer quando o estresse se prolonga, como em períodos extensos de estiagem. Contudo, a adoção de estratégias como a restrição hídrica em fases menos sensíveis do ciclo da planta, aliada ao uso de cultivares tolerantes à seca, permite a redução dos custos com irrigação sem comprometer a produtividade da cultura (SANTOS et al., 2019).

Segundo Batista et al., (2015), a escolha adequada de variedades e o manejo cultural são estratégias importantes para reduzir os efeitos do déficit hídrico na cana-de-açúcar. Selecionar cultivares mais tolerantes à seca, adaptadas ao ambiente, contribui para melhor uso da água e maior produtividade.



Figura 3. Efeitos do déficit hídrico. **Fonte:** Alexandrius de Moraes Barbosa (2021).

2.2. Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar

Os estudos de melhoramento genético têm como objetivo conduzir cruzamentos planejados, selecionando os cultivares com melhores desempenhos nas características almejadas (SIMA, 2022). Os programas de melhoramento genético têm se dedicado à construção de cenários de médio e longo prazo compatíveis com o ciclo de desenvolvimento tecnológico da cultura. As cultivares resultantes de seleções regionais são adaptadas às condições edafoclimáticas específicas, proporcionando ganhos expressivos em produtividade e desempenho, especialmente em regiões que anteriormente recebiam menor atenção no processo de inovação agrícola (LANDELL; BRESSIANI, 2010).

No país, existem três principais programas dedicados ao melhoramento genético da

cana-de-açúcar: a Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA (parte do antigo Planalsucar – variedades RB), o Centro de Tecnologia Canavieira – CTC (anteriormente conhecido como Centro de Tecnologia Copersucar – variedades SP) e o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e a CanaVialis (NOVACANA, 2023).

Segundo Araldi et al., (2010) no Brasil, o Nordeste é um grande polo no desenvolvimento de genótipos devido suas condições ideais para florescimento, pois o melhoramento genético inicia-se com a geração de novas combinações genéticas (população base), que resulta da polinização cruzada de parentais previamente selecionados (Figura 4). Os cruzamentos ocorrem nas Estações de Hibridação, uma vez que a cana-de-açúcar necessita de condições específicas de fotoperíodo para que ocorra a floração fotoperíodo, altitude, além de temperaturas adequadas para a produção de sementes que sejam férteis.



Figura 4. Ilustrações e procedimentos de hibridação da cana-de-açúcar na Estação de Floração e Cruzamento Serra do Ouro da Ridesa, Murici (AL). Fonte: DINARDO-MIRANDA, L. L. et al., 2015.

Legenda: (A) cruzamento do tipo bi-parental; (B) Cruzamento tipo multi-parental; (C) Panículas com espiguetas; (D) Amadurecimento das espiguetas; (E) espiguetas maduras.

Os cruzamentos podem ser do tipo bi-parental (BP), multi-parental específico (MPE) e multi-parental (MP) (LANDELL; SILVA, 2004) os cruzamentos do tipo bi-parental ocorre entre dois indivíduos específicos, que possuem características desejáveis, o cruzamento do tipo multi-parental específico ocorre quando um genitor é cruzado com vários outros genitores específicos, esse processo é usado para avaliar o desempenho de um genitor quanto a capacidade

de combinação, já o cruzamento multi-parental, ocorre entre vários genitores em diferentes combinações (MATSUOKA, 2009).

As sementes obtidas após os cruzamentos são semeadas para a produção de *seedlings* (plântulas), dando origem a geração F1 (LIMA, 2019). Na cultura da cana-de-açúcar o avanço de gerações não ocorre, pois após a geração F1, os genótipos são multiplicados por toletes dando origem a um clone. Após o seu desenvolvimento, passam por diferentes etapas de seleção (Figura 5) para identificar os melhores genótipos é necessário levar em condição diferentes características para avanço de um genótipo, isso está relacionado com as características desejadas no programa de melhoramento (MELO, 2014). Segundo Gazaffi (2010), existem características padrões na seleção de genótipos superiores, como, teor de sólidos solúveis (BRIX); teor de sacarose; diâmetro e número de colmos; teor de fibras; resistência ao acamamento; e florescimento, precocidade, resistência a pragas e doenças.

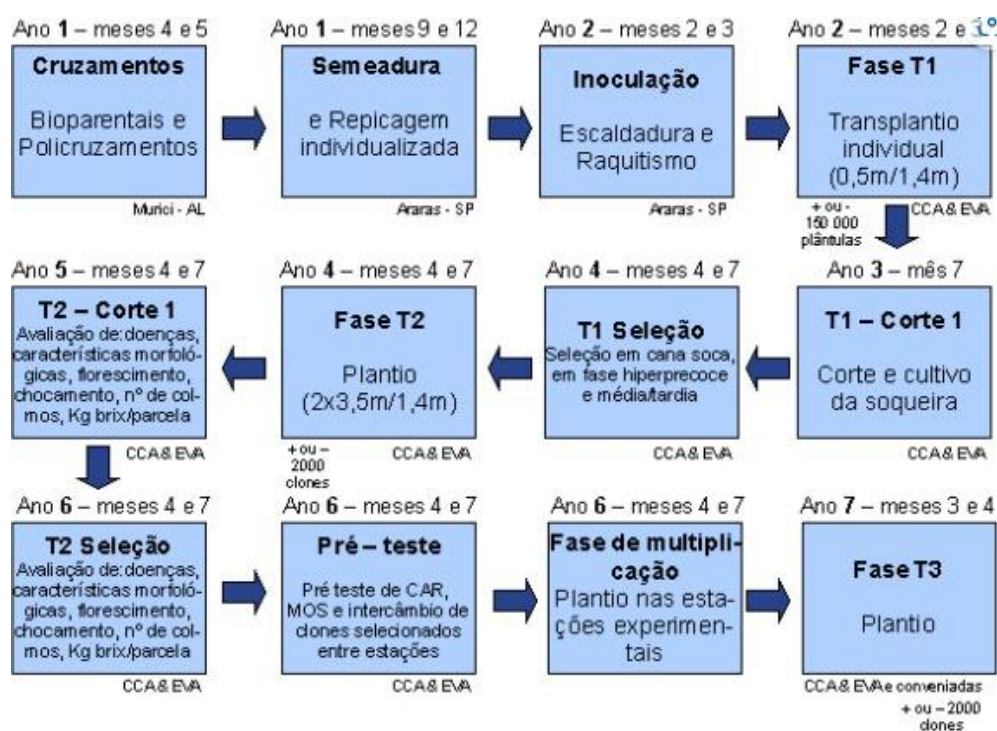


Figura 5. Fluxograma de etapas para produção de matérias genéticas realizado por programas de melhoramento de cana-de-açúcar. **Fonte:** Universidade Federal de São Carlos. Centro de Ciências Agrárias, 2008.

Legenda: T1: primeira fase de seleção de indivíduos com características desejáveis; T2: segunda fase de seleção; T3: terceira fase de seleção; FE: fase experimental, onde o material é levado a campo; FM: fase de multiplicação, o material selecionado é propagado para ter aumento de material para teste; CM: curva de maturação; CCA: Centro de Ciências Agrárias; EVA: Estação Experimental de Valparaíso; CAR: Carvão; CBP: complexo broca-podridão; ESC: escaldadura-das-folhas; ESV: estrias-vermelhas; FER: ferrugem; MOS: mosaico; NEM: Nematoides; RAQ: raquitismo-da-soqueira.

Seguindo o melhoramento genético convencional uma variedade de cana de açúcar leva de 10 a 15 anos para ser criada (COLLARES, 2009). De acordo com o Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA, 2024), existem 244 cultivares de cana-de-açúcar registradas no

Brasil, englobando variedades como RB (82), CTC (43), SP (33), IAC (38) e outras (48). No Brasil existem apenas duas variedades de Cana-de-açúcar geneticamente modificadas aprovadas para cultivo: CTC20Bt e CTC9001bt (CONFEDERAÇÃO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA DO BRASIL, 2017). Ambas desenvolvidas pelo Centro de tecnologia canavieira (CTC).

2.3. Interação Genótipos por Ambientes

A interação genótipos por ambiente (GA) indica alteração no desempenho dos genótipos, quando submetidos a diferentes ambientes (BORÉM et al., 2017). De acordo com Bernardo (2010), o ambiente é composto por um conjunto de características que afetam a manifestação fenotípica de um indivíduo e pode ser classificado em duas escalas: microambiente e macroambiente. Essa variação é observada quando os experimentos são realizados em lugares e épocas agrícolas diferentes, onde cada situação pode influenciar de maneira constante o aumento ou a diminuição do fenótipo.

Na relação entre genótipos e ambiente, podem ocorrer três cenários: primeiro, a ausência de interação, onde tanto a classificação dos genótipos quanto o tamanho entre eles permanecem inalterados; segundo, a interação simples, que se caracteriza por uma mudança significativa no tamanho dos fenótipos, sem alterar a classificação; e, por último, uma interação complexa, onde há uma significativa alteração na disposição dos genótipos, podendo ou não refletir uma modificação na magnitude entre eles (BERNARDO, 2010).

Estudar a adaptabilidade e a estabilidade dos genótipos é uma forma de entender como eles se comportam diante das mudanças do ambiente. Esse tipo de análise ajuda os melhoristas a identificar quais genótipos conseguem ter um bom desempenho em vários locais e em diferentes condições ambientais (HOOGERHEIDE et al., 2007).

A adaptabilidade está ligada à capacidade de um genótipo reagir de forma positiva quando o ambiente melhora. Já a estabilidade se refere à habilidade de manter um comportamento constante, mesmo quando ocorrem variações ambientais, ou seja, o genótipo mantém suas características e o equilíbrio genético mesmo diante das mudanças (CRUZ et al., 2014). Existem vários métodos para analisar esses aspectos, principalmente quando os genótipos são testados em ambientes diferentes e ocorrem interações entre o genótipo e o ambiente (GA). A escolha do método mais adequado vai depender de fatores como a quantidade de ambientes avaliados, os dados disponíveis, a precisão necessária e o tipo de informação que se deseja obter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2.4. REML/BLUP

Segundo Bernardo (2010), dados de desempenho de estágios iniciais de seleção de genótipos em um programa de melhoramento são geralmente desbalanceados. Entretanto, com os avanços das pesquisas em estatística genética, surgiram novas ferramentas para estimar com mais precisão os valores genotípicos das plantas (BORGES et al., 2010).

Entre essas inovações, destaca-se a metodologia de modelos mistos, conhecida como REML/BLUP (SANTOS et al., 2021). Dessa forma, Arantes (2013), confirma em seus trabalhos que o REML/BLUP é o procedimento ideal de estimação de componentes de variância em pesquisas que possuem dados desbalanceados. O método REML (*Restricted Maximum Likelihood*) permite estimar os componentes de variância que, por sua vez, são fundamentais para calcular os parâmetros genéticos. Já o BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) utiliza esses parâmetros para prever os valores genotípicos de forma precisa e confiável (RODRIGUES et al., 2013).

Um dos grandes desafios no melhoramento genético é conhecer com precisão o valor genético dos indivíduos, o que é essencial para realizar uma seleção mais acurada dos indivíduos de diferentes populações. Para isso, é fundamental que os componentes de variância e os parâmetros genéticos sejam estimados com exatidão (GOMES JÚNIOR et al., 2015). Nesse contexto, a metodologia REML/BLUP tem se mostrado uma aliada poderosa aos melhoristas, contribuindo para uma seleção mais assertiva e promovendo ganhos genéticos significativos em diversas culturas (SANTOS et al., 2021).

Para complementar as estatísticas o mapa de calor, surge como uma excelente ferramenta gráfica, pois apresentam os dados em uma matriz colorida, facilitando a identificação de padrões e tendências nos dados fenotípicos. No melhoramento de plantas, os mapas de calor são úteis para ilustrar os resultados da interação genótipos por ambientes, expondo os genótipos com desempenho estável ou superior em diferentes ambientes (BARTER e YU, 2015).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Descrição das Áreas Experimentais

Para a condução desse estudo foram considerados nove ambientes edafoclimáticos, que são caracterizados por diferentes tipos de solo e clima, os ambientes foram definidos a partir da Fase experimental (FE) do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de- açúcar, cedidos pela Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético da Universidade Federal de São Carlos (RIDESA/UFSCar). Os ambientes foram formados a partir de quatro locais experimentais que estão identificados na Tabela 2, manejados com dois ciclos de cortes, com exceção do ambiente A1 onde foram realizados três cortes. Dessa forma, considerou-se nove ambiente, que possibilitaram a análise de interação de genótipo por ambiente.

Tabela 2. Identificação dos ambientes experimentais utilizados no estudo, com os respectivos locais, cidade, estado, latitude, longitude, corte e a data do corte.

Ambiente (A)	Locais	Cidade - Estado	Lat - Log	Corte - Data
A1	Adecoagro	Ivinhema - MS		1 - 03/04/2024
A2	Adecoagro	Ivinhema - MS	-22°18'17"	2 - 22/06/2024
A3	Adecoagro	Ivinhema - MS	-53°48'55"	3 - 14/11/2024
A4	Estrela do Oeste	Estrela do Oeste - SP	-20°17'16"	1 - 13/08/2024
A5	Estrela do Oeste	Estrela do Oeste - SP	-50°24'03"	2 - 16/09/2024
A6	Santa Luzia	Nova Alvorada do Sul - MS	-21°27'57"	1 - 05/06/2024
A7	Santa Luzia	Nova Alvorada do Sul - MS	-54°23'02"	2 - 11/09/2024
A8	Santa Helena	Nova Andradina - MS	-22°13'58"	1 - 04/06/2024
A9	Santa Helena	Nova Andradina - MS	-53°20'34"	2 - 28/08/2024

Fonte: Locais (RIDESA/UFSCar); Latitude, Longitude, Altitude (Google Earth, 2025).

A caracterização climática das regiões onde os experimentos agrícolas são conduzidos é essencial para compreender a influência das variáveis meteorológicas sobre o desempenho agrônomo dos genótipos avaliados. Para tanto, foram elaborados climogramas mensais com dados médios de temperatura mínima, máxima e precipitação para as cidades de Ivinhema, Estrela do Oeste, Nova Alvorada do Sul e Nova Andradina (Figura 6).

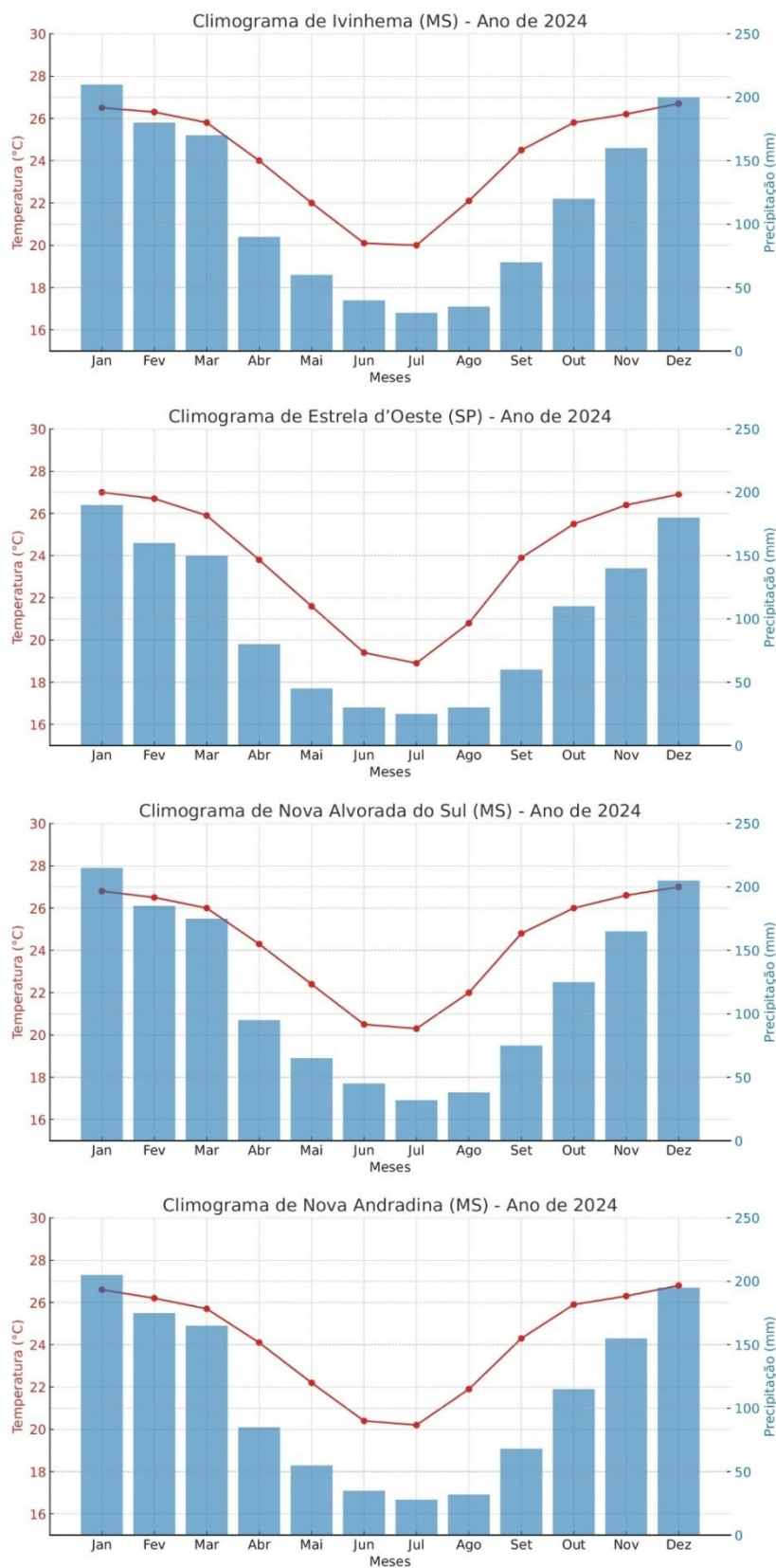


Figura 6. Valores médios mensais de temperatura mínima (°C), temperatura máxima (°C) e precipitação (mm) durante o período de janeiro a dezembro de 2024. **Fonte:** (INMET, 2025); (CPTEC/INPE, 2025).

A análise climática das cidades de Ivinhema, Nova Andradina, Nova Alvorada do Sul (MS) e Estrela do Oeste (SP) revela um padrão típico do clima tropical com estação seca (Aw), conforme a classificação de Köppen. Esse tipo climático apresenta verões quentes e chuvosos, com destaque para os meses de dezembro a fevereiro, e invernos mais secos e amenos, especialmente entre junho e julho (ALVARES et al., 2013).

As temperaturas médias ao longo do ano variam entre 18,9 °C e 27,0 °C, mantendo-se elevadas, o que favorece o desenvolvimento de culturas tropicais. Em termos de precipitação, a média anual varia de 1.200 mm em Estrela do Oeste a 1.425 mm em Nova Alvorada do Sul, indicando uma leve diferença entre as localidades, atribuída a fatores como latitude, altitude e atuação de massas de ar (PEREIRA et al., 2002).

3.2. Material Genético

Para a realização desse trabalho foram utilizados os dados da fase experimental (FE) do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar cedidos pela RIDESA/UFSCar. Foram avaliados 35 genótipos de cana-de-açúcar, sendo 28 clones e 7 cultivares comerciais, os mesmo estão identificados da seguinte forma: G1 até G28 são clones e do G29 até G35 são cultivares comerciais.

3.3. Instalações e Condução da Áreas Experimentais

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados (DBC), com três repetições, as parcelas foram compostas por 4 sulcos com 12 metros de comprimento, espaçados entre si por 1,50 metro, totalizando aproximadamente 25 plantas por parcela.

O preparo do solo nas áreas experimentais foi realizado de forma mecanizada, com antecedência de 90 dias em relação ao plantio. Inicialmente, foi realizada a aplicação de corretivos como calcário e gesso agrícola, prática indicada para a correção da acidez e melhoria da estrutura do solo (RAIJ et al., 2001). Na sequência, procedeu-se à mobilização do solo utilizando uma grade aradora do tipo Baldan Cri-R com 20 discos, em uma única passada, visando à descompactação e homogeneização do perfil.

Todos os manejos relacionados ao preparo do solo e fitossanitários foram executados pela equipe técnica das respectivas áreas onde o estão localizados os experimentos, mantendo-se as mesmas práticas utilizadas nas áreas comerciais. Segundo Mialhe (2012), o plantio da cana de açúcar define a produtividade, se torna necessário correlacionar o manejo do solo,

escolha da variedade, controle de pragas e doenças, irrigação e nutrição. Sendo esses os manejos padrões para o sucesso da cultura.

3.4. Avaliação dos Clones de Cana-de-açúcar

Após cada colheita foram estimadas as toneladas de colmos por hectare (TCH) dos 35 clones de cana-de-açúcar, por meio da massa de 30 canas, obtidas a partir do corte de três feixes com 10 canas e pesando os feixes individualmente com uma balança de mão. Posteriormente, foi obtido a tonelada de colmos para um hectare. Para isto utilizou-se a fórmula descrita por Zambon e Daros (2005).

$$TCH = (P10C/10) \times (NCP/10) \times (10000) / (E) / (1000)$$

Em que:

P10C: massa de 10 colmos (kg);

NCP: número de colmos na parcela;

E: espaçamento entre linhas.

Já para o cálculo de açúcares totais recuperáveis (ATR) foi seguido o procedimento laboratorial padrão para determinação da quantidade de sacarose disponível para produção de açúcar e etanol (Figura 7). Para isso, a cana é coletada no campo, e levado amostras ao laboratório, onde são moídas e trituradas por um desintegrador mecânico, e são homogeneizadas, após isso passam pelo processo de prensagem, onde é separado a fibra do caldo. O caldo é extraído e passa por testes químicos para determinar impurezas e açúcares redutores, açúcares redutores e impurezas, utilizando métodos como polimetria e espectrofotometria para garantir precisão nos resultados. Com base nos valores obtidos, o ATR é calculado por meio de coeficientes específicos que relacionam a quantidade de açúcar disponível à massa da cana processada (BARBOSA; TIRITAN, 2023).

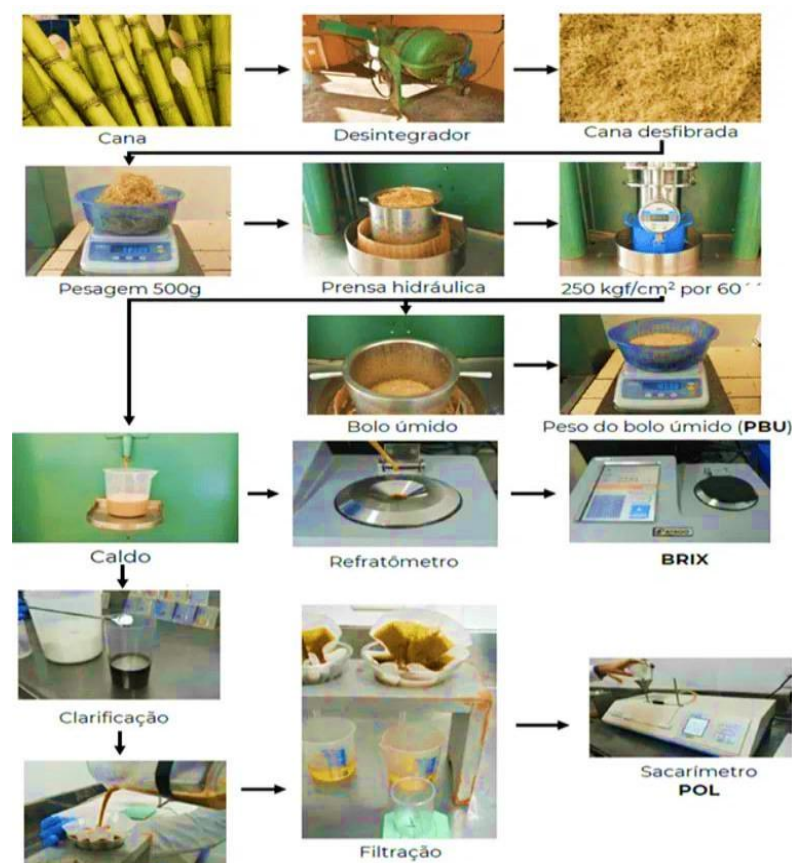


Figura 7. Análise tecnológica da cana-de-açúcar. **Fonte:** ALCARDE (2023).

Para realizar o cálculo de ATR (Açúcares Totais Recuperáveis) a fórmula amplamente utilizada no setor sucroenergético brasileiro para o cálculo, essencial para determinar o valor comercial da cana-de-açúcar, principalmente nos sistemas de pagamento por qualidade. A equação reflete os coeficientes industriais médios brasileiros para a extração e conversão da sacarose e açúcares redutores em açúcares totais recuperáveis (CONSECANA, 2006).

$$\text{ATR} = 10 \times \text{PC} \times 0,915 \times 1,05263 + 10 \times \text{ARC} \times 0,915$$

Onde:

PC: pol por tonelada de cana.

0,915: coeficiente de recuperação, para uma perda industrial de 8,5%.

1,05263: coeficiente estequiométrico para a conversão da sacarose em açúcar.

ARC: açúcares redutores por tonelada de cana.

10: é um fator de escala para expressar o valor em kg de ATR por tonelada de cana.

3.5. Análise Estatística

Para a análise estatística dos dados, foi adotada a metodologia de modelos lineares mistos, utilizando o método da *Restricted Maximum Likelihood* em conjunto com *Best Linear Unbiased Prediction* (REML/BLUP), com base no seguinte modelo:

$$y = Xb + Zg + Wc + e$$

Nesse modelo, y representa o vetor de observações, enquanto “ b ”, “ g ” e “ c ” correspondem, respectivamente, aos efeitos fixos (médias de blocos entre os ambientes), efeitos dos genótipos e da interação genótipos por ambientes, ambos considerados aleatórios. Já “ e ” representa os erros aleatórios. As matrizes X , Z e W são as matrizes de incidência que ligam cada um desses efeitos às observações (RESENDE, 2016).

A partir do modelo ajustado, foram estimados os principais parâmetros genéticos utilizados em programas de melhoramento, como variância genotípica (V_g), variância residual (V_e), variância fenotípica (V_f), herdabilidade no sentido amplo (h^2), coeficiente de variação genotípico (CV_g) e acurácia da seleção. Esses indicadores são fundamentais para entender a consistência das diferenças observadas entre os genótipos e avaliar seu potencial de seleção com maior segurança.

A seleção dos genótipos mais promissores foi feita com base nas estimativas de BLUP, um dos métodos mais eficientes para prever o valor genético real de cada material, mesmo quando testados em múltiplos ambientes. Nessa abordagem, os genótipos são tratados como variáveis aleatórias, o que permite uma análise mais realista e alinhada às condições encontradas no campo (BERNARDO, 2010).

Como forma de integrar todas as informações e facilitar a visualização dos dados, foi construído um mapa de calor (*heatmap*), que agrupou os genótipos com base na similaridade de desempenho em diferentes características agronômicas. Essa representação gráfica foi essencial para observar padrões e apoiar a seleção de materiais superiores com base em múltiplos critérios simultaneamente (FERREIRA et al., 2020).

Todas as análises foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2024), com o uso dos pacotes *metan* (OLIVOTO e LÚCIO, 2020), voltado para melhoramento genético (BATES et al., 2015), indicado para ajustes de modelos mistos. Esses pacotes permitiram conduzir a análise de forma segura, precisa e com alto nível de confiança estatística.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de *Deviance*

A análise de *deviance* (Tabela 3) realizada para as variáveis toneladas de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) evidenciou a significância estatística de todas as fontes de variação avaliadas. Os efeitos principais de genótipos (G) e as interações genótipos por ambientes (GA) foram altamente significativos para ambas as características ($p \leq 0,01$), o que indica a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, bem como influência do ambiente no desempenho dos genótipos.

Tabela 3. Análise de deviance para tonelada de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) de 35 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 9 ambientes.

Variável	Modelo	logLik	AIC	LRT	Df	Pr(>Chisq)
TCH	G	-2562,57	5183,15	9,73	1	0,0018
TCH	GA	-2572,4	5202,8	29,38	1	0
ATR	G	-2221,15	4500,29	44,16	1	0
ATR	GA	-2280,14	4618,28	162,15	1	0

Legenda: **G:** Genótipo; **GA:** interação Genótipos por Ambientes; **logLik:** logaritmo de verossimilhança; **AIC:** Critério de Informação de Akaike; **LRT:** Teste de Razão de Verossimilhança; **Pr(>Chisq):** Valor de p.

Essa variabilidade entre os 35 genótipos de cana-de-açúcar é fundamental para o sucesso de programas de melhoramento genético, pois fornece base para a seleção de materiais superiores quanto à produtividade (MATIUSSE et al., 2023).

Resultados similares foram observados para a variável ATR, em que o efeito de genótipos foi altamente significativo (LRT = 44,16; $p \leq 0,0001$), confirmando diferenças genéticas quanto ao teor de açúcar recuperável entre os 35 genótipos analisados, sendo eles 28 clones que compõem a FE e 7 cultivares comerciais utilizadas como testemunhas. Além disso, a interação GA apresentou LRT = 162,15 e $p \leq 0,0001$, sendo a mais expressiva entre os fatores avaliados. Isso evidencia uma forte influência do ambiente sobre o acúmulo de açúcares nos colmos, e reforça a importância da condução de ensaios experimentais em diferentes locais e anos para uma recomendação mais assertiva de genótipos (CARDOSO et al., 2023).

4.2. Parâmetros Genéticos

A análise dos parâmetros genéticos de 35 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes (Tabela 4) evidenciou diferenças marcantes entre os caracteres tonelada de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR). A estimativa de herdabilidade individual para TCH foi de apenas 0,07, enquanto para ATR foi de 0,30. Esse contraste revela que a variação fenotípica de TCH é amplamente determinada por fatores ambientais, o que limita significativamente os ganhos genéticos pela seleção. Em contrapartida, a herdabilidade moderada para ATR indica maior controle genético, favorecendo sua utilização como critério principal em programas de melhoramento (FERREIRA et al., 2018; SILVA et al., 2020).

Tabela 4. Estimativas de parâmetros genéticos para tonelada de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) de 35 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 9 ambientes.

Parâmetros genéticos	TCH	ATR
Variância fenotípica	305,87	148,59
Herdabilidade (h^2)	0,07	0,30
Acurácia	0,76	0,92
Coeficiente de variação genotípico (CVg)	4,32	4,69
Coeficiente de variação residual (CVr)	13,74	4,71
Razão (CVg/CVr)	0,31	1,00

A acurácia dos valores preditos reforça esse cenário, os valores foram de 0,76 para TCH e 0,92 para ATR, fornecendo dados mais confiáveis nas estimativas genéticas do segundo caráter. Essa diferença demonstra que a seleção por ATR se torna mais viável no critério de seleção direta, já que altos valores de acurácia garantem maior correlação entre valores preditos e verdadeiros (LIMA et al., 2019; PEREIRA e SOUZA, 2021).

Os coeficientes de variação genotípico (CVg) foram próximos (4,32% para TCH e 4,69% para ATR), evidenciando variação genética intrínseca semelhante entre os caracteres. Contudo, o coeficiente de variação residual (CVr) foi consideravelmente superior para TCH (13,74%) em comparação a ATR (4,71%). Essa diferença resulta em uma razão CVg/CVr de 0,31 para TCH e 1,00 para ATR, demonstrando uma forte influência ambiental sobre TCH e, por outro lado, uma contribuição ambiental mais moderada no caso do ATR. Tais resultados dificultam a detecção de diferenças genéticas reais entre os genótipos para TCH, enquanto favorecem a seleção para ATR.

Estudos anteriores como confirmam essa tendência, características com herdabilidade

moderada a alta, como ATR, tendem a apresentar melhor resposta à seleção, mesmo sob influência ambiental, ao passo que características de baixa herdabilidade, como TCH, sofrem maior interferência de GA e exigem abordagens mais robustas para ganhos genéticos expressivos (FERREIRA et al., 2018). O estudo de Melo et al., (2009), evidenciou que coeficientes de herdabilidade elevada indicam predominância do comportamento genético sobre o ambiental, confirmando assim a tendência observada na análise.

Com base nos dados analisados, é possível afirmar que a seleção para ATR é mais favorável para o programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar e, vigência. O carácter apresenta herdabilidade superior, maior acurácia preditiva, menor sensibilidade a efeitos ambientais e menor intensidade de interação GA. Já para TCH, a baixa herdabilidade e a alta influência ambiental indicam a necessidade de estratégias complementares, como a padronização de ambientes experimentais, seleção assistida por características correlacionadas ou ainda o uso de modelos específicos que considerem a GA (FERREIRA et al., 2018; SILVA et al., 2020).

Para facilitar a visualização dos genótipos mais promissores quanto a TCH e ATR, foi construído um mapa de calor (*heatmap*) com base nos valores de BLUP médio. Essa ferramenta gráfica permite identificar, de forma clara, os genótipos que frequentemente ocupam posições de destaque em ambos os critérios de seleção. A intensidade das cores indica a frequência com que cada genótipo aparece entre os dez primeiros colocados para TCH e ATR, permitindo uma análise rápida da consistência e da estabilidade de desempenho. A Figura 8 e a Figura 9 destaca os genótipos com maior potencial agrônômico e estabilidade para a região de estudo.

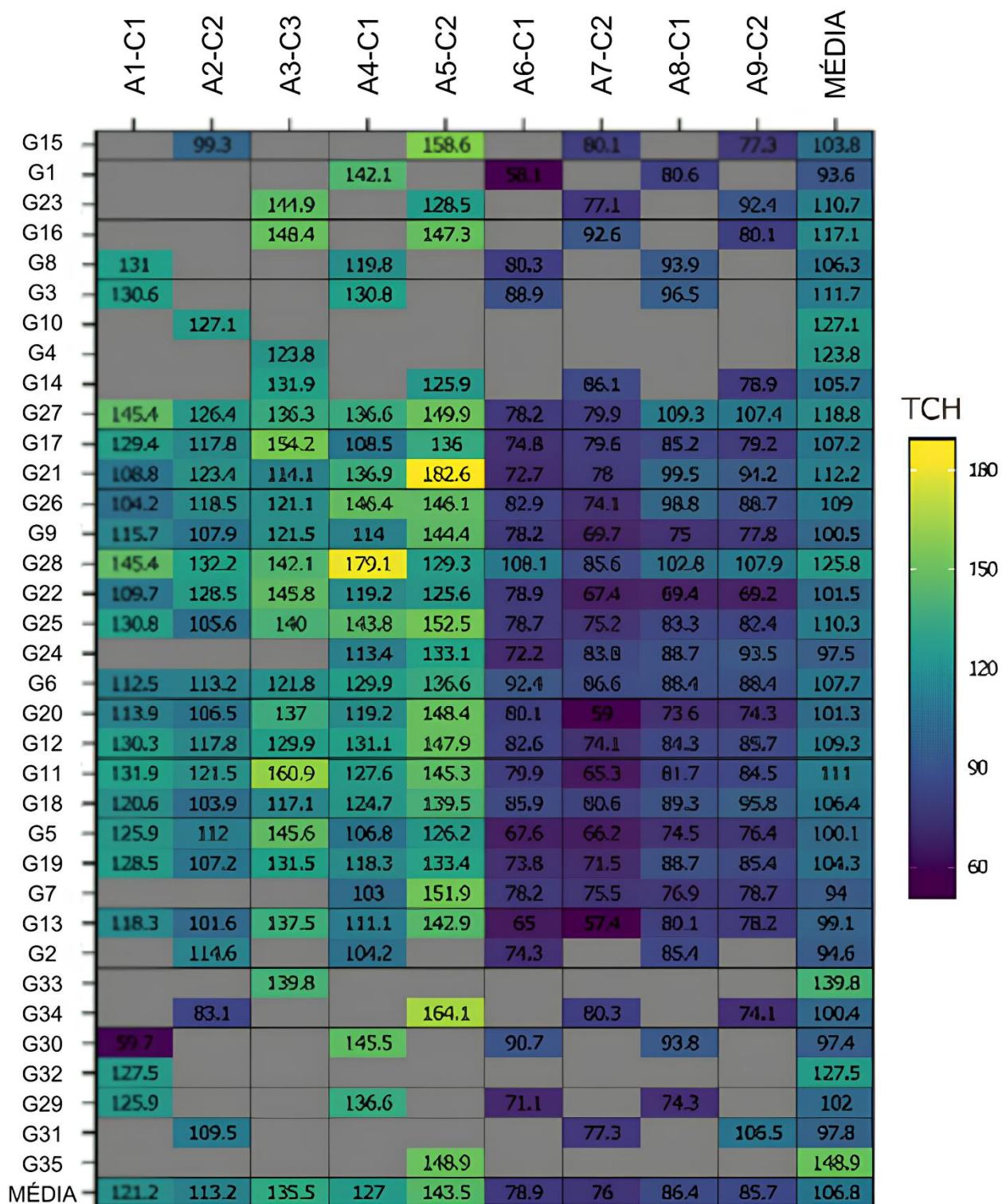


Figura 8. Mapa de calor correspondente às médias de tonelada de colmo por hectare (TCH) de 35 clones de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes.

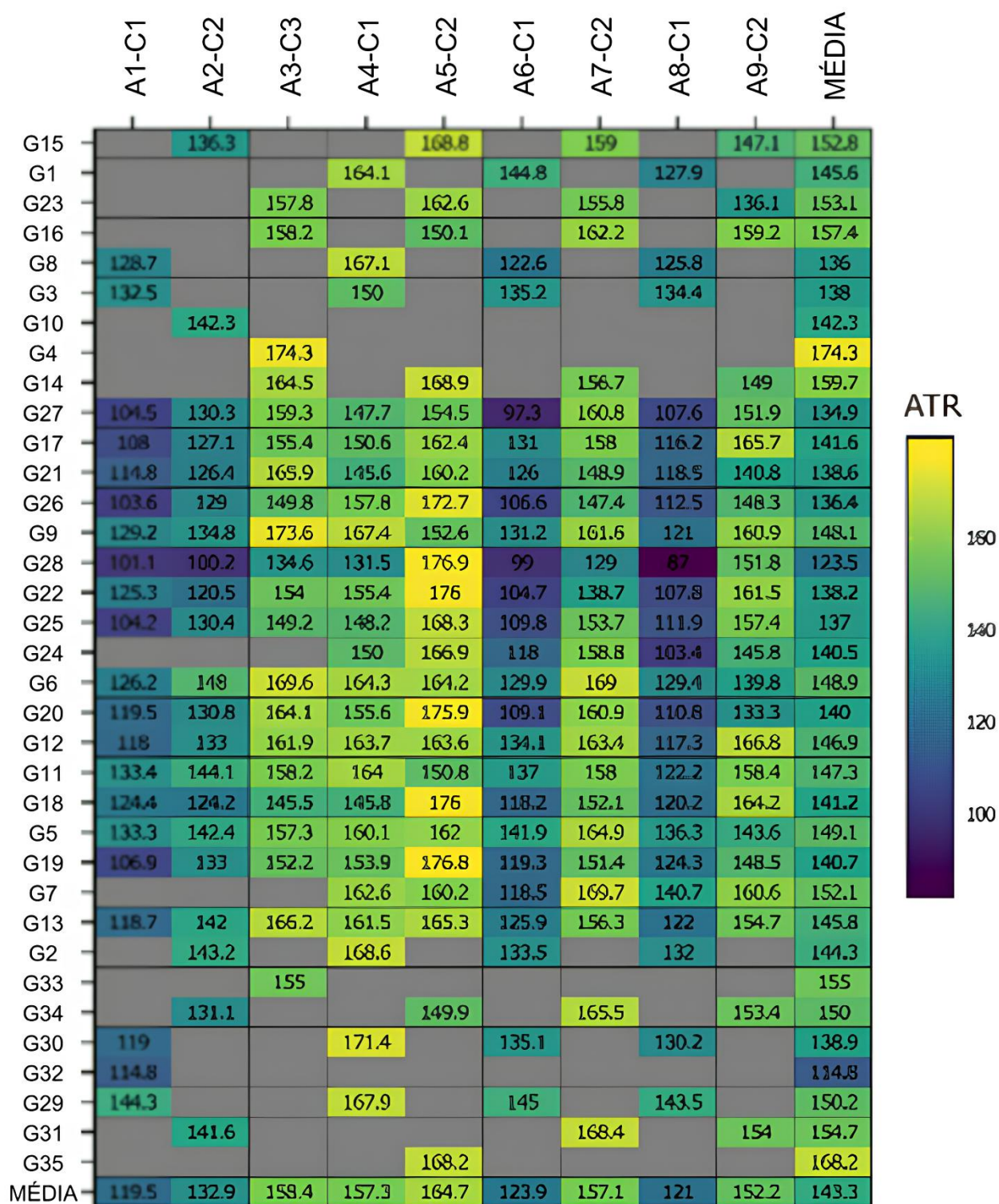


Figura 9. Mapa de calor correspondente às médias de açúcar total recuperável (ATR) de 35 clones de cana-de-açúcar avaliados em nove ambientes.

Com relação aos resultados médios apresentados no mapa de calor para tonelada de colmo por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) de 35 genótipos de cana-de-açúcar

avaliados em 9 ambientes (Figura 8 e Figura 9), observa-se que o clone G28 lidera a produção de colmo, seguido por G27 e pela variedade G3. A variação entre os clones para TCH vai de 117.38 a 101.99, mostrando diferenças significativas na produtividade de colmo. Já para variável ATR a variedade G29 apresenta o melhor desempenho em ATR, seguido por G1 e G2. Observa-se que, embora alguns clones sejam destacados em ambos os rankings, há discrepâncias. Por exemplo, G28 tem excelente TCH, mas está em uma posição inferior para ATR, sugerindo alta produtividade de colmo, mas menor potencial de açúcar.

Clones como G28, G27 e G12 aparecem frequentemente entre os melhores para TCH, o que sugere que são materiais promissores para alta produtividade. Já para ATR, clones como G9, G11 e G12 são os mais recorrentes, indicando boa qualidade de açúcar. Além disso, G12 aparece seis vezes em ambos os rankings, sendo um clone equilibrado para produtividade e qualidade. Esse material pode ser um candidato ideal para recomendações comerciais, dependendo da estabilidade de seu desempenho em diferentes ambientes.

Os resultados destacam a importância de um critério de seleção equilibrado, pois nem sempre os clones mais produtivos em TCH são os de maior qualidade em ATR. Dessa forma, a escolha do material a ser recomendado deve considerar tanto a produtividade total quanto a qualidade da matéria-prima. Se o objetivo for maximizar TCH, clones como G28, G27 e G12 são os mais indicados. Se o foco for ATR, clones como G9, G11 e G12 devem ser priorizados. Se o critério for um equilíbrio entre TCH e ATR, clones como G12 e G26 são as melhores opções.

5. CONCLUSÃO

A avaliação dos clones de cana-de-açúcar em nove ambientes distintos mostrou que o desempenho dos genótipos varia consideravelmente conforme as condições locais. Essa variação reforça a importância de considerar o ambiente na seleção, já que alguns clones foram altamente produtivos em certos locais, mas tiveram desempenho inferior em outros.

Clones como G28 e G27 se destacaram pela alta produtividade (TCH), enquanto G11, G12 e G29 apresentaram melhores resultados em qualidade (ATR). O clone G12 teve desempenho equilibrado nas duas características e boa estabilidade entre os ambientes, sendo uma excelente opção para recomendação comercial. Esses resultados mostram que a escolha de clones deve levar em conta tanto o potencial genético quanto a adaptação às diferentes condições de cultivo.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AIRES, A. **Sistema de ano e meio na cana-de-açúcar: vantagens e manejo**. Embrapa, 2024. Disponível em: (<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/cana/producao/manejo/plantio>). Acesso em: 7 maio. 2025.
- ALVARES, C. A. et al. **Köppen's climate classification map for Brazil**. Meteorologische Zeitschrift, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2013. Disponível em: (<https://repositorio.usp.br/item/002465193>). Acesso em: 25 jun. 2025.
- ARANTES, M. T. **Categorização de ambientes de produção de cana-de-açúcar: uma ferramenta para sustentabilidade e produtividade**. Universidade Federal de Alagoas, 2016. Disponível em: (<https://www.canaonline.com.br/conteudo/como-funciona-a-metodologia-iac-em-relacao-aos-ambientes-de-producao-de-cana-de-acucar.html>). Acesso em: 7 jun. 2025.
- BARBOSA, M. H. P.; TIRITAN, C. S. **Impurezas vegetais na qualidade do bioetanol: avaliação cromatográfica de compostos do destilado obtido das variedades RB975201 e cana energia Vertex 3**. *Revista Citec*, v. 5, n. 2, 2023. Disponível em: (<https://publicacoes.fatecjaboticabal.edu.br/citec/article/download/426/302/2664>). Acesso em: 2 jun. 2025.
- BATES, D. et al. **Fitting linear mixed-effects models using lme4**. Journal of Statistical Software, v. 67, n. 1, p. 1–48, 2015. Disponível em: (<https://www.jstatsoft.org/article/view/v067i01>). Acesso em: 20 jun. 2025.
- BATISTA, R. O. et al. **Desempenho de cultivares de cana-de-açúcar em ambientes com déficit hídrico**. Revista Agro@mbiente, v. 9, n. 4, p. 402–409, 2015. Disponível em: (<https://revista.ufrb.br/agroambiente/article/view/3202>). Acesso em: 5 jun. 2025.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. Disponível em: (<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/doc/574868/1/Variabilidade-genetica-de-genotipos.pdf>). Acesso em: 20 maio 2025.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. Disponível em: (<https://apct.sede.embrapa.br/pab/article/view/7143>). Acesso em: 7 maio 2025.
- BERTOLANI, F. C. et al. **Caracterização de zonas de manejo obtidas a partir do mapa de solos para cana-de-açúcar**. UNICEP, 2015. Disponível em: (<https://repositorio.unicep.com.br/bitstreams/c2a9b6a6-b4b3-47cb-be6b-5e27c9987525/download>). Acesso em: 7 jun. 2025.
- BORÉM, A. et al. **Biotecnologia aplicada ao melhoramento de plantas**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2017. Disponível em: (<https://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/Capitulo%2017.pdf>). Acesso em: 5 jun. 2025.
- BORGES, V. D. S. et al. **Seleção genotípica de variedades de milho via metodologia de modelos mistos**. Scientia Naturalis, v. 3, n. 1, p. 133–147, 2021. Disponível em: (https://www.academia.edu/91391841/Sele%C3%A7%C3%A3o_genot%C3%ADpica_de_variedades_de_milho_via_metodologia_de_modelos_mistos). Acesso em: 7 jun. 2025.

BRASIL. Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB. **Boletim da safra de cana-de-açúcar 2018/2019**. Brasília: CONAB, 2018. Disponível em: (<https://www.gov.br/conab/pt-br>). Acesso em: 16 jun. 2025.

BROCHIER, R. et al. **A cana-de-açúcar no Brasil: perspectivas geográficas, históricas e ambientais**. Revista PQANP do IFSC, v. 2, n. 1, p. 89–103, 2016. Disponível em: (<https://ojs.ifsc.edu.br/index.php/eadifsc/article/download/3783/4818>). Acesso em: 10 jun. 2025.

CARDOSO, A. T. et al. **Dinâmica espectral da cana-de-açúcar a partir do índice de vegetação por diferença normalizada (NDVI)**. Anais do LII Congresso Brasileiro de Engenharia Agrícola – CONBEA, Ribeirão Preto, 2023. Disponível em: <https://conbea.org.br/anais/publicacoes/conbea-2023/anais-2023/geomatica-na-agricultura-geo/3560-dinamica-espectral-da-cana-de-acucar-a-partir-do-indice-de-vegetacao-por-diferenca-normalizada-ndvi/file>. Acesso em: 20 jun. 2025.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Safra 2024/25 de cana-de-açúcar encerra com produção estimada em 676,96 milhões de toneladas**. Brasília: CONAB, 2025. Disponível em: (<https://www.gov.br/conab/pt-br/assuntos/noticias/safra-2024-25-de-cana-de-acucar-encerra-com-producao-estimada-em-676-96-milhoes-de-toneladas>). Acesso em: 23 jun. 2025.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento. Boletim da Safra de Cana-de-Açúcar 2025/26 – 1ª estimativa**. Brasília: CONAB, 2025. Disponível em: <https://news.agropages.com/News/NewsDetail—53826.htm>. Acesso em: 15 jun. 2025.

CONFEDERAÇÃO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA DO BRASIL (CNA). **Relatório técnico sobre cultivares geneticamente modificadas de cana-de-açúcar**. Brasília: CNA, 2017. Disponível em: (<https://www.cnabrazil.org.br/>). Acesso em: 7 jun. 2025.

CONSECANA. **Manual de instruções**. 5. ed. Piracicaba: Conselho dos Produtores de Cana-de-Açúcar, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo, 2006. Disponível em: <https://unicadata.com.br/arquivos/pdfs/2012/01/5a990f3b31d6d242de6185434d6f1790.pdf>. Acesso em: 26 jun. 2025.

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. v. 2. Disponível em: (<https://www.editoraufv.com.br/produto/modelos-biometricos-aplicados-ao-melhoramento-genetico-vol-2-3-edicao/1109038>). Acesso em: 25 jun. 2025.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. v. 1. Disponível em: (<https://livraria.funep.org.br/product/modelos-biometricos-aplicados-ao-melhoramento-genetico-vol-1-4a-edicao/>). Acesso em: 20 jun. 2025.

DA SILVA, J. P. N. **Diferença entre cana-planta e cana-soca**. Portal Agriconline, 2020. Disponível em: (<https://agrimonline.com.br/porta/artigo/diferenca-entre-cana-planta-e-cana-soca/>). Acesso em: 15 jun. 2025.

DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2014. Disponível em: (<https://www.scielo.br/j/brag/a/H5PSdVgRLstKtBGdTLwptFR/>). Acesso em: 8 maio. 2025.

EMBRAPA. **Fenologia da cana-de-açúcar**. Agência Embrapa de Informação Tecnológica, 2022. Disponível em: (<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/cana/pre-producao/caracteristicas/fenologia>). Acesso em: 10 jun. 2025.

FAO – Food and Agriculture Organization. **Sugarcane for energy: height and biomass potential**. Roma: FAO, 2012. Disponível em: (<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1122475>). Acesso em: 7 jun. 2025.

FAO. **Food Outlook: Global output of key food commodity crops**. Roma: FAO, 2025. Disponível em: <https://www.fao.org/newsroom/detail/fao-food-outlook-global-output-of-key-food-commodity-crops-on-course-for-new-records>. Acesso em: 20 jun. 2025.

FARIAS NETO, J. T.; RESENDE, M. D. V. de. **Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (Bactris gasipaes)**. Revista Brasileira de Fruticultura, v. 23, n. 2, p. 320–324, 2001. Disponível em: (<https://www.scielo.br/j/rbf/a/47qGMHNJ36Tp6g7gZ87NmNF/?format=pdf>). Acesso em: 25 maio. 2025.

FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. Lavras: UFLA. Disponível em: <https://des.ufla.br/~danielff/meusarquivospdf/prefacioem.pdf>. Acesso em: 10 de jun. de 2025)

FERREIRA, F. M. et al. **Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar**. Bragantia, Campinas, v. 77, n. 3, p. 420–428, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/vwTQpJJngKTMwxgQBJVxPmk/?format=pdf>. Acesso em: 20 maio. 2025.

FREITAS, I. L. J. et al. **Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 48, n. 11, p. 1461–1467, 2013. Disponível em: (<https://www.scielo.br/j/pab/a/LbtKNXsb6dQyD3XdzhSSGHj/?format=html>). Acesso em: 10 jun. 2025.

GOMES JÚNIOR, R. A. et al. **Características vegetativas na fase juvenil de híbridos interespecíficos de caiaué com dendezeiro**. Revista de Ciências Agrárias, v. 58, n. 1, p. 1–10, 2015. Disponível em: (<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/1013340/1/juvenil2015.pdf>). Acesso em: 20 maio. 2025.

HEERDT, E. **Indução da embriogênese somática em cana-de-açúcar**. 2008. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. Disponível em: (<https://locus.ufv.br/bitstreams/cb9f83dc-a4e3-4efd-ab18-ac0f80b503a3/download>). Acesso em: 25 maio. 2025.

HOOGERHEIDE, E. S. S. et al. **Estabilidade fenotípica de genótipos de algodoeiro no Estado do Mato Grosso**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 42, n. 5, p. 695–698, 2007. Disponível em: (<https://www.scielo.br/j/pab/a/t6TQymLWrhkcBJFHTzm7yBk/?format=pdf>). Acesso em: 25 jun. 2025.

HUANG, Y. et al. **Sugarcane as the main source of global sugar production**. In: BROCHIER, R. et al. **cana-de-açúcar no Brasil**. Revista PQANP do IFSC, v. 2, n. 1, p. 89–103, 2016. Disponível em:

(<https://ojs.ifsc.edu.br/index.php/eadifsc/article/download/3783/4818>). Acesso em: 14 jun. 2025.

LIMA, J. P. **Fermentação do bagaço da cana-de-açúcar: tecnologias de reaproveitamento de resíduos**. Anais do Congresso de Pesquisa, UEM, 2019. Disponível em: (<http://www.eaic.uem.br/eaic2019/anais/artigos/3775.pdf>). Acesso em: 7 jun. 2025.

LIMA, T. W. A. B. et al. **Estimativa da herdabilidade em sentido amplo de características de importância econômica em população comercial bi-parental de cana-de-açúcar**. Embrapa, 2019. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/974217/estimativa-da-herdabilidade-em-sentido-amplo-de-caracteristicas-de-importancia-economica-em-populacao-comercial-bi-parental-de-cana-de-acucar>. Acesso em: 7 jul. 2025.

LOPES, J. **Cana-de-açúcar: origem e dispersão**. In: RODRIGUES, G. S. S. C.; ROSS, J. L. S. **A trajetória da cana-de-açúcar no Brasil: perspectivas geográficas, históricas e ambientais**. EDUFU, 2011. Disponível em: (<https://archive.org/details/9786558240112>). Acesso em: 6 jun. 2025.

LUI, J. J. et al. **Produtividade de rapadura de genótipos de cana-de-açúcar na região de Dueré, Sul do Tocantins**. Semina: Ciências Agrárias, v. 32, n. 3, p. 1059–1067, 2011. Disponível em: (<https://www.redalyc.org/pdf/4457/445744109023.pdf>). Acesso em: 5 jun. 2025.

MATIUSSI, J. P. S. et al. **Predição da produtividade média de cana-de-açúcar a partir de imagens orbitais do sensor MSI/Sentinel-2**. Anais do XX Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto, São José dos Campos, INPE, 2023. Disponível em: <https://marte2.sid.inpe.br/col/sid.inpe.br/marte2/2023/04.27.18.55/doc/156003.pdf>. Acesso em: 15 jun. 2025.

MATSUOKA, S. **Melhoramento genético da cana-de-açúcar ante o novo cenário energético mundial**. Revista de Política Agrícola, v. 18, n. 3, p. 5–20, 2009. Disponível em: (<https://seer.sede.embrapa.br/index.php/RPA/article/download/421/372>). Acesso em: 7 jun. 2025.

MELO, L. J. O. T. de. **Sistema simplificado de seleção para fase inicial do melhoramento genético da cana-de-açúcar**. 2014. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal Rural

MELO, L. J. O. T. et al. **Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar para início de safra na microrregião Centro de Pernambuco**. Revista Ceres, Viçosa, MG, v. 56, n. 5, p. 651–658, 2009. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/mFd7WRBnz5qgdYkzSvQ7yFb/>. Acesso em: 20 jun. 2025.

MIALHE, L. G. **Desafios da colheita de cana-de-açúcar no Brasil**. São Paulo: Visu, 2012. Disponível em: https://books.google.com/books/about/Desafios_da_colheita_de_cana_de_a%C3%A7%C3%BAcar.html?id=38D5EAAAQBAJ. Acesso em: 6 jun. 2025.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA (MAPA). **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar – 4º levantamento, safra 2024/25**. Brasília: Conab, 2025. Disponível em: (<https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes->

[agropecuarias/safras/safra-de-cana-de-acucar/arquivos-boletins/4o-levantamento-safra-2024-25/boletim-cana-de-acucar-4o-levantamento-2024-25](#)). Acesso em: 20 jun. 2025.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. C. **metan: an R package for multi-environment trial analysis**. *Methods in Ecology and Evolution*, v. 11, n. 6, p. 783–789, 2020. Disponível em: <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/2041-210X.13384>. Acesso em: 3 maio. 2025.

PEREIRA, A. R. et al. **Agrometeorologia: fundamentos e aplicações práticas**. Guaíba: Agropecuária, 2002. Disponível em: <https://bing.com/search?q=PEREIRA+et+al.%2c+2002+precipita%c3%a7%c3%a3o+m%c3%a9dia+anual>). Acesso em: 7 jun. 2025.

PEREIRA, G. S.; SOUZA, A. P. **Estimativas genéticas e estratégias de seleção em cana-de-açúcar**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7., 2021, Londrina. Anais [...]. Londrina: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2021. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/974217/1/Estimativaherdabilidade.pdf>. Acesso em: 5 jun. 2025.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2024. Disponível em: <https://www.r-project.org/>. Acesso em: 2 jun. 2025.

RAIJ, B. van et al. **Análise química para avaliação da fertilidade de solos tropicais**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2001. Disponível em: https://lab.iac.sp.gov.br/Publicacao/Raij_et_al_2001_Metod_Anal_IAC.pdf. Acesso em: 6 maio 2025.

RESENDE, R. S. et al. **Épocas de plantio e demanda de irrigação da cana-de-açúcar na região dos Tabuleiros Costeiros do Nordeste**. *Boletim de Pesquisa da Embrapa Tabuleiros Costeiros*, n. 121, 2016. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1064904/1/BP121.pdf>. Acesso em: 14 fev. 2025.

RODRIGUES, G. S. S. C.; ROSS, J. L. S. **A trajetória da cana-de-açúcar no Brasil: perspectivas geográficas, históricas e ambientais**. EDUFU, 2020. Disponível em: <https://www.passeidireto.com/arquivo/83683077>). Acesso em: 12 jun. 2025.

SANTOS, R. B. et al. **Impacto do estresse hídrico em diferentes estádios de desenvolvimento da cana-de-açúcar**. *Revista Brasileira de Agricultura Irrigada*, v. 13, n. 1, p. 132–142, 2019. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1113054>). Acesso em: 7 jun. 2025.

SANTOS, V. B. dos et al. **Parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos via REML/BLUP em famílias de meios-irmãos de milho tradicional**. *Scientia Naturalis*, v. 5, n. 2, p. 509–523, 2023. Disponível em: <https://www.ufac.br/cita/o-programa/producoes-de-destaque-do-ppg-cita/2021-2024/artigos/parametros-geneticos-e-predicao-dos-valores-genotipicos.pdf>). Acesso em: 25 maio. 2025.

SILVA, M. F. et al. **Avaliação agroindustrial e parâmetros genéticos de progênies de cana-de-açúcar na zona canavieira do litoral norte de Pernambuco**. *Ciência e Agrotecnologia*,

Lavras, v. 44, e012920, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/qZp78TNmM6RFLfTLR8WLwSc/?format=pdf>. Acesso em: 7 jun. 2025.

USDA. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Foreign Agricultural Service**. Sugar Annual Report: Brazil 2025-0011. Brasília, 22 abr. 2025. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/brazil-sugar-annual-11>. Acesso em: 6 jun. 2025.

ZAMBON, J. L. C.; DAROS, E. **Seleção de famílias e progênes de irmãos completos de cana-de-açúcar para atributos tecnológicos e de produção pelo método de REML/BLUP**. Bragantia, v. 73, n. 3, p. 274–282, 2014. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/hS5NJkDNPQLjTwDht4DPsbb/>. Acesso em: 25 jun. 2025.