

**MAYARA RODRIGUES E SILVA**

**SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM  
EXPERIMENTOS ADENSADOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli

Coorientadores: Andréa Carla Bastos Andrade e Márcio Henrique Pereira Barbosa

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2024**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

S586s  
2024  
Silva, Mayara Rodrigues e, 1995-  
Seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar em  
experimentos adensados / Mayara Rodrigues e Silva. – Viçosa,  
MG, 2024.

1 dissertação eletrônica (39 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Agronomia, 2024.

Referências bibliográficas: f. 34-39.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.374>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Saccharum*. 2. Cana-de-açúcar - Seleção.  
3. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético. I. Peternelli, Luiz  
Alexandre, 1966-. II. Universidade Federal de Viçosa.  
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em  
Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 633.612


**MAYARA RODRIGUES E SILVA**

**SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM  
EXPERIMENTOS ADENSADOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.


APROVADA: 20 de fevereiro de 2024

Assentimento:

Documento assinado digitalmente  
 **MAYARA RODRIGUES E SILVA**  
Data: 19/07/2024 12:30:21-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

---

**Mayara Rodrigues e Silva**  
Autor

Documento assinado digitalmente  
 **LUIZ ALEXANDRE PETERNELLI**  
Data: 19/07/2024 13:01:20-0300  
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

---

**Luiz Alexandre Peternelli**  
Orientador

Aos meus familiares, Lusia Pereira da Silva, José da Cruz Rodrigues e Silva, Nayara Rodrigues e Silva e Natanael Ramos Rodrigues e Silva, por todo amor, apoio e por acreditarem em mim.

DEDICO

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus por todo amor incondicional e por todas forças nos momentos difíceis. Não tenho palavras para descrever o quanto sou abençoada.

Aos meus pais, Lusia Pereira da Silva e José da Cruz Rodrigues e Silva, quero expressar minha mais profunda gratidão pelo amor, carinho e apoio inabaláveis que me proporcionaram ao longo dos anos.

Aos meus irmãos, quero expressar minha sincera gratidão pelo apoio incondicional, companheirismo e pelo carinho que sempre demonstraram comigo. Cada palavra de incentivo nos momentos difíceis serviu como um impulso para não desistir.

À Tallyson Sousa, meus sinceros agradecimentos por seu apoio, companheirismo e incentivo ao longo desta jornada.

À Isabella Rocha, minha profunda gratidão pela amizade, acolhimento e apoio. Suas palavras de encorajamento foram importantes para mim.

Ao meu orientador, Prof. Luiz Alexandre Peternelli, gostaria de expressar minha profunda gratidão pela sua paciência, dedicação e disponibilidade desde o primeiro dia em que nos conhecemos. Sua cordialidade, apoio e ensinamentos foram fundamentais para me fortalecer e aumentar minha confiança ao longo desta jornada.

À Andrea Bastos, gostaria de expressar minha sincera gratidão pela sua orientação e amizade ao longo da minha jornada. Você é um exemplo notável de integridade, tanto como pessoa quanto como profissional.

Ao Professor Nonato Oliveira, sou profundamente grata por seus ensinamentos, apoio, incentivo e amizade. Sua postura exemplar como profissional, resiliência e capacidade de superação são fontes constantes de inspiração. Sou grata por tudo.

Aos meus amigos, Danilo Costa, Bruna Torres, Gabriela Morais, Lucas Lima e Rozy Maria, agradeço sinceramente por compartilharem alegrias, por suas palavras de apoio e por estarem presentes, mesmo a quilômetros de distância.

Aos meus colegas e amigos do LAPEA e GESTBIO - Andréa Bastos, Aline Malta, Aloísio Ribeiro, Alice Ribeiro, Eleniz Dias, Jhennifer, Lucas Coelho, Luciano Gonçalves, Marco Luis, Matheus Ferreira, Mateus Teles, Samantha Gouvêa, Tays, Wagner e Thaynara Aparecida. Grata por tudo apoio e carinho.

Em especial, gostaria de expressar minha gratidão a Aloísio, Mateus Teles, Matheus Ferreira, Marco, Luciano e Samantha pelo brilhante e excepcional disponibilidade e apoio na condução dos experimentos. Sem a colaboração de vocês, eu não teria alcançado êxito nessa etapa crucial da jornada.

Gostaria de expressar minha gratidão aos membros da banca, Doutora Andréa Carla Bastos Andrade e Professor Bruno Portela Brasileiro por dedicarem seu tempo à avaliação deste trabalho.

A todos os trabalhadores do CECA, especialmente Silvana, Otávio, Washington, Félix, Eduardo, Sebastião, Zé Cláudio e Marquinhos, meu muito obrigada pelo auxílio precioso nas atividades de campo.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento (PPGGM) e Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA) pelos suportes físico, teórico e prático disponibilizados, imprescindíveis para a realização desta dissertação e para o meu aprimoramento enquanto profissional.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

“Entregue o teu caminho ao Senhor; confie nele, e ele tudo fará.” Salmo 37: 5.

“O único lugar aonde o sucesso vem antes do trabalho é no dicionário”.

(Albert Einstein)

## RESUMO

SILVA, Mayara Rodrigues e, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2024. **Seleção entre e dentro de famílias de cana-de-açúcar em experimentos adensados.** Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Coorientadores: Andréa Carla Bastos Andrade e Márcio Henrique Pereira Barbosa.

A fase crucial do melhoramento genético da cana-de-açúcar, conhecida como T1, envolve a seleção inicial da população segregante (seedlings) oriunda de cruzamentos múltiplos e biparentais entre genitores elites que posteriormente serão avaliados através da propagação vegetativa nas fases seguintes. Uma das estratégias de seleção a ser adotada nessa fase é os experimentos adensados. Neste método, a individualização das plântulas em campo é mínima, resultando em um maior número de famílias avaliadas, ao contrário do método convencional de seleção, que requer um espaçamento maior entre as plantas, aumentando a necessidade de uma área experimental mais ampla. Essa metodologia permite ampliar o número de famílias avaliadas, reduzir o tempo de desenvolvimento de novas cultivares e diminuir a área experimental otimizando o uso de recursos humanos e financeiros. A finalidade desse estudo foi avaliar a performance de genótipos, quando realizada a seleção entre e dentro das melhores e piores famílias sob experimento adensado de seleção na fase inicial do Programa de Melhoramento Genético da cana-de-açúcar. Dois experimentos foram conduzidos na área experimental do Centro de Pesquisa e Melhoramento de Cana-de-açúcar da UFV. No experimento I, foram avaliadas 98 famílias de meios-irmãos, empregando o delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições. A seleção de famílias foi realizada pelo ranqueamento, considerando o desempenho médio de 10 famílias com maiores Brix, 10 famílias com maiores TCH, 10 famílias com menores Brix e 10 famílias com menores TCH, totalizando 4 grupos de seleção e 34 famílias selecionadas. No experimento II, as parcelas foram constituídas pelos colmos selecionados com base no vigor, associados ao desempenho de 272 genótipos oriundos da seleção dentro das 34 melhores e piores famílias oriundas do experimento I. O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados de Federer com oito blocos e com duas testemunhas ('RB867515' e 'RB966928') repetidas 7 vezes em cada bloco. Em ambos os experimentos foram avaliadas características morfoagronômicas de interesse para o melhoramento genético da cultura e foram estimados os parâmetros genéticos e ambientais em cada experimento. Os coeficientes de variação genética para peso de 10 colmos (PFE),

para as características tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH) exibiram valores maiores que 10% em ambos os experimentos. Os valores dos coeficientes de variação experimental (CVe%) variaram de 4,31% (Brix) a 38,83% (TBH). As estimativas de acurácia seletiva foram satisfatórias para Brix e TCH, enquanto a herdabilidade variou de 0,27 para PFE a 0,77 para Brix. No experimento II, a razão do CVg/CVe mostrou valores superiores a 1 para Brix e TCH, indicando que a seleção dos genótipos nesse estudo promoverá ganhos genéticos mais significativos. Na seleção entre os grupos das famílias, pode-se observar que há diferenças significativas para as características Brix e TCH. Para TCH, observou-se variações na performance das famílias entre os dois experimentos, enquanto para Brix os grupos se mantiveram iguais aos de origem. Os resultados obtidos indicam que a seleção das famílias no sistema adensado possibilitou a identificação de famílias e indivíduos superiores que podem ser incorporados nas etapas subsequentes do processo de melhoramento de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Melhoramento Genético. *Saccharum* spp. Seleção precoce.

## ABSTRACT

SILVA, Mayara Rodrigues e, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2024. **Selection among and within families of sugarcane in dense experiments.** Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-advisers: Andréa Carla Bastos Andrade e Márcio Henrique Pereira Barbosa.

The crucial phase of sugarcane genetic improvement, known as T1, involves the initial selection of the segregating population (seedlings) arising from multiple and biparental crosses between elite parents that will later be evaluated through vegetative propagation in the following phases. One of the selection strategies adopted at this stage is dense experiments. In this method, the individualization of seedlings in the field is minimal, resulting in a greater number of families evaluated, unlike the conventional selection method, which requires greater spacing between plants, increasing the need for a wider experimental area. This methodology makes it possible to increase the number of families evaluated, reduce the development time of new cultivars, and reduce the experimental area, optimizing the use of human and financial resources. This study aimed to evaluate the performance of genotypes when selection was carried out between and within the best and worst families under a dense selection experiment in the initial phase of a sugarcane Genetic Breeding Program. Two experiments were conducted in the experimental area of the UFV Sugarcane Research and Improvement Center. In Experiment I, 98 half-sibs families were evaluated using a randomized complete block design with four replications. The selection of families was carried out by ranking, considering the average performance of ten families with the highest Brix, ten families with the highest TCH, ten families with the lowest Brix, and ten families with the lowest TCH, totaling four selection groups and 34 mutually exclusive selected families. The two most vigorous stalks were selected from each plot. In Experiment II, the plots comprised those stalks selected based on vigor, associated with the performance of 272 genotypes from selection within the 34 best and worst families from Experiment I. We used Federer's augmented block design with eight blocks and two checks ('RB867515' and 'RB966928') repeated seven times in each block. In both experiments, morpho-agronomic characteristics of interest for the genetic improvement of the crop were evaluated, and the genetic and environmental parameters were estimated. The coefficients of genetic variation for the weight of 10 stalks (WTS), for the characteristics ton of sugarcane per hectare (TSH), and ton of Brix per hectare (TBH) exhibited values greater than 10% in both experiments. The

experimental coefficients of variation (CVe%) values ranged from 4.31% (Brix) to 38.83% (TBH). Selective accuracy estimates were satisfactory for the total soluble solids (Brix) and TSH, while heritability ranged from 0.27 for WTS to 0.77 for Brix. In experiment II, the CVg/CVe ratio showed values greater than 1 for Brix and TSH, indicating that the selection of genotypes in this study will promote more significant genetic gains. When selecting between family groups, it can be observed that there are significant differences in the Brix and TSH characteristics. For TSH, variations were observed in the families' performance between the two experiments, while for Brix, the groups remained the same as their original ones. The results indicate that selecting families in the dense system made it possible to identify superior families and individuals that can be incorporated into subsequent stages of the sugarcane breeding process.

Keywords: Genetic Improvement. *Saccharum* spp. Early selection.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	12
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	14
2.1 Material genético.....	14
2.2 Experimento I - Experimento adensado.....	14
2.3 Experimento II - fase T1 colmo .....	17
2.4 Análises estatísticas .....	19
<b>3. RESULTADOS</b> .....	21
3.1 Experimento I.....	22
3.2 Experimento II.....	23
3.3 Seleção de famílias.....	24
<b>4. DISCUSSÃO</b> .....	31
4.1 Parâmetros genéticos e componentes de variância .....	31
4.2 Seleção de famílias.....	33
<b>5. CONCLUSÕES</b> .....	34
<b>6. REFERÊNCIAS</b> .....	34

## 1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) pertence à família Poaceae, amplamente cultivada em regiões tropicais e subtropicais (Daniels; Roach, 1987; Nayak et al., 2014) desempenhando um papel fundamental como cultura primária na produção de açúcar e com potencial para bioenergia (Silveira et al., 2016; Ali et al., 2019). O gênero *Saccharum* compreende seis espécies: *S. officinarum* L. (2n = 80), *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl (2n = 60–205), *S. barberi* Jeswiet (2n = 81–124), *S. sinense* Roxb. (2n = 111–120), *S. spontaneum* L. (2n = 40–128) e *S. edule* Hassk. (2n = 60–80). As cultivares atuais são híbridos interespecíficos obtidos, principalmente, do cruzamento de *S. officinarum* e *S. robustum* (Daniels; Roach, 1987; Xu et al., 2019).

A produção de cana-de-açúcar constitui um importante segmento do agronegócio mundial e nacional, responsável pela geração de emprego e renda (Stefanelo, 2008; Freitas et al., 2016). O Brasil é o maior produtor mundial, com as estimativas para safra 2023/24 de área cultivada de 8.410,3 mil hectares, produção 637,1 milhões de toneladas e produtividade média de 75.751 kg/ha (Conab, 2023; Vivian et al., 2022). Dentre os fatores que contribuem para a manutenção da produtividade, o melhoramento genético se destaca (Cursi et al., 2020), uma vez que fornece variedades resistentes a pragas, doenças e adaptadas às condições edafoclimáticas (Morais et al., 2015). Os programas de melhoramento genético também se destacam pelo desenvolvimento de variedades que agregam caracteres agronômicos de interesse industrial tais como produtividade, teor de sacarose elevada, teor de fibra e perfilhamento (Barbosa; Silveira, 2015; Cursi et al., 2022).

De modo geral, o melhoramento genético da cana-de-açúcar baseia-se na seleção e clonagem de indivíduos com alelos favoráveis que estão presentes em populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos artificiais e/ou naturais (Matsuoka; Garcia; Arizono, 2005; Landell; Bressiani, 2008). O processo de desenvolvimento de novas variedades é de longo prazo (Barbosa; Silveira, 2012; Dal-Bianco et al., 2012) fazendo com que o lançamento de novas cultivares ocorra após uma década de inúmeras avaliações (Paternelli et al., 2018).

Muitos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar consistem em três fases de teste (T1, T2 e T3), uma fase experimental (FE) e algumas fases de multiplicação (FM's) entre o T2 e FE (Barbosa; Silveira, 2012). Uma das fases mais importantes corresponde à fase inicial T1, no qual são selecionados os primeiros

indivíduos que serão clonados e cultivados nas fases subsequentes por meio da propagação vegetativa (Oliveira et al., 2011; Brasileiro et al., 2016; Peternelli et al., 2017). As famílias correspondem a grupos de indivíduos segregantes oriundos de certo cruzamento. A seleção na fase T1 consiste em selecionar entre e/ou dentro das famílias genótipos que são promissores e com elevados valores genotípicos (Oliveira et al., 2011; Stringer et al., 2011; Verissimo et al., 2020). Dessa forma, a probabilidade de encontrar os melhores indivíduos dentro das melhores famílias são maiores (Moreira; Barbosa; Peternelli, 2021). Após a fase T1 novos indivíduos não são mais inseridos (Cesnik; Miocque, 2004; Barbosa et al., 2012).

Dentro dos programas de melhoramento genético, o sistema de seleção convencional é o método principal que vem sendo utilizado há décadas e que deu origem a todas as cultivares amplamente adotadas no Brasil (Morais et al., 2015). Nesse método, as plântulas resultantes de cada cruzamento são individualizadas em tubetes e depois transplantadas para campo, geralmente, em espaçamento de 0,50 m entre si, com sulcos distanciando 1,40 m (Matsuoka; Garcia; Arizono, 2005). Contudo, neste método, a avaliação de um número elevado de genótipos é impraticável, devido às limitações financeiras e físicas, como mão de obra e área experimental (Peternelli et al., 2009; Moraes et al., 2015; Peternelli; Andrade, 2023).

Para otimizar a eficiência da fase T1 de seleção, pesquisadores da Universidade Federal do Paraná (UFPR) e da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) desenvolveram uma metodologia de seleção denominada sistema simplificado (SS) (Melo, 2014). Essa abordagem envolve o plantio adensado, no qual todas as plântulas são transplantadas diretamente da caixa de semeadura para o campo. O plantio adensado favorece a competição entre os genótipos, desenvolvendo-se aqueles com rápido crescimento e maior capacidade de perfilhamento (Daros; Zambon; Oliveira, 2016; Ferreira et al., 2022; Peternelli; Andrade, 2023). O SS de seleção tem sido adotada em alguns programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil. Ferreira et al. (2022) avaliaram genótipos de cana-de-açúcar na fase inicial, comparando o método de seleção convencional com o SS. Os resultados obtidos foram satisfatórios e os dois métodos proporcionaram alta precisão na avaliação genotípica, com elevados valores de herdabilidade e acurácia.

No entanto, no presente estudo, uma alteração foi realizada na metodologia estabelecida. Em vez de transplantar todas as plântulas diretamente do caixa de

semeadura para o campo, utilizou-se um experimento adensado, reduzindo o espaçamento entre as plantas no campo. Essa modificação representa um avanço na busca por métodos de seleção mais eficientes e precisos.

A incorporação da seleção tanto dentro como entre famílias é de suma importância para o avanço dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, pois permite explorar a variabilidade genética de maneira mais abrangente, aumentando assim as chances de identificar e selecionar genótipos superiores.

Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a performance de genótipos, quando realizada a seleção entre e dentro de famílias sob experimento adensado de seleção na fase inicial do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Material genético**

Dois experimentos foram conduzidos no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar (CECA), da Universidade Federal de Viçosa (UFV). O CECA está localizado no município de Oratórios, MG (latitude 20°25' S, longitude 42°48' W e 494 m de altitude).

### **2.2. Experimento I – Experimento adensado**

Em junho de 2021 as sementes de cada família foram semeadas em bandejas de polietileno, utilizando dois substratos comerciais, MECPLANT e CAROLINA SOIL®, e colocadas para germinar em casa de vegetação. Após a germinação, as plântulas foram transplantadas para o campo experimental.

No presente estudo, 98 famílias de meios irmãos (Tabela 1) foram transplantadas a campo em junho de 2021, utilizando o delineamento experimental de blocos casualizados (DBC) com quatro repetições.

Tabela 1 – Relação das 98 famílias de meios irmãos de cana-de-açúcar avaliadas no experimento I (SS). Oratórios, MG, 2024.

Código das famílias	Genitor	Código das famílias	Genitor	Código das famílias	Genitor
	Feminino		Feminino		Feminino
409	RB11575	1217	RB936065	1283	CTC9
410	RB015935	1219	RB055647	1288	RB997995
415	RB016913	1225	RB027052	1292	RB987580
418	RB034114	1226	RB067372	1297	RB036142
423	RB975375	1227	RB067343	1299	RB127093
428	RB988082	1228	RB027046	1301	RB127101
1013	RB006981	1229	RB041443	1307	RB107262
1015	CTC6	1232	CV6984	1310	CV8091
1022	RB943047	1235	RB05876	1311	CV4355
1027	RB025932	1237	RB008348	1313	CTC16
1031	RB034070	1239	RB991532	1337	RB147593
1039	RB008361	1243	RB965911	1455	Q177
1044	RB036085	1245	RB956911	1456	Q208
1049	RB025993	1249	RB018198	1457	Q238
1063	RB966922	1252	CTC9002	1460	RB017998
1064	RB035969	1254	CV7107	1461	RB025584
1067	RB027023	1259	RB017533	1464	RB025710
1070	RB855511	1261	RB997984	1465	RB025745
1077	RB055876	1262	CTC20	1466	RB027052
1082	UFPR1	1263	RB987955	1469	RB036066
1092	RB008310	1264	CTC25	1471	RB037055
1101	RB0442	1265	CTC9001	1472	RB0442
1104	RB127825	1266	RB016916	1473	RB05872
1110	RB107032	1267	RB966928	1474	CTC11
1116	RB036091	1268	RB077210	1475	RB1079
1118	CTC14	1270	RB961003	1484	SYN110585
1121	RB036152	1271	RB987935	1484	SYN110585
1122	CTC11	1272	RB975033	1485	SYN110616
1133	RB127080	1274	RB027032	1486	SYN118214
1138	RB965635	1277	RB037192	1487	SYN118237
1179	RB01616	1278	CTC4	1488	SYNBSES10
1181	RB017714	1281	RB017714	1504	SYNBCES15
1192	RB038000	1282	RB987579		

A parcela foi constituída por dois sulcos de 1,5 m de comprimento. O espaçamento entre plantas foi de 0,12 m, com 1,40 m entre sulcos. Em cada sulco havia 12 plantas. Após 10 meses do plantio, foram avaliadas, em cana planta, as seguintes características:

- a) Número de colmos por parcela (NC);
- b) Falhas superiores a 50 cm nas parcelas (RFA);
- c) Vigor geral (VIG) – em nível de parcela, foram atribuídas notas com variação de 1 (baixo vigor) a 9 (ótimo vigor);

Além disso, foi realizado o seguinte processamento de uma amostra com 10 colmos obtidos de cada parcela:

- a) Peso da amostra de 10 colmos (PFE): em kg, foi verificado após o corte manual dos colmos de cada parcela. Esses colmos foram cortados na base, despontados e despalhados;
- b) Teor de sólidos solúveis totais (Brix) – avaliação realizada do caldo extraído e não clarificado, com o auxílio de refratômetro digital, determinado em porcentagem (%);
- c) Toneladas de cana por hectare (TCH) – obtido pelo estimador (Ferreira et al., 2022):

$$TCH = (PFE \times NC) \times 10/TP$$

em que PFE é o peso da amostra de 10 colmos, NC é número de colmos por metro, 10 é uma constante de transformação de unidade e TP é o tamanho da parcela em m<sup>2</sup>.

- d) Tonelada de Brix por hectare – obtido pelo estimador (Ferreira et al., 2022):

$$TBH = (TCH \times Brix) / 100$$

Foi realizado o ranqueamento das famílias com base nos valores médios de Brix e TCH. Quatro grupos distintos foram considerados: 10 famílias com os maiores valores de Brix, 10 famílias com os maiores valores de TCH, 10 famílias com os menores valores de Brix e 10 famílias com os menores valores de TCH. É importante salientar que algumas famílias ficaram incluídas em mais de um grupo, resultando em um total de 34 famílias selecionadas.

Com base no vigor geral, foram selecionados, com base do vigor, dois indivíduos da mesma parcela, totalizando oito indivíduos por família, associados aos grupos de melhores e piores. Estes colmos selecionados foram avaliados, conforme segue:

- a) Comprimento médio do colmo (CMC): verificado em m, da base do colmo até a inserção da primeira folha, com o auxílio de trena graduada;

- b) Diâmetro médio do colmo (DMC): verificado em mm, obtido pela medição do terço médio do colmo, com auxílio de paquímetro digital;
- c) Massa do colmo (MCO): verificado em kg, com auxílio de uma balança digital;
- d) Teor de sólidos solúveis totais (Brix): o caldo foi extraído de um tolete obtido do entrenó do terço médio do colmo e com auxílio de uma prensa hidráulica. A determinação do Brix foi feita com auxílio de um refratômetro digital.

### 2.3. Experimento II – fase T1 colmo

O experimento foi instalado em julho de 2022 na área experimental do CECA. Neste experimento foram utilizados os indivíduos selecionados no Experimento I, associados ao desempenho das melhores e piores famílias. O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados de Federer (DBA), com oito blocos (Figura 1). Duas cultivares padrões foram utilizadas como testemunhas: P1 (BR867515) e P2 (RB966928). Cada testemunha foi alocada em 7 parcelas por bloco. Dentro de cada bloco havia 34 indivíduos e 14 testemunhas distribuídas aleatoriamente, totalizando 48 parcelas. Na literatura, não há um consenso sobre a quantidade ideal de testemunhas a serem utilizadas em um delineamento em blocos aumentados (DBA). Neste experimento optou-se por aumentar o número de repetições das testemunhas no bloco para testar outras estratégias de correção dos valores observados para os tratamentos regulares visando sua aplicação em trabalhos futuros.

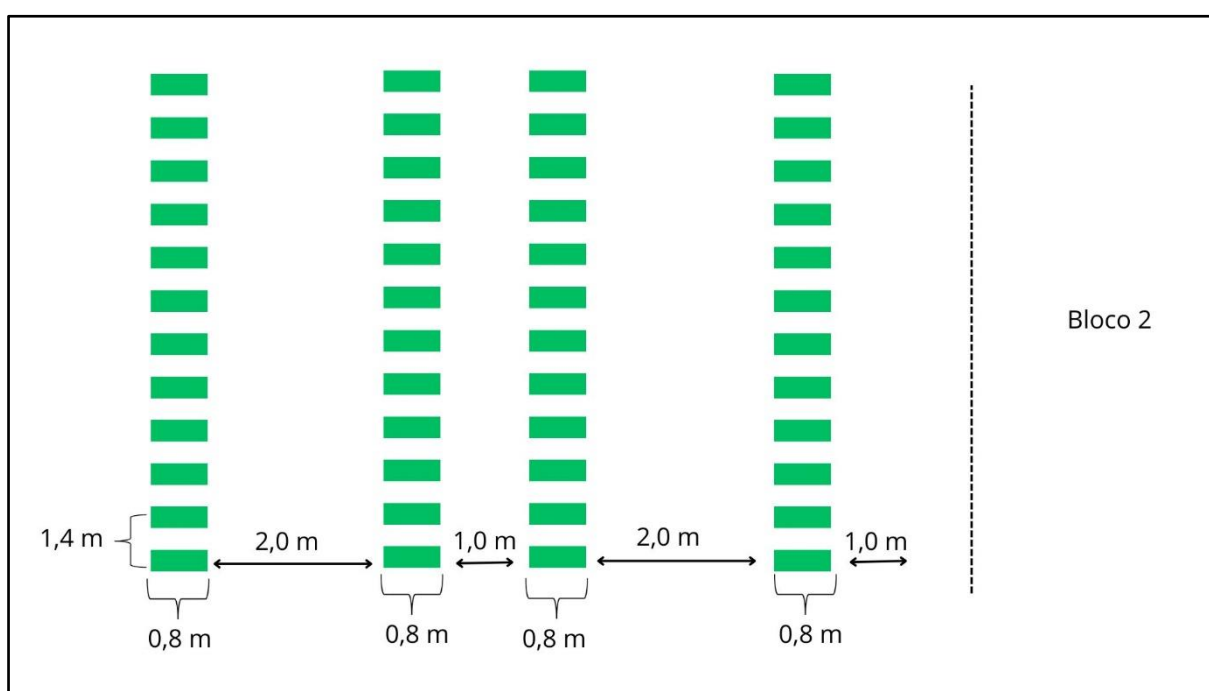


Figura 1: Representação do *layout* do bloco 1, que se repetiu nos demais blocos.

Antes do plantio, realizou-se o tratamento químico dos toletes e padronização do número de gemas, com 15 gemas por parcela. Em junho de 2023 foram avaliadas, as seguintes características:

- a) Número de colmos por parcela (NC);
- b) Massa de um feixe (FE) de 10 colmos de cada parcela (PFE);
- c) Comprimento médio do colmo (CMC); amostra de 3 colmos do FE;
- d) Diâmetro médio do colmo (DMC): amostra de 3 colmos do FE;
- e) Teor de sólidos solúveis totais (Brix): o caldo foi extraído de uma amostra de 10 canas da parcela e com auxílio de uma prensa hidráulica. A determinação do Brix foi feita com auxílio de um refratômetro digital;
- e) Tonelada de colmos por hectare (TCH): obtido pelo estimador (Ferreira et al., 2022):

$$TCH = (PFE \times NC) \times 10/TP$$

em que PFE é o peso da amostra de 10 colmos, NC é número de colmos por metro, 10 é uma constante de transformação de unidade e TP é o tamanho da parcela em m<sup>2</sup>.

- f) Tonelada de Brix por hectare – obtido pelo estimador (Ferreira et al., 2022):

$$TBH = (TCH \times Brix) / 100$$

#### 2.4. Análises estatísticas

Após tabulação, os dados foram analisados por meio do software R (R Core Team, 2024) e usando os pacotes ‘easynova’ (Arnhold, 2013) e ‘agricolae’ (Mendiburu, 2023). O modelo estatístico utilizado no experimento I foi:

$$y_{ij} = \mu + T_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

onde:

$y_{ij}$ : é a resposta observada na parcela associada ao *i-ésimo* tratamento no *j-ésimo* bloco (repetição);

$\mu$ : constante do modelo (média geral);

$T_i$ : efeito associado ao tratamento  $i$  ( $i' = 1, 2, \dots, l$ );  $B_j$ : efeito associado ao bloco  $j$  ( $j=1, 2, \dots, J$ );  
 $\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório associada ao  $i$ -ésimo tratamento no  $j$ -ésimo bloco.

Para o experimento II, utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + B_j + T_{i'} + T_{(j)i} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

$y_{ij}$ : é a resposta observada na parcela associada ao  $i$ -ésimo tratamento regular no  $j$ -ésimo bloco (repetição);

$\mu$ : constante do modelo (média geral);

$B_j$ : efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j=1, 2, \dots, b$ );

$T_{i'}$ : efeito do tratamento comum,  $i' = 1, 2, \dots, t$ ;

$T_{(j)i}$ : efeito do tratamento regular  $i$  no bloco  $j$ ,  $i = t+1$  a  $t+r$ , onde  $r$  é o número de tratamentos regulares;

$\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório associada ao  $i$ -ésimo tratamento no  $j$ -ésimo bloco.

Os parâmetros genéticos avaliados nos dois experimentos (Cruz; Carneiro, 2006) foram obtidos por meio das seguintes expressões:

Experimento I

- Herdabilidade a nível de média de famílias:

$$h_{m_f}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{b}}$$

Em que  $b$ : número de blocos

- Variância Genotípica:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMTratamento - QMResiduo}{b}$$

- Variância residual:

$$\hat{\sigma}^2 = QMResiduo$$

- Coeficiente de Variação:

$$CV (\%) = \frac{100\sqrt{QMResiduo}}{\bar{X}}$$

Em que  $\bar{X}$  : Média geral.

- Coeficiente de variação genético:

$$CVg (\%) = \frac{100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{X}}$$

- Acurácia seletiva:

$$Ac = \sqrt{h_{m_f}^2}$$

#### Experimento II

- Herdabilidade no sentido amplo:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}^2}$$

- Variância Genotípica:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \hat{\sigma}_f^2 - \hat{\sigma}^2$$

- Razão CVg/CV:

$$B = \frac{CVg}{CV}$$

- Acurácia seletiva:

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

Foi realizado um teste não paramétrico de Wilcoxon Mann-Whitney (Steel; Torrie; Dickey, 1997) para constatar possíveis diferenças significativas entre os grupos das melhores e piores famílias. Este teste foi escolhido devido à sua capacidade de análise independente do uso dos pressupostos e ao uso de poucas famílias. Além disso, foi empregado para investigar se as famílias classificadas como melhores

realmente tendem a reproduzir indivíduos melhores, enquanto as famílias do grupo das piores tendem a produzir indivíduos piores.

Posteriormente, foram criados gráficos de correlação para as características comprimento (CMC), diâmetro (DMC), massa do colmo (MCO) e Brix, associando os valores originais dos colmos selecionados no experimento I com seus valores médios no experimento II. Foi criado gráfico de dispersão usando os valores médios de Brix e TCH no experimento II. Todos os gráficos foram gerados com o auxílio do software R por meio do pacote 'ggplot2' (Wickham, 2016).

### **3. RESULTADOS**

No experimento I, foram avaliadas 98 famílias de cana-de-açúcar. Dessas, 40 foram selecionadas com base no desempenho médio para as 10 melhores TCH e 10 melhores para Brix, assim como as 10 piores para cada variável. Entre essas famílias, ocorreu uma coincidência de seis: (melhor Brix | pior TCH): famílias 1486 e 1504; e (pior Brix | melhor TCH): famílias 1475, 1469, 1264 e 1225. Foram selecionadas 16 famílias para Brix e 18 famílias para TCH, resultando em um total de 34 famílias selecionadas. Em cada família, foram selecionados 8 indivíduos com base no vigor geral, totalizando 272 indivíduos avaliados no Experimento II (Tabela 2).

Tabela 2 – Relação das 34 famílias selecionadas que integraram o experimento II. Oratórios, 2024.

Classificação	Familias_TCH	Classificação	Familias_Brix
Melhores	1485	Melhores	1243
Melhores	1469	Melhores	1116
Melhores	1465	Melhores	1266
Melhores	1484	Melhores	1245
Melhores	1456	Melhores	1461
Melhores	1225	Melhores	1265
Melhores	1264	Melhores	1262
Melhores	1272	Melhores	1504
Melhores	1457	Melhores	1110
Melhores	1475	Melhores	1486
Piores	1313	Piores	1473
Piores	1270	Piores	1472
Piores	1267	Piores	1466
Piores	1261	Piores	1307
Piores	1249	Piores	1277
Piores	1070	Piores	1268
Piores	1063		
Piores	1013		

### 3.1. Experimento I

Os coeficientes de variação genotípica para PFE, TCH e TBH exibiram valores superiores a 10% (Tabela 3). Os valores do Coeficiente de Variação Experimental (CVe%) variaram de 6,87% (Brix) a 32,61% (TBH). As estimativas de acurácia seletiva foram satisfatórias para Brix e TCH com valores de 0,76 e 0,74, respectivamente. Já a herdabilidade média das famílias ( $h_{mf}^2$ ) variou de 0,47 para PFE e TBH a 0,58 para Brix.

Tabela 3: Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos, para as variáveis: Brix (%) teor de sólidos solúveis totais; PFE (kg) peso de 10 colmos da parcela; TCH (t ha<sup>-1</sup>) tonelada de colmos por hectare e TBH (t ha<sup>-1</sup>) tonelada de Brix por hectare, obtidos em 98 famílias avaliados no experimento I. Oratórios, MG, 2024.

Parâmetros	CARACTERES			
	BRIX	PFE	TCH	TBH
$\hat{\sigma}_g^2$	0,54	0,77	252,32	6,23
$\hat{\sigma}_f^2$	0,95	1,62	461,76	13,14
$\hat{\sigma}^2$	1,62	3,42	837,74	27,63
$h_{mf}^2$	0,57	0,47	0,55	0,47
$AC_{mf}$	0,76	0,69	0,74	0,69
CVg%	3,99	10,26	17,90	15,27
CVe%	6,87	21,67	32,61	32,16
CVg/CVe	0,58	0,47	0,55	0,47
Média geral	18,52	8,54	88,75	16,34

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genotípica entre famílias;  $\hat{\sigma}^2$ : variância residual;  $h_{mf}^2$ : herdabilidade da família;  $AC_{mf}$ : acurácia seletiva; CVg%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação experimental; Razão do CVg/CVe.

### 3.2. Experimento II

Na Tabela 4 estão apresentados os resultados das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os indivíduos avaliados no experimento II. Os coeficientes de variação genética para PFE, TCH e TBH exibiram valores superiores a 10% (Tabela 4). Os valores do Coeficiente de Variação Experimental (CV%) variaram de 4,31% (Brix) a 38,83% (TBH). As estimativas de acurácia seletiva foram satisfatórias para Brix e TCH com valores de 0,88 e 0,71, respectivamente. Já a herdabilidade variou de 0,27 para PFE a 0,77 para Brix. A razão do CVg/CV mostrou valores maiores que 1 para Brix e TCH.

Tabela 4. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as variáveis: Brix (%) teor de sólidos solúveis totais; PFE (kg) peso de 10 colmos; TCH (t ha<sup>-1</sup>) tonelada de colmos por hectare e TBH (t ha<sup>-1</sup>) tonelada de Brix por hectare, obtidos em 272 indivíduos avaliados no experimento II. Oratórios, MG, 2024.

Parâmetros	Caracteres			
	BRIX	PFE	TCH	TBH
$\hat{\sigma}_g^2$	2,46	4,76	4894,08	170,23
$\hat{\sigma}_f^2$	3,20	17,31	9601,83	382,41
$\hat{\sigma}^2$	0,74	12,55	4707,75	212,18
$h_a^2$	0,77	0,27	0,51	0,44
AC	0,88	0,52	0,71	0,67
CVg%	7,82	15,86	37,37	34,78
CVe%	4,31	25,76	36,65	38,83
CVg/CVe	1,81	0,61	1,02	0,89
Média geral	20,03	13,75	187,08	38,36

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genotípica entre famílias;  $\hat{\sigma}^2$ : variância residual;  $\hat{h}_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo; AC: acurácia seletiva; CVg%: coeficiente de variação genotípico; CVe%: coeficiente de variação experimental; Razão do CVg/CVe.

### 3.3. Seleção de famílias

Pelo teste de Wilcoxon observou-se diferença significativa entre os grupos das famílias estudadas para os caracteres Brix (p-valor < 0,01) e TCH (p-valor < 0,05). Isso demonstra a presença de variabilidade entre os grupos selecionados das melhores e piores famílias. As Figuras 2 e 3 representam as famílias classificadas como melhores e piores, de acordo com a classificação obtida no experimento I, a fim de analisar o comportamento delas no experimento II.

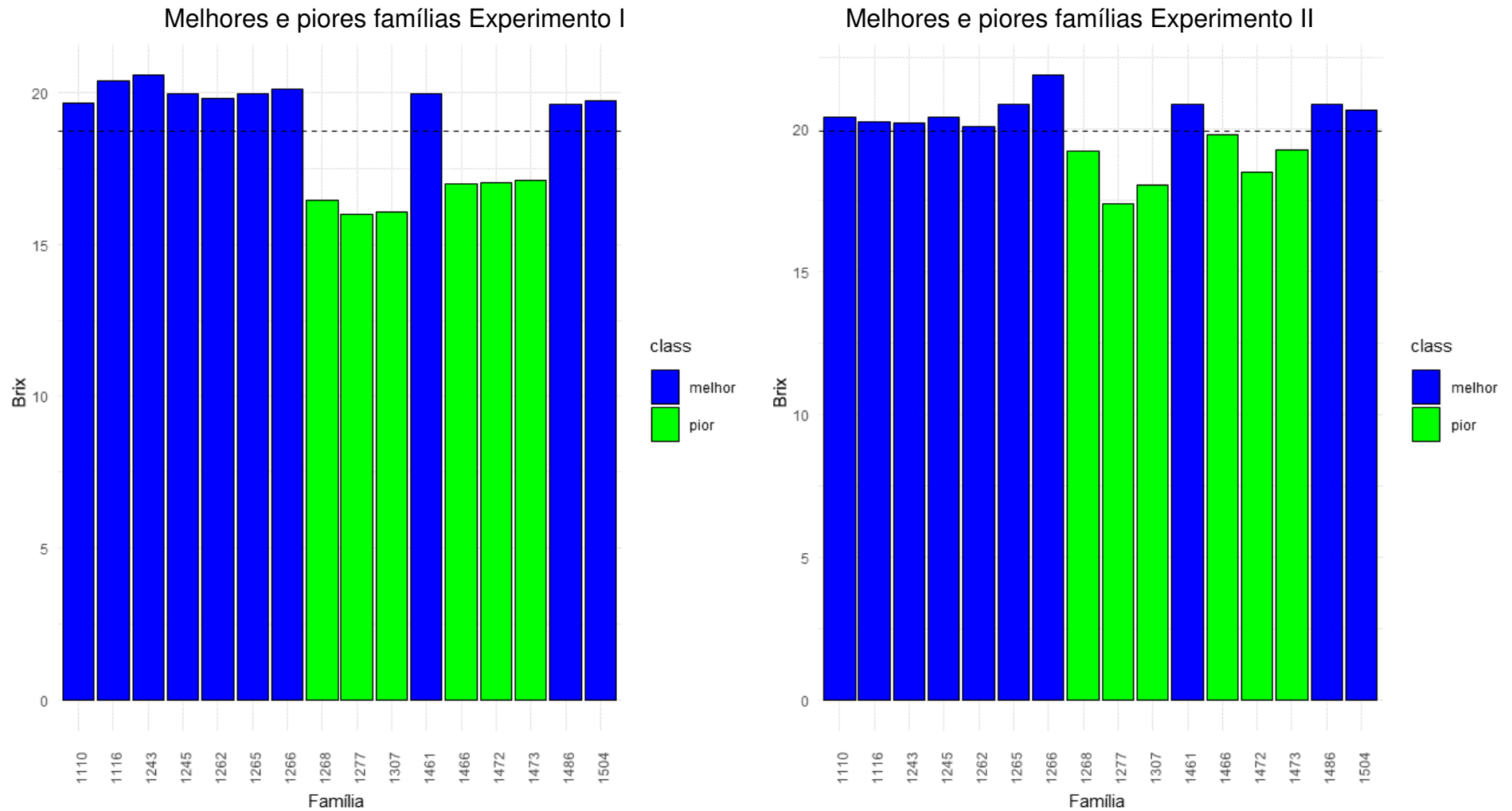
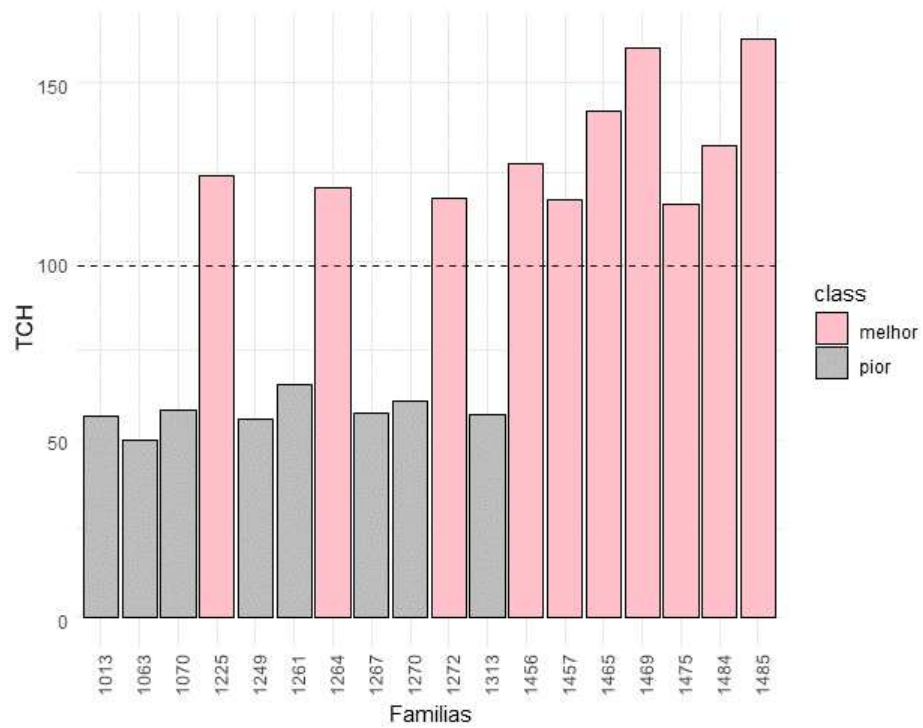


Figura 2. Gráfico de colunas que compara os valores médios da variável teor de sólidos solúveis totais (Brix) para as 16 famílias avaliadas nos experimentos I e II. A linha tracejada indica a média geral para essa característica em cada experimento.

Melhores e Piores Experimento I



Melhores e Piores Experimento II

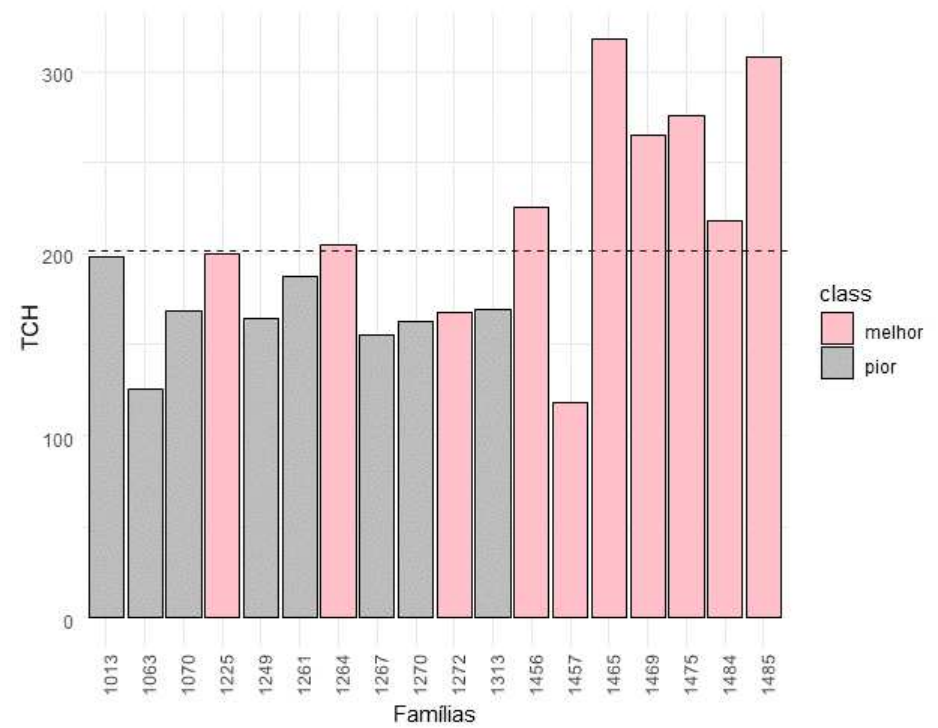


Figura 3. Gráfico de colunas que compara os valores médios da variável tonelada de colmos por hectare (TCH) para as 18 famílias avaliadas nos experimentos I e II. A linha tracejada indica a média geral para essa característica em cada experimento.

Ao comparar as famílias nos dois experimentos, nota-se uma consistência na classificação em relação à característica Brix, conforme evidenciado pela Figura 2. Isso indica que as famílias permaneceram nos seus grupos de origem, como mostrado na Tabela 5. No entanto, é importante notar que houve uma alteração no ranking das famílias. Por exemplo, a família 1243 no experimento I não manteve sua posição de maior valor médio no experimento II embora ainda permaneça no grupo das melhores.

Tabela 5: Classificação das famílias avaliadas nos experimentos I e II para a característica Brix. Oratórios – MG.

Ordem das famílias	Experimento I			Experimento II		
	class.	família	Media	class.	família	Media
1	melhor	1243	20,57	melhor	1266	21,87
2	melhor	1116	20,37	melhor	1486	20,86
3	melhor	1266	20,10	melhor	1461	20,85
4	melhor	1245	19,98	melhor	1265	20,84
5	melhor	1461	19,95	melhor	1504	20,65
6	melhor	1265	19,95	melhor	1110	20,42
7	melhor	1262	19,80	melhor	1245	20,40
8	melhor	1504	19,75	melhor	1116	20,24
9	melhor	1110	19,65	melhor	1243	20,21
10	melhor	1486	19,60	melhor	1262	20,09
11	pior	1473	17,10	pior	1466	19,80
12	pior	1472	17,05	pior	1473	19,27
13	pior	1466	17,00	pior	1268	19,23
14	pior	1268	16,45	pior	1472	18,48
15	pior	1307	16,05	pior	1307	18,01
16	pior	1277	16,00	pior	1277	17,35

A correlação das médias de Brix entre os dois experimentos para a característica em questão em ambos os experimentos foi de 0,86 indicando uma forte associação linear entre os resultados obtidos.

Ao analisar a Figura 3, que retrata a variável TCH, observamos uma mudança notável na classificação das famílias. A título de ilustração, famílias como a 1013 e 1261, previamente posicionadas entre as piores no Experimento I, agora ficam entre as 10 melhores no Experimento II, em virtude do aumento em seus valores médios. Por outro lado, famílias como a 1272 e 1457, consideradas melhores no Experimento I, agora estão entre as piores no Experimento II, indicando uma queda em seus

valores médios e, conseqüentemente, sua reclassificação para o grupo das piores. A correlação entre as famílias para a característica estudada foi de 0,71.

Tabela 6: Classificação das famílias avaliadas nos experimentos I e II para a característica TCH. Oratórios – MG.

Ordem das famílias	Experimento I			Experimento II		
	class.	família	Media	class.	família	Media
1	melhor	1485	162,22	melhor	1465	317,46
2	melhor	1469	159,90	melhor	1485	307,91
3	melhor	1465	142,21	melhor	1475	276,05
4	melhor	1484	132,58	melhor	1469	264,77
5	melhor	1456	127,39	melhor	1456	225,55
6	melhor	1225	124,11	melhor	1484	218,35
7	melhor	1264	120,82	melhor	1264	204,63
8	melhor	1272	117,64	melhor	1225	199,64
9	melhor	1457	117,17	pior	1013	198,27
10	melhor	1475	115,82	pior	1261	187,81
11	pior	1261	65,34	pior	1313	169,12
12	pior	1270	60,77	pior	1070	168,66
13	pior	1070	58,21	melhor	1272	167,53
14	pior	1267	57,25	pior	1249	164,47
15	pior	1313	56,78	pior	1270	162,90
16	pior	1013	56,52	pior	1267	155,62
17	pior	1249	55,67	pior	1063	125,48
18	pior	1063	49,79	melhor	1457	118,30

No experimento I, as famílias 1485 e 1469 se destacaram ao exibir médias para TCH superiores a  $160 \text{ t ha}^{-1}$ , além de se destacarem para outras características. A família 1485 se destacou como uma das melhores em quase todas as variáveis, registrando a maior média para TCH ( $162,2 \text{ t ha}^{-1}$ ) e TBH ( $27,69 \text{ t ha}^{-1}$ ), além da quinta maior média para número de colmos (NC). Por outro lado, a família 1469 obteve a segunda posição para TCH e TBH, e conquistou a primeira posição para o vigor geral (VIG) com nota 6.

A família 1465 conquistou a terceira posição para as variáveis TCH e TBH, além de assegurar o quarto lugar para PFE. Essa família caracteriza-se por um diâmetro mediano (DIAM) de 2 cm e uma contagem de colmos (NC) de 50 (dados não

apresentados). No entanto, em contrapartida, a performance desta família não se destacou para Brix.

Outras famílias que se destacaram incluem a 1110, 1469 e 1262, que demonstraram desempenho superior na variável TBH, registrando valores de 53,50 t ha<sup>-1</sup>, 51,70 t ha<sup>-1</sup> e 50,21 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Para a variável Brix, as famílias 1486, 1461 e 1267 se destacaram, exibindo valores de 20,85%, 20,84% e 20,81%, respectivamente.

No experimento II, as famílias 1465 e 1485 demonstraram valores impressionantes de TCH, alcançando 317,46 t ha<sup>-1</sup> e 307,91 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Além do excelente desempenho em TCH, essas famílias também exibiram resultados superiores em outras variáveis, como o número de colmos (NC) (dados não apresentados), registrando 22,41 e 27,03, respectivamente.

Já a família 1266 alcançou a primeira posição no ranking para a característica BRIX, seguida pela família 1486. Essas mesmas famílias também se destacaram no primeiro experimento, embora com classificações ligeiramente diferentes. A família 1266 ocupou o terceiro lugar, com 20,10%, enquanto a família 1486 ficou em décimo lugar, com 19,60%.

Na Figura 4, gráfico de dispersão dos 272 indivíduos selecionados. Observe-se que famílias que apresentam um melhor desempenho em Brix nem sempre têm um desempenho superior em TCH, e vice-versa.

Os genótipos 27, 275, 49 e 648, tiveram os melhores valores médios para TCH. Esses genótipos estão associados às famílias 1465, 1485 e 1456, respectivamente. O indivíduo 27, pertencente à família 1465, merece destaque ao exibir TCH de 571,35 t ha<sup>-1</sup>. Logo em seguida, o genótipo 49, proveniente da família 1485, demonstrou um desempenho expressivo, alcançando 516,47 t ha<sup>-1</sup>. Esses resultados destacam a contribuição significativa desses indivíduos para a produtividade.

Além disso, o genótipo 648 sobressaiu-se ao apresentar um TBH de 98,88 t ha<sup>-1</sup>, TCH de 484,06 t ha<sup>-1</sup> e um número médio de colmos na parcela (NC) (dados não apresentados) foi de 32,81. Os indivíduos 335 e 741, pertencentes às famílias 1013 e 1261, respectivamente, exibiram valores relativamente consideráveis para TCH, registrando 297,07 t ha<sup>-1</sup> e 322,86 t ha<sup>-1</sup>. Vale destacar que o indivíduo 741 possui um peso médio de 2,05 kg.

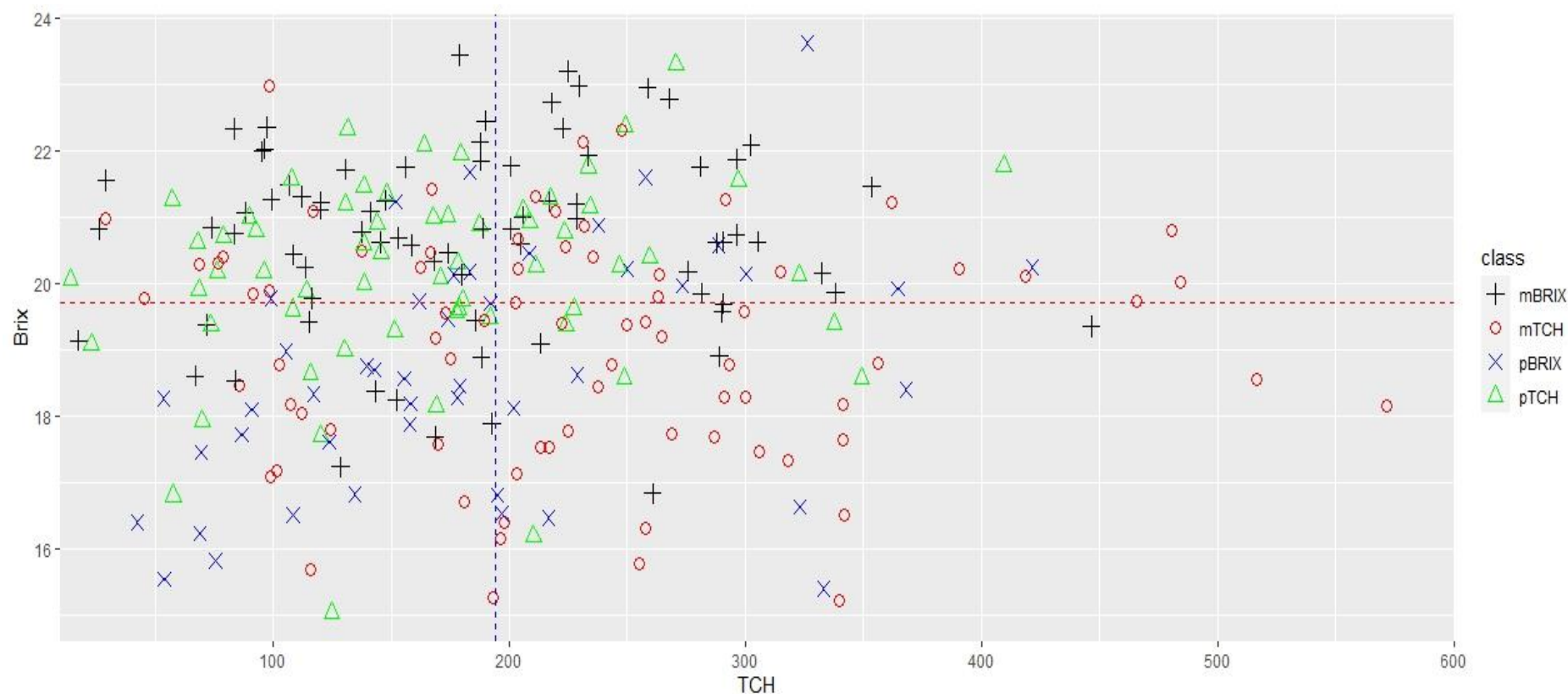


Figura 4. Gráfico de dispersão dos 272 indivíduos pertencentes às melhores e piores famílias avaliadas no Experimento II para variáveis tonelada de cana por hectare (TCH) e teor de sólidos solúveis totais (Brix). As linhas tracejadas indicam as médias para as características BRUX e TCH. Os símbolos em preto representam as melhores Brix (mBRIX), em vermelho as melhores TCH (mTCH), em azul as piores Brix (pBRIX), e em verde as piores TCH (pTCH).

A despeito da seleção dentro de famílias, os indivíduos foram avaliados para os caracteres comprimento médio do colmo (CMC), diâmetro médio do colmo (DIAM), massa média do colmo (MCO) e teor de sólidos solúveis totais (Brix). Ao analisar as correlações, observa-se que, embora baixa, a nuvem de pontos exibe uma tendência crescente (Figura 5). Para a característica Brix, a correlação ( $r = 0,21$ ) e o coeficiente de determinação ( $R^2 = 0,04$ ). Em contrapartida, para a massa média do colmo (MCO), a correlação foi ( $r = 0,47$ ) e o coeficiente de determinação ( $R^2 = 0,22$ ), esses valores sugerem uma associação positiva.

## **4. DISCUSSÃO**

### **4.1. Parâmetros genéticos e componentes de variância**

Os coeficientes de variação genética exibiram valores superiores a 10% para quase todas as características em ambos os experimentos. Esses resultados mostram significativa importância, pois indica a presença de variabilidade genética que é condição necessária para o melhoramento genético. Tal resultado sugere que a seleção com base nas características estudadas pode ser eficaz (Oliveira *et al.*, 2011; Bastos *et al.*, 2007).

Os valores do Coeficiente de Variação Experimental (CV%) segundo Pimentel-Gomes (1990), considera-se baixo CV inferior a 10%, médio entre 10 e 20%, alto entre 20 e 30% e muito alto quando superior a 30%. Para Brix, o CV foi de baixa magnitude, sugerindo uma boa precisão experimental para esse caráter. Mas para TCH e TBH foram considerados muito altos (> 30%). De acordo com Couto, Peternelli e Barbosa (2013), a magnitude dos coeficientes de variação (CV) em experimentos com cana-de-açúcar varia de acordo com a natureza das variáveis. Essa variação explica o motivo de a variável TCH apresentar limites mais elevados de CV neste estudo. Além disso, Cruz *et al.*, (2012) comentam que os CV elevados podem ser justificados pelo fato de as características avaliadas serem quantitativas e influenciadas pelo efeito ambiental.

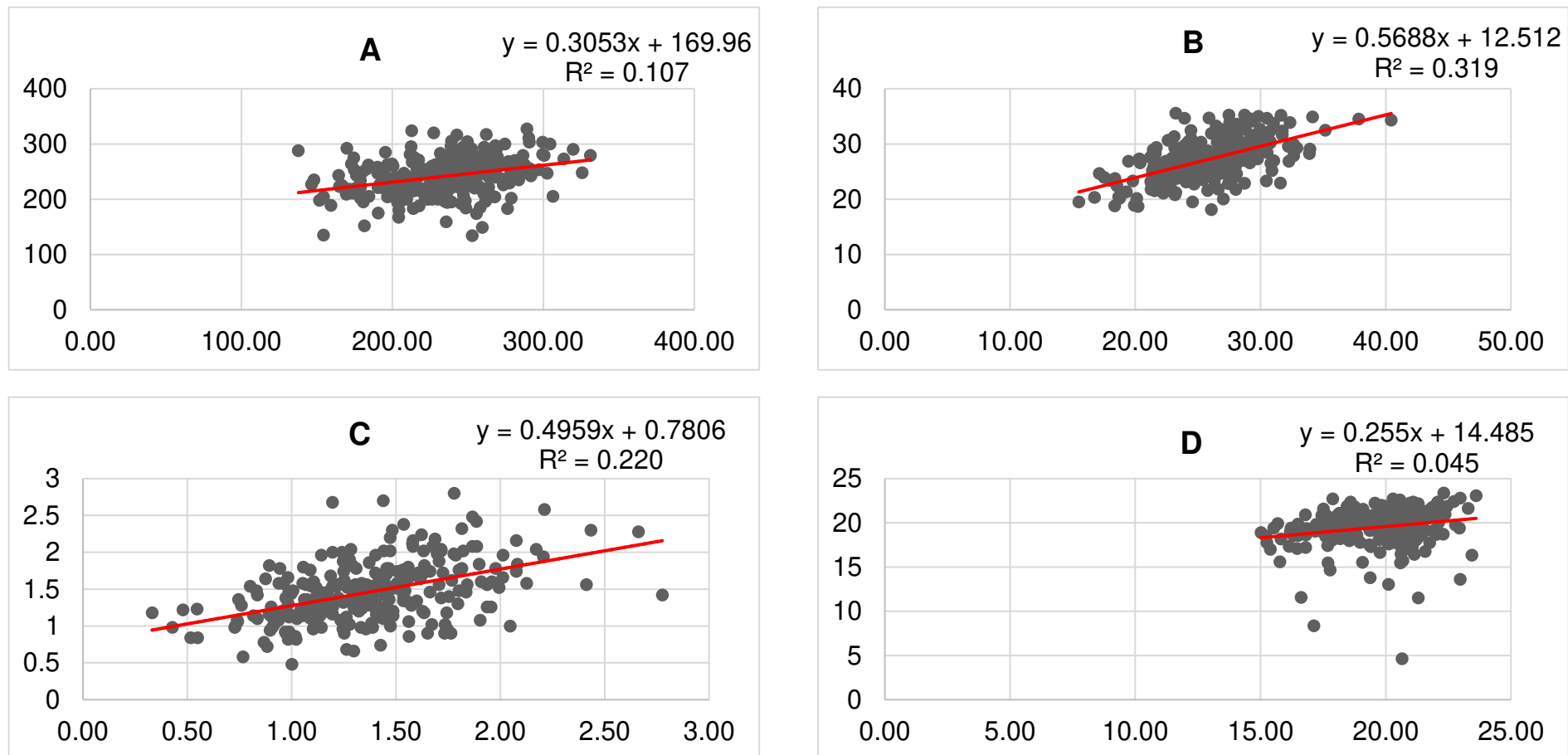


Figura 5. Correlação para 272 indivíduos selecionados. A: Comprimento (cm); B: Diâmetro (mm); C: Massa do colmo (kg); D: Brix (%). As correlações foram calculadas entre o valor real do indivíduo selecionado no Experimento I (eixo x) e o valor médio na sua correspondente parcela do Experimento II (eixo y) para a mesma característica.

Resende e Duarte (2007) destacam que o coeficiente de variação (CV) pode não ser o parâmetro mais adequado para avaliar a precisão experimental, uma vez que não leva em conta a variação genotípica e o número de repetições. Nesse sentido, ressaltam a importância da acurácia de seleção, pois quanto maior esse valor, maior a confiança nos valores genotípicos preditos. Valores acima de 0,70 indicam uma alta precisão na avaliação genotípica (Resende & Duarte, 2007; Cargnelutti Filho *et al.*, 2012). Ao analisar as Tabelas 3 e 4, observa-se que as estimativas de acurácia seletiva foram satisfatórias, com destaque para as variáveis Brix e TCH. Este resultado está em consonância com Silva *et al.*, (2015), que obtiveram valores superiores a 0,74.

A herdabilidade é um parâmetro fundamental para os melhoristas, pois quantifica a contribuição das causas genéticas na variação fenotípica (Bhering; Teodoro, 2021; Ramalho *et al.*, 2012). A herdabilidade ao nível da média de famílias ( $h_{mf}^2$ ) observado na (Tabela 3) mostra os resultados do presente estudo para a variável Brix (0,57) foram próximos aos obtidos por Ferreira *et al.*, (2022), que encontraram uma herdabilidade de 0,58. Já para a característica TCH (0,55), observou-se uma proximidade com os resultados de Oliveira *et al.*, (2011) que tiveram herdabilidade de (0,56).

A relação CVg/CVe superior a 1,0 indica condições favoráveis para seleção, como evidenciado pelas características de Brix e TCH, sugerindo uma influência predominante do componente genético sobre o ambiental (Silva *et al.*, 2011). Esse aspecto assegura a possibilidade de êxito na identificação de genótipos superiores, especialmente considerando a herdabilidade dos caracteres.

#### **4.2. Seleção de famílias**

Na seleção entre os grupos das famílias, há diferenças para os caracteres Brix e TCH. Para TCH, observou-se variações na performance das famílias entre os dois experimentos, o que resultou no reordenamento das famílias de acordo com seus valores médios.

Ao analisar as correlações (Figura 5), destaca-se uma tendência crescente na nuvem de pontos. Para a característica Brix, o  $r = 0,21$  e o  $R^2 = 0,04$ . Este caractere foi o que mostrou maior herdabilidade neste estudo. Isso sugere que selecionar com base nessa característica pode trazer bons resultados. Por outro lado, para o MCO, os valores de  $r = 0,47$  e  $R^2 = 0,22$  indicam uma associação positiva e moderada. Isso significa que há uma relação entre o peso real dos indivíduos no Experimento I e o

peso médio da parcela no Experimento II. Isso sugere que indivíduos mais pesados tendem a produzir descendentes com peso médio maior.

Na seleção dentro de famílias o indivíduo 27 da família 1465 merece destaque por exibir um TCH mais elevado, seguido pelo genótipo 49 da família 1485, ambos evidenciando notável desempenho em TCH. Esses achados estão em consonância com a literatura. A seleção realizada em famílias com valores genotípicos elevados pode aumentar a probabilidade de identificar indivíduos superiores (Barbosa et al., 2005).

Os resultados obtidos indicam que a seleção das famílias selecionadas possibilitou a identificação de famílias e indivíduos superiores para serem incorporados nas etapas subsequentes do processo de melhoramento de cana-de-açúcar. A exploração das famílias superiores pode ampliar as oportunidades para que um maior número de indivíduos que tenham alelos favoráveis progrida para as próximas etapas do melhoramento genético da cana-de-açúcar. Pode-se observar também, que com apenas 8 indivíduos selecionados em cada família, a média está sendo representada de forma eficaz com o número mínimo de amostra.

## 5. CONCLUSÃO

Os genótipos individuais avaliados no experimento II indicam a possibilidade de identificar as melhores famílias no experimento I. Ou seja, é possível afirmar que as famílias selecionadas como as melhores e as piores na fase T1 mantêm suas posições na fase subsequente. Embora alguns indivíduos das piores famílias possam se destacar, a maioria dos indivíduos de melhor performance está diretamente associada ao desempenho das melhores famílias identificadas no experimento adensado.

## 6. REFERÊNCIAS

Ali, A. et al. Genetic diversity and population structure analysis of *Saccharum* and *Erianthus* genera using microsatellite (SSR) markers. *Scientific reports*, v. 9, n. 1, p. 395, 2019.

Arnhold, E. Package in the R environment for analysis of variance and complementary analyses. *Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science*, v.50, n.6, p.488-492, 2013.

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

Barbosa, M. H., Silveira, L. C. I. Programa de melhoramento e recomendação de cultivares. In F. Santos et al. (Orgs.), *Cana-de-açúcar: produção agrícola, bioenergia e etanol*. p. 241–255, Imprensa Acadêmica, 2015.

Barbosa, M. H. P. et al. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. *Crop Breeding and Applied Technology*, 5(4), 443, 2005.

Bastos, I. T. et al. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

Bhering, L. L.; Teodoro, P. E. *Estatística experimental no RBio*. Curitiba: Brazil Publishing, 2021. 478p.

Borem, A.; Miranda, G. V.; Fritsche-Neto, R. *Melhoramento de Plantas*. 7. ed. rev. e ampl. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2017. 543p.

Brasileiro, B. P. et al. Simulated individual best linear unbiased prediction versus mass selection in sugarcane families. *Crop Science*, v. 56, n. 2, p. 570-575, 2016.

Brasileiro, B. P., Peternelli, L. A., Barbosa, M. H. P. Consistency of the results of path analysis among sugarcane experiments. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13, 113-119, 2013.

Cesnik, R.; Miocque J. *Melhoramento da Cana-de-açúcar*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. 307p.

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

Cruz, C. D., Carneiro. P. C. S. *Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. Ed. Ver. – Viçosa: Ed. UFV, 2006.

Conab - Companhia nacional de abastecimento, Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar, Brasília, DF, v, 9, n, 2, agosto de 2022, Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cana/boletim-da-safra-de-cana-de-acucar>, Acesso em: 18/09/2023.

Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. S. C. *Métodos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 2012. 514p.

Couto, M. F., Peternelli, L. A., Barbosa, M. H. P. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. *Ciência rural*, 43, 957-961, 2013.

Cursi, D. E. et al. Comparison of Different Selection Methods in the Seedling Stage of Sugarcane *Breeding*. *Agronomy Journal*, v. 112, n. 6, p. 4879-4897, 2020.

Cursi, D. E. et al. History and Current Status of Sugarcane Breeding, Germplasm Development and Molecular Genetics in Brazil. *Sugar Tech*, 24, 112–133, 2022.

Dal-Bianco, M. Sugarcane improvement: how far can we go? *Current Opinion in Biotechnology*, v. 23, n. 2, p. 265-270, 2012.

Daniels, J.; Roach, B. T. (1987). Taxonomy and evolution. In: DJ Heinz (Ed.), *Sugarcane Improvement through Breeding*. Amsterdam, Netherlands: Elsevier, p. 7-84, v. 11.

Daros, E.; Zambon, J. L. C.; Oliveira, R. A. (2016). *Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da UFPR: 25 anos de pesquisa*. 1. ed. Curitiba: Graciosa.

Ferreira, P. H. S. et al. Comparison of family selection methodologies used in the initial phase of sugarcane breeding. *Crop Science*, v. 62, n. 2, p. 679-689, 2022.

Freitas, I. L. et al. Avaliação do uso de biofertilizante Microgeo® via solo na cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.). *Enciclopédia Biosfera*, v. 13, n. 23, 2016.

Landell, M. G. A.; Bressiani, A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: Dinardo-Miranda, L. L.; Vasconcelos, A. C. M.; Landell, M. G. A. (Eds.), *Cana-de-açúcar*. Campinas: IAC, p. 101-179, 2008.

Matsuoka, S.; Garcia, A. A. F.; Arizono, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed.), *Melhoramento de Espécies Cultivadas*. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, p. 225-274, 2005.

Melo, L. J. O. T. *Sistema Simplificado de Seleção para a Fase Inicial do Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, 2014.*

Mendiburu, F. agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. R package version 1.3-7, 2023.

Morais, L. K. et al., *Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar*. Aracajú: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2015. 8p. (Embrapa Tabuleiros Costeiros, Documentos, 200). Disponível em: <https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br>.

Moreira, É. F. A., Barbosa, M. H. P., Peternelli, L. A. Can statistical learning models make early selection among sugarcane families easier and still efficient? *Crop Science*, v. 61, n. 1, p. 456-465, 2021.

Nayak, S. N. et al. Promoting Utilization of *Saccharum* spp. Genetic Resources through Genetic Diversity Analysis and Core Collection Construction. *PLoS One*, 9(10), e110856, 2014.

Oliveira, R. A. D. et al. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. *Bragantia*, v. 70, p. 796-800, 2011.

Oliveira, R. A. et al. Artificiais neurais networks and linear discriminant analysis in early selection among sugarcane families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 17, p. 299-305, 2017.

Peternelli, L. A.; Andrade, A. C. B. Insights and protocols for discrimination of sugarcane clones by dissimilarity measures on RGB and NIR data. *PLoS One*, v. 18, p. e0288508-1, 2023.

Peternelli, L. A. et al. Decision Trees as a Tool to Select Sugarcane Families. *American Journal of Plant Sciences*, v. 09, p. 216-230, 2018.

Peternelli, L. A. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. *Ciência Rural*, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, 2009.

Pimentel-Gomes, F. *Curso de Estatística Experimental*. Piracicaba: Nobel, 1990. 468p.

Ramalho, M. A. P. et al. *Genética na agropecuária*. 5. ed. rev. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 565p.

R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 09 de janeiro de 2024.

Silva, F. L. D. Efficiency of selection within sugarcane families via simulated individual BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 15, 1-9, 2015.

SILVA, G. C. et al. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 6, n. 1, p. 52-58, 2011.

Silveira, L. C. I. D. et al. Selection in energy cane families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 16, p. 298-306, 2016.

Stefanelo, E. O Agronegócio Mundial e Brasileiro. *Vitrine da Conjuntura*, Curitiba, v. 1, n. 1, 2008.

Stringer, J. K. et al. A seleção de famílias melhora a eficiência e a eficácia da seleção de mudas e pais originais. *Sugar Technology*, 13, 36 – 41, 2011.

Steel, R. G. D.; Torrie, J. H. Dicky, D. A. Principles and Procedures of Statistics, A Biometrical Approach. 3rd Edition, McGraw Hill, Inc. Book Co., New York, 1997, 352-358.

Verissimo, M. A. A. Selection of sugarcane families and clones under cold stress. *Ciência Rural*, v. 50, 2020.

Vivian, M. A. Caracterização do bagaço de cana-de-açúcar e suas potencialidades para geração de energia e polpa celulósica. *Madera y bosques*, v. 28, n. 1, 2022.

Wickham, H. ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. *Springer-Verlag* New York, 2016.

Xu, F. Comparative analysis of two sugarcane ancestors *Saccharum officinarum* and *S. spontaneum* based on complete chloroplast genome sequences and photosynthetic ability in cold stress. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 20, n. 15, p. 3828, 2019.