

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM CANA-DE-AÇÚCAR POR
ALGORITMOS DE REGRESSÃO, ESTATÍSTICA P_i E MODELAGEM
MISTA

GUSTAVO MENEZES GONÇALVES

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
AGOSTO – 2009

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM CANA-DE-AÇÚCAR POR
ALGORITMOS DE REGRESSÃO, ESTATÍSTICA P_i E MODELAGEM
MISTA

GUSTAVO MENEZES GONÇALVES

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ

AGOSTO – 2009

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCTA / UENF 105/2009

Gonçalves, Gustavo Menezes

Adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar por algoritmos de regressão, estatística Pi e modelagem mista / Gustavo Gonçalves Menezes. – 2009.

78 f.

Orientador: Alexandre Pio Viana

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Campos dos Goytacazes, RJ, 2009.

Bibliografia: f. 73 – 78.

1. Saccharum 2. Cana-de-açúcar 3. Melhoramento vegetal 4. Adaptabilidade 5. Estabilidade I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. II. Título.

CDD – 633.61233

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM CANA-DE-AÇÚCAR POR
ALGORITMOS DE REGRESSÃO, ESTATÍSTICA P_i E MODELAGEM
MISTA

GUSTAVO MENEZES GONÇALVES

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Aprovada em 07 de agosto de 2009

Comissão Examinadora:

Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento) –
UENF

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF

Jair Felipe Garcia Pereira Ramalho (D.Sc., Agronomia) – UFRRJ

Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
Orientador

Aos meus amados pais,
Sebastião Paulante Gonçalves e Dilméia de Menezes Gonçalves,
pelo amor, dedicação, apoio e por sempre colocarem
os filhos como prioridade em suas vidas;

Ao meu grande irmão Tiago,
pela grande amizade, apoio e pelas horas de alegria e
descontração: que nossa amizade continue sempre assim;

À minha esposa Léa,
Pelo amor, compreensão, horas de alegria e
incentivo no meu crescimento profissional;

A toda minha família e amigos

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro pela oportunidade de realização do curso de Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas;

A Capes pela bolsa concedida;

Ao Prof. Alexandre pela orientação, ensinamentos e amizade;

Aos professores do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em especial aos do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, pelos conhecimentos compartilhados;

Aos amigos da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, do Campus Dr. Leonel Miranda, em especial a Josil, Paulo Brum Maia, Leôncio, Paulo Rabelo, José Luis, Lúcio, Manuel, Luis Francisco, Cláudio, Celso, Jair e a Ronaldo;

A Josil de Barros Carneiro Júnior pela oportunidade de realização deste trabalho e pelos ensinamentos;

Às Usinas onde foram instalados os experimentos, Santa Cruz, Sapucaia, DISA, LASA, Paineiras e DASA pelo apoio na realização deste trabalho;

Ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCA-UFES) pela formação no ensino superior;

Aos amigos da UENF, em especial aos do LMGV, pela amizade e a muitos pela contribuição na consolidação deste trabalho.

A Geraldo dos Reis Filho e Lourdes Silva dos Reis pela grande amizade;

A Robson e Luciléa pelo apoio, amizade e por terem se tornado parte de minha família;

Aos amigos da Petrobras Biocombustível pelo apoio na finalização deste trabalho, em especial aos da Gerência de Tecnologia Agrícola: Maite, Guilherme, Hudson, Daniel e Gabriel.

Aos funcionários da UENF;

A todos que de uma forma ou de outra contribuíram para a conclusão deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO

1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. A cultura da cana-de-açúcar.....	3
2.2. Melhoramento da cana-de-açúcar.....	4
2.3. Interação genótipos x ambientes.....	7
2.4. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica.....	9
2.5. Metodologias para avaliar a adaptabilidade e estabilidade.....	10
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	17
3.1. Experimentos.....	16
3.2. Avaliação dos experimentos	20
3.3. Análises estatísticas.....	20
3.3.1. Análises de variância.....	20
3.3.2. Análise das médias fenotípicas	22
3.3.3. Estimativas de parâmetros genéticos.....	22
3.3.4. Análises de adaptabilidade e estabilidade.....	23

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
4.1. Análises de variância.....	27
4.2. Análise das médias fenotípicas	31
4.3. Parâmetros Genéticos.....	41
4.4. Adaptabilidade e estabilidade	43
4.4.1. Eberhart e Russell (1966): regressão simples	46
4.4.2. Cruz et al. (1989): regressão bissegmentada.....	53
4.4.3. Metodologia proposta por Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i (Carneiro, 1998)	58
4.4.4. Adaptabilidade e Estabilidade Via Modelos Mistos.....	61
5. RESUMO E CONCLUSÕES.....	71
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	73

RESUMO

GONÇALVES, Gustavo Menezes; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Agosto de 2009. Adaptabilidade e estabilidade em cana-de-açúcar por algoritmos de regressão, estatística P_i e modelagem mista. Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana. Conselheiro: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior; D.Sc. Josil de Barros Carneiro Júnior

Com o objetivo de selecionar clones de cana-de-açúcar mais produtivos, foram instalados no ano de 2005 experimentos que constituem a fase final de avaliação de clones do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro / Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro nas Usinas Santa Cruz-RJ, Sapucaia-RJ, Disa-ES, Lasa-ES, Paineiras-ES e Dasa-MG. Em cada Usina foram avaliados 24 clones, sendo cinco considerados padrões e os outros 19 como genótipos com potencial de recomendação para as regiões avaliadas. O delineamento estatístico utilizado foi blocos ao acaso, com quatro repetições, sendo cada parcela formada por quatro sulcos de cinco metros. As avaliações foram efetuadas durante três safras agrícolas, com plantios em 2005 e último corte em 2008, sendo avaliadas as características porcentagem de fibra (FIB), toneladas de colmo por hectare (TCH), pol (%) cana (PCC) e toneladas de pol por hectare (TPH). Todas foram significativas para genótipos (clones) e para interação genótipos x ambientes pelo teste F ($P < 0,01$) nas análises conjuntas dos ambientes, demonstrando existir diferenças entre os genótipos e interação destes com o ambiente. Notou-se o decréscimo para TPH entre os cortes, ocorrendo queda de 31,61% do primeiro

para o terceiro corte. Para os estudos de adaptabilidade e estabilidade utilizou-se a característica toneladas de pol por hectare, considerada a mais importante neste trabalho, e as metodologias utilizadas foram as de Eberhart e Russell, Cruz et al., Lin e Binns, e por modelos mistos. Pela metodologia de Eberhart e Russell encontraram-se como ideais os clones RB758540, RB92596 e RB72454. Por Cruz et al. não foram encontrados genótipos ideais, assim, a recomendação de clones por esta metodologia foi efetuada de forma específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis. A aplicação do método de Lin e Binns possibilitou a identificação de clones com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Por esta metodologia os clones RB92579, RB867515, RB947520 e RB758540 estiveram colocados entre os cinco menores valores de P_i tanto nos ambientes favoráveis quanto nos desfavoráveis. A metodologia de modelos mistos, com o uso da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), possibilitou a análise da adaptabilidade e estabilidade genotípica, a qual permitiu a recomendação de clones para a rede experimental e também para cada Usina. Pela MHPRVG os clones RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520 e RB931530 apresentaram-se nas cinco primeiras colocações, sendo ainda definidos clones com maiores potenciais genotípicos para cada ensaio nas seis Usinas avaliadas.

ABSTRACT

GONÇALVES, Gustavo Menezes; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. August, 2009. Adaptability and stability of sugarcane by regression algorithms, statistic P_i and mixed models. Advisor: Prof. Alexandre Pio Viana. Committe Member: Prof. Antônio Teixeira do Amaral Júnior; D.Sc. Josil de Barros Carneiro Júnior

Aiming to select more productive sugarcane clones, were installed in the year of 2005 experiments constituting the final phase of evaluation of clones as part of the Sugarcane Genetic Improvement Program from the Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro / Interuniversity Net to Development of Sugar-ethanol Sector at the Mills Santa Cruz-RJ, Sapucaia-RJ, Disa-ES, Lasa-ES, Paineiras-ES and Dasa-MG. In each locality were appraised 24 clones, being five of them standard clones and the other ones 19 as genotypes with potential recommendation for the appraised areas. The experimental design was randomized blocks, with four replicates, being each plot formed by four lines of five meters. The evaluations were made during three crop years, with plantings in 2005 and last harvest in 2008, being appraised the traits stalk fiber content (FIB), cane yield per hectare (TCH), pol (%) cane (PCC) and tonnes of pol per hectare (TPH). All traits were significant for genotypes (clones) and for interaction genotypes x environments for the test F ($P < 0,01$) in the joint analyses of the environments, demonstrating exist differences between the genotypes and interaction of these with the environments. It was noted the decrease for TPH among the harvests, happening fall of 31,61% of the first for the third harvest. For the adaptability and stability studies was used

the characteristic tonnes of pol per hectare, considered the most important in this study, and the used methodologies were the one of Eberhart and Russell, Cruz et al., Lin and Binns, and for mixed models. For the methodology of Eberhart and Russell were considered as ideals the clones RB758540, RB92596 and RB72454. By Cruz et al. were not found ideal genotypes, so the recommendation of clones for this methodology was made specifically to favorable and unfavorable environments. The application of the method of Lin and Binns made possible the identification of clones with high productivity, adaptability and stability phenotypic. By this methodology the clones RB92579, RB867515, RB947520 and RB758540 were placed among the five lowest values of Pi in the favorable environment as in the unfavorable ones. The methodology of mixed models, with the use of the harmonic mean of relative performance of genotypic values (MHPRVG), made possible the analysis of the adaptability and stability genotypic, allowed the recommendation of clones for the experimental net and also to each Plant. By MHPRVG the clones RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520 and RB931530 came in the first five placements, being defined still clones with higher genotypic potentials for each rehearsal in the six mills appraised.

1. INTRODUÇÃO

A cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) tem importância socioeconômica reconhecida no Brasil desde os tempos de colônia. Atualmente, além de ser utilizada na produção de açúcar para o consumo interno e exportação, é também utilizada para a produção de álcool, apresentando, além de importância socioeconômica, importância estratégica e ambiental, pela produção de álcool como fonte renovável de energia e menos poluente que combustíveis derivados do petróleo.

O Brasil é o maior produtor mundial dessa cultura, produzindo, na safra 2007/2008 mais de 495 milhões de toneladas, com as quais foram produzidos 31 milhões de toneladas de açúcar e 22,5 bilhões de litros de álcool (Unica, 2009).

Para garantir a rentabilidade do setor é indispensável que se busque alta produtividade e melhoria na qualidade da matéria-prima para a fabricação de açúcar e álcool. Nesse contexto, o melhoramento genético com o lançamento de novas variedades é o fator de maior expressão para o desenvolvimento do setor, a partir do melhoramento são desenvolvidas variedades melhor adaptadas aos diferentes tipos de solo, clima, e a incidência de pragas e doenças.

No melhoramento genético da cana-de-açúcar uma das fases mais importantes é a avaliação de novos clones quanto à adaptação a diferentes ambientes, e com isso a recomendação desses aos locais onde se sobressaem sobre as variedades atualmente plantadas. Diante desse fato, o estudo de adaptabilidade e estabilidade apresenta-se como ferramenta estatística para

sintetizar o enorme volume de informações presentes nesse tipo de trabalho, deixando-os interpretáveis pelos melhoristas. De acordo com Matsuoka (2000), a escolha das variedades a serem cultivadas é considerado o principal fator de produção e desenvolvimento tecnológico em uma usina sucroalcooleira.

Tendo-se em vista a procura por variedades cada vez mais produtivas e adaptadas às diferentes condições ambientais, trabalhos de melhoramento devem ser elaborados com vistas à recomendação de novas variedades aos locais de plantios comerciais. Dentro desse contexto, a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) vem buscando o lançamento dessas novas variedades, com as hibridações sendo realizadas em Serra do Ouro no município de Murici/AL, e os descendentes desses cruzamentos sendo avaliados em quase todas as regiões produtoras de cana-de-açúcar do Brasil. Assim, objetivou-se neste trabalho selecionar clones mais produtivos de cana-de-açúcar para as regiões das Usinas Santa Cruz-RJ, Sapucaia-RJ, Disa-ES, Lasa-ES, Paineiras-ES e Dasa-MG, através da experimentação de clones em fase final de avaliação pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA) da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) / RIDESA.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura da cana-de-açúcar

A cultura da cana-de-açúcar foi uma das primeiras atividades de importância econômica e a primeira agroindústria desenvolvida no Brasil, com a produção destinada principalmente à indústria do açúcar e do álcool, mas também para produzir fermentos e outros derivados para utilidades alimentícias e para indústria química (Cesnik e Miocque, 2004).

A cultura da cana-de-açúcar vem crescendo rapidamente no Brasil nos últimos anos, saindo de uma produção de 386 mil toneladas na safra 2004/05 para uma produção de 569 mil toneladas na safra 2008/09, demonstrando um incremento de 47% em quatro anos agrícolas, em que o Estado de São Paulo é o maior produtor, com 346 mil toneladas na safra 2008/09 (Conab, 2009).

É uma planta alógama (Walker, 1987), pertencente à família Poaceae (Gramineae), tribo Andropogoneae e gênero *Saccharum*, com seis espécies conhecidas: *Saccharum officinarum*, *S. sinense*, *S. barberi*, *S. edule*, *S. spontaneum* e *S. robustum* (Matsuoka et al., 1999). Dessas, a que mais contribuiu com genes para as atuais variedades foi a *S. officinarum*, também conhecida por cana-nobre pelo seu elevado teor de açúcar, sendo que a única que não contribuiu com nenhum gene para as atuais variedades foi a *S. edule* (Roach e Daniels, 1987).

Cesnik e Miocque (2004) citaram que o número de cromossomos básicos em cana é ainda muito discutido, formando uma série heteroplóide bastante

complexa, mas o número mais aceito é de 10 cromossomos, sendo esse também o número básico das Andropogoneae na qual o gênero *Saccharum* se enquadra. Barbosa (2000) descreveu que esse número é de 10 cromossomos, como a maioria das gramíneas, mas também existindo relatos de $x=8$ e $x=12$.

Apesar da indiscutível relevância da cana-de-açúcar para o agronegócio brasileiro, a pesquisa científica ainda tem muito a contribuir para a maximização do processo produtivo, desde a lavoura até a indústria. Enquanto na Austrália se aplicam em pesquisa e desenvolvimento mais de 3 dólares por tonelada de açúcar produzido, no Brasil este índice cai para 0,68 dólares por tonelada (Barbosa, et al., 2005).

A cultura da cana-de-açúcar é bastante influenciada pelas condições edafoclimáticas, fatores como precipitação pluviométrica, temperatura, umidade relativa, insolação, relevo, solo, etc, têm grande efeito sobre o comportamento fisiológico da cultura em relação ao metabolismo de crescimento e desenvolvimento dos colmos, florescimento, maturação e produtividade (Melo et al., 1999).

2.2. Melhoramento da cana-de-açúcar

O objetivo principal dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é o lançamento de novas variedades que aumentem os lucros para os produtores, sendo o caráter avaliado como o mais importante a tonelada de pol por hectare (TPH), o qual expressa a porcentagem aparente de sacarose contida no caldo da cana.

Atualmente existem quatro programas de melhoramento dessa cultura no Brasil: a) o programa de melhoramento do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), extinta Copersucar; b) o programa de melhoramento do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC); c) o programa de melhoramento das Universidades Federais que compõem a Rede Interuniversitária para o desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA). d) e o mais novo deles, o programa de melhoramento da Canavialis.

A RIDESA foi instituída em 1991, absorvendo o corpo técnico e a infraestrutura do extinto PLANALSUCAR. Atualmente está composta com 34 estações experimentais estrategicamente localizadas nos Estados onde atua, distribuídas

pela rede experimental de nove Universidades Federais: Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Universidade Federal de Goiás (UFG), Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Universidade Federal de Mato Grosso e Universidade Federal de Sergipe. Esta rede já lançou 65 variedades que são cultivadas em mais de 50% da área de plantio no país (Ridesa, 2009).

Este programa tem como ponto forte a parceria das Universidades Federais com as Usinas produtoras de açúcar e álcool, viabilizando os custos da experimentação, que boa parte são efetuados em áreas das usinas, ainda com parcela da mão-de-obra dessas. Existe ainda a facilidade de que as novas variedades já estejam sendo testadas nas áreas dos produtores, facilitando sua adoção pelos mesmos.

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar da RIDESA começam com a hibridação de genitores selecionados, com conseqüente obtenção de sementes sexuadas. Esses genitores são escolhidos considerando-se a divergência genética, a associação de caracteres de importância agroindustrial e os valores genéticos preditos dos genitores. Esses cruzamentos são efetuados na Estação Experimental de Serra do Ouro, no município de Murici em Alagoas devido ao fato das condições específicas desse local proporcionarem alto índice de florescimento nos clones.

Segundo Matsuoka et al. (1999), os cruzamentos entre os genitores de interesse podem ser realizados de diferentes maneiras: a) cruzamentos biparentais: em que são utilizados apenas dois genitores conhecidos; b) policruzamentos: onde um grande número de genitores selecionados são inter cruzados, colhendo-se sementes de todas as panículas, impedindo a identificação da fonte de pólen; c) polinização livre: onde sementes são colhidas de inflorescências de plantas que crescem livremente.

Em seguida ocorrem os processos de seleção, que envolvem fases denominadas T1, T2, T3, FE e FM, sendo primeira, segunda e terceira fases de seleção, fase de experimentação final e fase de multiplicação clonal, respectivamente.

Na primeira fase de seleção (T1) ocorre o plantio das sementes, onde cada uma possui potencial para se tornar uma variedade. A avaliação e seleção na população segregante consistem na observação individual de cada touceira na soca, sendo que nessa fase apenas 1 a 1,5% dos genótipos têm sido selecionados.

A seleção em estádios precoces no programa de melhoramento de cana-de-açúcar é imprecisa, principalmente quando cada genótipo é representado por uma única planta. Nestas circunstâncias, muitos erros devido à interação genótipos x ambientes estão sujeitos a ocorrer, assim, tem-se inserido a seleção através de famílias, a qual possui estimativas de herdabilidades superiores à seleção individual.

Na fase T2 a quantidade de material propagativo ainda é bastante limitada, sendo assim os experimentos constituídos por parcelas pequenas e avaliadas sem repetições e em um único local. Nesta fase é empregado o delineamento em blocos aumentados, que permite a avaliação de um grande número de genótipos sem se utilizar repetições, permitindo assim contornar o problema relacionado à limitação de material propagativo. Também são utilizadas cultivares comuns como testemunhas, sendo a proporção de clones selecionados normalmente variável entre 10 e 30%.

A fase T3 consiste na multiplicação e avaliação dos clones selecionados em T2, onde já é analisado um número maior de características, como resistência a doenças.

Os ensaios finais (FE) têm sido instalados em delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições e parcelas com quatro sulcos de cinco metros cada, em que o número de clones avaliados constitui-se 20 a 30, avaliando-se a produção de cada planta, primeira e segunda socas. Paralelamente a esse ensaio de competição, conduz-se outro ensaio para obtenção da curva de maturação. Os clones que sobressaem-se podem ir para a fase de multiplicação dos clones (FM) e então recomendada aos produtores.

Os programas de melhoramento têm sido dinâmicos, com modificações propostas e testadas, procurando-se sempre melhorar a eficiência do processo seletivo e facilitar as avaliações. Desta forma pesquisadores têm proposto novas metodologias de seleção, como a incorporação de seleção recorrente e seleção de famílias.

2.3. Interação genótipos x ambientes

O incremento na produtividade envolve vários fatores, sendo que alguns são possíveis de melhoria enquanto outros não, dentre os fatores que o homem pode intervir está a correta escolha de cultivares para o cultivo em determinada região.

O fenótipo é o produto dos efeitos genéticos com o ambiente, que na maioria das vezes não são independentes, resultando então na falta de consistência de um ambiente para o outro (Carneiro, 1998). Assim, uma variedade extremamente produtiva em um ambiente pode não se sobressair em outro.

Essa resposta diferenciada dos genótipos com as variações do ambiente denomina-se interação genótipo com ambiente. Para a adequada recomendação de genótipos é necessária a avaliação dos mesmos em diferentes ambientes (anos, locais, época de semeadura, tipos de solos, entre outros), por esta avaliação pode-se quantificar a interação dos genótipos nos ambientes e, com isso, indicar as variedades mais adequadas aos variados ecossistemas.

Farias et al. (1997) descreveram a importância da fase de avaliação de cultivares para recomendação aos diferentes ambientes onde estas sejam mais adaptadas como a principal fase de um programa de melhoramento genético.

Quanto à interação entre genótipos com ambientes, podem ocorrer três situações: ausência de interação, interação do tipo simples e interação do tipo complexa. Sendo que somente essa última causa problemas para a recomendação de genótipos aos produtores, pois indica a inconsistência da superioridade dos genótipos frente às variações ambientais, dificultando sensivelmente a seleção e recomendação de cultivares (Cruz et al., 2004).

Segundo Ramalho et al. (1993), a presença de interação do tipo complexa indica, quase sempre, a existência de cultivares adaptados a ambientes específicos, impedindo que a recomendação seja feita de forma generalizada.

Nesse contexto a cana-de-açúcar não é exceção. Diferentes ambientes de cultivo: locais, anos, pluviosidade, tipos de solo, épocas de plantio e de colheita, afetam significativamente a produtividade agroindustrial de variedades da cultura, que respondem de forma diferenciada a essas oscilações ambientais. Assim, a presença da forte interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar é um fato

comum, tanto em programas de melhoramento quanto em cultivos comerciais (Barbosa et al., 2002).

Melo et al. (2006) estudaram a interação entre clones RB da série 94 de cana-de-açúcar e ciclos de colheita em Pernambuco em quatro safras agrícolas, encontrando efeito de corte altamente significativo, indicando o comportamento específico entre os genótipos nas diversas safras da cultura.

Ferreira et al. (2005) estudando estimativas dos coeficientes de repetibilidade pelos métodos da anova, componentes principais e análise estrutural, das principais características na avaliação de genótipos de cana-de-açúcar: toneladas de colmos por hectare, porcentagem de sacarose e toneladas de sacarose por hectare, concluíram que o emprego de três cortes é adequado para a seleção em um programa de melhoramento com previsibilidade do valor real do genótipo acima de 80%.

Para amenizar o efeito da interação genótipos X ambientes, existem pelo menos três meios disponíveis descritos na literatura:

a) identificar genótipos específicos para cada ambiente: embora teoricamente seja possível, é limitada pela infinidade de ambientes encontrados principalmente em países de clima tropical, o que onera e dificulta as etapas de produção de sementes e manutenção de inúmeros genótipos necessários (Ramalho et al, 1993; Carneiro, 1998).

b) realizar zoneamento ecológico: consiste na subdivisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais uniformes, de forma que dentro de uma sub-região os cultivares não mostrem interação significativa com os ambientes. Assim, verifica-se se há padrões de similaridade entre os ambientes e os agrupam, ainda pode ajudar, seja por problemas técnicos ou financeiros, no descarte de ambientes com padrões semelhantes na avaliação. Porém, esse agrupamento é realizado com base em diferenças macroambientais, tornando-o vulnerável às variações imprevistas, dessa forma as variações genótipos x ambientes ainda permanecem elevadas (Carneiro, 1998).

c) identificar cultivares com maior estabilidade fenotípica: esta é a opção que tem sido mais utilizada nos diversos trabalhos de melhoramento, podendo ser aplicada nas mais diversas situações. Ela requer estudos sobre performance genotípica, com base nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, que procuram identificar cultivares de comportamento previsível e que sejam

responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas, obtendo-se assim, informações para se fazer recomendação de cultivares de forma mais criteriosa (Vencovsky e Barriga, 1992; Ramalho et. al, 1993; Cruz et. al, 2004).

2.4. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica

Existem na literatura diferentes definições sobre adaptabilidade e estabilidade, porém, as mais utilizadas atualmente são as terminologias de Finlay e Wilkinson (1963) e de Eberhart e Russel (1966) ou variações das mesmas (Lavoranti, 2003).

Finlay e Wilkinson (1963) definiram estabilidade média para caracterizar uma variedade cuja produção varia de acordo com a capacidade dos ambientes, em proporcionar altas ou baixas produtividades, respondendo de maneira satisfatória com a melhoria do ambiente, sendo, no entanto, capaz de manter um certo rendimento sob condições adversas.

Para Eberhart e Russel (1966) a adaptabilidade refere-se à capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente os estímulos do ambiente. Cruz et. al (2004) conceituaram adaptabilidade da mesma forma e acrescentaram que estabilidade refere-se à capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível, em função de mudanças ambientais.

Tendo por objetivo indicar novas variedades para cada região produtora, melhorar a produtividade agrícola e as características industriais das variedades de cana-de-açúcar, os programas de melhoramento dessa cultura avaliam, todos os anos, um grande número de clones em diferentes condições ambientais, sintetizando o enorme volume de informações obtidas através de análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica (Raizer e Vencovsky, 1999).

Com o intuito de se minimizar a interação genótipos x ambientes, conseguindo assim maiores produtividades agroindustriais, a escolha de variedades de cana-de-açúcar para o cultivo em diferentes ambientes tem merecido atenção cada vez maior pelas empresas do setor sucroalcooleiro (Barbosa, 2002). Sendo que a variedade de cana-de-açúcar é o fator que permite o maior incremento na produção, com um dos menores custos (Lima e Barbosa, 1996).

Melhoristas têm estudado a estabilidade fenotípica por várias décadas e desenvolvido inúmeros métodos de análise deste fenômeno, existindo atualmente inúmeras metodologias para se proceder a avaliação de adaptabilidade e estabilidade, tais como: Eberhart e Russel (1966), Cruz et al. (1989), Lin e Binns (1988), Rezende (2004) entre outras, todas fundamentadas na existência de interações e distinguindo-se quanto aos conceitos de estabilidade adotados, bem como nos princípios estatísticos empregados, sendo que a escolha da metodologia depende do número de ambientes disponíveis, da precisão requerida, além da informação desejada.

Os parâmetros que determinam a estabilidade são específicos para os grupos de cultivares testados juntamente com os ambientes considerados, sendo, portanto, equivocado a extrapolação dos resultados para outras condições (Rosse, 1999).

2.5. Metodologias para avaliar a adaptabilidade e estabilidade

a) Eberhart e Russell (1966)

Eberhart e Russell (1966) expandiram o método proposto por Finlay e Wilkinson (1963), incluindo um parâmetro de estabilidade denominado desvio da regressão (método baseado na análise de regressão linear simples). Por este método é considerado que um genótipo com coeficiente de regressão superior à unidade tem comportamento melhor em ambientes favoráveis, enquanto um que apresente esse valor abaixo da unidade tem seu comportamento avaliado com desempenho relativamente melhor que outros em ambientes desfavoráveis.

Os autores consideram como genótipo ideal aquele que apresenta alta produção, coeficiente de regressão igual a um e os desvios da regressão menores possíveis.

Os genótipos com adaptabilidade geral possuem coeficientes de regressão próximos à unidade, específica a ambientes favoráveis maiores que um e para ambientes desfavoráveis menores que 1. Já a estabilidade é avaliada pela variância dos desvios da regressão linear, assim, os genótipos com alta previsibilidade apresentariam $\hat{\sigma}_{di}^2$ igual a zero, e os que apresentam baixa previsibilidade $\hat{\sigma}_{di}^2$ maior que zero (Cruz et al., 2004).

Vencovsky e Barriga (1992) comentaram que a escolha do método de Eberhart e Russel deve ser empregado quando se dispõe de um número de ambientes variando de três a sete, indicando que para um número pequeno de ambientes este método é um dos poucos viáveis. Quando o número de ambientes é maior ou igual a oito pode-se adotar o modelo bissegmentado.

A metodologia proposta por Eberhart e Russel (1966) tem tido grande emprego entre os melhoristas. Barbosa et. al (2002), para avaliação de adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar RB (RIDESA) em Alagoas, em nove ambientes, utilizaram esta metodologia, onde conseguiram distinguir variedades mais produtivas para diversos ambientes, encontrando clones com produtividades superiores aos padrões.

b) Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

Verma et al. (1978) propuseram uma modificação no método de Eberhart e Russell (1966), analisando em duas retas as análises de regressão, ambientes favoráveis e desfavoráveis. Entretanto, tal metodologia, segundo Cruz et al. (2004) poderia ser inviabilizada se avaliasse um baixo número de ambientes, proporcionando, neste caso, testes estatísticos questionáveis. Silva e Barreto (1985) propuseram, então, o ajuste de uma única equação, representada por uma reta bissegmentada.

Cruz et al. (1989) apresentaram uma modificação dessa metodologia, proporcionando uma simplificação nas estimativas dos parâmetros e nas somas de quadrados, e com propriedades estatísticas mais adequadas aos propósitos do melhoramento. Esta metodologia baseia-se na análise de regressão bissegmentada, possuindo três parâmetros de adaptabilidade: a média ($\hat{\beta}_{0i}$), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis ($\hat{\beta}_{1i}$), e a resposta linear aos ambientes favoráveis ($\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$). A estabilidade é avaliada pelo desvio da regressão $\hat{\sigma}_{\delta_i}^2$ de cada cultivar em função das variações ambientais. Por esse método as estimativas $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ não são correlacionadas entre si, o que leva a independência dos dois segmentos de reta.

Um genótipo desejável, por essa metodologia, seria aquele que apresentasse alta média de produção ($\hat{\beta}_{0i}$), baixo $\hat{\beta}_{1i}$ (inferior a um), $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ maior que um, e $\hat{\sigma}_{\delta_i}^2$ próximos a zero.

Raizer e Vencovsky (1999) estimaram parâmetros de estabilidade por meio de regressão bissegmentada, em cinco novas variedades de cana-de-açúcar no Estado de São Paulo, encontrando variedades estáveis nos piores ambientes e responsivas nos melhores.

c) Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i (Carneiro, 1998)

Lin e Binns (1988) definiram o parâmetro P_i como medida de estabilidade, sendo a medida de superioridade máxima de um genótipo. Esse parâmetro representa o somatório dos quadrados médios das distâncias entre a resposta de um determinado genótipo para um dado ambiente e a resposta do genótipo que apresenta produtividade máxima no mesmo ambiente, nos vários ambientes estudados. Assim, o parâmetro P_i quantifica o desvio do genótipo “i” em relação à produtividade máxima observada em cada um dos “j” ambientes, ou seja, quanto menor for o valor desse parâmetro mais estável é o genótipo, apresentando melhor desempenho no maior número de ambientes possíveis. De acordo com Scapim et al. (2000), uma maior estabilidade estará associada a uma maior produtividade.

Árias (1996) descreveu que esse conceito segue os desejos do melhorista no sentido de selecionar genótipos que apresentem melhores desempenhos nos vários ambientes estudados, relacionando maior estabilidade com a alta produtividade.

O parâmetro P_i é uma medida relativa a um genótipo hipotético de adaptabilidade geral, cujo coeficiente de regressão é próximo à unidade, ou seja, este parâmetro quantifica a adaptabilidade como definida por Finlay e Wilkinson (1963) (Cruz e Carneiro, 2003).

A estatística P_i considera o rendimento de um genótipo, a resposta relativa a um genótipo com coeficiente de regressão próximo a unidade, que é uma medida de adaptabilidade, e a sua flutuação, o que é uma medida de estabilidade fenotípica (Cruz e Carneiro, 2003).

Carneiro (1998), descreveu que apesar de a metodologia se mostrar bastante promissora na recomendação de cultivares, ela apresenta estimativa de parâmetro apenas para recomendação geral, entretanto, a tendência é que esta recomendação particularize ambientes favoráveis e desfavoráveis. Assim sugeriu a decomposição do estimador P_i do método proposto por Lin e Binns (1988), nas partes devidas a ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Daher et. al (2003) estudando parâmetros de estabilidade em clones de capim-elefante, utilizaram a metodologia de Lin e Binns (1998) com decomposição de P_i , também as metodologias de Plaisted e Peterson (1959) e Kang (1988) encontrando relação inversa entre o parâmetro P_i e as médias de produtividades dos clones, indicando a aplicabilidade dessa estimativa de estabilidade para a avaliação de genótipos de ciclo perene submetidos a cortes sucessivos.

O método de Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i também foi utilizado por Lopes et al. (2001), Daros e Amaral Júnior (2000), Carvalho et. al (2002), dentre outros.

d) Adaptabilidade e Estabilidade Via Modelos Mistos

As análises de variância e regressão possuem como suposição básica a independência dos erros, sendo na prática um procedimento aproximado em situações mais complexas, já o método REML (máxima verossimilhança residual ou restrita) permite relaxar essa suposição, permitindo maior flexibilidade em sua utilização. Além disso, pela análise de variância há limitação para a análise conjunta no caso de heterogeneidade das variâncias residuais entre os ambientes, o que não ocorre no caso do REML (Rezende, 2007).

Um dos pontos mais importantes no melhoramento genético é a predição dos valores genéticos dos vários genótipos avaliados, sendo que esta necessita de estimativas dos componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão. Assim, o procedimento ótimo para predição de valores genéticos BLUP (melhor predição linear não viciada) e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância REML, estão associados a um modelo linear misto, isto é, modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeitos aleatórios além do erro.

Nos estudos de melhoramento genético, a consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios conduz a maior acurácia preditiva. Esta consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios é interessante nos programas de melhoramento genético, possibilitando a realização de seleção genética, caso contrário, a seleção é fenotípica e não genética (Rezende, 2007).

A importância de se considerar os materiais genéticos como de efeitos aleatórios, mesmo que os materiais sejam considerados de efeitos fixos em outras abordagens, foram levantadas também por Resende (2002), Duarte (2000) e Piepho (1998).

No caso dos modelos mistos com efeitos aleatórios de tratamentos, as principais propriedades do BLUP são: a maximização da acurácia seletiva, a minimização do erro de predição, a predição não viciada de valores genéticos, a maximização do ganho genético por ciclo de seleção e a maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre vários genótipos. O BLUP é o mais eficiente índice de seleção em termos de uso das informações de parentes.

O BLUP dos efeitos de genótipos \times ambientes ($g \times a$) considera a herdabilidade dos efeitos da interação $g \times a$, assim elimina os ruídos ou efeitos residuais da interação, por ocasião do processo de predição de $g \times a$.

Resende (2004) relatou que um modelo univariado, considerando todos os ambientes simultaneamente, é adequado para seleção tendo-se em vista a produtividade média nos vários ambientes. Contudo, para o mesmo autor, uma metodologia mais completa pode permitir inferências adicionais, como: seleção de genótipos específicos para cada local, seleção de genótipos estáveis através dos locais, seleção de genótipos responsivos a melhoria do ambiente e seleção pelos três atributos (produtividade, estabilidade e adaptabilidade), simultaneamente. Estas inferências com consequente seleção podem ser realizadas pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), o qual classifica os efeitos de clones como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica.

Recentemente, os procedimentos de interpretação mais simples têm tido maior aceitação nos estudos de adaptabilidade e estabilidade, os quais incorporam ambos (adaptabilidade e estabilidade) em uma única característica, como os métodos de Lin e Binns (1988) e o MHPRVG, que foi proposto por Rezende (2004).

Um método que ordena os genótipos simultaneamente por seus valores genéticos e estabilidade é o BLUP sob médias harmônicas dos valores genotípicos (MHVG). Quanto menor o desvio padrão do comportamento genotípico nos locais, maior será o valor de MHVG, assim a seleção pelos maiores valores de MHVG implica na seleção para produtividade e estabilidade, simultaneamente. Quanto à adaptabilidade pode ser mensurada pela performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), onde os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local obtendo-se posteriormente o valor médio desta proporção através dos locais (Rezende, 2007).

Segundo Resende (2004), a seleção considerando simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser feita por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), apresentando como principais vantagens, quando comparada com outros métodos: a) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; b) permite lidar com desbalanceamentos; c) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; d) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; e) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; f) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; g) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; h) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; i) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos (produtividade, adaptabilidade e estabilidade), simultaneamente.

Bastos et al. (2007), que avaliaram 70 clones e duas testemunhas de cana-de-açúcar em sete ambientes, encontraram alta correlação entre os valores genotípicos capitalizando a interação genótipos x ambientes com os valores preditos pelo método MHPRVG, os quais foram eficientes para seleção de genótipos.

As estimativas de MHVG, PRVG e MHPRVG em plantas de caju efetuadas por Maia et al. (2009) permitiram a seleção de genótipos mais produtivos e estes concluíram que estas metodologias podem ser inseridas nos programas de melhoramento da cultura.

Já Zeni-Neto et al. (2008) concluíram que o critério MHVG deve ser empregado com cautela quando se faz a seleção para estabilidade e produtividade em experimentos desbalanceados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Experimentos

Foram instalados, entre março e abril de 2005, experimentos que constituem a fase final de avaliação de clones do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA) da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) / Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA) em seis Usinas cooperadas (locais) a este programa (Tabela 1).

Tabela 1 – Usinas cooperadas onde foram instalados os experimentos.

Usina	Município	Relevo
Santa Cruz	Campos dos Goytacazes - RJ	Baixada
Sapucaia	Campos dos Goytacazes - RJ	Tabuleiro
DISA	Conceição da Barra - ES	Tabuleiro
LASA	Linhares - ES	Tabuleiro
Paineiras	Itapemirim - ES	Morro
DASA	Serra dos Aimorés - MG	Tabuleiro

Na Tabela 2 encontram-se os dados de datas de plantio e de corte, períodos entre os ciclos de produção e as precipitações pluviais de cada ciclo para as seis Usinas onde foram instalados os experimentos.

Tabela 2 – Datas de plantio e de corte, períodos dos ciclos de produção e precipitações pluviiais dos três ciclos de produção em cana-de-açúcar.

Usina ¹	Plantio	Corte			Período dos ciclos (dias)			Precipitação pluvial (mm)		
		1º	2º	3º	1º	2º	3º	1º	2º	3º
USC	18/4/2005	6/4/2006	15/6/2007	17/7/2008	353	435	398	1.271	1.413	1.244
USA	18/3/2005	9/6/2006	14/6/2007	29/5/2008	448	370	350	1.689	1.844	1.416
DIS	7/4/2005	12/7/2006	5/7/2007	24/7/2008	461	358	385	1.806	1.599	1.038
LAS	10/3/2005	3/8/2006	26/6/2007	8/7/2008	511	327	378	1.744	1.235	986
UPA	8/4/2005	22/6/2006	6/6/2007	4/6/2008	440	349	364	1.495	1.317	1.125
DAS	4/3/2005	25/5/2006	27/6/2007	25/5/2008	447	398	337	1.720	1.601	834

^{1/} USC – Usina Santa Cruz; USA – Usina Sapucaia; DIS – Usina Disa; LAS Unisa Lasa; UPA – Usina Paineiras; DAS – Usina Dasa.

Em cada local foram avaliados 24 clones, sendo cinco considerados padrões pelo PMGCA, e os outros 19 clones são genótipos com potencial de recomendação para as regiões avaliadas e alguns desses já lançados como variedades para outras regiões do país. A relação dos clones estudados, com seus respectivos genitores, encontram-se na Tabela 3.

Os experimentos foram instalados no delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, sendo cada parcela formada por quatro sulcos de cinco metros.

Os clones foram cultivados em regime de sequeiro e receberam os tratamentos culturais, como adubação, controle de ervas daninhas, etc, de acordo com os procedimentos normalmente utilizados em cada Usina.

Os ensaios foram conduzidos dentro de cada Usina conforme estabelecido em convênio entre a UFRRJ e estas, utilizando-se dos aparatos agrícolas e laboratoriais das Usinas e acompanhados por técnicos agrícolas e engenheiros agrônomos da rede experimental da UFRRJ e UENF.

Tabela 3 – Clones avaliados nos ensaios de competição com seus respectivos genitores.

	Clones	Genitor		Origem
		Feminino	Masculino	
1	RB72454*	CP53-76	PC	RIDESA
2	RB758540*	CB61122	PC	RIDESA
3	RB858927*	NA5679	RB739735	RIDESA
4	RB867515*	RB72454	PC	RIDESA
5	SP813250*	CP701547	SP711279	COPERSUCAR
6	RB955970	RB845197	RB835486	RIDESA
7	RB956911	RB855206	RB855035	RIDESA
8	RB956916	RB835486	RB855077	RIDESA
9	RB956918	RB855430	PC	RIDESA
10	RB955971	RB855206	RB855035	RIDESA
11	RB947520	RB72454	SP701143	RIDESA
12	RB947603	RB72454	SP301143	RIDESA
13	RB937568	SP701143	72654	RIDESA
14	RB9362	desconhecido	desconhecido	RIDESA
15	RB936903	RB765418	RB72454	RIDESA
16	RB931530	Q107	PC	RIDESA
17	RB9344	Q107	RB72199	RIDESA
18	RB92596	Q107	RB72454	RIDESA
19	RB92606	Q107	RB72454	RIDESA
20	RB92579	RB75126	RB72199	RIDESA
21	RB918639	desconhecido	desconhecido	RIDESA
22	RB918625	desconhecido	desconhecido	RIDESA
23	RB882698	RB722577	CO997	RIDESA
24	RB855511	SP711406	PC	RIDESA

* Padrões.

PC - Pólen originado da população (policruzamento).

3.2. Avaliação dos experimentos

Os experimentos foram avaliados durante três safras agrícolas (cortes), com plantios em 2005 e último corte em 2008, conforme Tabela 2. As parcelas foram colhidas e avaliadas após despalha prévia com fogo, conforme efetuado em plantios comerciais nas Usinas constantes nas avaliações.

Foram mensuradas quatro características na avaliação do clones dos experimentos, são elas:

a) *Porcentagem de Fibra* (FIB): definida como a matéria insolúvel em água contida na cana. Foi determinada pelos laboratórios de cada Usina através da massa de bagaço resultante da prensagem de quatro amostras de cana de 10 colmos cada (uma para cada repetição), que foram secas em estufa a 105°C até peso constante, obtendo-se então a porcentagem de fibra;

b) *Toneladas de colmo por hectare* (TCH): medida pela pesagem, em Kg, de todos os colmos constantes nas duas linhas centrais da parcela, com o auxílio de dinamômetro, estimando, posteriormente, o valor em toneladas por hectare;

c) *Pol % cana* (PCC): representa a porcentagem aparente de sacarose contida no caldo expressa em porcentagem de cana, assim, a diferença entre a pol na cana e a sacarose na cana é insignificante. Foi avaliada nas mesmas amostras de colmos utilizadas para a medição da porcentagem de fibra. Sendo determinada mediante a leitura do caldo clarificado, no polarímetro, e expresso o percentual de sacarose no caldo, pelo desvio da luz polarizada; E

d) *Toneladas de pol por hectare* (TPH): obtido por meio do produto da variável tonelada de cana por hectare (TCH) e pol % cana (PCC).

3.3. Análises estatísticas

3.3.1. Análises de variância

Para todas as análises de variância realizadas foi considerado como fixo o efeito de tratamento (clones) e as demais fontes de variação como aleatórias. Todas as análises de variância foram efetuadas com o auxílio do Programa

Genes (Cruz, 2001), seguindo os modelos genéticos estatísticos apresentados em Cruz et al. (2004) abaixo listados.

Na realização das análises de variância individuais para cada uma das características analisadas em cada local e em cada corte, utilizou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

onde:

Y_{ij} : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} : erro experimental.

Para realização da análise conjunta envolvendo as seis Usinas (locais) e os três cortes (anos), o modelo utilizado foi:

$$Y_{ijkm} = \mu + G_i + A_j + L_k + (B \times A)/L_{jkm} + GA_{ij} + GL_{ik} + AL_{jk} + GAL_{ijk} + \varepsilon_{ijkm}$$

onde:

Y_{ijkm} : observação no m-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo, no j-ésimo ano e k-ésimo local;

μ : média geral;

G_i , A_j e L_k : efeito de genótipos, anos e locais, respectivamente;

GA_{ij} , GL_{ik} e AL_{jk} : efeitos das interações entre genótipos e anos, genótipos e locais e locais e anos, respectivamente;

GAL_{ijk} : efeito da interação tripla entre genótipos, anos e locais;

$(B \times A)/L_{jkm}$: efeitos de blocos por anos dentro de locais;

ε_{ijkm} : erro experimental.

Realizaram-se também análises de variância considerando a interação de seis Usinas x três anos agrícolas como 18 ambientes. Essa análise foi efetuada

para que se detectasse os efeitos de genótipos, ambientes e da interação entre genótipos e ambientes.

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

onde:

y_{ijk} : observação do i-ésimo genótipo no k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

μ : média geral;

B/A_{jk} : efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

A_j : efeito do j-ésimo ambiente;

GA_{ij} : efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j;

ε_{ijk} : erro experimental.

3.3.2. Análise das médias fenotípicas

As médias das características estudadas nos clones foram agrupadas pelo procedimento de Scott e Knott (1974) no nível de 5% de probabilidade, utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz, 2001). Optou-se por este procedimento por ele contornar o problema da ambiguidade nos resultados e, ainda, apresentar alto poder de teste, isto é, a capacidade de um teste identificar as diferenças reais entre os tratamentos (Ramalho et al., 2000).

3.3.3. Estimativas de parâmetros genéticos

Estimaram-se os parâmetros genéticos para as características porcentagem de fibra, toneladas de colmo por hectare, pol % cana e toneladas de pol por hectare, a partir das esperanças dos quadrados médios e valores dos quadrados médios encontrados nas análises de variância, nas quais foi considerado como fixo o efeito de tratamento (clones) e as demais fontes de variação como aleatórias, pelas seguintes equações:

a) Coeficiente de variação experimental

$$CV_E = \frac{100 \sqrt{\sigma_E^2}}{\hat{m}}$$

b) Coeficiente de variação genética

$$CV_G = \frac{100 \sqrt{\hat{\phi}_G}}{\hat{m}}$$

c) Coeficiente de determinação genotípico médio

$$H^2 = \frac{\hat{\phi}_G}{QMG/ra}$$

em que:

σ_E^2 : variância residual;

$\hat{\phi}_G$: componente quadrático associado à variabilidade genotípica;

\hat{m} : média;

QMG: quadrado médio do efeito de clones;

ra: número de repetições vezes número de ambientes.

3.4.4. Análises de adaptabilidade e estabilidade

Para o presente estudo consideraram-se como ambientes a combinação de seis locais (Usinas) e três anos (safras agrícolas), totalizando 18 ambientes.

Foram utilizados os dados referentes à característica toneladas de pol por hectare (TPH), já que esta indica a produtividade de açúcar por hectare e é considerada a mais importante nas avaliações de genótipos, sendo utilizada em trabalhos semelhantes por vários outros autores como Raizer e Vencovsky (1999), Lavorenti e Matsuoka (2001), Rosse et al. (2002), Zeni Neto et al. (2008), entre outros.

A separação dos ambientes em favoráveis e desfavoráveis foi realizada pelos valores do índice ambiental (I_A). O qual classifica os experimentos que resultaram em média superior à média geral como favoráveis, índice positivo, e aqueles com média inferior à média geral como desfavoráveis, índice negativo.

Foram aplicadas quatro metodologias para avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos 24 clones de cana-de-açúcar, são elas:

a) Metodologia proposta por Eberhart e Russell (1966)

Esta metodologia baseia-se na expansão do método proposto por Finlay e Wilkinson (1963), incluindo um parâmetro de estabilidade denominado desvio da regressão. É baseada na análise de regressão linear simples, e segue o modelo de regressão abaixo:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}, \text{ onde:}$$

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ;

β_{0i} : média geral do genótipo i ;

β_{1i} : coeficiente de regressão linear, mede a resposta do i -ésimo genótipo à variação do ambiente;

I_j : índice ambiental;

δ_{ij} : desvio da regressão;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

A aplicação deste método foi efetuada conforme Cruz et al. (2004) com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2001).

b) Metodologia proposta por Cruz, Torres e Vencovsky (1989)

É baseada em regressão bissegmentada, possuindo os parâmetros de adaptabilidade: a média ($\hat{\beta}_{0i}$), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis ($\hat{\beta}_{1i}$), e a resposta linear aos ambientes favoráveis ($\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$). A estabilidade é avaliada pelo desvio da regressão $\hat{\sigma}_{\delta_i}^2$ de cada cultivar em função das variações ambientais. Adota o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i} I_j + \beta_{2i} T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}, \text{ onde:}$$

$T(I_j) = 0$, se $I_j < 0$; e

$T(I_j) = I_j - \bar{I}_+$, se $I_j > 0$, sendo \bar{I}_+ a média dos índices I_j positivos;

Este método foi realizado conforme Cruz et al. (2004), com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2001).

c) Metodologia proposta por Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i (Carneiro, 1998)

Para a metodologia não paramétrica de Lin e Binns (1988) a medida para estimar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos é fornecida pelo índice P_i , que representa o quadrado médio da distância entre a média do genótipo analisado e a resposta máxima obtida no ambiente em questão. Foi calculado pela equação:

$$P_i = \frac{\sum_{j=1}^n (X_{ij} - M_j)^2}{2n}$$

em que:

P_i = estimativa de estabilidade e adaptabilidade do genótipo i ;

X_{ij} = produtividade do i -ésimo genótipo no j -ésimo ambiente;

M_j = resposta máxima obtida entre todos os genótipos no j -ésimo ambiente; e

n = número de ambientes.

A seguir, procedeu-se a decomposição de P_i para ambientes favoráveis (P_{if}) e desfavoráveis (P_{id}), bem como para a obtenção do desvio genético e devido à interação, conforme Carneiro (1998).

Os parâmetros P_{if} e P_{id} , para ambientes favoráveis e desfavoráveis foram estimados conforme a seguir:

$$P_{if} = \frac{\sum_{j=1}^f (X_{ij} - M_j)^2}{2f} \quad \text{e} \quad P_{id} = \frac{\sum_{j=1}^d (X_{ij} - M_j)^2}{2d},$$

em que:

f : número de ambientes favoráveis;

d : número de ambientes desfavoráveis; e

X_{ij} e M_j : como definidos anteriormente.

O desvio genético e o desvio devido à interação foram obtidos, respectivamente, pelas expressões:

$$\frac{n(\bar{Y}_i - \bar{M})^2}{2n} \text{ e } \sum_{j=1}^n \frac{(Y_{ij} - \bar{Y}_{ij} - M_j + \bar{M})^2}{2n}$$

em que:

$$\bar{Y}_i = \frac{\sum_{j=1}^n Y_{ij}}{n} : \text{ é a média do genótipo } i; \text{ e}$$

$$\bar{M} = \frac{\sum_{j=1}^n M_j}{n} : \text{ é a média dos genótipos com resposta máxima.}$$

Este método foi realizado conforme apresentado por Cruz e Carneiro (2003), com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2001).

d) Adaptabilidade e Estabilidade Via Modelos Mistos

As estimativas dos componentes de variância e as predições dos valores genéticos foram realizadas usando o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada). A seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos clones baseou-se na média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) preditos, conforme descrito por Resende (2004). Todas estas análises foram realizadas por meio do software Selegen-REML/BLUP, empregando o modelo 155, apresentado abaixo (Resende, 2002).

$$y = Xf + Zg + Qgl + Tgm + Wgml + Sp + e,$$

em que: “y” é o vetor de dados; “f” é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-ano (assumidos como fixos) somados à média geral; “g” é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); “gl” é vetor dos efeitos da interação de genótipos com locais (aleatórios); “gm” é o vetor dos efeitos da interação genótipos x anos; “gml” é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos x locais x anos (assumidos como aleatórios); “p” é o vetor dos efeitos permanentes de parcela dentro de locais (assumidos como aleatórios); “e” é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análises de Variância

Os quadrados médios de tratamentos e seu nível de significância, obtidos nas análises de variância individuais para os experimentos instalados nas seis Usinas, nos três cortes, para as quatro variáveis analisadas estão apresentados na Tabela 4. Esta interação de três cortes e seis Usinas formaram os 18 ambientes em que os clones foram avaliados.

Encontraram-se diferenças significativas pelo teste F para genótipos na maioria das análises de variância, indicando que ocorreram diferenças significativas entre os clones. Pode-se notar que nas Usinas DISA e DASA todas as variáveis em todos os cortes apresentaram-se significativas pelo teste F em 1% de probabilidade.

As diferenças significativas entre genótipos (clones) evidenciaram a existência de grande variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o que pode favorecer a obtenção de resultados positivos na escolha de materiais de maior qualidade agrícola e industrial.

Os resultados da análise de variância conjunta considerando os seis locais (Usinas) nos três cortes (anos) de avaliação, os valores das médias das variáveis avaliadas e dos coeficientes de variação experimental, são apresentados na Tabela 5.

Tabela 4 - Quadrados médios de genótipos obtidos pelas análises individuais nos três cortes de cana-de-açúcar nas Usinas (locais): Santa Cruz (USC), Sapucaia (USA), Disa (DIS), Lasa (LAS), Paineiras (UPA) e Dasa (DAS) para quatro características.

Usina	Safra ²	Características ¹			
		FIB	TCH	PCC	TPH
USC	1º corte	2,46 **	861,35 **	5,46 **	13,38 **
	2º corte	1,08 ^{ns}	752,30 ^{ns}	0,87 ^{ns}	15,65 ^{ns}
	3º corte	0,54 ^{ns}	822,74 **	1,89 **	17,18 *
USA	1º corte	6,62 **	764,54 **	2,00 **	14,02 *
	2º corte	1,27 **	468,03 *	3,31 **	11,98 **
	3º corte	0,59 ^{ns}	256,18 ^{ns}	2,93 **	3,89 ^{ns}
DIS	1º corte	18,28 **	1101,46 **	1,74 **	20,09 **
	2º corte	0,84 **	688,22 **	2,37 **	16,37 **
	3º corte	1,64 **	618,97 **	1,95 **	7,58 **
LAS	1º corte	5,07 **	565,60 **	9,93 **	39,29 **
	2º corte	1,02 **	571,88 ^{ns}	1,86 ^{ns}	10,73 ^{ns}
	3º corte	0,52 *	860,47 **	3,03 **	20,98 **
UPA	1º corte	5,92 **	451,01 *	3,71 **	20,13 **
	2º corte	0,65 **	392,54 ^{ns}	2,53 **	11,97 **
	3º corte	0,73 **	519,96 **	4,90 **	12,80 **
DAS	1º corte	1,33 **	2473,45 **	2,62 **	36,01 **
	2º corte	1,59 **	998,64 **	0,79 **	21,12 **
	3º corte	2,34 **	480,16 **	3,90 **	11,17 **

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} 1º corte: ano de 2006; 2º corte: ano de 2007; 3º corte: ano de 2008.

Tabela 5 - Quadrados médios, médias e coeficientes de variação experimental, com base na média de parcelas, para quatro características^{1/} avaliadas em clones de cana-de-açúcar.

FV	GL	Quadrados Médios			
		FIB	TCH	PCC	TPH
(Rep/L/C	54	0,93	1.618,34	2,46	33,37
Genótipos (G)	23	14,10**	4.233,99**	18,92**	76,47**
Cortes (C)	2	511,93**	265.560,11*	160,35 ^{ns}	3.684,73 ^{ns}
Locais (L)	5	90,91 ^{ns}	63.280,56 ^{ns}	41,44 ^{ns}	1014,19 ^{ns}
GxC	46	3,42**	578,35**	2,76*	15,15**
GxL	115	2,26 ^{ns}	1.011,61**	2,74**	23,47**
CxL	10	63,55**	39.811,82**	131,62**	1.035,51**
GxCxL	230	2,02**	319,88**	1,76**	8,04**
Resíduo	1.242	0,49	263,48	0,67	5,46
Média		10,18	98,28	13,85	13,58
CVe(%)		6,88	16,52	5,94	17,19

^{1/}FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

Os valores dos coeficientes de variação experimental (CVe) variaram de 5,94 a 17,19%, mostrando-se condizentes com outros trabalhos semelhantes encontrados na literatura com a cultura da cana-de-açúcar. Sendo que os maiores valores dos coeficientes de variação experimental encontrados para TCH (16,52%) e TPH (17,19%) são justificáveis por serem variáveis medidas em ensaios agrícolas de campo.

O valor da média para a característica toneladas de colmo por hectare (TCH) considerando todas as Usinas nos três anos agrícolas foi de 98,28, que é superior à média nacional (80,87), a média do Estado do Rio de Janeiro (71,13), do Espírito Santo (67,78) e de Minas Gerais (73,45), valores da safra 2008/09 (Conab, 2009).

Evidenciaram-se diferenças significativas pelo teste F, em nível de parcelas, entre genótipos, interação genótipos x cortes, interação cortes x locais e genótipos x cortes x locais em todas as quatro variáveis estudadas. Estas interações significativas são resultados das alterações no posicionamento dos genótipos ou mudança na magnitude das diferenças entre genótipos de um local, ou ainda, de um corte para outro. A fonte de variação genótipo significativa

indicou que existe variabilidade genética entre os clones, assim, há possibilidade de seleção de genótipos superiores.

As fontes de variação cortes e locais foram não significativas para a maioria dos variáveis analisadas, indicando que as variações entre os cortes e entre os locais não foram suficientemente grandes para promoverem diferenças estatísticas.

Porém, quando considerado apenas genótipos e ambientes (Tabela 6), sendo ambientes formados pela junção de locais e cortes, todas as fontes de variação (genótipos, ambientes e a interação genótipos x ambientes) mostram-se significativas.

Tabela 6 - Quadrados médios, com base na média de parcelas, para quatro características^{1/} avaliadas em clones de cana-de-açúcar considerando genótipos e ambientes.

FV	GL	Quadrados Médios			
		FIB	TCH	PCC	TPH
Rep/amb	54	0,93	1.618,34	2,45	33,37
Genótipos (G)	23	14,10 **	4.233,99 **	18,92 **	76,48 **
Ambientes (A)	17	124,35 **	73.273,0 **	108,48 **	1.340,92 **
GxA	391	2,26 **	553,74 **	2,17 **	13,41 **
Resíduo	1.242	0,49	263,48	0,67	5,46
Média		10,18	98,28	13,85	13,58
CVe(%)		6,88	16,52	5,94	17,19

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

A significância da interação genótipos x ambientes decorre da resposta diferenciada dos genótipos com as variações do ambiente, a qual dificulta a recomendação de variedades fazendo com que uma variedade altamente produtiva em um ambiente possa não se sobressair em outro.

A presença dessa interação não é única desse trabalho, mas sim encontrada na maioria dos trabalhos desse tipo. De acordo com Barbosa et al. (2002), a presença da forte interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar é um fato comum, tanto em programas de melhoramento quanto em cultivos comerciais.

Assim, para a adequada recomendação de genótipos de cana-de-açúcar, é necessária uma avaliação de genótipos em diferentes ambientes (anos, locais, tipos de solos, etc.), para que se quantifique esta interação e com isso, indicar as variedades mais adequadas aos variados ecossistemas.

4.2. Análise das médias fenotípicas

Como as interações genótipos x locais foram significativas para a maioria das características estudadas, o que é provocado por alterações no posicionamento dos genótipos nos diferentes locais, e é de interesse o conhecimento da produtividade dos diferentes clones nas várias Usinas avaliadas, procedeu-se a análise das médias fenotípicas dos clones em cada Usina.

As médias fenotípicas de três cortes dos diferentes clones, para as características porcentagem de fibra (FIB), toneladas de colmo por hectare (TCH), pol % cana (PCC) e toneladas de pol por hectare (TPH), foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade e estão apresentadas nas Tabelas 7, 8, 9, 10, 11 e 12 para as Usinas Santa Cruz, Sapucaia, Disa, Lasa, Paineiras e Dasa, respectivamente.

Na análise das médias da Usina Santa Cruz (Tabela 7), para as características FIB, TCH e TPH pelo teste de Scott e Knott (1974) observou-se a formação de um único grupo, apesar de o clone de maior média ser 12,96%, 65,93% e 57,77% maior que o de menor média, respectivamente para FIB, TCH e TPH. Quanto à característica PCC houve a formação de dois grupos.

Nota-se que, dos cinco clones classificados como de maiores médias para TPH pela análise conjunta de todos os ambientes (Tabela 15), apenas os clones RB867515 e RB758540 mantiveram-se entre os cinco primeiros para a Usina Santa Cruz.

Destacam-se nas avaliações da Usina Santa Cruz os clones RB931530 e RB918625, os quais apresentaram, respectivamente, médias 25,68% e 17,71% maiores que a média dos cinco padrões para TPH.

Tabela 7 – Agrupamento de médias fenotípicas, pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade, para quatro características¹ em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados por três cortes na Usina Santa Cruz-RJ.

Clone	FIB	Clone	TCH	Clone	PCC	Clone	TPH
RB882698	11,59a	RB931530	105,10a	RB9344	15,55a	RB931530	14,83 a
RB937568	11,56a	<u>RB758540</u>	104,49a	RB955970	14,89a	RB918625	13,89 a
<u>RB858927</u>	11,48a	RB918625	98,80a	RB947520	14,36a	<u>RB758540</u>	13,85 a
RB956916	11,47a	<u>RB867515</u>	93,99a	RB956918	14,35a	<u>RB867515</u>	13,10 a
RB955970	11,47a	RB882698	93,64a	RB92579	14,26a	RB92606	13,06 a
RB956918	11,34a	RB92596	90,85a	RB956911	14,20a	RB882698	12,92 a
RB918625	11,32a	RB92606	90,25a	RB947603	14,14a	RB92596	12,67 a
RB955971	11,26a	RB937568	86,82a	RB956916	14,12a	RB92579	12,53 a
<u>RB72454</u>	11,19a	RB92579	86,78a	RB92606	14,08a	RB956916	12,45 a
RB956911	11,19a	RB918639	86,61a	RB955971	14,06a	RB947520	12,29 a
RB935903	11,18a	<u>SP81-3250</u>	86,44a	RB931530	14,01a	RB955970	11,95 a
<u>SP81-3250</u>	11,13a	RB947520	85,40a	<u>RB858927</u>	13,95a	RB947603	11,92 a
RB931530	11,00a	RB956916	85,12a	<u>RB867515</u>	13,95a	RB937568	11,88 a
<u>RB867515</u>	10,96a	RB947603	82,74a	RB918625	13,90a	<u>SP81-3250</u>	11,46 a
RB947603	10,94a	RB955970	79,72a	RB92596	13,81a	RB855511	11,18 a
RB947520	10,92a	RB855511	79,63a	<u>RB72454</u>	13,74a	RB918639	11,12 a
RB92606	10,91a	<u>RB72454</u>	79,28a	RB935903	13,73a	<u>RB72454</u>	11,12 a
RB92579	10,88a	RB9362	73,26a	RB882698	13,72a	RB956918	10,36 a
RB92596	10,88a	RB935903	72,86a	RB9362	13,56b	RB955971	10,22 a
RB9344	10,78a	RB956918	72,15a	RB855511	13,42b	RB935903	10,22 a
RB855511	10,70a	RB955971	70,58a	RB937568	13,33b	RB9362	10,03 a
RB918639	10,57a	<u>RB858927</u>	67,27a	<u>SP81-3250</u>	13,19b	RB9344	9,89 a
<u>RB758540</u>	10,54a	RB956911	64,84a	<u>RB758540</u>	12,75b	<u>RB858927</u>	9,49 a
<u>RB9362</u>	10,26 a	<u>RB9344</u>	63,34 a	<u>RB918639</u>	12,60 b	<u>RB956911</u>	9,40 a
Média	11,06	Média	83,33	Média	13,90	Média	11,74
M _{PAD} ²	11,06	M _{PAD}	86,29	M _{PAD}	13,52	M _{PAD}	11,80
CVe(%)	6,76	CVe(%)	23,64	CVe(%)	5,66	CVe(%)	24,13

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} M_{PAD}: Médias dos cinco clones considerados padrões.

____: Os clones em que os nomes estão sublinhados representam os padrões.

Deve ser salientado que no primeiro corte esta Usina obteve a menor produtividade média entre os locais (TPH = 7,70), bem abaixo das demais, isto pode ter sido devido à ocorrência de alagamento do solo naquela época, causando danos às plantas.

Os agrupamentos de médias de Scott e Knott (1974) para os dados da Usina Sapucaia estão apresentados na Tabela 8. Para esta Usina não ocorreu a formação de grupos estatisticamente distintos para as características TCH e TPH, porém, ocorreu a formação de dois grupos para FIB e dois para PCC, características estas menos influenciadas pelo ambiente, assim, de menor coeficiente de variação experimental.

Novamente os clones RB867515 e RB758540 foram os únicos entre os cinco clones de maiores médias para TPH pela análise conjunta de todos os ambientes que estiveram entre os cinco mais produtivos na Usina Sapucaia. Assim, pode-se concluir que estes dois clones são altamente produtivos e sobressaem-se nas condições agrícolas das Usinas do Estado do Rio de Janeiro (Usina Santa Cruz e Sapucaia).

Os clones RB92606 e RB855511 obtiveram, respectivamente, médias de 14,01 e 13,35 para a característica considerada como a mais importante nestas avaliações – TPH, sendo essas médias superiores à média dos padrões em 15,02% e 9,60%.

Com esses resultados para as análises no Estado do Rio de Janeiro (Usina Santa Cruz e Sapucaia), pôde-se encontrar clones promissores e mais produtivos que os padrões tradicionalmente cultivados nesta região, mostrando que o desenvolvimento de novos genótipos pode contribuir para a evolução da produtividade nestas áreas.

Na Tabela 9 encontram-se as médias das características avaliadas agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974) para Usina Disa. Ocorreram a formação de dois grupos para as características porcentagem de fibra (FIB) e pol % cana (PCC) e de três grupos para toneladas de colmos por hectare e toneladas de pol por hectare (TPH).

Tabela 8 – Agrupamento de médias fenotípicas, pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade, para quatro características¹ em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados por três cortes na Usina Sapucaia-RJ.

Clone	FIB	Clone	TCH	Clone	PCC	Clone	TPH
RB955970	11,99 a	<u>RB867515</u>	105,45 a	RB931530	14,93 a	RB92606	14,01 a
RB956916	11,68 a	RB855511	103,35 a	RB956918	14,33 a	RB855511	13,35 a
RB956918	11,52 a	RB947520	99,90 a	RB92606	14,26 a	<u>RB867515</u>	13,29 a
RB855511	11,35 a	<u>RB758540</u>	97,86 a	RB9344	14,21 a	RB931530	12,99 a
RB882698	10,95 b	RB92606	97,14 a	RB955971	14,12 a	<u>RB758540</u>	12,70 a
RB92579	10,85 b	RB918639	90,17 a	RB955970	14,05 a	RB947520	12,61 a
RB937568	10,74 b	<u>RB858927</u>	88,85 a	RB956911	13,98 a	RB955970	12,47 a
RB9362	10,70 b	RB882698	88,55 a	RB935903	13,74 a	RB956911	12,13 a
<u>RB758540</u>	10,67 b	RB955970	88,49 a	<u>SP81-3250</u>	13,66 a	RB955971	11,82 a
RB918639	10,63 b	<u>RB72454</u>	88,20 a	<u>RB72454</u>	13,33 b	<u>RB72454</u>	11,76 a
<u>RB867515</u>	10,63 b	RB92579	87,52 a	RB92579	13,33 b	<u>SP81-3250</u>	11,70 a
RB918625	10,63 b	RB931530	87,14 a	RB92596	13,28 b	RB882698	11,70 a
RB956911	10,50 b	RB918625	86,66 a	RB956916	13,23 b	RB92579	11,67 a
RB92606	10,42 b	RB956911	86,29 a	RB947603	13,20 b	RB935903	11,60 a
RB947603	10,38 b	<u>SP81-3250</u>	85,61 a	RB882698	13,20 b	<u>RB858927</u>	11,47 a
RB947520	10,30 b	RB935903	84,03 a	<u>RB858927</u>	12,90 b	RB918639	11,45 a
RB92596	10,28 b	RB937568	83,58 a	<u>RB758540</u>	12,90 b	RB92596	11,02 a
<u>RB858927</u>	10,26 b	RB955971	83,44 a	RB9362	12,75 b	RB956916	10,99 a
RB9344	10,24 b	RB956916	83,43 a	RB855511	12,73 b	RB947603	10,83 a
<u>SP81-3250</u>	10,19 b	RB947603	81,91 a	<u>RB867515</u>	12,69 b	RB918625	10,76 a
RB955971	9,96 b	RB92596	81,68 a	RB947520	12,55 b	RB956918	10,56 a
RB931530	9,83 b	RB9362	79,44 a	RB918639	12,49 b	RB9344	10,36 a
<u>RB72454</u>	9,75 b	RB956918	73,44 a	RB937568	12,35 b	RB937568	10,34 a
<u>RB935903</u>	9,47 b	<u>RB9344</u>	72,62 a	<u>RB918625</u>	12,34 b	<u>RB9362</u>	10,13 a
Média	10,58	Média	87,70	Média	13,36	Média	11,74
M _{PAD} ²	10,30	M _{PAD}	93,14	M _{PAD}	13,10	M _{PAD}	12,18
CVe(%)	7,19	CVe(%)	18,48	CVe(%)	6,66	CVe(%)	20,23

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} M_{PAD}: Médias dos cinco clones considerados padrões.

____: Os clones em que os nomes estão sublinhados representam os padrões.

Tabela 9 – Agrupamento de médias fenotípicas, pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade, para quatro características¹ em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados por três cortes na Usina Disa-ES.

Clone	FIB	Clone	TCH	Clone	PCC	Clone	TPH
RB956916	11,48 a	<u>RB867515</u>	144,77 a	RB9344	14,78 a	<u>RB867515</u>	19,31 a
RB882698	11,41 a	<u>SP81-3250</u>	127,04 b	RB931530	14,22 a	<u>SP81-3250</u>	17,09 b
RB956918	10,75 a	<u>RB758540</u>	125,09 b	RB955971	14,08 a	<u>RB758540</u>	16,21 b
RB9362	10,21 a	RB855511	119,30 b	RB935903	14,07 a	RB937568	15,89 b
<u>RB758540</u>	10,10 a	RB937568	118,74 b	RB956911	14,03 a	RB956916	15,84 b
RB947603	10,05 a	RB92579	117,81 b	RB956918	13,95 a	RB855511	15,76 b
RB937568	9,98 a	RB956916	117,62 b	RB92606	13,91 a	RB947520	15,74 b
RB918625	9,84 b	RB947520	115,10 b	RB947520	13,84 a	RB92596	15,60 b
RB855511	9,81 b	RB92596	114,25 b	RB92596	13,80 a	RB955971	15,45 b
RB955970	9,70 b	<u>RB72454</u>	113,60 b	RB947603	13,73 a	RB92579	15,42 b
<u>RB867515</u>	9,70 b	RB955971	111,58 b	RB956916	13,67 a	RB935903	15,07 b
<u>RB72454</u>	9,68 b	RB9362	110,29 b	RB918625	13,60 a	<u>RB72454</u>	14,78 c
RB956911	9,55 b	RB882698	108,09 c	RB937568	13,53 b	RB9362	14,54 c
RB918639	9,48 b	RB935903	108,05 c	RB855511	13,44 b	RB92606	14,36 c
RB9344	9,43 b	RB918639	106,71 c	<u>SP81-3250</u>	13,43 b	RB956911	13,79 c
RB931530	9,26 b	RB955970	105,27 c	<u>RB867515</u>	13,41 b	RB955970	13,69 c
<u>SP81-3250</u>	9,25 b	RB92606	104,26 c	RB92579	13,38 b	RB931530	13,56 c
<u>RB858927</u>	9,16 b	RB947603	98,88 c	RB9362	13,22 b	RB918639	13,55 c
RB92596	9,03 b	RB956918	98,59 c	RB955970	13,15 b	RB956918	13,53 c
RB947520	8,89 b	RB956911	98,49 c	<u>RB72454</u>	13,05 b	RB947603	13,44 c
RB92606	8,88 b	<u>RB858927</u>	97,41 c	<u>RB758540</u>	12,97 b	RB882698	13,43 c
RB935903	8,49 b	RB931530	96,68 c	RB918639	12,84 b	RB9344	12,94 c
RB955971	8,46 b	RB918625	91,24 c	<u>RB858927</u>	12,73 b	RB918625	12,35 c
<u>RB92579</u>	8,22 b	<u>RB9344</u>	88,26 c	<u>RB882698</u>	12,57 b	<u>RB858927</u>	12,32 c
Média	9,62	Média	109,88	Média	13,56	Média	14,74
M _{PAD} ²	9,58	M _{PAD}	121,58	M _{PAD}	13,12	M _{PAD}	15,94
CVe(%)	10,34	CVe(%)	11,35	CVe(%)	5,63	CVe(%)	12,14

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} M_{PAD}: Médias dos cinco clones considerados padrões.

____: Os clones em que os nomes estão sublinhados representam os padrões.

A formação de um número maior de grupos nas médias das características da Usina Disa do que nas Usinas Santa Cruz e Sapucaia pode ter sido devido a maior precisão experimental nesta, obtendo-se valores menores dos coeficientes de variação experimental, principalmente quando se trata da característica toneladas de pol por hectare.

O clone RB867515 obteve destaque e ficou isolado com a maior produtividade em TPH, superando em 31% a média geral. Este clone possui alto valor de TCH e valor médio de PCC, gerando ao final a maior produtividade em TPH nesta Usina, o mesmo foi encontrado para a Usina Santa Cruz.

Pode-se verificar que na Usina Disa os clones mais novos testados tiveram desempenho inferior aos padrões, sendo os três clones de maior média para TPH considerados como padrões. Porém, um plantio comercial de cana-de-açúcar não deve ser composto por poucos genótipos, sendo estes plantios geralmente constituídos por várias variedades para que se minimize os riscos devido ao ataque de doenças, pragas, etc., assim, novas variedades podem ser utilizadas mesmo não ultrapassando em produtividade as padrões.

Para a Usina Lasa (Tabela 10) houve a formação de um único grupo para TCH, dois para as características PCC e TPH e três para FIB.

Encontrou-se média de 15,91 para a característica toneladas de pol por hectare para esta Usina, considerada bastante alta e a maior entre as Usinas avaliadas, com dois clones (SP81-3250 e RB947520) ultrapassando a marca de 19 toneladas de pol por hectare.

Entre os cinco clones de maior média para a característica TPH na Usina Lasa, três deles estiveram no mesmo grupo quando se considerou a média geral das Usinas avaliadas, foram eles: SP81-3250, RB947520 e RB92579.

Comparando-se os clones RB947520, RB955971, RB92579 e RB956916 com a média dos padrões para TPH (16,18), estes obtiveram médias 19,22%, 15,08%, 14,96% e 12,30% maiores, respectivamente.

As médias das características porcentagem de fibra (FIB), toneladas de colmos por hectare (TCH), pol % cana (PCC) e toneladas de pol por hectare (TPH) agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974) para a Usina Paineiras, encontram-se na Tabela 11.

Tabela 10 – Agrupamento de médias fenotípicas, pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade, para quatro características¹ em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados por três cortes na Usina Lasa-ES.

Clone	FIB	Clone	TCH	Clone	PCC	Clone	TPH
RB956916	11,99a	<u>SP81-3250</u>	134,48a	RB947520	14,91a	<u>SP81-3250</u>	19,38 a
RB956911	10,79b	RB947520	129,47a	RB956911	14,73a	RB947520	19,29 a
<u>RB867515</u>	10,52b	RB955971	128,24a	RB92606	14,62a	RB955971	18,62 a
RB9344	10,50b	RB956916	127,49a	RB92579	14,58a	RB92579	18,60 a
RB955970	10,49b	RB92579	126,14a	RB955971	14,48a	RB956916	18,17 a
RB92596	10,49b	<u>RB867515</u>	120,81a	RB931530	14,37a	<u>RB867515</u>	16,88 a
RB918625	10,44b	RB855511	120,50a	<u>SP81-3250</u>	14,31a	RB92596	16,86 a
RB918639	10,35b	RB92596	120,29a	RB956916	14,31a	RB956911	16,66 a
<u>RB758540</u>	10,25b	RB918639	118,98a	RB956918	14,06a	RB855511	16,51 a
<u>RB72454</u>	10,23b	<u>RB758540</u>	117,49a	RB935903	14,01a	<u>RB758540</u>	16,47 a
RB956918	10,14c	<u>RB858927</u>	113,63a	RB947603	14,00a	RB92606	16,17 a
RB947520	10,13c	RB937568	112,98a	RB92596	13,93a	RB918639	15,89 b
RB937568	10,05c	RB956911	112,42a	<u>RB758540</u>	13,87a	RB935903	15,68 b
RB882698	10,04c	RB9362	112,14a	RB955970	13,82a	RB937568	15,25 b
RB947603	10,03c	RB935903	111,21a	<u>RB867515</u>	13,78a	RB918625	15,18 b
<u>RB858927</u>	9,99c	RB918625	110,96a	<u>RB72454</u>	13,74a	RB931530	15,14 b
<u>SP81-3250</u>	9,88c	RB92606	110,32a	RB855511	13,70a	RB956918	15,06 b
RB931530	9,77c	RB882698	109,51a	RB9344	13,66a	<u>RB72454</u>	14,98 b
RB855511	9,72c	<u>RB72454</u>	108,89a	RB918625	13,48a	RB947603	14,86 b
RB92579	9,65c	RB956918	107,02a	RB937568	13,44a	RB955970	14,14 b
RB92606	9,65c	RB947603	105,91a	RB918639	13,28a	RB882698	13,74 b
RB935903	9,60c	RB931530	105,35a	RB882698	12,67b	RB9362	13,32 b
RB955971	9,33c	RB955970	103,36a	RB9362	12,06b	<u>RB858927</u>	13,19 b
<u>RB9362</u>	9,19c	<u>RB9344</u>	89,90a	<u>RB858927</u>	11,84b	<u>RB9344</u>	11,68 b
Média	10,13	Média	114,90	Média	13,82	Média	15,91
M _{PAD} ²	10,17	M _{PAD}	119,06	M _{PAD}	13,51	M _{PAD}	16,18
CVe(%)	5,64	CVe(%)	15,55	CVe(%)	7,83	CVe(%)	16,67

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} M_{PAD}: Médias dos cinco clones considerados padrões.

____: Os clones em que os nomes estão sublinhados representam os padrões.

Tabela 11 – Agrupamento de médias fenotípicas, pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade, para quatro características¹ em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados por três cortes na Usina Paineiras-ES.

Clone	FIB	Clone	TCH	Clone	PCC	Clone	TPH
RB956916	11,13 a	RB92579	101,09 a	RB955971	16,23 a	RB931530	15,74 a
RB882698	10,44 b	RB931530	96,33 a	RB931530	16,20 a	RB955971	15,38 a
<u>RB867515</u>	10,26 b	RB955971	94,13 a	RB956918	15,35 b	RB92579	15,09 a
RB855511	10,21 b	RB918639	93,94 a	RB956911	15,24 b	RB882698	13,84 a
RB956918	10,06 c	<u>RB758540</u>	91,24 a	RB9344	15,11 b	RB956911	13,49 a
RB955970	9,97 c	RB882698	91,16 a	RB956916	14,96 b	RB947520	13,11 a
<u>SP81-3250</u>	9,93 c	RB947520	89,81 a	RB955970	14,90 b	<u>RB758540</u>	12,63 b
<u>RB758540</u>	9,89 c	RB956911	88,08 a	RB92579	14,77 b	RB956916	12,56 b
RB92596	9,87 c	RB855511	85,70 a	RB92606	14,71 b	RB918639	12,31 b
RB937568	9,83 c	RB918625	85,13 a	RB882698	14,67 b	<u>RB72454</u>	12,16 b
RB947603	9,81 c	RB956916	83,38 a	RB935903	14,54 b	RB955970	12,08 b
RB956911	9,72 c	<u>RB858927</u>	83,38 a	RB947520	14,51 b	RB855511	11,92 b
RB918625	9,64 c	<u>RB72454</u>	83,12 a	<u>RB72454</u>	14,46 b	<u>RB858927</u>	11,82 b
RB9344	9,58 c	<u>RB867515</u>	82,42 a	<u>SP81-3250</u>	14,29 c	RB956918	11,80 b
<u>RB72454</u>	9,52 c	RB955970	80,64 a	<u>RB858927</u>	14,15 c	RB92606	11,63 b
RB918639	9,42 d	RB92596	79,79 a	<u>RB867515</u>	14,03 c	RB918625	11,63 b
<u>RB858927</u>	9,35 d	RB9362	77,82 a	RB92596	14,00 c	<u>RB867515</u>	11,62 b
RB947520	9,28 d	RB92606	77,07 a	RB937568	13,91 c	RB92596	11,42 b
RB92579	9,21 d	RB937568	77,06 a	<u>RB758540</u>	13,73 c	<u>SP81-3250</u>	11,17 b
RB92606	9,15 d	<u>SP81-3250</u>	76,97 a	RB947603	13,73 c	RB935903	11,01 b
RB935903	9,03 d	RB956918	76,49 a	RB855511	13,72 c	RB937568	10,84 b
RB955971	8,75 e	RB935903	74,81 a	RB9362	13,49 c	RB9362	10,70 b
RB9362	8,55 e	RB947603	70,73 a	RB918625	13,14 c	RB9344	10,57 b
<u>RB931530</u>	8,29 e	<u>RB9344</u>	69,10 a	<u>RB918639</u>	13,04 c	<u>RB947603</u>	9,76 b
Média	9,62	Média	83,72	Média	14,45	Média	12,26
M _{PAD} ²	9,59	M _{PAD}	83,42	M _{PAD}	14,13	M _{PAD}	11,88
CVe(%)	5,37	CVe(%)	16,63	CVe(%)	5,28	CVe(%)	17,34

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} M_{PAD}: Médias dos cinco clones considerados padrões.

____: Os clones em que os nomes estão sublinhados representam os padrões.

Formou-se apenas um grupo para a característica TCH, dois para TPH, três para PCC e cinco para FIB. Apesar da formação de apenas um grupo para TCH, o clone RB92579, de maior média, é 46,30% superior em relação ao clone RB9344, de menor média.

Entre os cinco clones mais produtivos para TPH na Usina Paineiras, apenas o RB92579 está no grupo dos clones de maior média geral (Tabela 5).

Os clones considerados como padrões não obtiveram êxito na Usina Paineiras, onde a média de nenhum deles ficou entre as cinco maiores para TPH. Esta Usina difere das demais no que se refere ao relevo, apresentando este classificado como morro.

Os clones com as cinco maiores médias com relação a TPH para esta Usina foram: RB931530, RB955971, RB92579, RB882698 e RB956911, os quais apresentaram médias 32,49%, 29,46%, 27,02%, 16,50% e 13,55% maiores que a média dos padrões (11,88).

Para as médias da Usina Dasa (Tabela 12) ocorreram a formação de dois grupos de médias pelo teste de Scott e Knott (1974) para as características FIB, TCH e PCC e de três grupos para TPH.

Novamente o clone RB92579 apareceu entre os cinco clones mais produtivos para TPH, mostrando alta produtividade entre as várias Usinas estudadas.

O grupo mais produtivo para TPH composto pelos clones RB92579, SP81-3250, RB882698 e RB72454 apresentou média de 18,61, ou seja, 23,08% maior que a média geral desta Usina.

Também os clones RB92579 e RB882698 apresentaram médias de 19,85 e 18,18 para TPH, sendo 19,79% e 9,72% maiores que a média dos padrões na Usina Dasa.

Com relação às Usinas estudadas, em todas as seis encontraram-se clones com média altamente superiores a outros para todas as quatro características avaliadas. Apesar de para algumas características em algumas Usinas não ter sido formado grupos distintos, o que pode ter acontecido pelo valor maior do coeficiente de variação experimental ocorrido em alguns casos. Contudo, esses valores estão em níveis aceitáveis para trabalhos de campo fortemente influenciados pelo ambiente, resultando em valores quase sempre abaixo dos 20%.

Tabela 12 – Agrupamento de médias fenotípicas, pelo teste de Scott e Knott (1974) em nível de 5% de probabilidade, para quatro características¹ em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados por três cortes na Usina Dasa-MG.

Clone	FIB	Clone	TCH	Clone	PCC	Clone	TPH
RB956918	11,32a	<u>SP81-3250</u>	144,36a	RB955971	15,22a	RB92579	19,85 a
RB956916	11,07a	RB92579	142,50a	RB931530	14,86a	<u>SP81-3250</u>	19,37 a
RB935903	10,86a	RB882698	139,38a	RB9344	14,69a	RB882698	18,18 a
RB9344	10,78a	<u>RB72454</u>	128,89a	RB92606	14,66a	<u>RB72454</u>	17,02 a
RB955970	10,50a	<u>RB758540</u>	116,37b	RB955970	14,59a	RB92606	16,31 b
RB882698	10,45a	RB947603	114,77b	RB92596	14,42a	<u>RB867515</u>	16,00 b
RB956911	10,29b	RB947520	114,06b	<u>RB867515</u>	14,14b	RB92596	15,95 b
RB947603	10,24b	<u>RB867515</u>	113,92b	RB92579	14,13b	RB937568	15,70 b
RB937568	10,08b	RB92606	113,27b	<u>RB858927</u>	14,12b	RB947603	15,46 b
<u>RB758540</u>	10,03b	RB937568	113,04b	RB935903	14,11b	<u>RB758540</u>	15,39 b
RB918625	10,01b	RB918639	112,25b	RB937568	14,11b	RB918639	15,25 b
<u>SP81-3250</u>	9,99b	RB92596	111,54b	RB9362	13,93b	<u>RB858927</u>	15,08 b
RB855511	9,97b	<u>RB858927</u>	108,98b	RB947603	13,91b	RB947520	15,00 b
RB92596	9,94b	RB918625	104,47b	<u>SP81-3250</u>	13,89b	RB931530	14,84 b
RB918639	9,94b	RB956918	102,60b	RB956911	13,75b	RB918625	14,02 c
<u>RB867515</u>	9,88b	RB931530	102,08b	RB956916	13,71b	RB9362	13,97 c
RB947520	9,79b	RB956916	102,00b	RB956918	13,70b	RB956918	13,85 c
RB955971	9,79b	RB9362	99,87b	RB918625	13,65b	RB956916	13,64 c
RB92606	9,76b	RB956911	98,22b	RB882698	13,60b	RB955971	13,47 c
<u>RB72454</u>	9,74b	RB955970	92,89b	<u>RB72454</u>	13,55b	RB9344	13,33 c
<u>RB858927</u>	9,62b	RB855511	92,68b	RB918639	13,38b	RB955970	13,21 c
RB9362	9,60b	RB9344	92,32b	<u>RB758540</u>	13,36b	RB956911	13,13 c
RB92579	9,46b	RB935903	92,28b	RB855511	13,27b	RB935903	12,95 c
<u>RB931530</u>	<u>9,39b</u>	<u>RB955971</u>	<u>90,66b</u>	<u>RB947520</u>	<u>13,26b</u>	<u>RB855511</u>	<u>11,86 c</u>
Média	10,10	Média	110,14	Média	14,00	Média	15,12
M _{PAD} ²	9,85	M _{PAD}	122,50	M _{PAD}	13,81	M _{PAD}	16,57
CVe(%)	4,78	CVe(%)	14,69	CVe(%)	3,97	CVe(%)	13,74

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} M_{PAD}: Médias dos cinco clones considerados padrões.

____: Os clones em que os nomes estão sublinhados representam os padrões.

4.3. Parâmetros Genéticos

Encontram-se na Tabela 13 as estimativas dos parâmetros genéticos relacionados às quatro características analisadas para os seis locais (Usinas) nos três cortes e para análise conjunta dos cortes. Pode ser observado que as médias da variável toneladas de colmos por hectare (TCH) diminuíram de um corte para o seguinte, sendo que do 1º corte para o 3º corte houve uma queda de 35,87%. Assim, como esta variável está diretamente relacionada a toneladas de pol por hectare (TPH), fez-se com que esta tivesse seu valor minimizado em 31,61% do 1º para o 3º corte.

Zeni Neto et al. (2008), que avaliaram 18 clones RB precoces de cana-de-açúcar em 33 ambientes, verificaram queda de 25,19% na média desses clones para a característica tonelada de pol por hectare (TPH) do primeiro para o terceiro corte, encontrando média de TPH nos três cortes de 14,00, bem próxima à encontrada neste trabalho que foi de 13,58 (Tabela 13).

Essa diminuição de produtividade ao longo dos ciclos de cana-de-açúcar tem sido observada frequentemente, tanto em área experimental quanto em plantios comerciais. Porém, os diversos clones avaliados mostram variações quanto a este quesito, alguns mostrando menor decréscimo ao longo dos anos do que outros. Landell et al. (1999) observaram quedas variando de 21,92% a 54,14% do primeiro para o quarto ciclo em clones de cana-de-açúcar na Região de Ribeirão Preto.

Para a análise conjunta dos três cortes foram encontrados os seguintes valores dos coeficientes de determinação genotípica: 83,97% para porcentagem de fibra (FIB), 86,92% para toneladas de colmo por hectare (TCH), 88,53% para pol % cana (PCC) e 82,47% para toneladas de pol por hectares (TPH). Esses valores foram bem superiores aos encontrados nas análises envolvendo somente um corte, mostrando a importância da avaliação por mais de um ano.

Zeni Neto et al. (2008) encontraram valores de coeficientes de determinação genotípica na média de três cortes para TPH de 70,00%, e de 74,64% no primeiro corte, 65,14% no segundo e 70,22% para o terceiro corte.

Tabela 13 – Estimativas de parâmetros genéticos para quatro características nos três cortes e análise conjunta dos cortes em 24 clones de cana-de-açúcar avaliados em seis Usinas.

Característica ¹	Parâmetro ²	1º corte	2º corte	3º corte	Conjunta (3 cortes)
FIB	Média	11,27	9,63	9,65	10,19
	CVe(%)	7,78	6,47	5,84	6,88
	CVg(%)	6,01	3,14	2,51	3,98
	H ²	69,78	75,61	63,16	83,97
	CVg/CVe	0,77	0,49	0,43	0,58
TCH	Média	119,71	98,36	76,76	98,27
	CVe(%)	14,72	16,25	19,50	15,52
	CVg(%)	6,91	5,98	9,47	7,28
	H ²	68,26	62,10	76,84	86,92
	CVg/CVe	0,47	0,37	0,49	0,47
PCC	Média	13,24	14,15	14,16	13,85
	CVe(%)	4,86	6,57	6,11	5,93
	CVg(%)	2,52	3,31	4,61	3,48
	H ²	41,28	83,07	88,00	88,53
	CVg/CVe	0,52	0,50	0,75	0,59
TPH	Média	15,91	13,96	10,88	13,58
	CVe(%)	14,95	17,51	19,99	17,19
	CVg(%)	7,39	5,85	7,97	6,89
	H ²	64,42	57,18	66,12	82,47
	CVg/CVe	0,49	0,33	0,39	0,40

^{1/} FIB: Porcentagem de fibra no colmo; TCH: toneladas de colmo por hectare; PCC: pol(%) cana; TPH: toneladas de pol por hectare.

^{2/} Cve(%): coeficiente de variação experimental; CVg(%): coeficiente de variação genético; H²: Coeficiente de variação genotípica média; CVg/Cve: razão entre CVg e Cve.

Os valores da razão CVg/Cve foram maiores para as características FIB e PCC, com o qual pode-se inferir que estas variáveis são mais estáveis e sofrem menor influência ambiental. Landell et al. (1999) também encontraram valor dessa razão maior para PCC do que para TCH e TPH.

Os valores dos coeficientes de variação genética, que é indicador da quantidade de variabilidade genética existente entre os genótipos, foram: 3,98%, 7,28%, 3,48% e 6,89% para FIB, TCH, PCC e TPH, respectivamente. Melo et al. (2006) e Landell et al. (1999) também encontraram valores de maior magnitude do CVg para TCH e TPH, fato semelhante ao presente estudo indicando que estas duas características possuem maior variabilidade entre os genótipos de cana-de-açúcar.

4.4. Adaptabilidade e estabilidade

Para os estudos de adaptabilidade e estabilidade foram utilizados os dados referentes a característica toneladas de pol por hectare (TPH), considerada a mais importante nas avaliações de genótipos, pois expressa a produtividade em sacarose por hectare. Vários outros autores utilizaram esta característica em estudos semelhantes, como Raizer e Vencovsky (1999), Lavorenti e Matsuoka (2001), Rosse al. (2002), Zeni Neto et al. (2008), entre outros.

Os índices ambientais (I_A) e médias da variável TPH referentes as seis Usinas nos três cortes avaliados e na análise conjunta desses cortes estão apresentados na Tabela 14.

Pelo índice ambiental, os experimentos que resultaram em média superior à média geral são classificados como favoráveis, índice positivo, e aqueles com média inferior à média geral como desfavoráveis, índice negativo.

A variação da produtividade verificada entre os ambientes revela a instabilidade das condições ambientais durante a avaliação dos clones. Pode-se notar que, no primeiro corte, para a maioria da Usinas este índice foi positivo, ocorrendo tendência de se tornar mais negativo com o passar dos anos, o que pode ser explicado pela tendência de decréscimo na produtividade do canavial de cana planta para as socas.

Além da diferença de produtividade que ocorre normalmente entre os cortes influenciando o índice ambiental, ainda ocorrem diversos outros fatores imprevisíveis como precipitação, pragas, doenças, temperatura, etc. que interferem no valor deste índice.

Tabela 14 – Índices ambientais (I_A) e médias da variável toneladas de pol por hectare (TPH) referentes às Usinas avaliadas nos três cortes e para a análise conjunta desses cortes.

Usina ¹	1º corte		2º corte		3º corte		Conjunta	
	I_A	\bar{X}	I_A	\bar{X}	I_A	\bar{X}	I_A	\bar{X}
USC	-5,88 (-)	7,70	2,84 (+)	16,42	-2,47 (-)	11,11	-1,85 (-)	11,74
USA	1,38 (+)	14,97	-2,92 (-)	10,67	-4,00 (-)	9,58	-1,85 (-)	11,74
DIS	3,77 (+)	17,36	0,36 (+)	13,94	-0,68 (-)	12,90	1,16 (+)	14,74
LAS	7,08 (+)	20,67	-0,87 (-)	12,71	0,75 (+)	14,33	2,33 (+)	15,91
UPA	1,29 (+)	14,88	0,44 (+)	14,02	-5,69 (-)	7,89	-1,33 (-)	12,26
DAS	6,27 (+)	19,86	2,39 (+)	15,98	-4,06 (-)	9,52	1,54 (+)	15,12

^{1/} USC: Usina Santa Cruz; USA: Usina Sapucaia; DIS: Usina Disa; LAS: Usina Lasa; UPA: Usina Paineiras; DAS: Usina Dasa.

\bar{X} : Média do ambiente.

Este índice não deve ser utilizado para avaliar que um ambiente é melhor do que outro, pois apenas se comportou dessa forma perante os genótipos ali avaliados e naquele período. Assim, pode não refletir a verdadeira existência de divergência ambiental, no entanto, é útil para dar uma noção de como os genótipos responderão frente às mudanças ambientais, quais são mais responsivos a essas mudanças, e desse modo vêm sendo utilizadas nos estudos de adaptabilidade e estabilidade.

Na Tabela 15 encontram-se as médias de TPH dos 24 clones em todos os 18 ambientes avaliados, nos dez classificados como favoráveis e nos oito ambientes desfavoráveis.

O grupo de ambientes classificado como favorável proporcionou média bem superior ao desfavorável, sendo esta 58,28% superior àquela. O que demonstra ter existido uma diferença bastante significativa entre os ambientes.

Tabela 15 – Médias da variável toneladas de pol por hectare (TPH) para os 24 clones nos 18 ambientes, nos 10 classificados como favoráveis pelo índice ambiental e nos 8 classificados como desfavoráveis.

Clone	\bar{x}	\bar{x}_F	\bar{x}_D
RB92579	15,53	18,77	11,47
RB867515	15,03	17,95	11,39
SP81-3250	15,03	18,48	10,72
RB947520	14,67	17,49	11,15
RB758540	14,54	17,20	11,22
RB931530	14,52	17,06	11,34
RB92606	14,26	16,83	11,04
RB955971	14,16	16,86	10,79
RB882698	13,97	16,87	10,34
RB956916	13,94	16,46	10,80
RB92596	13,92	16,65	10,51
RB72454	13,64	16,29	10,32
RB855511	13,43	16,17	10,00
RB937568	13,32	16,34	9,54
RB918639	13,26	16,21	9,58
RB956911	13,10	15,13	10,56
RB918625	12,97	15,71	9,55
RB955970	12,92	14,77	10,61
RB935903	12,75	15,38	9,47
RB947603	12,71	15,32	9,45
RB956918	12,52	14,98	9,46
RB858927	12,23	14,02	9,99
RB9362	12,11	14,87	8,67
RB9344	11,46	13,98	8,31
Média	13,58	16,24	10,26

\bar{x} : Média considerando todos os 18 ambientes; \bar{x}_F : considerando os 10 ambientes classificados como favoráveis; \bar{x}_D : considerando os 8 ambientes classificados como desfavoráveis.

4.4.1. Eberhart e Russell (1966): regressão simples

Na Tabela 16 está apresentada a análise de variância realizada pelo método de regressão linear de Eberhart e Russell (1966) para a característica toneladas de pol por hectare (TPH).

Encontraram-se diferenças significativas pelo teste F ($P < 0,01$) para os efeitos de genótipos (G), ambientes (A) e da interação G x A, indicando que os genótipos e os ambientes apresentaram variabilidade e que os genótipos comportaram-se de forma diferenciada nos diversos ambientes.

Tabela 16 – Resumo da análise de variância da característica toneladas de pol por hectare, com a decomposição da soma de quadrados de ambientes/genótipos, segundo metodologia de Eberhart e Russell (1966).

FV	GL	Quadrados Médios
Ambiente (A)	17	1.340,92**
Genótipos (G)	23	76,48**
G x A	391	13,41**
A / G	408	68,73**
A linear	1	22.795,66**
G x A linear	23	23,19**
Desvio Combinado	384	12,27**
Resíduo	1.242	5,46

A decomposição de ambientes dentro de genótipos foi significativa em todos os casos, com efeitos significativos pelo teste F a 1% de probabilidade para ambiente linear, interação genótipo x ambiente linear e desvio combinado. A significância encontrada para ambiente linear indica que os ambientes proporcionam variações significativas nas médias dos genótipos; para a interação G x A linear que houve diferenças entre os coeficientes de regressão linear dos genótipos avaliados e; a significância dos desvios combinados da regressão que pelo menos um dos genótipos avaliados apresentou resposta não linear a produtividade em TPH.

As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade realizadas pelo método de regressão linear de Eberhart e Russell (1966) encontram-se na Tabela 17.

As estimativas dos coeficientes de regressão, parâmetro de adaptabilidade, encontrados para a maioria dos genótipos não diferiram estatisticamente da unidade ($\hat{\beta}_{1i} = 1$), indicando que estes apresentaram adaptabilidade ampla, ou seja, respondem tanto em ambientes favoráveis quanto em desfavoráveis.

Com relação à estabilidade, medida pela variância dos desvios da regressão ($\hat{\sigma}_{di}^2$), apenas oito dos 24 genótipos apresentaram $\hat{\sigma}_{di}^2$ não significativo, demonstrando possuírem instabilidade de comportamento em relação às variações do ambiente. Assim, a maioria dos genótipos (67%) demonstrou comportamento instável frente às oscilações ambientais.

Pela metodologia de Eberhart e Russell (1966) considera-se como ideal o genótipo que apresenta alta produtividade, adaptabilidade ampla (coeficiente de regressão igual a 1) e alta estabilidade (desvios da regressão não significativos).

Os genótipos RB758540, RB92596 e RB72454 foram classificados como ideais pelo método de Eberhart e Russel (1966) com base no descrito por Cruz et al. (2004), pois acarretaram produtividades acima da média, os coeficientes de regressão foram estatisticamente iguais a um, indicando ampla adaptabilidade e os desvios da regressão não significativos, sugerindo alta estabilidade de comportamento. Os gráficos das linhas de regressão dos clones considerados ideais pela metodologia de Eberhart e Russel (1966), obtidos através das médias nos 18 ambientes, encontram-se na Figura 1. Ressalta-se que os coeficientes de regressão desses três clones foram estatisticamente iguais a unidade.

Os genótipos RB931530, RB956911, RB955970 e RB858927 apresentaram valor de $\hat{\beta}_{1i}$ significativamente inferior a um, portanto, considerados genótipos com adaptação a ambientes desfavoráveis, portanto com baixa capacidade de responder à melhoria nas condições ambientais. As linhas de regressão linear obtidas conforme Eberhart e Russel (1966) para esses clones estão apresentadas na Figura 2. Pode-se notar que a maximização da produtividade com o aumento do índice ambiental, ou ainda, a minimização desta com a diminuição do índice ambiental, são menores nestes clones do que em outros, o que levou a uma inclinação da reta de regressão ($\hat{\beta}_{1i}$) inferior a um.

Já os genótipos RB92579, RB867515 e SP81-3250 obtiveram valor de $\hat{\beta}_{1i}$ estatisticamente superior à unidade e σ^2_{di} significativo, considerados como adaptados a ambientes favoráveis e responsivos a melhorias ambientais. Pode-se perceber pela Figura 3 que as linhas de regressão desses clones são mais inclinadas que nos demais, sendo estatisticamente superior a um, respondendo com altas produtividades nos ambientes favoráveis, mas resultando baixas produtividades em ambientes de menor qualidade.

Para todos os outros o coeficiente de regressão não diferiu estatisticamente de um. Os genótipos RB947520, RB955971, RB956916, RB92606 e RB882698 apresentaram produtividades superiores à média e adaptabilidade ampla, porém, foram considerados de baixa estabilidade fenotípica.

Muitos genótipos podem apresentar uma produtividade alta e uma estimativa de $\hat{\sigma}^2_{di}$ estatisticamente diferente de zero, mostrando previsibilidade baixa. Nestes casos, Cruz et al. (2004) descreveram que o coeficiente de determinação (R^2) pode ser utilizado como medida auxiliar de comparação entre os genótipos. Assim, apesar dos clones RB947520 e RB92606 terem apresentado $\hat{\sigma}^2_{di}$ diferentes da unidade, estes podem ser indicados por ter apresentado o coeficiente de determinação da equação de regressão acima de 80%.

Tabela 17 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de toneladas de pol por hectare realizadas pelo método de regressão linear de Eberhart e Russell (1966).

Clone	Média	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\sigma}_{di}^2$	R ² (%)
RB92579	15,53	1,24**	2,06**	87,01
RB867515	15,03	1,17*	2,64**	83,52
SP81-3250	15,03	1,39**	2,27**	88,69
RB947520	14,67	1,03 ^{ns}	1,17*	86,26
RB758540	14,54	1,05 ^{ns}	0,50 ^{ns}	89,77
RB931530	14,52	0,85*	3,87**	67,37
RB92606	14,26	1,00 ^{ns}	0,99*	86,27
RB955971	14,16	1,00 ^{ns}	3,70**	74,51
RB882698	13,97	1,03 ^{ns}	5,30**	70,21
RB956916	13,94	0,96 ^{ns}	2,92**	76,11
RB92596	13,92	1,10 ^{ns}	0,49 ^{ns}	90,66
RB72454	13,64	1,02 ^{ns}	0,15 ^{ns}	91,04
RB855511	13,43	0,98 ^{ns}	3,35**	75,27
RB937568	13,32	1,07 ^{ns}	0,56 ^{ns}	89,81
RB918639	13,26	1,10 ^{ns}	0,03 ^{ns}	92,75
RB956911	13,10	0,76**	2,00**	72,01
RB918625	12,97	1,01 ^{ns}	2,99**	77,53
RB955970	12,92	0,73**	0,06 ^{ns}	84,67
RB935903	12,75	1,03 ^{ns}	1,26*	85,70
RB947603	12,71	1,01 ^{ns}	0,34 ^{ns}	89,90
RB956918	12,52	0,89 ^{ns}	0,55 ^{ns}	86,12
RB858927	12,23	0,65**	1,42**	69,12
RB9362	12,11	1,01 ^{ns}	1,27*	85,12
RB9344	11,46	0,93 ^{ns}	1,02*	84,23
Média geral	13,58			

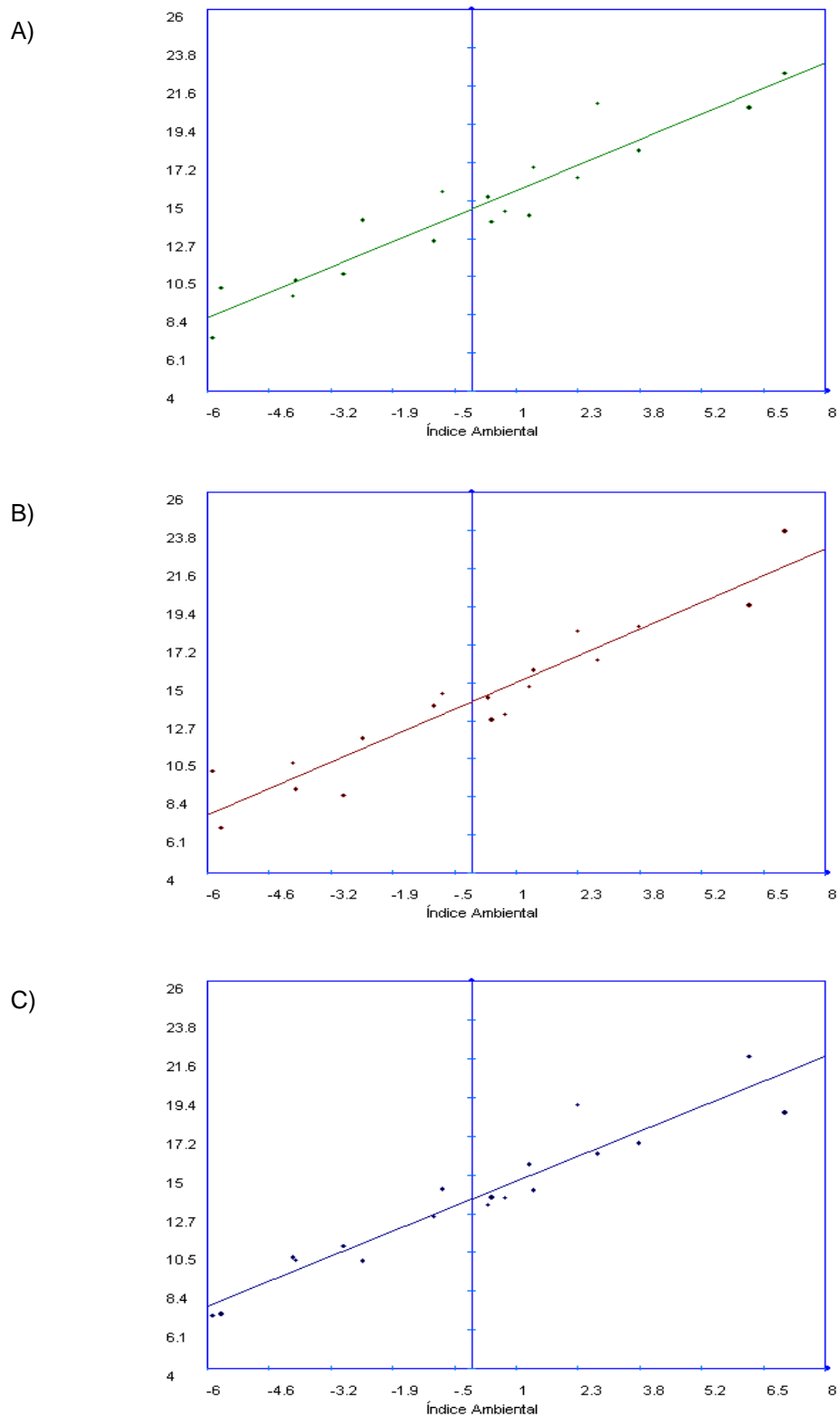


Figura 1 – Linhas de regressão linear obtidas pelo método de Eberhart e Russel (1966) para a característica toneladas de pol por hectare em 18 ambientes para os três clones considerados como ideais por esta metodologia: RB758540 (A), RB92596 (B) e RB72454 (C).

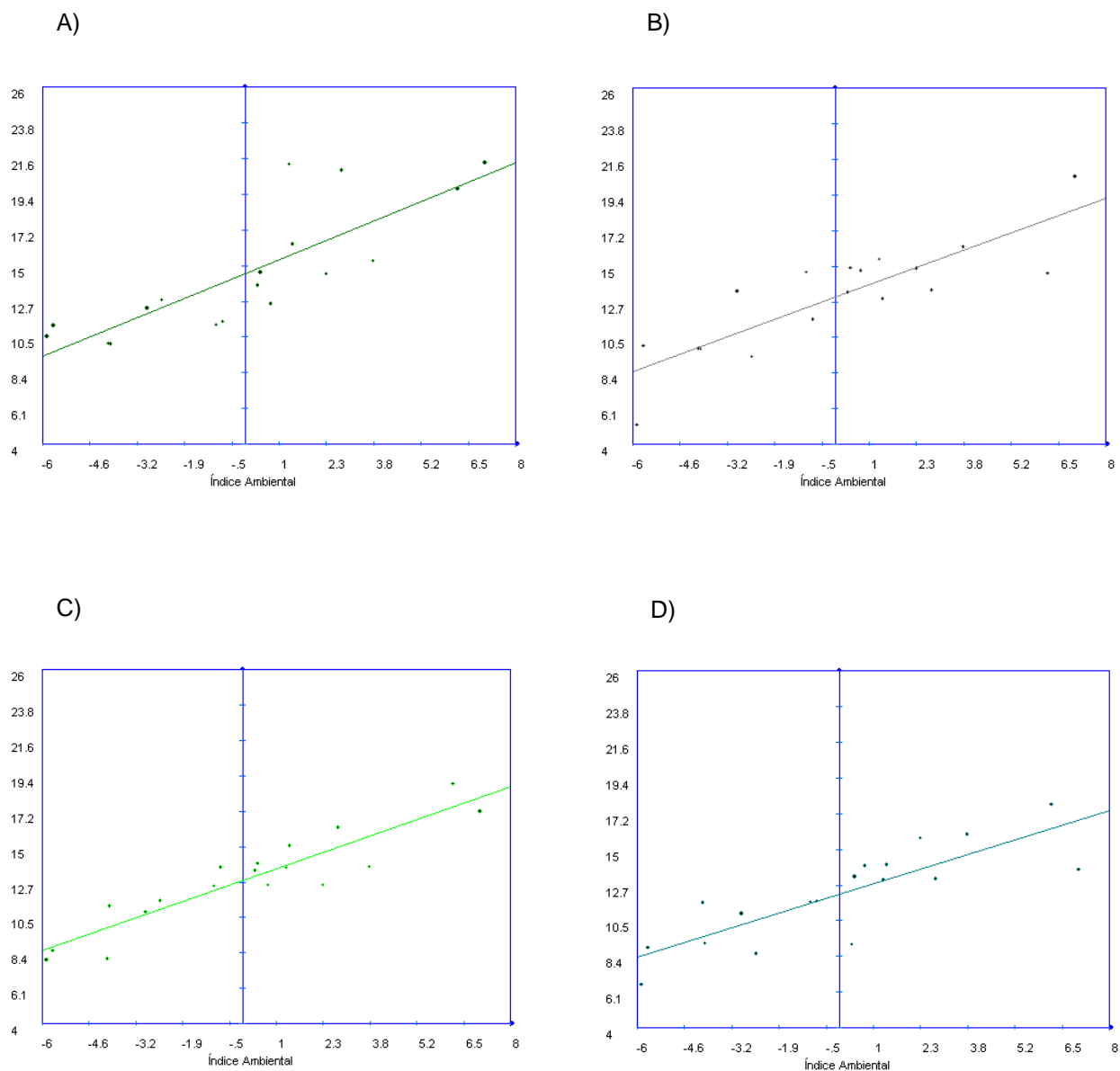


Figura 2 – Linhas de regressão linear obtidas pelo método de Eberhart e Russel (1966) para a característica toneladas de pol por hectare em 18 ambientes para os três clones considerados como adaptados a ambientes desfavoráveis por esta metodologia: RB931530 (A), RB956911 (B), RB955970 (C) e RB858927 (D).

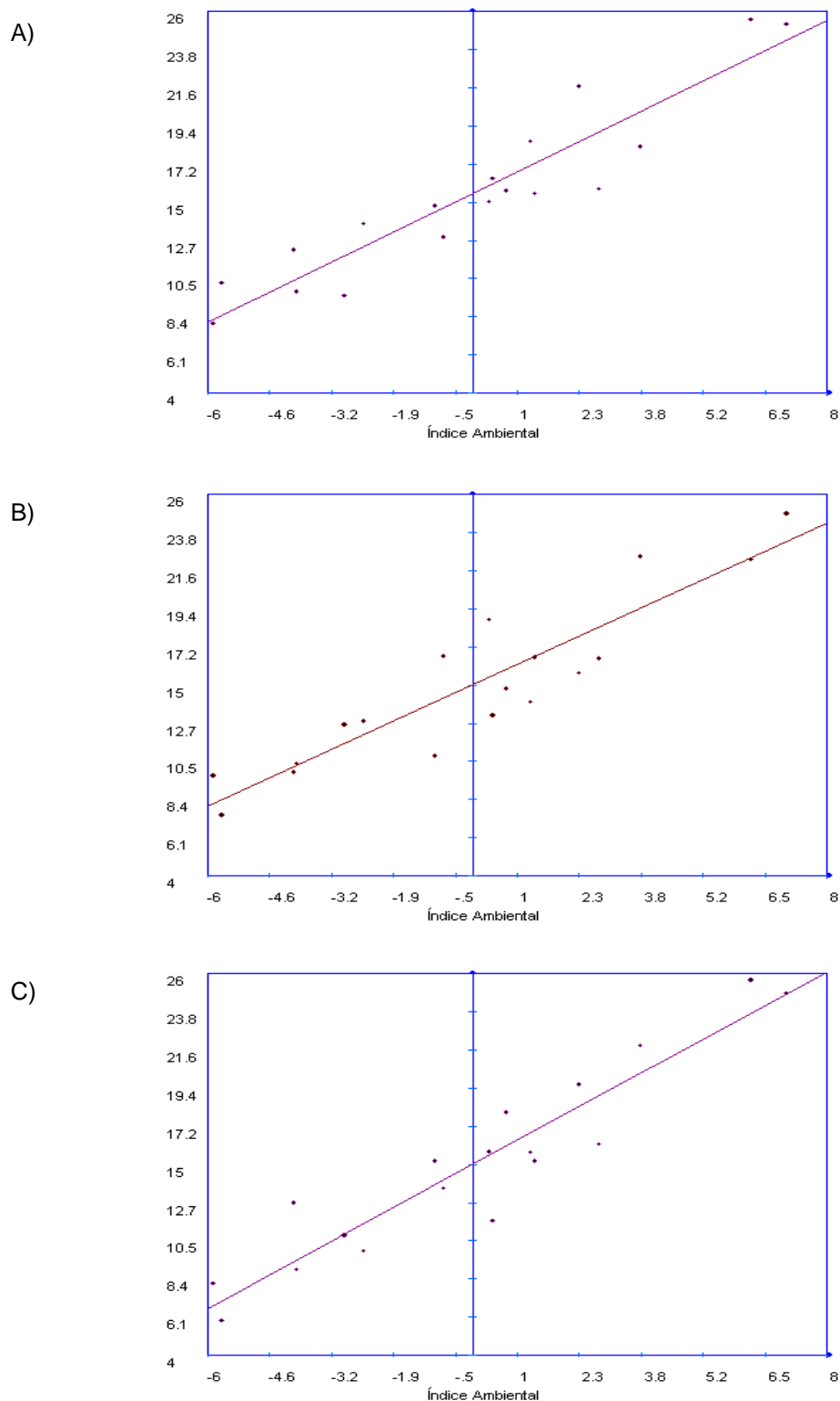


Figura 3 – Linhas de regressão linear obtidas pelo método de Eberhart e Russel (1966) para a característica toneladas de pol por hectare em 18 ambientes para os três clones considerados como adaptados a ambientes favoráveis por esta metodologia: RB92579 (A), RB867515 (B) e SP81-3250 (C).

4.4.2. Cruz et al. (1989): regressão bissegmentada

A metodologia de Cruz et al. (1989) baseia-se na análise de regressão bissegmentada, possuindo como parâmetros de adaptabilidade: a média ($\hat{\beta}_{0i}$), a resposta linear aos ambientes desfavoráveis ($\hat{\beta}_{1i}$), e a resposta linear aos ambientes favoráveis ($\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$). A estabilidade é avaliada pelo desvio da regressão de cada cultivar em função das variações ambientais.

Pela metodologia de Cruz et al. (1989), com estimativas apresentadas na Tabela 18, nenhum dos genótipos apresentou o comportamento ideal preconizado por este método, ou seja, média alta, baixa sensibilidade a ambientes desfavoráveis ($\hat{\beta}_{1i} < 1$), responsividade a melhoria ambiental ($\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i} > 1$) e alta previsibilidade de comportamento (desvios de regressão não significativos) e $R^2 > 80\%$. Assim, a recomendação de genótipos por esta metodologia deverá ser específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Vários outros autores não encontraram genótipo classificado como ideal por esta metodologia, como Pereira et al. (2009) e Oliveira et al. (2006) entre outros.

Para o modelo linear bissegmentado, quando se considera os genótipos nos ambientes desfavoráveis a hipótese a ser testada é $H: (\hat{\beta}_{1i} = 1)$, e nos favoráveis $H: (\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i} = 1)$, sendo que, a hipótese $H: (\hat{\beta}_{2i} = 0)$ não sendo rejeitada, indica que apenas um segmento de reta é suficiente para expressar o comportamento de um dado genótipo.

Para a maioria dos genótipos os parâmetros de adaptabilidade $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ foram não significativos, demonstrando que grande parte desses genótipos apresentaram resposta linear simples não desviando da resposta média dos ambientes, ou seja, aumentam a produtividade à medida que se aumenta o índice ambiental, como ocorrido para os clones RB947520, RB931530, RB92606 entre outros.

Tabela 18 – Médias, estimativas dos coeficientes $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$, dos desvios de regressão e dos coeficientes de determinação (R^2), para toneladas de pol por hectare segundo metodologia de Cruz et al. (1989).

Clone	Média	$\hat{\beta}_{1i}$	$\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$	Q.M. desvio	$R^2(\%)$
RB92579	15,53	1,18 *	1,47 **	13,70 **	87,83
RB867515	15,03	1,10 ns	1,43 **	15,90 **	84,64
SP81-3250	15,03	1,30 **	1,70 **	13,79 **	89,94
RB947520	14,67	1,01 ns	1,11 ns	10,68 *	86,40
RB758540	14,54	1,03 ns	1,13 ns	7,85 ns	89,91
RB931530	14,52	0,85 ns	0,87 ns	22,31 **	67,38
RB92606	14,26	0,99 ns	1,01 ns	10,03 *	86,27
RB955971	14,16	1,06 ns	0,76 ns	20,58 **	75,70
RB882698	13,97	1,08 ns	0,85 ns	27,85 **	70,80
RB956916	13,94	1,03 ns	0,72 ns	17,23 **	77,46
RB92596	13,92	1,04 ns	1,32 *	7,09 ns	91,63
RB72454	13,64	1,03 ns	0,99 ns	6,44 ns	91,06
RB855511	13,43	1,10 ns	0,55 **	16,79 **	79,34
RB937568	13,32	1,11 ns	0,92 ns	7,82 ns	90,27
RB918639	13,26	1,08 ns	1,16 ns	5,90 ns	92,83
RB956911	13,10	0,81 **	0,59 *	13,84 **	72,99
RB918625	12,97	0,98 ns	1,09 ns	18,47 **	77,68
RB955970	12,92	0,74 **	0,69 ns	6,04 ns	84,75
RB935903	12,75	1,01 ns	1,10 ns	11,11 *	85,80
RB947603	12,71	0,98 ns	1,12 ns	7,10 ns	90,16
RB956918	12,52	0,87 ns	0,97 ns	8,05 ns	86,30
RB858927	12,23	0,68 **	0,54 **	11,67 **	69,63
RB9362	12,11	1,02 ns	0,95 ns	11,18 *	85,19
RB9344	11,46	0,91 ns	0,98 ns	10,14 *	84,30

Os clones RB92579 e SP81-3250 apresentaram $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ significativos e maiores do que 1, indicando que esses clones respondem bem à melhoria ambiental e são menos indicados para condições desfavoráveis. Essa indicação corrobora com as médias encontradas na Tabela 15 para o clone SP81-3250, o qual obteve a segunda maior média nos ambientes favoráveis e desceu para a nona posição nos desfavoráveis. Porém, o clone RB92579 mostrou-se altamente produtivo tanto nos ambientes favoráveis quanto nos desfavoráveis, apresentando a maior média em ambos.

As estimativas de $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ para o clone RB867515 foram não significativa e significativa, respectivamente, mostrando que o clone possui responsividade média no conjunto de ambientes e que responde bem à melhoria ambiental.

Outros dois clones apresentaram $\hat{\beta}_{1i}$ e $\hat{\beta}_{1i} + \hat{\beta}_{2i}$ significativos, porém menores do que a unidade, indicando serem não responsivos à melhoria ambiental, são eles os clones RB956911 e RB858927.

A Figura 4 apresenta as linhas de regressão linear obtidas conforme metodologia proposta por Cruz et al. (1989), com relação à característica toneladas de pol por hectare, para os clones RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520, RB956911 e RB858927.

Estes resultados foram semelhantes à metodologia de Eberhart e Russel (1966), pela qual os clones RB92579, RB867515 e SP81-3250 foram considerados adaptados a ambientes favoráveis e responsivos a melhorias ambientais, e os clones RB956911 e RB858927 apresentando produtividade inferior e baixa capacidade de responder à melhoria nas condições ambientais.

Conforme ocorrido na metodologia de Eberhart e Russell, com relação à estabilidade apenas oito dos 24 genótipos apresentaram quadrados médios dos desvios não significativos, demonstrando que 67% dos genótipos apresentaram comportamento pouco previsível frente às mudanças ambientais pela metodologia de Cruz et al. (1989). Porém, 16 dos 24 (67%) apresentaram R² acima de 80%, o que evidencia um bom ajuste nas equações de regressão. Segundo Garbuglio et al. (2007), a significância dos quadrados médios dos desvios não deve ser o único fator a ser levado em consideração quando se estuda a estabilidade, é oportuno considerar os genótipos de alta produtividade mesmo que esses apresentem instabilidade de comportamento.

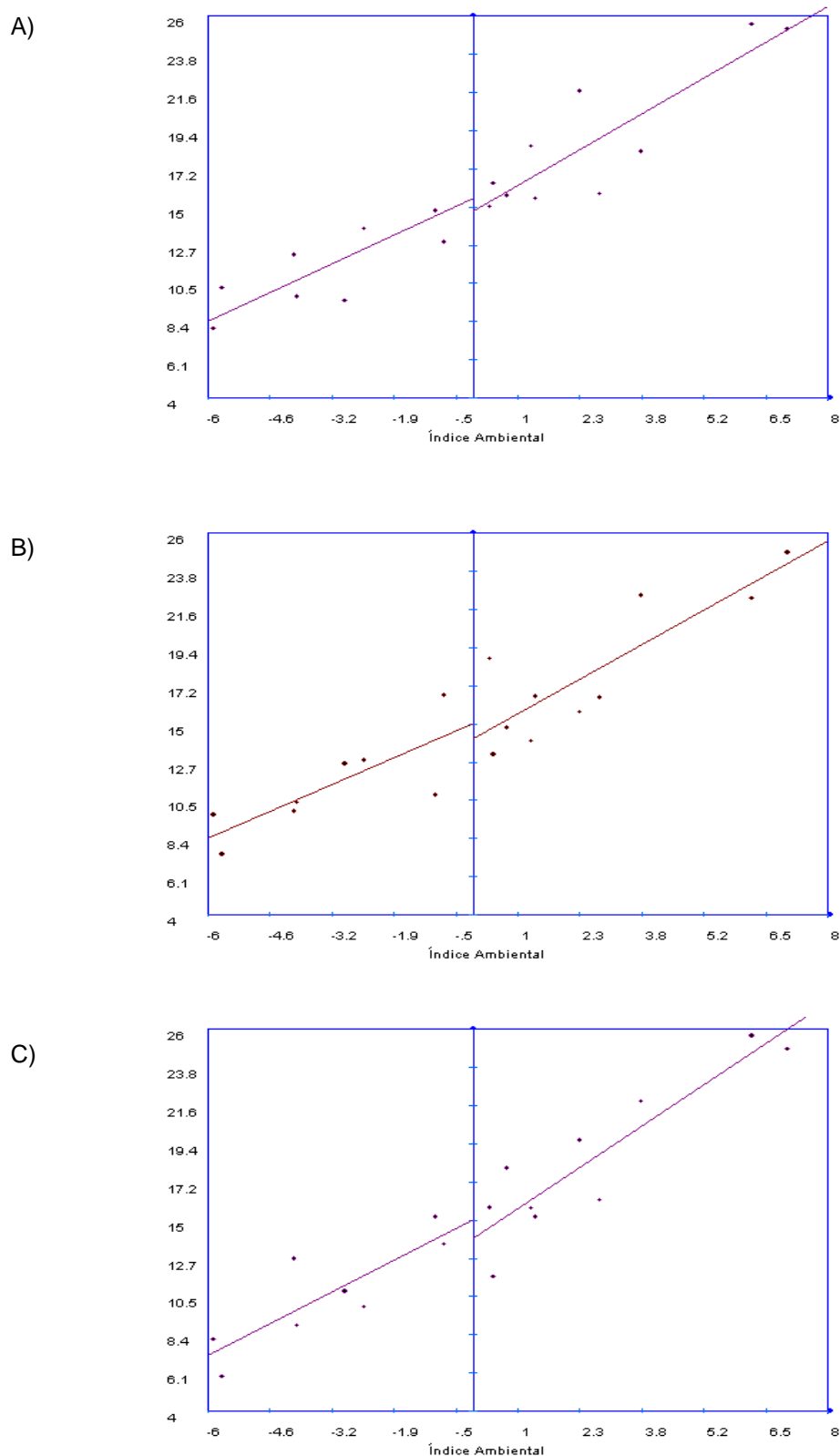


Figura 4 – Linhas de regressão linear bissegmentadas obtidas pelo método de Cruz et al. (1989) para a característica toneladas de pol por hectare em 18 ambientes para seis clones: RB92579 (A), RB867515 (B), SP81-3250 (C), RB947520 (D), RB956911 (E) e RB858927 (F).

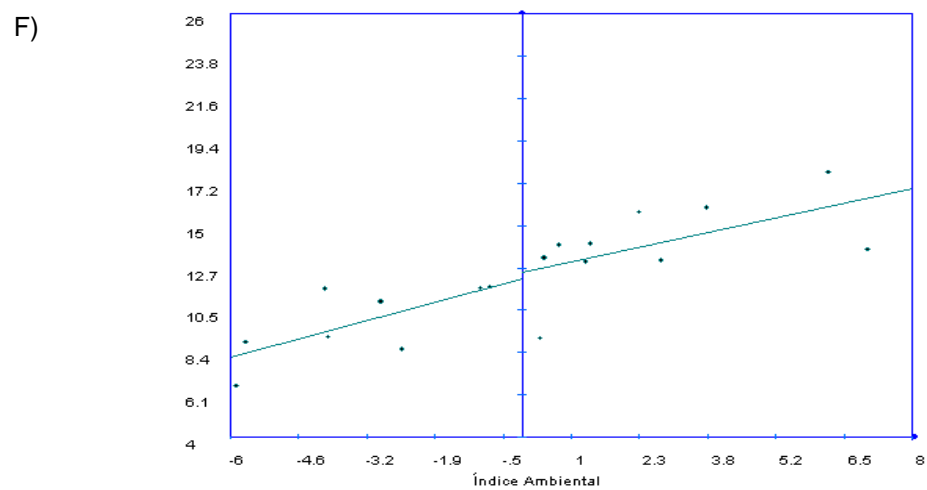
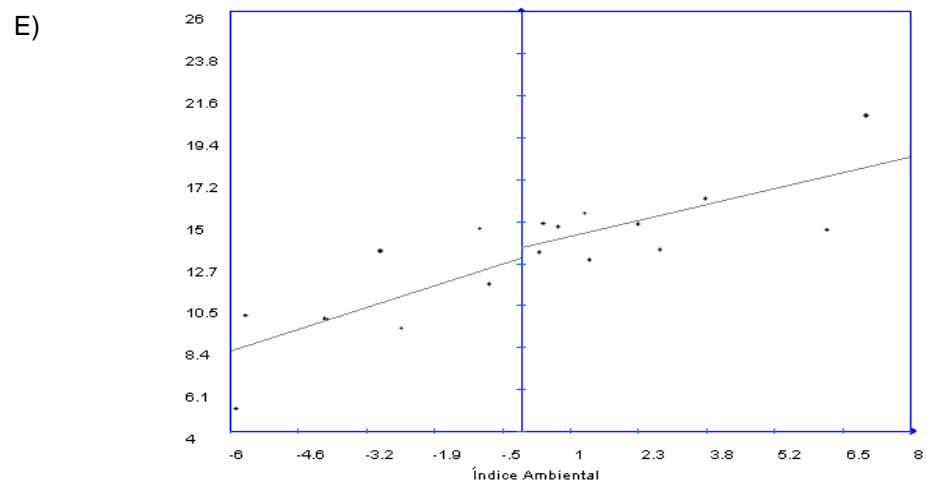
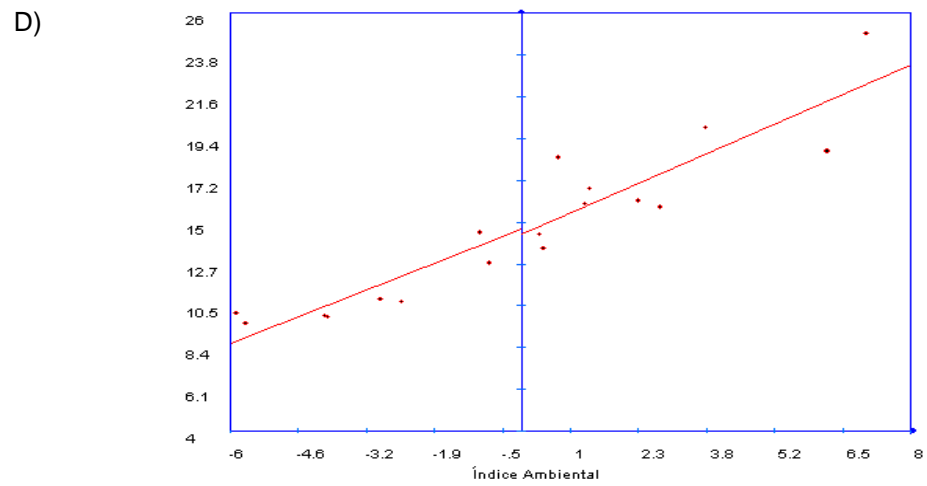


Figura 4 – Continuação.

4.4.3. Metodologia proposta por Lin e Binns (1988) com decomposição de P_i (Carneiro, 1998)

Na Tabela 19 apresentam-se os valores de P_i segundo a metodologia de Lin e Binns (1988), para todos os ambientes e seu desdobramento para ambientes favoráveis e desfavoráveis conforme metodologia sugerida por Carneiro (1998) para a característica toneladas de pol por hectare (TPH).

Procedeu-se o desdobramento da estimativa de P_i obtendo-se o componente atribuído ao desvio genético e o componente devido ao desvio da interação entre genótipos e ambientes (Tabela 20). De acordo com Farias et al. (1997) e Daros e Amaral Júnior (2000), este primeiro componente não é prejudicial aos trabalhos de melhoramento, já o segundo pode afetar a classificação dos genótipos, com isso, um genótipo ideal deve apresentar baixo valor da estimativa de P_i e uma maior influência do componente de desvio genético.

A aplicação deste método possibilitou a identificação de indivíduos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Os cinco clones que se destacaram com os menores valores de P_i geral foram: RB92579, SP81-3250, RB867515, RB947520 e RB758540. A porcentagem da estimativa de P_i devida ao desvio genético foi acima de 60% em todos os clones avaliados, evidenciando uma menor influência da interação genótipos e ambientes nestas estimativas.

Verificou-se que os clones RB92579, RB867515, RB947520 e RB758540 estiveram colocados entre os cinco menores valores de P_i tanto nos ambientes favoráveis quanto nos desfavoráveis, mostrando ampla adaptabilidade e alta estabilidade, com destaque para o RB92579, que foi o mais produtivo considerando a média geral e ainda com o menor valor de P_i geral e P_i nos ambientes favoráveis.

Alguns clones apresentaram menor estabilidade com adaptações a ambientes específicos, como o SP81-3250 e o RB92606, que ficaram em segundo e sexto lugares para ambientes favoráveis e caíram de posição nos desfavoráveis para o nono e décimo segundo lugares, respectivamente, mostrando serem adaptados a ambientes favoráveis e sofrerem mais que outros clones quando as condições ambientais se tornam adversas.

Tabela 19 – Estimativa do parâmetro de estabilidade fenotípica (P_i) de Lin e Binns (1988) e Carneiro (1998) para ambientes favoráveis (P_{iF}) e desfavoráveis (P_{iD}) para toneladas de pol por hectare.

Clone	\bar{x}	P_i	Clone	P_{iF}	Clone	P_{iD}
RB92579	15,53	3,90	RB92579	4,60	RB947520	2,98
SP81-3250	15,03	5,84	SP81-3250	6,50	RB867515	2,98
RB867515	15,03	5,95	RB867515	8,33	RB92579	3,02
RB947520	14,67	6,57	RB947520	9,44	RB758540	3,21
RB758540	14,54	6,84	RB758540	9,74	RB931530	3,38
RB931530	14,52	8,02	RB92606	10,54	RB955970	4,46
RB92606	14,26	8,16	RB92596	11,47	RB956916	4,66
RB92596	13,92	8,60	RB931530	11,74	RB955971	4,96
RB72454	13,64	9,37	RB72454	12,77	SP81-3250	5,01
RB955971	14,16	9,48	RB955971	13,10	RB92596	5,02
RB882698	13,97	9,94	RB937568	13,49	RB72454	5,11
RB956916	13,94	10,56	RB882698	13,57	RB92606	5,19
RB937568	13,32	11,00	RB918639	13,71	RB882698	5,41
RB918639	13,26	11,12	RB956916	15,29	RB956911	6,07
RB855511	13,43	12,86	RB855511	17,25	RB858927	6,72
RB918625	12,97	13,68	RB918625	17,31	RB855511	7,37
RB956911	13,10	14,19	RB947603	18,81	RB918639	7,88
RB947603	12,71	14,36	RB935903	18,81	RB937568	7,88
RB955970	12,92	14,40	RB956911	20,68	RB956918	8,52
RB935903	12,75	14,48	RB956918	20,83	RB947603	8,80
RB956918	12,52	15,36	RB9362	21,23	RB935903	9,07
RB9362	12,11	17,18	RB955970	22,36	RB918625	9,15
RB858927	12,23	18,66	RB9344	27,68	RB9362	12,13
RB9344	11,46	21,27	RB858927	28,22	RB9344	13,26

Tabela 20 – Estimativas do desdobramento do parâmetro Pi no componente atribuído ao desvio genético e no componente devido ao desvio da interação entre genótipos e ambientes.

Clone	Desvio genético	Desvio GxA	% Genética	Contribuição para a interação (%)
RB92579	2,46	1,44	63,09	2,79
SP81-3250	3,69	2,15	63,25	4,15
RB867515	3,68	2,27	61,83	4,40
RB947520	4,73	1,84	72,01	3,56
RB758540	5,13	1,71	75,03	3,31
RB931530	5,21	2,81	64,99	5,44
RB92606	6,09	2,07	74,63	4,01
RB92596	7,31	1,30	84,94	2,51
RB72454	8,45	0,92	90,18	1,78
RB955971	6,43	3,05	67,85	5,90
RB882698	7,14	2,80	71,86	5,42
RB956916	7,23	3,33	68,43	6,46
RB937568	9,80	1,19	89,15	2,31
RB918639	10,05	1,07	90,36	2,07
RB855511	9,31	3,55	72,41	6,87
RB918625	11,40	2,29	83,29	4,43
RB956911	10,79	3,40	76,06	6,58
RB947603	12,68	1,67	88,35	3,24
RB955970	11,63	2,78	80,72	5,37
RB935903	12,46	2,02	86,06	3,91
RB956918	13,64	1,72	88,77	3,34
RB9362	15,86	1,32	92,30	2,56
RB858927	15,22	3,44	81,54	6,67
RB9344	19,75	1,53	92,83	2,95

Outros clones obtiveram adaptação a ambientes desfavoráveis, mostrando serem pouco responsivos à melhoria ambiental, mas tolerantes quando essas condições se agravam, como os clones RB947520 e RB955970, que posicionaram-se em primeiro e sexto lugares nos ambientes desfavoráveis e apenas em quarto e vigésimo segundo nos favoráveis.

A análise de variância da característica toneladas de pol por hectare (TPH) indicou a interação genótipos x ambientes como significativa ($P < 0,01$), isso é caracterizado pela diferença do comportamento dos clones nos diversos ambientes estudados, demonstrado pelos diferentes posicionamentos quando em ambientes favoráveis e desfavoráveis.

A estimativa do parâmetro P_i está altamente correlacionada à produtividade, assim genótipos com produtividades mais baixas terão um alto valor de P_i sem, necessariamente, serem altamente instáveis. Assim, apesar dos genótipos RB92596, RB72454, RB918639, RB937568, RB955970, RB956918 e RB947603 apresentarem altos valores de P_i geral foram considerados pela metodologia de Eberhart e Russel (1966) como de alta estabilidade (desvios da regressão não significativos) e ainda com alta influência do componente de desvio genético no valor de P_i , todos acima de 80%.

Estas Informações detalhadas dos clones em vários ambientes tornam-se importantes para uma melhor recomendação dos clones aos vários ambientes de plantios comerciais. Ao escolher uma variedade para o plantio, o produtor deve analisar o ambiente de cultivo, considerando a pluviosidade, fertilidade do solo, seu nível de tecnificação, etc. escolhendo assim as variedades mais adaptadas às suas condições.

4.4.4. Adaptabilidade e Estabilidade Via Modelos Mistos

A Tabela 21 contém as estimativas de alguns parâmetros genéticos encontrados nas análises via modelos mistos para as seis Usinas nos três cortes de avaliação relativos aos 24 clones.

A estimativa da herdabilidade da média dos clones (h^2_m) é estimada quando se usam as médias como unidades de avaliação. Este cálculo de herdabilidade tem grande interesse, pois é predito com base nas médias de várias repetições. A estimativa deste índice encontrada para este trabalho foi de 0,65,

considerada moderada a alta, demonstrando boas expectativas com relação à seleção de clones superiores.

A correlação genotípica do comportamento dos clones nos locais (r_{gl}) fornece a confiabilidade de quanto constante será o ranqueamento dos clones nos diversos locais avaliados. Para tal, encontrou-se o valor de 0,38, sugerindo alto nível de interação genótipos x locais e indicando que não necessariamente o melhor clone em um local será em outro. Zeni Neto et al. (2008) encontraram esse valor em 0,635, os quais relataram existência de grande interação genótipos x ambientes.

Tabela 21 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidade da média de clones (h^2m), da correlação genotípica através dos locais (r_{gl}), da correlação genotípica através dos anos (r_{ga}) e da correlação genotípica através dos locais e anos (r_{gla}) para 24 clones de cana-de-açúcar avaliados em seis Usinas por três cortes.

Parâmetros	Estimativas
h^2m	0,65
r_{gl}	0,38
r_{ga}	0,68
r_{gla}	0,22

A estimativa da correlação genotípica da performance dos clones através dos anos forneceu valor um pouco superior a r_{gl} . Porém, esse valor ($r_{ga}=0,68$) ainda é avaliado como baixo, indicando a presença da interação entre genótipos e cortes (safras agrícolas), por isso é importante que nos programas de melhoramento os clones sejam avaliados em mais de uma safra.

Quando se considera a estimativa da correlação genotípica do comportamento dos clones nos locais e anos (ambientes) é destacada a importância dos estudos de adaptabilidade e estabilidade, pois seu valor é extremamente baixo, sendo de 0,22, indicando interação genótipos x ambientes complexa, ou seja, a classificação dos clones nos vários ambientes não será a

mesma. Esse fato pode ser observado na Tabela 22, em que estão sublinhados os valores genotípicos dos cinco clones superiores em cada local.

A Tabela 22 contém a classificação dos valores genotípicos dos 24 clones avaliados quanto à característica toneladas de pol por hectare (TPH) para os 18 ambientes (seis Usinas x 3 cortes).

Os cinco clones com os maiores valores de BLUP, quanto aos valores genotípicos para ambiente não se capitalizando a interação genótipos x ambientes ($\mu + g$), são o RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520 e o RB758540. De acordo com Bastos et al. (2007) e Maia et al. (2009) quando se utiliza os valores genotípicos ($\mu + g$) para a classificação dos genótipos, esses podem ser indicados em locais diferentes daqueles avaliados, já que esta estimativa não está capitalizada com o efeito da interação genótipos x ambientes, portanto é esperado o mesmo comportamento das médias em diferentes ambientes.

Quando se capitaliza a interação genótipo x ambiente ($\mu + g + g_a$) as recomendações devem ser realizadas nas áreas dessa mesma rede experimental ou em áreas com o mesmo padrão de interação genótipos x ambientes.

Considerando $\mu + g + g_{a_m}$ os mesmos cinco clones classificados para $\mu + g$ são selecionados entre os de maiores valores genotípicos. Apesar dessas duas seleções serem idênticas no que se refere aos clones selecionados, as predições dos valores genotípicos são maiores em $\mu + g + g_{a_m}$, entretanto, essa superioridade só será capitalizada se os clones forem plantados em áreas com os mesmos padrões de interação genótipos x ambientes da rede experimental avaliada. Com isso, as médias genotípicas baseadas em $\mu + g$ são mais seguras.

Os ganhos genéticos preditos com o cultivo dos cinco melhores clones em cada Usina (valores sublinhados) com relação à média, são de 10,55%, 8,48%, 9,46%, 11,34%, 12,27% e 12,14% para as Usinas Santa Cruz, Sapucaia, Disa, Lasa, Paineiras e Dasa, respectivamente. Ressalta-se que os valores de BLUP obtidos para cada Usina levam em consideração a informação de toda a rede experimental, portanto, tais estimativas são mais precisas do que o cálculo dos valores de BLUPs obtidos por meio das análises por local.

Tabela 22 – Estimativas dos valores genotípicos não se capitalizando a interação genótipos x ambientes ($\mu + g$) e capitalizando a interação genótipo x ambiente média ($\mu + g + ga_m$) e capitalizando a interação genótipo x ambiente para cada Usina ($\mu + g + ga$) para a característica toneladas de pol por hectare avaliada em seis Usinas^{1/} durante três cortes em 24 clones de cana-de-açúcar. $\mu+g$

Clone	USC	USA	DIS	LAS	UPA	DAS	Ambiente médio	
	$\mu+g+ga$	$\mu+g+ga$	$\mu+g+ga$	$\mu+g+ga$	$\mu+g+ga$	$\mu+g+ga$	$\mu+g+ga_m$	$\mu+g$
RB92579	12,61	12,14	15,54	17,80	14,23	18,11	15,07	14,75
RB867515	12,80	12,90	17,53	16,76	12,24	<u>15,92</u>	<u>14,69</u>	<u>14,45</u>
SP81-3250	11,92	12,04	<u>16,33</u>	<u>18,10</u>	12,00	<u>17,74</u>	<u>14,69</u>	<u>14,45</u>
RB947520	12,28	12,45	<u>15,52</u>	<u>17,97</u>	<u>12,96</u>	15,30	<u>14,42</u>	<u>14,24</u>
RB758540	<u>13,10</u>	<u>12,47</u>	<u>15,75</u>	16,43	12,68	15,48	<u>14,32</u>	<u>14,16</u>
RB931530	<u>13,62</u>	<u>12,63</u>	14,31	15,70	<u>14,35</u>	15,18	14,30	14,14
RB92606	12,60	<u>13,11</u>	14,69	16,20	12,08	15,91	14,10	13,99
RB955971	11,05	11,91	15,25	<u>17,50</u>	<u>14,08</u>	14,36	14,02	13,93
RB882698	12,46	11,80	14,12	14,82	<u>13,20</u>	<u>16,85</u>	13,88	13,81
RB956916	12,21	11,42	15,41	<u>17,20</u>	12,51	14,40	13,86	13,80
RB92596	12,32	11,43	15,28	<u>16,50</u>	11,88	15,64	13,84	13,79
RB72454	11,42	11,76	14,77	15,42	12,22	<u>16,16</u>	13,62	13,61
RB855511	11,40	<u>12,57</u>	15,25	16,19	12,04	13,32	13,47	13,49
RB937568	11,76	10,93	15,30	15,49	11,44	15,37	13,38	13,42
RB918639	11,33	11,51	14,03	15,82	12,21	15,12	13,34	13,39
RB956911	10,37	11,84	14,12	16,20	12,82	13,94	13,21	13,29
RB918625	<u>12,76</u>	11,07	13,31	15,38	11,78	14,39	13,12	13,22
RB955970	11,71	11,98	14,02	14,80	12,02	13,94	13,08	13,19
RB935903	10,73	11,48	14,73	15,59	11,40	13,76	12,95	13,09
RB947603	11,64	11,05	13,84	15,14	10,72	15,10	12,92	13,06
RB956918	10,75	10,86	13,84	15,21	11,77	14,19	12,77	12,95
RB858927	10,22	11,29	13,13	14,13	11,72	14,79	12,55	12,77
RB9362	10,49	10,54	14,30	14,18	11,09	14,17	12,46	12,70
RB9344	10,26	10,51	13,29	13,15	10,87	13,67	11,96	12,31
Média geral	11,74	11,74	14,74	15,91	12,26	15,12	13,58	13,58
Ganho genético (%)	10,55	8,48	9,46	11,34	12,27	12,14	7,80	6,11

^{1/} USC: Usina Santa Cruz; USA: Sapucaia; DIS: Disa; LAS: Lasa; UPA: Paineiras; DAS: Dasa

As inferências encontradas anteriormente foram realizadas para seleção de clones por meio dos valores genotípicos, capitalizando ou não a interação genótipos x ambientes. Contudo, para a análise de adaptabilidade e estabilidade é necessário aplicar outras metodologias.

Atualmente existem inúmeras metodologias para se proceder a avaliação de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, mas os procedimentos de interpretação mais simples têm sido preferidos. Assim, medidas que incorporam tanto a estabilidade quanto a adaptabilidade em uma única estatística vêm ganhando relevância.

A grande maioria dos procedimentos de análise de adaptabilidade e estabilidade faz uso de médias fenotípicas após a realização de análise da variância, como é o caso das metodologias de Eberhart e Russell (1966), Cruz et al. (1989) e Lin e Binns (1988), estimando assim a adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Por sua vez, o método MHPRVG, preconizado por Rezende (2004), baseia-se em valores genotípicos preditos via modelos mistos, onde se pode empregar o termo adaptabilidade e estabilidade genotípica, o qual agrega em uma única estatística a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade.

Desse modo, realizou-se neste trabalho o método MHPRVG. Na Tabela 23 são apresentados os resultados sobre a estabilidade dos valores genotípicos (MHVG), da adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG e $PRVG \times \mu$) e da estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG e $MHPRVG \times \mu$) para a característica toneladas de pol por hectare, preditos pela análise BLUP para 24 clones de cana-de-açúcar.

A média harmônica dos valores genéticos (MHVG) classifica os genótipos quanto aos valores genotípicos (produtividade) e a estabilidade. Quanto menor o desvio padrão do desempenho genotípico entre os ambientes, maior será o valor de MHVG, assim a seleção por este valor implica na seleção para produtividade e estabilidade simultaneamente (Oliveira et al. 2005).

Dos cinco melhores clones para MHVG (RB92579, RB867515, RB931530, SP81-3250 e RB947520) quatro estão entre os cinco clones melhores classificados pela análise conjunta dos valores genotípicos (exclui-se o clone RB931530).

Tabela 23 – Estabilidade de valores genotípicos (MHVG); adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG e PRVG x μ); estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG e MHPRVG x μ) para a característica toneladas de pol por hectare preditos pela análise BLUP para 24 clones de cana-de-açúcar.

Clone	MHVG	Clone	PRVG	PRVGx μ	Clone	MHPRVG	MHPRVGx μ
RB92579	14,72	RB92579	1,11	15,03	RB92579	1,10	14,99
RB867515	14,39	RB867515	1,08	14,68	RB867515	1,08	14,64
RB931530	14,23	SP81-3250	1,07	14,58	SP81-3250	1,07	14,51
SP81-3250	14,18	RB931530	1,06	14,42	RB947520	1,06	14,38
RB947520	14,14	RB947520	1,06	14,40	RB931530	1,06	14,34
RB758540	14,14	RB758540	1,06	14,35	RB758540	1,06	14,34
RB92606	13,92	RB92606	1,04	14,13	RB92606	1,04	14,11
RB955971	13,70	RB955971	1,03	14,01	RB955971	1,03	13,94
RB882698	13,69	RB882698	1,02	13,92	RB882698	1,02	13,86
RB956916	13,58	RB956916	1,02	13,84	RB956916	1,02	13,81
RB92596	13,55	RB92596	1,02	13,81	RB92596	1,02	13,80
RB72454	13,36	RB72454	1,00	13,61	RB72454	1,00	13,59
RB855511	13,26	RB855511	0,99	13,49	RB855511	0,99	13,44
RB918639	13,11	RB937568	0,98	13,34	RB918639	0,98	13,33
RB937568	13,07	RB918639	0,98	13,33	RB937568	0,98	13,32
RB955970	12,97	RB956911	0,97	13,21	RB956911	0,97	13,16
RB918625	12,95	RB918625	0,97	13,16	RB955970	0,97	13,12
RB956911	12,95	RB955970	0,97	13,13	RB918625	0,97	13,12
RB935903	12,69	RB935903	0,95	12,93	RB935903	0,95	12,91
RB947603	12,65	RB947603	0,95	12,90	RB947603	0,95	12,87
RB956918	12,54	RB956918	0,94	12,76	RB956918	0,94	12,76
RB858927	12,34	RB858927	0,92	12,55	RB858927	0,92	12,53
RB9362	12,21	RB9362	0,92	12,44	RB9362	0,91	12,42
RB9344	11,79	RB9344	0,88	11,97	RB9344	0,88	11,96

MHVG: Média harmônica dos valores genotípicos; PRVG: performance relativa dos valores genotípicos; MHPRVG: média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos; μ : média geral.

Bastos et al. (2007) concluíram que o método MHVG é seguro para seleção visando a estabilidade e produtividade. Entretanto, Zeni Neto et al. (2008) relataram que esta metodologia não pode ser considerada segura quando se analisa informações de experimentos desbalanceados onde nem todos os clones estão presentes em todos os ambientes avaliados.

O método de performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) estima a adaptabilidade de valores genéticos nos vários ambientes analisados. Nesta metodologia os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local e posteriormente obtém-se o valor médio desta proporção através dos locais (Rezende 2007). Pode-se notar que os mesmos cinco clones melhores classificados para MHVG também foram para PRVG.

O método MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos), proposto por Rezende (2004), permite a seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade dentro o contexto dos modelos mistos.

Pela seleção simultânea para produtividade, estabilidade e adaptabilidade destacam-se os clones RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520 e RB931530 nas cinco primeiras colocações. Pode-se notar uma certa manutenção da ordem dos materiais nestas três metodologias, indicando que os métodos MHVG, PRVG e MHPRVG apresentam certo grau de concordância quanto ao posicionamento de genótipos.

Realizando uma comparação entre as metodologias de Lin e Binns (1988) e MHPRVG, entre os 10 clones melhores classificados pela MHPRVG, oito coincidem com os 10 clones selecionados na metodologia de Lin e Binns (1988). Contudo, ocorreram também inversão de ordem entre alguns clones coincidentes, mesmo assim, pode ser notada uma alta correlação entre as duas metodologias, o mesmo foi relatado por Bastos et al. (2007). Rezende (2007) descreveu que a metodologia MHPRVG apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala de medição do caráter, permitindo calcular o ganho genético com a seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

De acordo com Rezende (2007), sobre as inferências para as produtividades esperadas, os valores genotípicos devem ser utilizados da seguinte forma:

- i) Para plantio em cada Usina: considerar valores genotípicos capitalizando a interação genótipo x ambiente para cada local ($\mu + g + g_a$);
- ii) Para plantio em outros locais com o mesmo padrão de interação genótipo x ambientes da rede experimental: considerar valores genotípicos capitalizando a interação genótipo x ambiente média ($\mu + g + g_{a_m}$) ou a adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG);
- iii) Para plantio em outros locais desconhecidos ou com padrão de interação genótipos x ambientes diferentes da rede experimental ou com alta heterogeneidade ambiental dentro do local: considerar valores genotípicos não se capitalizando a interação genótipos x ambientes ($\mu + g$) ou a estabilidade de valores genotípicos (MHVG); e
- iv) Para plantio em vários outros locais com variados padrões de interação genótipos x ambientes: considerar estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG).

Na Tabela 24 encontram-se relacionados os cinco melhores clones para o item i e na Tabela 25 para os itens ii, iii e iv.

Pode-se notar que vários clones estiveram entre os cinco melhores classificados para mais de uma das seis Usinas avaliadas (Tabela 24), demonstrando grande potencial produtivo. Pode-se destacar os clones RB92579 (cinco Usinas), RB867515 (quatro Usinas) e os clones RB758540, RB931530, SP81-3250 e RB947520 apresentando-se entre os mais produtivos em três das seis Usinas avaliadas.

Rezende (2007) relatou que com a aceitação dos efeitos de tratamentos (clones) como aleatórios, os testes de comparações múltiplas de médias de tratamentos são reprováveis, devendo-se usar preferencialmente o REML/BLUP (tratamentos como efeitos aleatórios) e não testes de comparação de médias (tratamentos como efeitos fixos).

Tabela 24 – Clones que posicionaram-se entre os cinco maiores valores genotípicos capitalizando a interação genótipo x ambiente ($\mu + g + ga$), para as seis Usinas avaliadas com relação à característica toneladas de pol por hectare.

USC	USA	DIS	LAS	UPA	DAS
RB92579	RB867515	RB92579	RB92579	RB92579	RB92579
RB867515	RB758540	RB867515	SP81-3250	RB947520	RB867515
RB758540	RB931530	SP81-3250	RB947520	RB931530	SP81-3250
RB931530	RB92606	RB947520	RB955971	RB955971	RB882698
RB918625	RB855511	RB758540	RB956916	RB882698	RB72454

^{1/} USC: Usina Santa Cruz; USA: Sapucaia; DIS: Disa; LAS: Lasa; UPA: Paineiras; DAS: Dasa

Pela Tabela 25 os clones mais indicados para plantio em outros locais com o mesmo padrão de interação genótipo x ambientes da rede experimental foram RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520, RB758540 e RB931530. Estes mesmos clones foram os indicados para o plantio em outros locais desconhecidos, ou com padrão de interação genótipos x ambientes diferentes da rede experimental ou com alta heterogeneidade ambiental dentro do local. Com relação ao plantio em vários outros locais com variados padrões de interação genótipos x ambientes foram eleitos os clones RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520 e RB758540.

Tabela 25 – Clones que posicionaram-se entre os cinco maiores valores genotípicos para os itens ii, iii e iv para as seis Usinas avaliadas com relação à característica toneladas de pol por hectare para 24 clones de cana-de-açúcar.

Ítems				
ii		iii		iv
$\mu + g + g_{am}$	PRVG	$\mu + g$	MHVG	MHPRVG
RB92579	RB92579	RB92579	RB92579	RB92579
RB867515	RB867515	RB867515	RB867515	RB867515
SP81-3250	SP81-3250	SP81-3250	RB931530	SP81-3250
RB947520	RB931530	RB947520	SP81-3250	RB947520
RB758540	RB947520	RB758540	RB947520	RB758540

ii: plantio em outros locais com o mesmo padrão de interação genótipo x ambientes da rede experimental; iii: plantio em outros locais desconhecidos ou com padrão de interação genótipos x ambientes diferentes da rede experimental ou com alta heterogeneidade ambiental dentro do local; iv: plantio em vários outros locais com variados padrões de interação genótipos x ambientes.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

A cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) tem importância socioeconômica reconhecida no Brasil desde os tempos de colônia, sendo atualmente o Brasil o maior produtor mundial. Para que se garanta a rentabilidade do setor é essencial a busca constante por clones mais produtivos adaptados às várias regiões de cultivo. Nesse contexto, o lançamento de novas variedades através do melhoramento genético é fundamental. Com o objetivo de selecionar clones de cana-de-açúcar mais produtivos para as áreas em estudo implantaram-se experimentos nos Estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo e Minas Gerais, onde foram avaliados 24 clones de cana-de-açúcar durante três safras pelas características porcentagem de fibra (FIB), toneladas de colmo por hectare (TCH), pol (%) cana (PCC) e toneladas de pol por hectare (TPH). Utilizaram-se para o propósito as metodologias de adaptabilidade de Eberhart e Russell (1966), Cruz et al. (1989), Lin e Binns (1988) e por modelos mistos (Resende, 2007)..

Os resultados obtidos permitiram chegar às seguintes conclusões:

- i. Foram observadas diferenças significativas em todas as características para o efeito de genótipos e da interação genótipos x ambientes nas análises conjuntas, demonstrando existir grandes diferenças entre os genótipos e alta interação destes com o ambiente;

- ii. Pela metodologia de Eberhart e Russell encontraram-se como ideais os clones RB758540, RB92596 e RB72454;
- iii. Não foram encontrados genótipos ideais por Cruz et al., indicando que a recomendação fosse realizada para ambientes específicos, favoráveis ou desfavoráveis;
- iv. A metodologia de Lin e Binns possibilitou identificar clones com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica, com os clones RB92579, RB867515, RB947520 e RB758540 colocados entre os cinco menores valores de Pi tanto nos ambientes favoráveis quanto nos desfavoráveis;
- v. A metodologia MHPRVG, única realizada que permite o estudo da adaptabilidade e estabilidade genotípica, possibilitou a recomendação de clones para a rede experimental, bem como para cada usina isolada;
- vi. Os clones RB92579, RB867515, SP81-3250, RB947520 e RB931530 apresentaram-se nas cinco primeiras colocações pela metodologia MHPRVG; e
- vii. Embora detectadas diferenças entre as quatro metodologias adotadas, todas deram sua contribuição para um melhor entendimento da interação genótipos x ambientes.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Árias, E.R.A. (1996) Adaptabilidade e estabilidade fenotípica das cultivares de milho avaliadas no estado do Mato Grosso do Sul e avanço genético obtido no período de 1986/87 a 1993/94. Tese (Doutorado). Lavras: UFL, 118p
- Barbosa, G.V.S., Barreto, E.J.S., Silva, W.C.M., Silva, G.E.G., Sousa, A.J.R. (2002) Adaptabilidade e estabilidade de produção de clones RB de cana-de-açúcar da série 92 e 93 em Alagoas. In: Congresso Nacional da STAB, 8, Pernambuco, p. 387-392.
- Barbosa, M.H.P. (2000) Perspectivas para o melhoramento da cana-de-açúcar In: Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas: Genética e melhoramento de espécies de propagação vegetativa, 4, Lavras: UFLA, p.1-17.
- Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V. de, Silveira, L.C.I. da, Peternelli, L.A. (2005) Estratégias de melhoramento genético da cana-de-açúcar em universidades. In: Simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas: Seleção recorrente no melhoramento de plantas, 9, Lavras: UFLA, p. 43-58.
- Bastos, I.T., Barbosa, M.H.P., Resende, M.D.V., Peternelli, L.A., Silveira, L.C.I., Donda, L.R., Fortunato, A.A., Costa, P.M.A, Figueiredo, I.C.R. (2007) Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. Pesquisa Agropecuária Tropical, 37 (4): 195-203.
- Carneiro, P.C.S. (1998) Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento. Tese (Doutorado), Viçosa: UFV, 168p.

- Carvalho, C.G.P. de, Arias, C.A.A., Toledo, J.F.F.de, Almeida, L.A.de, Kiihl, R.A. de S., Oliveira, M.F. de. (2002) Adaptability and stability study of soybean lines developed for high yield in Paraná State using four methodologies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 2 (2): 247-256.
- Cesnik, R., Miocque, J. (2004) *Melhoramento da cana-de-açúcar*. Brasília: Embrapa Informação Tecnologia , 307p.
- Conab. Disponível: <http://www.conab.gov.br> em 10/10/2009.
- Cruz, C.D. (2001) *Programa Genes (Versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 648p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. v.1, 3.ed., Viçosa: UFV, 480p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2003) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, v.2, 585p.
- Cruz, C.D., Torres, R.A. de, Vencovsky, R. (1989) An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. *Revista Brasileira de Genética*, 12: 567-580.
- Daher, R.F., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. do, Pereira, A.V., Lédo, F.J. da S., Daros, M. (2003) Estabilidade da produção forrageira em clones de capim-elefante (*pennisetum purpureum* Schum.). *Ciênc. Agrotec.*, 27 (4): 788-797.
- Daros, M., Amaral Júnior, A.T. (2000) Adaptabilidade e estabilidade de produção de *Ipomoea batatas*. *Acta Scientiarum*, 22 (4): 911-917.
- Duarte, J.B. (2000) Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal. (Tese Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Piracicaba – SP, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 293p..
- Eberhart, S.A., Russel, W.A. (1966) Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, 6 (1): p.36-40.
- Farias, F.J.C., Ramalho, M.A.P., Carvalho, L.P. de, Moreira, J. de A.N., Costa, J.N. da. (1997) Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método da regressão. *Pesq. Agropec. Bras.*, Brasília, 32 (4): 407-414

- Ferreira, A., Barbosa, M.H.P., Cruz, C.D., Hoffmann, H.P., Vieira, M.A.S., Bassinello, A.I., Silva, M.F. da (2005) Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 40 (8): 761-767.
- Finlay, K.W., Wilkinson, G.N. (1963) The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian Journal of Agricultural Research*, 14 (6): 742-754.
- Garbuglio, D.D., Gerage, A.C., Araujo, P.M., Fonseca Júnior, N.S., Shioga, P.S. (2007) Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 4, 183-191.
- Kang, M.J. (1988) A rank-sum method for selecting high-yielding stable corn genotypes. *Cereal Research Communities*, 16:193-198.
- Landell, M.G. de A., Alvarez, R., Zimback, L., Campana, M.P., Silva, M. de A., Pereira, J.C.V.N.A., Perecin, D., Gallo, P.B., Martins, A.L.M., Kanthack, R.A.D., Pery, F., Vasconcelos, A.C.M. (1999) Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em latossolo roxo da região de Ribeirão Preto. *Bragantia*, 58(2): 269-280.
- Lavoranti, O.J. (2003) *Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem "bootstrap" no modelo AMMI*. Tese (Doutorado), Piracicaba, ESALQ, 166p.
- Lavorenti, N.A., Matsuoka, S. (2001) Combinação de métodos paramétricos e não paramétricos na análise de estabilidade e cultivares de cana-de-açúcar. *Pesq. Agrop. Bras.*, 36 (4):653-658.
- Lima, L.F.N., Barbosa, G.V.S. (1996) Interação de genótipos de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) com ambientes de cultivo na Usina Caeté. In: Congresso de STAB, 6, *Anais...* Maceió, p.213-223.
- Lin, C.S., Binns, M.R. (1988) A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, 68 (1): 193-198
- Lopes, M.T.G., Viana, J.M.S., Lopes, R. (2001) Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de famílias endogâmicas de milho, obtidos pelo método dos híbridos crípticos. *Pesq. Agropec. Bras.*, 36 (3): 483-491.

- Maia, M.C.C., Resende, M.D.V., Paiva, J.R. de, Cavalcanti, J.J.V., Barros, L. de M. (2009) Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genóticas em clones de cajueiro, via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 39 (1): 43-50.
- Matsuoka, S. (2000) *Relatório anual do programa de melhoramento genético*. Araras: UFSCar, 39p.
- Matsuoka, S., Garcia, A.A.F., Arizono, H. (1999) Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (ed.) *Melhoramento de espécies cultivadas*. 2ed. Viçosa: UFV, p.205-251.
- Mello, L.J.O.T. de, Oliveira, F.J. de, Bastos, G.Q., Anunciação Filho, C.J. da, Reis, O.V. dos. (2006) Interação genótipos X ciclos de colheita de cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. *Bragantia*, 65 (2): 197-205.
- Melo, F.A.D., Figueiredo, A.A., Alves, M.C.P., Ferreira, V.M. (1999) Parâmetros tecnológicos da cana-de-açúcar em diferentes fundos agrícolas da região norte do estado de Pernambuco. In: Congresso Nacional da STAB, 7, *Anais...*Piracicaba: STAB, p.198-202.
- Oliveira, R.A. de, Resende, M.D.V. de, Daros, E., Bernal Filho, J.C., Zambon, J.L.C., Ido, O.T., Weber, H., Koehler, H.S. (2005) Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 5: 426-434.
- Oliveira, G.V., Carneiro, P.C.S., Carneiro, J.E. de S., Cruz, C.D. (2006) Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão comum em Minas Gerais. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(2): 257-265.
- Pereira, H.S., Melo, L.C., Faria, L.C. de, Peloso, M.J.D., Costa, J.G.C. da, Rava, C.A., Wendland, A. (2009) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(1): 29-37.
- Piepho, H.P. (1998) Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor analytic variance-covariance structures. *Theoretical and Applied Genetics*, 97: 195-201.

- Plaisted, R.L., Peterson, L.C. (1959) A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. *Amer. Pot. J.*, 36: 381-385.
- Ramalho, M.A.P., Santos, J.B., Zimmermann, M.J.O. (1993) *Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 271p.
- Ramalho, M.A.P., Ferreira, D.F., Oliveira, A.C. de. (2000) *Experimentação em genética e melhoramento de plantas*. Lavras: UFLA, 326p.
- Raizer, A.J., Vencovsky, R. (1999) Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. *Pesq. Agrop. Bras.*, 34 (12): 2241-2246.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p.
- Resende, M.D.V. (2004) *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo-Embrapa Florestas, 57 p.
- Resende, M.D.V. de (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo-Embrapa Florestas, 632p.
- Ridesa. Disponível: <http://www.ridesa.com.br> em 25/06/2009.
- Roach, B.T., Daniels, J. (1987) A review of the origin and improvement of sugarcane. In: *Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop*, Piracicaba: Copersucar, p.1-31.
- Rosse, L.N. (1999) *Modelo de regressão não-linear aplicado na avaliação da estabilidade fenotípica em plantas*. Tese (Doutorado), Piracicaba: ESALQ, 179p.
- Rosse, L.N., Vencovsky, R., Ferreira, D.F. (2002) Comparação de métodos de regressão para avaliar a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 37(1): 25-32.
- Scapim, C.A., Oliveira, V.R.; Braccini, A. de L., Cruz, C.D., Andrade, C.A. de B., Vidigal, M.C.G. (2000) Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binns and Huehn models. *Genetic and Molecular Biology*, 23 (2): 387-393.

- Scott, A.J., Knott, M. (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30 (3): 507-512.
- Unica. Disponível: <http://www.unica.com.br> em 25/06/2009.
- Vencovsky, R., Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto, Revista Brasileira de genética. 469p.
- Verma, M.M., Chahal, G.S., Murty, B.R. (1978) Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. *Theor. Appl. Genet*, 53: 89-91.
- Walker, D.I.T. (1987) Trends in sugarcane breeding. In: Abbott, A.J., Atkin, R.K. (ed.) *Improving vegetatively propagated crops*, Academic Press, Bristol, p.3-26.
- Zeni-Neto, H., Oliveira, R.A. de, Daros, E., Bessalho-Filho, J.C., Zambon, J.L.C., Ido, O.T., Weber, H. (2008) Seleção para produtividade, estabilidade e adaptabilidade de clones de cana-de-açúcar em três ambientes no estado do paran  via modelos mistos. *Scientia Agraria*, 9(4): 425-430.