



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
MESTRADO EM MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS**

PAULO ROCHA MACHADO

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS X CICLOS DE COLHEITA EM CANA-DE-AÇÚCAR
NO LITORAL SUL DE PERNAMBUCO**

RECIFE

2015

Ficha catalográfica

M149i Machado, Paulo Rocha.
Interação genótipos x ciclos de colheita em cana-de-açúcar no litoral sul de Pernambuco / Paulo Rocha Machado. – Recife, 2015. 67 f. : il.

Orientador (a): Francisco José de Oliveira.
Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Departamento de Agronomia, Recife, 2015.

Inclui referências e apêndices.

1. Genótipos de cana-de-açúcar. 2. Ciclos de colheita.
3. Ambientes de produção. I. Oliveira, Francisco José de, orientador. II. Título

CDD 581.15

PAULO ROCHA MACHADO

INTERAÇÃO GENÓTIPOS X CICLOS DE COLHEITA EM CANA-DE-AÇÚCAR
NO LITORAL SUL DE PERNAMBUCO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Melhoramento Genético de Plantas.

Orientador: Prof. Dr. Francisco José Oliveira
Co-orientadora: Prof.^a Dra. Gheysa Coelho Silva

RECIFE

2015

PAULO ROCHA MACHADO

INTERAÇÃO GENÓTIPOS X CICLOS DE COLHEITA EM CANA-DE-AÇÚCAR
NO LITORAL SUL DE PERNAMBUCO

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Melhoramento Genético de Plantas.

Aprovada em 10 de dezembro de 2015

BANCA EXAMINADORA

Prof^o. Dr^o. Francisco José de Oliveira
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof^o. Dr^o. Djalma Euzébio Simões Neto
Universidade Federal Rural de Pernambuco

Prof. Dr. José Wilson da Silva
Universidade Federal Rural de Pernambuco

À minha esposa Delva, meus filhos Giselle e Paulo Ricardo por seu apoio e paciência ao longo desta caminhada.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Professor Dr. Francisco José de Oliveira, por suas recomendações, indicações, orientação e exigências.

A Professora Dra. Gheysa Coelho Silva, por suas recomendações, instruções, paciência e transferência de conhecimentos.

Ao Coordenador da Estação Experimental de Cana-de-açúcar de Carpina, Dr. Djalma Euzébio Simões Neto, pela confiança, orientações e princípios profissionais imprescindíveis.

A todos os professores da Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético em Plantas da Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE por nos repassar conhecimento e sabedoria.

Aos amigos e colegas de jornada do Programa de Melhoramento Genético de Plantas da Universidade Federal Rural de Pernambuco pela divisão do conhecimento adquirido.

Aos diretores e colaboradores da Usina Cucaú pelo apoio logístico e infraestrutura na execução dos trabalhos de campo e laboratório.

À Universidade Federal Rural de Pernambuco, pela oportunidade de realização dos cursos de Graduação e Pós-Graduação.

A todos os colegas da Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina e em especial, aos amigos e colegas do PMGCA: Alex Sales, Amaro Epifânio, Diogo Henrique, Elder Velez, Fernando Dias, Gilberto Eduardo, Ismael Gaião, João Dutra, Jaime José de Paula, Luiz Tavares, Leonam Silva, Nathalia Sobral, Robson Ramos, Rodrigo Tomé e Waldemar dos Santos, pela indispensável amizade e apoio, sendo estes coautores deste trabalho.

Ao amigo José Ferreira da Silva Neto, pela inestimável ajuda e conselhos nos momentos oportunos.

À Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA/UFRPE/PMGCA/EECAC, por financiar a pesquisa.

“A simplicidade é o último degrau da sabedoria”

Gibran Khalil

RESUMO

O Brasil é líder mundial no setor sucoenergético e para que fosse alcançado este patamar se fez necessário investimento em pesquisas, dentre estas a obtenção de novas variedades, que testadas em ambientes distintos pode ocorrer que sejam mais efetivas em uns e não em outros. Esse comportamento é devido a ação da interação genótipo x ambiente (GxA) que se constitui num dos maiores problemas para os programas de melhoramento. Objetivou-se com este trabalho avaliar a interação genótipos x ciclos de colheitas através de sua decomposição em fração simples e complexa e o desempenho agroindustrial de genótipos RB de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) no Litoral Sul de Pernambuco. O experimento foi conduzido nas safras 2011/2012, 2012/2013 e 2013/2014, na Usina Cucaú, no município de Rio Formoso/PE. Utilizou-se delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, como tratamentos onze clones RB série 2004 e três variedades como testemunhas. Foram avaliadas toneladas de colmo por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH) e açúcar total recuperável (ATR). As análises genético-estatísticas foram processadas no programa Genes (CRUZ, 2009). As médias foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade de erro ($P \leq 0,05$). Para o estudo da interação genótipos (G) x ciclos de colheitas (C), além da análise de variância conjunta, procedeu-se o desdobramento do componente de variância da interação GxC em parte simples e complexa, pelo método de Cruz e Castoldi (1991), e por fim, a correlação de Pearson entre os pares de ciclos de colheitas avaliados. Verificou-se, diferenças significativas entre genótipos para TCH e TPH, para ciclos de colheita e interação GxC para todas as variáveis estudadas nas condições edafoclimáticas do Litoral do Sul da Mata de Pernambuco. Na decomposição da interação GxC predominou a fração simples (FS>60%) para TCH e TPH entre os pares de ciclos de colheita (cana-planta e cana-soca) e (cana-soca e rressoca). A porcentagem menor da interação complexa indica que além dos genótipos responderem em proporção diferente, eles mudam de desempenho conforme o ambiente.

Palavras-chave: Genótipos de cana-de-açúcar. Ciclos de colheita. Ambientes de produção.

ABSTRACT

Brazil is the world leader in sugarcane industry and to be reached this level was necessary investment in research, among them obtaining new varieties that tested in different environments can occur that are more effective in some and not in others. This behavior is due to the action of genotype x environment interaction (GE) analysis which constitutes a major problem for the breeding programs. The objective of this study was to evaluate the genotype x harvest cycles through its decomposition into simple and complex fraction and the agroindustrial performance RB genotypes of sugarcane (*Saccharum* spp.) on the south coast of Pernambuco. The experiment was conducted in harvests 2011/2012, 2012/2013 and 2013/2014, the plant Cucaú in Rio Formoso/PE municipality. We used a randomized block design with four replications, as treatments eleven clones RB 2004 series and three varieties as witnesses. They were evaluated thatched tons per hectare (TCH), tons of pol per hectare (TPH) and total recoverable sugar (ATR). The genetic-statistical analyzes were processed in the Genes software (Cruz, 2009). The means were grouped by the Scott and Knott test (1974), a 5 % error probability ($p \leq 0.05$). For the study of genotypes (G) x harvest cycles (C), and the joint analysis of variance, we proceeded to the split of GXC interaction variance component in simple and complex part, the method of Cruz and Castoldi (1991), and finally, the Pearson correlation coefficient between pairs of evaluated cycles of crops. It was found significant differences among genotypes for TCH and TPH, for GXC harvest and interaction cycles for all variables in the environmental conditions of the South Coast of Pernambuco Forest. On the decomposition of GXC interaction predominated simple fraction (FS > 60%) to TCH and TPH between pairs of harvest cycles (plant cane and first ratoon) and (first ratoon and second ratoon). A smaller percentage of the complex interaction indicates that in addition to genotypes respond in different proportion, they change performance as the environment.

Keywords: Genotypes of sugarcane. Crop cycles. Production environments.

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

A	Ambiente
ART	Açúcares redutores totais
ATR	Açúcares totais recuperáveis
Brix%	Percentagem de sólidos solúveis contido na cana
C	Ciclo de colheita
CB	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento Campos do Brasil/Brasil
Co	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento Coimbatore / Índia
CONAB	Companhia Nacional de Abastecimento
CP	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento Canal point / USA
CTC	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento Centro de tecnologia canavieira
CV	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento CanaVialis
CV _e	Coeficiente de variação
EECAC	Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina
Fibra %	Percentagem de fibra na cana
FV	Fontes de variação
G	Genótipo
G x A	Interação genótipo x ambiente
G x C	Interação genótipo x ciclo de corte
GL	Graus de liberdade
IAA	Instituto do açúcar e do álcool
IAC	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento do Instituto Agrônomo de Campinas
IANE	Instituto Agrônomo do Nordeste
PC	Percentual de sacarose aparente na cana
PLANALSUCAR	Programa nacional de melhoramento da cana-de-açúcar
Pol%	percentual de sólidos solúveis contidos no caldo da cana
PMGCA	Programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar
POJ	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento de

	Java/Indonésia
PROALCOOL	Programa nacional do álcool
QM	Quadrado médio
QMR	Quadrado médio do resíduo
$\frac{>(QMR)}{<(QMR)}$	Relação do maior quadrado médio do resíduo pelo menor quadrado médio do resíduo
RB	Sigla dos híbridos do programa de melhoramento genético Ridesa / Brasil
RIDESA	Rede interuniversitária para o desenvolvimento do setor Sucoenergético
SM	Soma dos quadrados médios
TCH	Toneladas de cana por hectare
TPH	Toneladas de pol por hectare
TSIP	Texas sugarcane improvement program
UFRPE	Universidade Federal Rural de Pernambuco.
UFAL	Universidade Federal de Alagoas

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1: Esquema da análise de variância e estatística F para as fontes de variação da análise conjunta de um modelo em blocos casualizados com interações de primeira ordem.....48
- Tabela 2: Resumo da análise de variância para toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR), avaliado em análise de grupo de experimento na região do Litoral Sul de Pernambuco.....52
- Tabela 3: Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH), obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013.....53
- Tabela 4: Valores médios de toneladas de pol por hectare (TPH) obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013.....54
- Tabela 5: Valores médios de toneladas de açúcar recuperável (ATR) obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013.....56
- Tabela 6. Estimativas da fração simples e complexa da interação genótipos x ciclos de colheita (%FS e %FC, respectivamente) e da correlação entre os pares de ciclos de colheita (r) de 14 genótipos de cana-de-açúcar, para toneladas de colmos por hectare (TCH), toneladas de açúcar por hectare (TPH) e açúcar total recuperável (ATR) nos ciclos de colheita de cana-planta, soca e ressoca no Litoral Sul de Pernambuco.....58

SUMÁRIO

1	CAPÍTULO 1 - INTRODUÇÃO	13
1.1	REVISÃO DA LITERATURA	15
1.1.1	Cenário atual da cana-de-açúcar	15
1.1.2	Histórico do melhoramento genético da cana-de-açúcar	15
1.1.3	Contribuições do melhoramento genético da cana-de-açúcar para o agronegócio	16
1.1.4	Aspectos gerais da interação genótipo x ambiente	20
1.1.5	Interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar	26
	REFERÊNCIAS	35
2	CAPÍTULO 2 - INTERAÇÕES GENÓTIPOS X CICLOS DE COLHEITA EM CANA-DE-AÇÚCAR NO LITORAL SUL DE PERNAMBUCO	41
2.1	RESUMO	44
2.1.1	Abstract	45
2.1.2	Introdução	45
3	MATERIAL E MÉTODOS	47
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
5	CONCLUSÕES	57
	REFERÊNCIAS	57
	ANEXOS	63

CAPÍTULO 1 - INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma cultura relevante para a economia mundial da atualidade em função da sua abrangência social e econômica, sendo cultivada em todas as regiões tropicais e subtropicais do planeta, abrangendo aproximadamente 130 países. É uma planta de metabolismo fotossintético C4, com elevada taxa fotossintética, sendo a cultura mais eficiente na conversão de energia radiante em energia química (TEW; COBILL, 2008) contribuindo dessa forma para a diminuição do aquecimento global.

A demanda gerada pelos mercados para derivados da cana-de-açúcar vem exigindo aumento das áreas ocupadas com a cultura, bem como aumento de sua produtividade, que pode ser obtido através da incorporação de novas técnicas e, dentre estas a adoção de novas variedades mais produtivas. A indústria sucroenergética requer demanda significativa e constante por variedades que atendam ou aumentem seus patamares de produtividade, estas variedades se prestam a substituírem aquelas que apresentam fatores conhecidos como declínio vegetal proporcionado por diversas causas entre essas prolongados períodos de cultivo de determinado genótipo, surgimento de doenças, pragas, intolerância a condições climáticas adversas, índices elevados de florescimento, entre outros que contribuem para o declínio de suas produtividades, motivando sua substituição por outros cultivares, comprovadamente mais produtivos, agrícola e industrialmente (SZMRECSANYI, 2002; SIMÕES NETO, 2009; VERISSIMO et al., 2012).

Na obtenção de variedades de cana-de-açúcar, alguns fatores são relevantes, destacando-se neste caso as interações com o ambiente, características que tem exigido dos melhoristas cada vez mais conhecimento desta relação, permitindo aos programas de melhoramento o uso de novos métodos e técnicas que explorem e capitalizem a interação genótipo por ambiente (GxA) (ARANTES, 2013).

Para os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, a obtenção de cultivares superiores tolerantes aos estresses bióticos e abióticos com alta produtividade de colmos e açúcar, é exigência para substituição das variedades em uso, que ao longo do tempo perdem sua produtividade, devido ao processo de degenerescência varietal (SOUZA et al., 2011). O bom desempenho da cana-de-açúcar está relacionado aos programas de melhoramento genético, nos quais um

dos principais objetivos é desenvolver variedades adaptadas às diversas regiões canavieiras do Brasil (ROSSE et al., 2002; ANDRADE et al., 2011). Em todas as regiões de cultivo e particularmente no Brasil, as cultivares de cana-de-açúcar constituem a base de toda a cadeia produtiva que envolve o setor sucoenergético (BARBOSA et al., 2012).

A cana-de-açúcar é cultivada em cinco microrregiões edafoclimáticas da Zona da Mata de Pernambuco (KOFFLER et al., 1986), numa extensa área de produção, que apresenta uma grande variabilidade, resultando em diversos tipos de ambientes com as quais ela interage, proporcionando o evento da interação de genótipos *versus* ambientes (GxA), acarretando interferência no desempenho dos genótipos, obstando nas etapas de seleção e recomendação pela instabilidade das suas respostas com as variações ambientais (CANCELLIER et al., 2011; RIBEIRO e ALMEIDA, 2011; PELUZIO et al., 2012).

Vários estudos têm sido aplicados na análise de interação GxA em cana-de-açúcar (VERISSIMO et al., 2012; SILVA et al., 2015). Mattos et al. (2013), afirmam que o desenvolvimento da cana-de-açúcar é afetado pelos efeitos do ambiente (A), do genótipo (G) e a sua interação (GxA), das quais a última, causa significativas variações no desempenho das cultivares entre diferentes locais. A avaliação da interação GxA é importante para o melhoramento, pois, no caso de sua existência, pode ser decomposta em fração simples e complexa onde a predominância do tipo simples manifesta que a disposição dos genótipos entre dois ambientes não foi afetada, de modo análogo, quando a maior parte corresponde ao tipo complexa, ocorrem mudanças na posição dos genótipos (PACHECO et al., 2008). Nesse contexto, o manejo varietal em cana-de-açúcar é uma estratégia que explora os ganhos decorrentes da interação GxA, objetivando alocar diferentes cultivares nos ambientes que proporcionem a melhor expressão produtiva.

Silva et al. (2011), trabalhando com genótipos de cana-de-açúcar na Mata Sul de Pernambuco, constataram que houve diferença significativa ($P < 0,05$; $P < 0,01$) entre as médias dos genótipos estudados para a maioria dos caracteres avaliados, o que indica boas condições para a seleção.

Objetivou-se com este trabalho avaliar a interação genótipos x ciclos de colheitas através de sua decomposição em fração simples e complexa e o

desempenho agroindustrial de genótipos RB de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) no Litoral Sul de Pernambuco.

1.1 REVISÃO DA LITERATURA

1.1.1 CENÁRIO ATUAL DA CANA-DE-AÇÚCAR

De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB, o Brasil produziu 634,8 milhões de toneladas de cana-de-açúcar na safra 2014/2015 em pouco mais de nove milhões de hectares (CONAB, 2015). Apresentando uma redução de 3,7% em relação à safra passada, ocorrendo principalmente no Centro Sul decorrente de diversos motivos dentre os quais estiagens e falta de renovação dos canaviais. Para a safra 2015/2016 é esperada uma produção de 663,1 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, representando um aumento na ordem de 4,5%.

Na região Norte/Nordeste a cultura da cana-de-açúcar na safra 2014/15 produziu 59,4 milhões de toneladas sendo que para a próxima safra é estimado uma produção de 61,2 milhões de toneladas com um acréscimo de 3,1%.

Pernambuco produziu na safra 2014/2015 o montante de 14,7 milhões de toneladas de cana-de-açúcar representando um aumento de 2,3% em relação a safra passada, sendo esperado para a próxima safra uma produção de 15,46 milhões de toneladas de cana o que representa um acréscimo de 5% em relação a safra 2014/2015.

Vários fatores contribuem para a queda de produtividade, entretanto a sustentabilidade e rentabilidade da cultura encontra suporte na exploração de genótipos cada vez mais superiores, visto que, os esforços empregados pelos diversos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar são primordiais para manutenção do setor sucoenergético por meio do desenvolvimento e da liberação de novas variedades que possam atender as diversas situações de cultivo. Este é um processo oneroso e demorado, uma vez que, em média, os fitomelhoristas necessitam de 10 a 15 anos de trabalho para seleção, testes e liberação de novas variedades (COSTA, 2012).

No contexto sucroalcooleiro, o cultivo de variedades portadoras de boas características agroindustriais representa, na prática, a tecnologia que mais contribui

para a melhoria dos níveis de produtividade da cultura devido a custos relativamente baixos quando comparada com os demais itens que compõem o sistema produtivo da cana-de-açúcar.

1.1.2 HISTÓRICO DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR.

No Brasil a busca por novas variedades de cana mais produtivas e mais resistentes às pragas e doenças, iniciou-se com a criação das primeiras estações experimentais de melhoramento de cana-de-açúcar, a saber: a Estação Experimental de Escada, em Pernambuco em 1913; a Estação Experimental de Campos, no Rio de Janeiro, em 1916; a Estação Geral de Experimentação de Barreiras, na Bahia, em 1924; a Estação de Curado, em Recife, Pernambuco, fundada em 1933; o Instituto Agrônomo de Campinas - IAC, em São Paulo, iniciado em 1935 e ativo até os dias atuais; o Instituto Agrônomo do Nordeste – IAN, fundado em 1951, que prosseguiu os trabalhos iniciados em Curado; e a Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo - Copersucar, iniciado em 1968. Em 1971 foi criado o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar - Planalsucar, extinto em 1990 e nesse mesmo ano foi criada a Ridesa que absorveu o patrimônio físico e pessoal das estações do extinto Planalsucar (CESNIK; MIOCQUE, 2004).

Gervásio C. P. Lima em 1842, descreveu pela primeira vez a fertilidade da semente da cana-de-açúcar no Brasil, no entanto, na literatura há registro deste evento em Barbados por volta de 1858. Quanto ao cruzamento genético da cana-de-açúcar, foi realizado pela primeira vez pelo melhorista Friedrich Soltweld, da Proef station Oost Java, Indonésia, em 1887, obtendo sementes férteis, cruzando as variedades de cana-de-açúcar Loethers e Glagah, obtendo as variedades batizadas com a sigla POJ (BARNES, 1974; CESNIK; MIOCQUE, 2004). Conforme Andrade (1985), em abril de 1892, o prefeito do Cabo, PE, também proprietário do engenho Carapu, fez uma circular aos agricultores, citando os trabalhos de Barbados e de Java, incentivando-os a coletarem sementes de cana para que se procedesse à seleção de tipos com maior teor de sacarose.

Segundo Ming et al. (2011), o melhoramento genético da cana-de-açúcar apresenta cinco períodos, a saber: i) cruzamentos entre as canas nobres

(variedades de *S.officinarum*); ii) cruzamentos entre *S.officinarum* x *S. spontaneum* e retrocruzamentos com *S.officinarum* (nobilização da cana); iii) cruzamentos entre as cultivares nobilizadas, em que foram obtidos os primeiros híbridos; iv) cruzamentos entre os híbridos, que têm originado as cultivares atuais; e v) cruzamentos para ampliar a base genética.

De acordo com Barbosa et al. (2012), atualmente existem no país quatro programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar: Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA (variedades RB), Centro de Tecnologia Canavieira – CTC (antigo Centro de Tecnologia Copersucar – variedades SP), Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e CanaVialis (CV), fundada em 2004, e encerrando suas atividades em 2015. Neste contexto ressalte-se a análise econômica encomendada pelo BNDES no sentido de enfatizar a importância das tecnologias de produção para o setor: “A diversificação de variedades no canavial é fator de segurança e ativo estratégico para os agentes produtivos; da mesma forma, é salutar para o mercado haver diferentes atores provedores de tecnologia agrícola, incluindo novas variedades de cana”.

Os propósitos dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar buscam realizar seleção para genótipos locais, buscando aqueles que melhor se adaptem às condições de cultivo da região (BERDING e SKINNER, 1987). Conforme Burnquist et al. (2010), a necessidade de desenvolver cultivares adequadas para cada ambiente de produção, dá-se pela aplicação das estratégias e operacionalização do melhoramento genético da cana-de-açúcar de uma região, que pode não ter o mesmo resultado em outra.

As atividades de pesquisas de obtenção de cultivares RB, que haviam sofrido forte redução, foram retomadas, através de um modelo de parceria público-privada, com a captação de recursos da iniciativa privada para financiamento das pesquisas. Em 2012, estas parcerias foram institucionalizadas através da RIDESA, cuja estrutura registrou contratos de parceria entre várias Universidades Federais componentes da RIDESA e 350 empresas do setor sucroalcooleiro (BARBOSA et al., 2012).

A RIDESA/UFRPE/EECAC mantém acordos de parceria público privado com empresas do setor sucoenergético para desenvolvimento de variedades de cana-de-açúcar na área de sua abrangência (Pernambuco, Paraíba, Rio Grande do Norte,

PiauÍ e Maranhão). Sua atuação no estado de Pernambuco esta restrita à área canavieira da Zona da Mata, que de acordo com estudos desenvolvidos por Koffler et al. (1986), foi subdividida em cinco microrregiões conforme suas características edafoclimáticas.

1.1.3 CONTRIBUIÇÕES DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR PARA O AGRONEGÓCIO.

Avanços proporcionados pelo melhoramento genético da cana-de-açúcar no mundo têm demonstrado que, as médias de rendimento agrícola comercial ainda são inferiores a quinta parte do potencial máximo teórico da cultura (rendimento potencial), que é estimado em 381 TCH (WACLAWOVSKY et al., 2010). Dentro deste contexto, o melhoramento genético se constitui na principal contribuição para a cadeia produtiva do setor agroenergético canavieiro. Segundo Andrade (1985), durante mais de três séculos as variedades de cana cultivadas eram: Crioula, Caiana, Roxa, Rosa, Ubá e Cristalina, predominantemente utilizadas pelos engenhos de açúcar, cachacerias e primeiras unidades fabris do setor. A partir do início do século passado foram introduzidos os primeiros híbridos comerciais, que objetivam dinamizar a produção e produtividade do setor, apresentando ao mercado os híbridos POJ (Java/Indonésia), Co (Coimbatore/Índia) e CP (Canal Pont/USA). Em 1950 o Brasil passou a explorar seus primeiros cultivares, oriundo dos programas: Campos Brasil (CB) e Instituto Agrônômico de Campinas (IAC).

A utilização de cultivares geneticamente melhoradas constitui-se no referencial básico para o desenvolvimento do setor sucoenergético, permitindo ao mesmo alcançar significativo incremento de produção e produtividade, possibilitando uma elevação do rendimento agroindustrial de no mínimo 30% maior em relação a cultivares anteriormente plantada (BARBOSA et al., 2008).

Barbosa e Silveira (2012), relataram que no início da década de setenta a produção média do Brasil foi de 49 TCH e, para cada tonelada de cana eram recuperados 87 kg de açúcares redutores totais (ART); enquanto que na década de 90, produziu-se em média, 64 TCH alcançando um volume recuperado de ART de 140 Kg para cada tonelada de cana industrializada, estes números, demonstram ganho anual de 2% em recuperação de ART para cada tonelada de cana esmagada

e 1% para TCH. Os autores concluem que esses ganhos decorreram do emprego de tecnologias nas áreas agroindustrial.

A produtividade da lavoura brasileira de cana-de-açúcar atingiu, em 2007, a marca histórica de 11.200 kg de Açúcares Totais Recuperáveis (ATR) por hectare (ATR.ha⁻¹), nível quase 130% superior ao verificado em 1975, no início do Programa Nacional do Alcool (Proálcool); essa evolução ocorreu em função do desenvolvimento das tecnologias agrícolas de produção, notadamente pela introdução de novas variedades de cana (NYKO et al., 2013).

Investimentos em pesquisas têm proporcionado nas várias regiões canavieiras do mundo ganhos de rendimento em açúcar entre 1 e 2% ao ano (BERDING et al., 2004; EDMÉ et al., 2005; BARBOSA e SILVEIRA, 2012), estimam que metade desse ganho seja atribuído ao melhoramento genético. De outra parte, na literatura, existem afirmações do alcance do limite na acumulação de sacarose da cana (JACKSON, 2005; LINGLE et al., 2010). Associado a isto, há relatos que nas últimas quatro décadas, os aumentos de rendimento de açúcar em várias regiões foram decorrentes de cultivares mais produtivas em rendimento da massa do colmo da cana, sem ter melhoria do teor de sacarose (JACKSON, 2005; COX; STRINGER, 2006; BURNQUIST et al., 2010).

Atualmente o Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, resultados alcançados em grande parte pela adoção de cultivares RB, obtidos pelos programas de melhoramento genético, implementados através das metas previstas no projeto da criação do PLANALSUCAR (IAA, 1972). Considerando o desenvolvimento tecnológico no setor sucroenergético do Brasil, as variedades RB no período compreendido entre 1970 e 2011, apresentando um incremento anual de 155,7 kg de açúcares totais recuperáveis por hectare, correspondente a 4% ao ano (BARBOSA e SILVEIRA, 2012). Estes autores consideraram que 50% desse índice se deveu a substituição contínua de cultivares, isto representou, em 2011, para uma área de nove milhões de hectares, uma contribuição de US\$ 175 milhões, ou uma média de 19,40 US\$ ha⁻¹.

As variedades RB apresentaram os melhores resultados para as várias regiões de cultivo da cana-de-açúcar brasileira, levando os produtores a adotarem em suas áreas plantadas em torno de 60% de variedades dessa sigla. Como ponto de partida para obtenção de cultivares RB a RIDESA faz uso do Banco de germoplasma das

Estações de Floração e Cruzamento de Serra do Ouro, em Murici – Alagoas e Devaneio, em Amaraji - Pernambuco, administradas pela UFAL e UFRPE respectivamente (ROCHA et al., 2008), onde anualmente são realizados diversos cruzamentos para atender aos programas das Universidades componentes da RIDESA (BARBOSA; SANTOS, 2011).

Segundo Chapola et al. (2013), o censo realizado em 2012 pela RIDESA em 260 empresas, distribuídas em 16 Estados, numa área de 6.406.144 hectares, que representam mais de 75% da área cultivada com cana-de-açúcar no Brasil as variedades RB ocupam 64,8% das áreas de plantio, 62,0% da área de cultivo, sendo que das vinte variedades mais plantadas no Brasil, dez são RB, lideradas pela RB867515, ocupando 28,95% do total das variedades mais plantadas.

Na Região Nordeste as variedades mais plantadas, são lideradas pela sigla RB, com 58%. Em Pernambuco, das vinte variedades mais plantadas, destacam-se seis RB entre as dez primeiras, lideradas pela RB92579 ocupando atualmente uma área de 31% da área total de plantio de cana-de-açúcar do Estado (RIDESA, 2015).

1.1.4 ASPECTOS GERAIS DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES

No contexto mundial os melhoristas tem se empenhado em oferecer materiais de desempenho superior e adaptados, através da seleção de genótipos com aptidões locais, permitindo aos mesmos, melhores condições adaptativas e de cultivo para cada região. Por conseguinte, é necessário desenvolver cultivares apropriada para cada ambiente de produção, pois a aplicação das estratégias e operacionalização do melhoramento genético da cana-de-açúcar de uma região pode não ter o mesmo resultado em outra (BURNQUIST et al., 2010).

No Brasil a cana-de-açúcar é cultivada nos mais diversos tipos de solos, em ambientes que influenciam sua produção com reflexo direto no rendimento, que varia de acordo com sua mudança. Através da determinação da interação GxA, pela decomposição desta, em fração simples e complexa objetiva-se a seleção de genótipos mais produtivos e adaptados à cada região estudada.

Nesse intuito são avaliados todos os anos um grande número de genótipos em ensaios realizados em diferentes condições ambientais, gerando dados de produtividade com os quais se procura indicar novas variedades para cada região onde são estudados, para tanto, alguns fatores são relevantes, enfatizando-se as interações com o ambiente, exigindo dos melhoristas cada vez mais conhecimento desta relação, permitindo aos programas de melhoramento o uso de novos métodos e técnicas que explorem e capitalizem a interação genótipo por ambiente (GxA) para oferecer aos melhoristas mais segurança na recomendação e liberação de variedades maximizando a produção.

Para Edemé e Glazz (2013), a interação GxA pode influenciar fortemente a expressão quantitativa dos genótipos testados em múltiplos ambientes, por interferir na relação genótipo-fenótipo e assim comprometer a eficiência da seleção dos melhores genótipos enquanto para Khan et al. (2013), esta dificuldade ocorre na seleção de genótipos na fase de testes, visando maximizar o rendimento de colmos por hectare que é dificultado por causa da complexidade da interação GxA.

A interação GxA pode ser minimizada utilizando-se cultivares específicos para cada ambiente, com ampla adaptabilidade e boa estabilidade (SILVA; DUARTE, 2006, PEREIRA et al., 2008; PELUZIO et al., 2010), ou identificando grupos de ambientes similares, por meio da estratificação e dissimilaridade ambiental (OLIVEIRA et al., 2004; GARBUGLIO et al., 2007).

Essa interação reflete as diferentes sensibilidades dos genótipos frente às variações ambientais, resultando em mudanças de desempenho relativos (BARROS, 2012; HONGYU, 2012), de maneira que diferenças apresentadas nos valores genotípicos podem sofrer alterações entre ambientes distintos, podendo causar mudanças na classificação dos genótipos entre os ambientes.

O fenômeno da interação GxA faz parte da rotina da pesquisa agrônômica, sendo um componente importante para melhoristas que atuam nos testes comparativos e na recomendação de variedades, pois quanto maior a diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes de teste, mais importante será a interação GxA (BORÉM; MIRANDA, 2005). Esta interação pode apresentar diversas formas e independentemente da sua natureza, quando existe, corresponde a uma componente de variância, cuja importância poder ser avaliada mediante metodologias adequadas.

Conforme Arantes (2013), a interação de genótipos com ambientes é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies, seus efeitos permitem o aparecimento de genótipos estáveis e aptos a ambientes específicos, assim como, de comportamento geral, aptos a vários ambientes.

Para Barros (2012), nos programas de melhoramento genético de plantas, a avaliação da interação GxA torna-se de grande importância, pois, no caso de sua existência, há possibilidades de o melhor genótipo em um dado ambiente não o ser em outro. Este fato influencia o ganho com a seleção e dificulta a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade, entretanto, quando se considera uma série de ambientes, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação destes (CRUZ: REGAZZI: CARNEIRO, 2014).

A interação GxA representa o principal obstáculo para o trabalho dos melhoristas, exigido que, o melhoramento seja conduzido em condições na qual o genótipo será utilizado. Essa interação é caracterizada quando o comportamento das linhagens ou cultivares não são consistentes nos diferentes ambientes, ou seja, as respostas genótípicas são diferentes às alterações que ocorrem nos ambientes. Tanto o genótipo como o ambiente têm um papel decisivo na manutenção fenotípica (BARROS, 2012).

De acordo com Piovesan (2007), a interação não deve ser vista como uma dificuldade, mas sim como uma oportunidade de melhorar o conhecimento da pesquisa e caso seja uma interação positiva, existirá uma oportunidade de ganhos elevados, pela recomendação de genótipos adaptados aquele ambiente de estudo. Segundo Chaves (2001), a interação GxA deve ser levada em consideração, não como um simples efeito estatístico, mas como um fenômeno biológico com suas aplicações no melhoramento de plantas. Entretanto, pode-se afirmar que somando os conhecimentos em estatística com os do fenômeno biológico é possível tirar informações valiosas para entender a complexidade da interação.

Para Guimarães (2010), citando Robertson (1959), a interação GxA pode ser dividida em fração simples ou quantitativa e complexa ou qualitativa. A predominância do tipo simples é proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, de forma que a posição relativa dos genótipos não é alterada. Para Ramalho et al. (1993), a interação simples é caracterizada pela presença de genótipos adaptados a uma ampla faixa de ambientes, nesse caso, a

recomendação de cultivares pode ser realizada de forma generalizada. Buzinaro (2014), afirma que a ocorrência de maior parte da interação atribuída à parte simples indica que os ambientes são semelhantes, de modo a serem considerados similares os locais com percentagem simples acima de 50%. Quanto maior for a percentagem deste tipo de interação, menos informativos serão os locais, contudo, na grande maioria dos trabalhos, ocorre a predominância de interação simples (MENDONÇA et al., 2007). Essa interação não se constitui problemas ao melhorista, pois os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros.

No entanto, quando a maior parte da interação GxA é do tipo complexa, decorre da falta de correlação entre os desempenhos dos genótipos, de modo que esses apresentam diferentes respostas às variações ambientais, causando alteração na sua classificação, impedindo que sua recomendação de forma generalizada, considerando os diversos ambientes (GARBUGLIO et al., 2007; PACHECO et al., 2008), detectaram em seus experimentos com milho, que 87% dos pares de ambientes apresentaram predominância de interação complexa e destes, 56% apresentaram baixa correlações. Pacheco et al. (2008), também realizando pesquisa com a cultura do milho, encontraram 100% dos pares com predominância de interação complexa e 87% de correlações baixas. Pereira et al. (2010), trabalhando com feijoeiro comum, encontraram interação complexa em 79% e correlações com média de 17%, reforçando a existência de grandes diferenças entre os locais avaliados. A interação do tipo complexa é caracterizada pela presença de genótipos adaptados a ambientes específicos.

O conhecimento do tipo predominante da interação GxA é de grande importância em programas de melhoramento (VENCOVSKY, 1978), pela possibilidade de usar esta informação na tomada de decisão, por exemplo, desenvolvimento de genótipos adaptados a amplas ou específicas condições ambientais (FELIPE et al., 2010), o que pode minimizar o efeito da interação GxA no desempenho dos genótipos (EBERHART; RUSSEL, 1966; PELUZIO et al., 2012).

Conforme Gomez (2014), os procedimentos utilizados pelo pesquisador para lidar com a interação GxA no programa de melhoramento são: i) ignorando-a, usando as médias genóticas através dos ambientes ainda em presença de interação GxA, porém, não há motivo para ignorar as interações quando forem significativas e cruzadas, em alguns casos, a recomendação de cultivares tem sido

baseada só em informações de produtividade média dos genótipos nos ambientes testes (CARVALHO et al., 2002; LIMA et al, 2008); ii) evitando-a, o impacto das interações significativas é minimizado pela formação de mega ambientes via análises de agrupamentos.; ou, iii) explorando-a, utilizaram-se os dados estatísticos de estabilidades e adaptabilidades das performances genotípicas obtidas das análises e interpretações das diferenças genotípicas e ambientais (GOMEZ, 2014). Este procedimento permite aos melhoristas selecionar genótipos com performances consistentes e identificar as causas das interações GxA. Quando as causas das performances genotípicas instáveis são identificadas, pode atingir-se uma maior produtividade por meio do melhoramento genético e, ou, através do melhoramento do próprio ambiente (KANG, 2002). Assim, o sucesso para atingir uma resposta positiva na seleção de genótipos dependerá do grau de conhecimento do ambiente como também da caracterização da variabilidade genética disponível (EISEMANN; COOPER; WOODRUFF, 1990; DE LA VEJA e DE LA FUENTE, 2003).

Existem pelo menos três meios disponíveis na literatura que permitem amenizar o efeito da interação genótipos x ambientes: a) identificar genótipos específicos para cada ambiente: embora teoricamente seja possível, é limitado 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, podendo ajudar, seja por problemas técnicos ou financeiros, no descarte de ambientes com padrões semelhantes na avaliação. Esse agrupamento é realizado com base em diferenças macro ambientais, tornando-o vulnerável às variações imprevistas, dessa forma as variações genótipos x ambiente 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; BARRIGA, 1992; RAMALHO et. al, 1993; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Para o produtor a substituição de seus cultivares deve se dar através de variedades confiáveis e mais produtivas, para tal regionalizar as pesquisas é uma necessidade em decorrência da interação genótipo x ambiente, que se dá em função do comportamento dos materiais genéticos frente a condições ambientais distintas de avaliação e seleção (EBERHAT e RUSSEL, 1966; ALLARD et al., 1990; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

A avaliação de cultivares, das diversas espécies, em vários ambientes tem sido realizada com o propósito de verificar o seu comportamento diferencial, em resposta às variações sistemáticas e casuais do ambiente. Quando os testes de avaliação dos genótipos são conduzidos em apenas um ambiente, a variância genética e a média geral podem ficar superestimadas, ou seja, pode conter componentes da interação GxA (RESENDE, 2007). A sua amplitude na expressão fenotípica do caráter pode reduzir a correlação entre fenótipo e genótipo, inflacionando a variância genética e, por sua vez, os parâmetros dependentes desta, como a herdabilidade e o ganho genético esperado com a seleção (ROCHA; VELLOSO, 1999).

Para Felipe et al. (2010), trabalhando com cultivares de milho no Estado de Goiás concluiu que as redes de avaliação são partes imprescindíveis nos programas de melhoramento de plantas. Com sua realização, pode ser estudado o comportamento dos genótipos desenvolvidos em ampla faixa de condições ambientais, visando identificar os materiais genéticos mais promissores para as diversas condições avaliadas. Isto acontece graças à possibilidade de se analisar a interação dos genótipos com os ambientes (GxA) que, ao ser identificada, pode ser revertida em favor da maximização da produtividade da cultura.

Trabalhando com “Abordagem Genética e Multivariada na Performance Agrônômica de Genótipos de Soja Oriundos de Diferentes Genealogias” Gomez (2014), concluiu que em ensaios multiambientais, quando é avaliado um conjunto de genótipos dentro de grupos de ambientes, permitem ao melhorista, através da análise da variância, estimar os efeitos ambientais (A), genotípicos (G) bem como as ações da interação genótipo x ambiente (GxA).

Considerando que os caracteres quantitativos, especialmente aqueles que são controlados por muitos genes, são em geral altamente influenciados por fatores ambientais e demonstram uma variação contínua, em função da presença universal da interação GxA de características quantitativas, avaliações genotípicas em, pelo menos, estágios avançados do melhoramento de plantas são executados em ambientes múltiplos em experimentos planejados (ARANTES, 2013).

O uso de redes de avaliação de cultivares nos programas de melhoramento de plantas é fundamental na avaliação e seleção de genótipos, com sua realização, pode ser estudado o comportamento dos genótipos desenvolvidos em ampla faixa de condições ambientais, identificando os materiais genéticos mais promissores para as diversas condições avaliadas.

O melhoramento explora os genótipos de adaptação ampla, oferecendo aos produtores cultivares que se destaquem em grande número de ambientes diferenciados ou adaptados a condições específicas sendo favoráveis ou não.

Godói (2014), afirma que para experimento realizado com o objetivo de testar um mesmo grupo de genótipos em diferentes ambientes, o pesquisador pode obter repostas fenotípicas distintas dos diferentes genótipos para cada um dos ambientes em teste.

Dentre as conclusões feitas por Mariotti et al. (1976), trabalhando com análises conjuntas, pode-se destacar: a) em geral, o comportamento de um genótipo de cana-de-açúcar é melhor apresentado se oriundo de três cortes dentro daquela região; e b) existe uma tendência de que os dados de corte realizado em um ano podem estar influenciando os resultados de colheita no ano seguinte, e para isso ser minimizado devem ser desenvolvidos modelos que considerem essa tendência.

1.1.5 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM CANA-DE-AÇÚCAR

No Brasil, várias ações têm sido utilizadas buscando a estratificação de áreas de produção de cana-de-açúcar em variadas regiões, estudando dados experimentais de sucessivas safras, levando em conta os dados climáticos, de solo e manejo cultural, analisando os impactos dos mesmos sobre a produtividade da cultura. Neste sentido, trabalho conduzido por Leite (2011), mostrou que a interação GxA apresentou significância para todos os anos e épocas avaliados, permitindo

maiores ganhos genéticos com a recomendação de genótipos de adaptação regional, quando comparados aqueles de adaptação mais ampla. Foi possível, portanto, afirmar que algumas regiões edafoclimáticas apresentam semelhanças em relação ao desempenho dos genótipos estudados, permitindo uma estratificação da rede experimental em menor número de regiões.

Na mesma linha de estudo, Fernandes Júnior et al. (2013), avaliando dez clones e duas testemunhas comerciais de cana-de-açúcar de maturação médio-tardia em primeira soca de experimentos, colhidos em agosto de 2009, encontrou um ambiente que apresentou maior estabilidade e capacidade de discriminação entre os genótipos, o que permite um ordenamento mais confiável em relação à média geral dos ambientes testados.

A avaliação, identificação e indicação de genótipos promissores de cana-de-açúcar são de fundamental importância para o desenvolvimento da cultura, e utiliza-se como ferramentas para auxiliar essa etapa do melhoramento genético da cana-de-açúcar o estudo da interação GxA (ROSA, 2008; VERISSIMO et al., 2012). Avalia-se e testa-se a presença de interação genótipos por ambientes através de uma análise de variância conjunta de vários ensaios (COCHRAN; COX, 1957).

Os programas de melhoramento genético visam à seleção de genótipos com produtividade elevada e consistente, nos diversos ambientes, neste contexto, os métodos utilizados na análise da interação genótipo por ambiente não oferece resultados precisos para a devida quantificação dessa interação, representando problemas aos melhoristas e reduzindo a precisão de seleção de um ambiente para outro (SILVEIRA et al., 2012).

Devido à presença da interação GxA, a mesma tem sido objeto de várias pesquisas em programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, mostrando sua importância para a cultura, tendo como suas principais características, os atributos quantitativos, toneladas de colmo por hectare (TCH), porcentagem de açúcares na cana (Pol%) e toneladas de açúcar por hectare (TPH) que ao serem avaliados genotípicamente, tem sua herdabilidade dependente do gradiente ambiental aumentando ao longo das colheitas (ARANTES, 2013).

Leite (2011), em estudo de “Análise Multiambientes Visando a Recomendação Regionalizada de Clones de Cana-de-açúcar”, ponderou que a experiência do setor canavieiro australiano com variedades de adaptação regional

mostrou que o potencial dos efeitos ambientais específicos de cada região continua afetando algumas comparações entre as variedades padrões e clones com potencial para a liberação.

Silva et al. (2015), estudando a interação x ciclos de colheitas e sua decomposição em fração simples e complexa, na avaliação de 18 genótipos de cana-de-açúcar, em três safras agrícolas, na Zona Canavieira do Litoral Sul de Pernambuco, encontraram para a produtividade de cana por hectare, o par de ciclos de colheitas soca e ressoca (C2 x C3) apresentou alta porcentagem da interação G x C atribuída à fração simples (FS = 64,42%), corroborando os resultados obtidos para esta variável para os pares de ciclos de colheita (C1 x C2) e (C2 x C3).

Ferraudo (2013), estudando modelos matemáticos através da comparação de métodos visando determinar o aumento da produtividade da cana-de-açúcar, utilizando 15 genótipos, relatou que este aumento se deve a vários fatores, sendo um dos principais a obtenção de novas cultivares e a interpretação da interação genótipo por ambiente (GxA), realizado nos estágios finais de seleção dos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, torna-se essencial durante o processo de obtenção de novos cultivares. Para poder selecionar os melhores genótipos frente à interação GxA, sendo os mesmos avaliados em doze ambientes, com três repetições cada, procurando determinar qual o melhor genótipo, baseado no desempenho fenotípico de caracteres de interesse, como tonelada de cana por hectare (TCH), Percentual de açúcar na cana (Brix%) e tonelada de Pol por hectare (TPH) que são as principais medidas de produtividade de cana-de-açúcar.

Avaliando 15 genótipos de cana-de-açúcar em nove locais, nas fases de cana planta, soca e ressoca no total de 18 ambientes, com enfoque na maturação precoce, adaptabilidade e estabilidade, quanto à produtividade de colmos e de Brix, no Estado do Rio Grande do Sul, Verissimo et al (2012), encontraram que todos os efeitos avaliados (genótipo, ambiente e interação GxA) foram significativos para as variáveis analisadas (produtividade de colmo e brix), para os genótipos estudados. Estes resultados indicam que os genótipos apresentaram comportamento diferenciado conforme as mudanças proporcionadas pelos ambientes e evidenciaram a alteração de posição na classificação dos genótipos de um ambiente para outro.

Melo et al. (2009), avaliando 16 cultivares de cana-de-açúcar na Zona da Mata Litoral Sul de Pernambuco, com relação à interação significativa com o ciclo de colheita, os resultados indicaram que a maioria dos caracteres avaliados foram altamente influenciados pelos cortes da cana (ciclo de colheita), tendo a variável TCH exibido valor em magnitude superior aos demais caracteres, mostrando assim ser uma variável mais influenciada pelos ciclos de colheita da cana. Landell et al. (1999), Melo et al. (2006) e Santos et al. (2004), encontram resultados semelhantes. A significância da interação genótipos x ciclo de colheita para TCH, TPH, PC, FIB e BC indicaram que os cortes representam ambientes contrastantes, nesse caso, os genótipos avaliados têm comportamento dependente do corte (ciclo de colheita) corroborando, assim, com os resultados encontrados para TCH, TPH e PC por Landell et al. (1999) e TCH, TPH, PC e BC por Melo et al. (2006).

Para Rosa (2008), avaliando 26 genótipos de cana-de-açúcar em quatorze ambientes, no Estado de Goiás, para as características produtividade TCH, Pol% e Fibra%, inferiu que os efeitos de ambiente são responsáveis pela maior parte da variação observada, seguido dos efeitos de genótipos e por último, da interação GxA, que se mostra altamente significativa para os três caracteres avaliados, de modo que para as características TCH, Pol% e Fibra%, os efeitos de ambiente são responsáveis pela maior parte da variação observada, seguido dos efeitos de genótipos e por último, da interação GxA, que se mostra altamente significativa para as três características, constatando que no melhoramento de cana-de-açúcar, considerações a respeito da interação de genótipos com ambientes são essenciais para a eficiência e sustentabilidade do processo produtivo da cultura.

Bressiani (2001; 2002) e Silva et al. (2002a), estudando famílias de cana-de-açúcar constataram diferenças significativas ($p < 0,01$) para os caracteres TCH e TPH. Enquanto Bastos (1984), estudando o comportamento de variedades de cana-de-açúcar no Estado de Pernambuco verificou variabilidade fenotípica bastante significativa, o que favorece a obtenção de resultados positivos na escolha de genótipos de maior produtividade agrícola e industrial.

Em sua Dissertação “Adaptabilidade e Estabilidade de Variedades de Cana-de-açúcar em Alagoas e Pernambuco”, Guimarães (2010), avaliou oito genótipos de cana-de-açúcar, em oito ambientes, sendo os ambientes de 1 a 4 na usina Trapiche em Pernambuco e de 5 a 8 na Usina Serra Grande em Alagoas, procurando avaliar

a magnitude da interação entre genótipos de cana-de-açúcar e ambientes e a adaptabilidade e estabilidade para o caráter açúcares totais recuperados (ATR), pode verificar que o efeito da interação GxA foi significativo, causando comportamento diferenciado dos genótipos em relação aos ambientes avaliados, verificando que apenas um dos genótipos apresentou maior produtividade média de ATR entre os genótipos estudados, podendo ser recomendado para qualquer tipo de ambiente.

Em sua Tese “Interação Genótipo x Ambiente, Adaptabilidade e Estabilidade em Genótipos de Cana-de-açúcar”, no Estado de São Paulo, Arantes (2013), estudando 16 genótipos de cana-de-açúcar em quatorze locais, avaliados em quatro cortes (cana planta, primeira, segunda e terceira soca), investigou a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos de cana-de-açúcar para os atributos, TCH, Pol% e TPH em experimentos multiambientes, utilizando a avaliação da interação GxA, considerou que a herdabilidade para o atributo TPH é dependente do gradiente ambiental, aumentando conforme os cortes e em termos de valores médios, dos genótipos estudados foram selecionados e recomendados quatro genótipos da sigla IAC, que obtiveram um bom valor médio.

Na mesma linha de pesquisa, avaliando 15 genótipos de cana-de-açúcar em nove unidades produtoras no Estado de Minas Gerais, Silveira et al. (2012), visando determinar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica através da avaliação da interação genótipo x ambiente, recomendou para cultivo comercial regional apenas um genótipo da sigla RB que apresentou a maior média e elevada adaptabilidade geral e específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis.

Ramburan (2014), trabalhou visando usar a caracterização ambiental utilizando métodos multivariados para interpretar os efeitos ano-safra e sua contribuição para a interação GxA, investigando a natureza e a magnitude da mesma, obtendo a correlação de semelhança entre os locais de teste objetivando melhorar a eficiência da rede de avaliação e seleção de genótipos de cana-de-açúcar, quando interações não repetíveis dominam, foram utilizados nos ensaios 46 genótipos na fase avançada de seleção e 2-5 genótipos comerciais entre os anos de 2001 e 2010 em cinco locais de teste na região litorânea da África do Sul. Concluindo que na presença de grande ocorrência de não repetibilidade do genótipo

na interação GxA, não oferece confiança para conclusão sobre a semelhança entre locais de teste.

Khan et al. (2013), estudando cinco clones de cana-de-açúcar geneticamente diversificados e quatro variedades comerciais, em estágio avançado de seleção, para determinar a estabilidade de rendimento de colmos, em experimento conduzido em seis diferentes locais (províncias), Nawabshah, Paquistão, por dois anos consecutivos. Os testes foram realizados para determinar estabilidade de rendimentos de tonelada de cana por hectare (TCH) e rendimento de sacarose por cento (TS%) bem como as interações GxA para produção de açúcar, considerando os componentes das duas características principais, observam diferenças significativas entre clones para todos os testes. A interação com o ambiente teve efeito significativo sobre a maioria das características estudadas, já os coeficientes de correlação revelaram que o peso, altura de colmos, número de colmos e porcentagem de açúcar por safras, foram as principais características que contribuíram para a produtividade da cana e de açúcar. Isto implicava que a seleção de genótipos de cana pode ser enfatizada com base nos fatores de produção que contribuem para a recuperação de açúcar em porcentagem e para o rendimento máximo açúcar.

Edmé e Glaz (2013), compararam o desempenho de genótipos de cana-de-açúcar de pré-lançamento no programa Canal Point (CP), o estudo foi realizado em dois locais contrastantes, após a ocorrência de vários eventos de geada (Haia e Canal Point, Flórida), procurando avaliar a interação GxA através da análise AMMI, e as mudanças nos perfis de parâmetros relacionados com sacarose causados por congelamento, para compreender seu impacto sobre o desempenho dos genótipos, para tal, 45 genótipos das séries CP01, CP02, CP03 e três cultivares foram estudados em testes de campo em dois locais (Haia e Canal Point, Flórida), sendo avaliado em cana planta (CP01-CP02 no período compreendido entre 2006/2007) ou na da primeira soca (CP03 no período de 2007/2009). Foram analisadas as características Brix, Pol, e Teor de Sacarose (SC) a partir de amostrados em diferentes épocas do ano para determinar a sua deterioração. Os autores observaram que os clones CP01-1178 (CP01) e CP01-1564 (CP09), como acima da média geral, enquanto que a interação genótipo contribuiu igualmente com cerca de 15,5% para Brix, 12% de Pol, e 13,7% para a Sacarose, em média, em todos nos

três casos. A interação GxA foi altamente significativa ($P < 0,001$), e a maior parte da variação (82%) em características de qualidade foi causados pela interação GxA.

Ramburan et al. (2011), realizaram estudos para investigar a influência relativa de fatores ambientais sobre as interações GxA para tanto foram utilizados 15 cultivares comerciais avaliadas em 147 ambientes na região litorânea da África do Sul. Neste estudo os autores destacaram o valor de ensaios de campo para a caracterização ambiental e interações GxA, concluindo que a mesma é essencial para eficiência na implementação de redes de seleção e avaliação em genótipos de cana-de-açúcar.

Kimbeng et al. (2009), estudando dezessete genótipos experimentais e três cultivares comerciais em cinco diferentes locais no Vale do Rio Grande, Texas, USA. procurando determinar se as interações GxA estão presentes para a produção de açúcar em toneladas de açúcar por hectare (TPH) através de suas duas características principais (toneladas de cana por hectare - TCH e teor de sacarose - Pol%) em estágio avançado de seleção no Texas, e se presente, determinar a importância relativa dos testes em locais e anos de cultivos (safras), além de fornecer um nível adequado de discriminação entre os genótipos do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar - Texas Sugarcane Improvement Program (TSIP). Os autores concluíram que quantidades apreciáveis de interações GxA foram reveladas neste estudo e que a interação GxA foi associada com mudanças consideráveis no ranking relativo dos genótipos, concluindo ainda que duas repetições, quatro locais de colheita e quatro anos parece ser um uso eficiente dos recursos para fornecer um nível adequado de discriminação entre os genótipos.

Tahir et al. (2013), procuraram desenvolver estudos para avaliar a interação GxA e estabilidade de genótipos de cana para diferentes características em função do rendimento em cana planta, sendo os experimentos conduzidos em três ambientes: dois no Crops Research Institute açúcar durante os anos 2005/2006 e 2006/2007 e um na Harichand Semente Multiplicação Farm, no período compreendido entre 2005/2006. O material experimental foi composto por 16 genótipos em fase avançada de seleção principalmente originários de CP (Canal Point, Florida), incluindo duas testemunhas (Mardan 93 e CP 77/400), permitindo aos autores concluir que a interação GxA e a análise da estabilidade do material testado na fase avançada de seleção deve ser parte integrante do programa de

melhoramento genético da cana-de-açúcar para que os genótipos com produção superior e outros atributos desejáveis possam ser identificados para vários ambientes.

Fernandes Júnior et al. (2013), estudando a interação GxA em clones de cana-de-açúcar, utilizando métodos de regressão bissegmentada para identificar os clones mais produtivos, com boa estabilidade e adaptabilidade, e definir os locais mais representativos para seleção e experimentação, para tanto foram utilizados dez clones RB da serie 97 e duas variedades comerciais, em dez locais no estado de São Paulo. Os autores comprovaram que entre os clones estudados cinco deles apresentaram-se como os mais promissores em termos de estabilidade e adaptabilidade geral, quantos aos ambientes apenas um apresentou maior estabilidade e capacidade de discriminação entre os genótipos, permitindo um ordenamento mais confiável em relação à média geral dos ambientes testados.

Samamad (2011), trabalhando com interação GxA para determinação de teores de fibra e lignina em cana-de-açúcar, através da avaliação de dez genótipos em três locais no Estado de Minas Gerais, encontrou efeitos significativos para genótipos e locais, bem como o para interação GxA para a característica teor de fibra, havendo também efeito de genótipo, ambiente e corte, bem como de suas interações para produtividade de TCH.

Segundo Augusto (2009), avaliando a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos precoces de cana-de-açúcar da série RB96 no Estado do Paraná, utilizando 16 genótipos (quatorze clones e duas variedades comerciais), estudando a característica tonelada de Pol por hectare (TPH), em seis ambientes distintos, nos ciclos de cana-planta e soca. Encontrou significância da interação GxA $p < 0,05$ indicando que os efeitos dos fatores genótipos e ambientes separadamente não explicam toda a variação encontrada na produção de TPH, confirmando que a interação GxA influencia o comportamento diferencial dos materiais nos ambientes avaliados, sendo o mesmo atribuído à genética específica de cada genótipo.

Silva (2008), avaliando a magnitude da interação GxA, através do rendimento de doze genótipos de cana-de-açúcar, cultivados sob o sistema de cana de ano em três ambientes de produção, procurou determinar os genótipos estáveis, avaliando altura de colmos, diâmetro de colmos, número de colmos por metro, pol% da cana e produtividade de cana e de açúcar no Estado de São Paulo. Os resultados

mostraram que os genótipos tiveram desempenho estável para altura de colmos e pol% cana nos diferentes locais, inferindo-se que são maiores responsáveis pelos efeitos significativos para TCH e TPH foi o número de colmos, seguido pelo diâmetro. Nos ambientes a interação GxA minimiza a variação dos genótipos em relação ao desempenho de suas produções, considerando que o número de colmos por metro é o atributo biométrico mais afetado pela interação GxA, no entanto, esta interação significativa para diâmetro de colmos, número de colmos por metro, TCH e TPH e a alteração dos genótipos dentro de cada atributo sugerem que estratégias específicas devem ser adotadas para o melhoramento e manejo de variedades para o sistema cana de ano, recomendando para novos genótipos liberados para plantio comercial devem conter informações de interação GxA e de estabilidade, inclusive com indicação de sua adaptação específica e/ou geral.

Finalmente, o melhoramento genético da cana-de-açúcar buscou durante 100 anos maior produtividade de colmos e açúcar, a criação de variedades adaptadas aos mais diversos ambientes de produção e ao manejo agrícola em grande escala, além de resistência as doenças, permitiu que a agroindústria canavieira se expandisse no mundo e se firmasse como uma importante fonte de riqueza ao longo de todo o último século (MATSUOKA et al., 2011).

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. et al. Genetic and molecular organization of ribosomal DNA (rDNA) variants in wild and cultivated barley. **Genetics**, Califórnia, v. 126, n. 3, p. 743-51, 1990.
- ANDRADE, J. S. C. O. et al. Avaliação de progênies em famílias RB na fase inicial do melhoramento genético em cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, n. 4, p. 609-616, 2011.
- ANDRADE, J. A. **Escorço histórico de antigas variedades de cana-de-açúcar**. Maceió: ASPLANA, 1985. 288 p.
- ARANTES, F. C. **Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade em genótipos de cana-de-açúcar**. 2013. 94 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.
- AUGUSTO, R. **Avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica em genótipos de cana-de-açúcar, série RB96**. 2009. 66 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Estadual de Maringá, Maringá.
- BARBOSA G. V. S.; SANTOS J. M. Serra do Ouro: Estação de Floração e Cruzamento – RIDESA/CECA/UFAL. In: ISSCT Germplasm & Breeding Workshop, 10; Molecular Biology Workshop, 7, 2011, Maceió. **Apresentações...** Maceió: ISSCT, 2011. [CD-ROM].
- BARBOSA, G. V. S. et al. Desempenho agroindustrial e censo de variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Estado de Alagoas. In: Congresso Nacional da Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil - STAB, 9, 2008, Maceió. **Anais...** Maceió: STAB Regional Leste, 2008. p. 464-470.
- BARBOSA, M. H. P.; SILVEIRA, L. C. I. Melhoramento genético e recomendação de variedades. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. **Cana-de-açúcar: bioenergia, açúcar e etanol: tecnologias e perspectivas**. Viçosa: UFV, 2012. cap. 11, p.313-331, 637p.
- BARNES, A. C. **The sugar cane**. London: Leonar Hill Books, 1974. 572 p.
- BARROS, M. A. **Seleção de genótipos de feijão-caupi para adaptabilidade e estabilidade produtiva na região meio-norte do Brasil**. 2012. 84 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Piauí, Teresina.
- BASTOS, G. Q. **Análise conjunta de competições varietais de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) com dois tratamentos comuns, no Estado de Pernambuco**. 1984. 121 f. Dissertação (Mestrado em Botânica) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

- BERDING, N.; HOGARTH M.; COX, M. Plant Improvement of Sugarcane, In: JAMES, G. L. (Ed.). **Sugarcane**. 2. ed., Victoria: Blackwell Science, 2004. p. 20-53.
- BERDING, N.; SKINNER, J. C. Traditional breeding methods. In: COPERSUCAR. **International Sugarcane Breeding Workshop**, Piracicaba, p. 269-320, 1987.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.
- BRESSIANI, J. A. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, Campinas, v. 1, p. 61, 2002.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 2001. 133f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- BURNQUIST, W. L.; REDSHAW, K.; GILMOUR, R. F. Evaluating sugarcane R&D performance: evaluation of three breeding programs. **Proceedings of the International Society Sugar Cane Technologists**, São Paulo, v. 27, p. 1-14, 2010.
- BUZINARO, R. **Interação de genótipos de milho vs locais, anos e épocas de semeadura**. 2014. 59 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.
- CANCELLIER, L. L. et al. Eficiência no uso do nitrogênio e correlação fenotípica em populações tropicais de milho no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, n. 42, p. 139-148, 2011.
- CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- CARVALHO, C. G. P. et al. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, p. 989-1000, 2002.
- CESNICK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília, DF: Embrapa, Informação Tecnológica, 2004. 307 p.
- CHAPOLA, R. G. et al. (ED.). **Censo varietal 2012**. Araras: CCA-UFSCar, 2013. 55 p.
- CHAVES, L. J. Interação genótipos com ambientes. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Ed. Fundação Mato Grosso, 2001. cap. 22, p. 674-713.
- COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental Designs**. New York: John Wiley and Sons, 1957. 611 p.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar**. 2014. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_08_28_08_52_35_boletim_cana_portugues_-_2o_lev_-_2014-15.pdf>. Acesso em: 20 dez. 2015.

COSTA, I. G. **Desempenho agroindustrial, adaptabilidade, estabilidade e divergência genética entre clones RB de cana-de-açúcar em Pernambuco**. 2012. 125 f. Dissertação (Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

COX, M. C.; STRINGER, J. K. Analysis of sugarcane productivity data: increases from new cultivars and improved management in Australia. In: MERCER CF Ed. Australasian, **Plant Breeding Conference 13**, Christchurch. **Proceedings...** Christchurch: 2006, 1-5 p.

CRUZ, C. D.; CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexas. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, Ed. UFV, 2014. v. 2.

CRUZ, C. D. **Programa genes**: aplicativo computacional em genética e estatística experimental. Viçosa, UFV, 2009. Disponível em: <<http://www.ufv.br/>>. Acesso em: 10 jan. 2015.

DE LA VEJA, A. J.; DE LA FUENTE, E. Elección de genótipos. In: SATORRE, E. H.; BENECH, A. R. L. et al. **Producción de cultivos de granos**: bases funcionales para su manejo. Buenos Aires: Editorial Facultad de Agronomía, 2003. cap. 14, p. 950-959.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, p. 36-40, 1966.

EDMÉ, S. J.; GLAZ, B. S. Field response of sugarcane genotypes to freeze stress with genotype x environment effects on quality traits. **Journal of Crop Improvement**, London, v. 27, p. 1-30, 2013.

EDMÉ S, J. et al. Genetic contribution to yield gains in the Florida sugarcane industry across 33 years. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 92-97, 2005.

EISEMANN, R.; COOPER, M.; WOODRUFF, D. Beyond the analytical methodology-better interpretation and exploitation of genotype-by-environment interaction in breeding. In: **Genotype-by-environment interaction and plant breeding**, Los Angeles, p. 108-117, 1990.

FELIPE, C. R. P.; DUARTE, J. B.; CAMARANO, L. F. Estratificação ambiental para avaliação e recomendação de variedades de milho no estado de Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 2, n. 40, p. 186-199, 2010.

FERNANDES JÚNIOR, A. R. et al. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 208-216, 2013.

FERRAUDO, G. M. **Comparação de modelos mistos, ammi e Eberhart-Russel via simulação no estudo da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar.** 2013. 115 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

GARBUGLIO, D. D. et al. Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, p. 183-191, 2007.

GODÓI, C. R. C. **Divergência genética e predição de valores genotípicos em soja.** 2014. 106 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

GOMEZ, G. M. **Abordagem genética e multivariada na performance agrônômica de genótipos de soja oriundos de diferentes genealogias.** 2014. 79 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

GUIMARÃES, U. V. **Adaptabilidade e estabilidade de variedades de cana-de-açúcar em alagoas e Pernambuco.** 2010. 53 f. Dissertação (Mestrado em Biometria e Estatística Aplicada) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

HONGYU, K. **Distribuição empírica dos autovalores associados à matriz interação dos modelos AMMI pelo método bootstrap não paramétrico.** 2012. 102 f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agrônômica) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

INSTITUTO DO AÇÚCAR E DO ÁLCOOL, BRASIL / AÇÚCAR. **Coleção Canavieira**, Rio de Janeiro, MIC/IAA, 1972, n. 8. 243 p.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, Davis, v. 92, p. 277-290, 2005.

KANG, M. S. Genotype–Environment Interaction: progress and prospects. **Quantitative genetics, genomics, and plant breeding**, Wallingford, CABI, 2002, p. 219, 400 p.

KHAN, I. A.; SEEMA, N.; RAZA, S.; YASMINE, S.; BIBI, S. Environmental Interactions of Sugarcane Genotypes and Yield Stability Analysis of Sugarcane. **Pakistan Journal of Botany**, Faisalabad, v. 45, n. 5, p. 1617-1622, 2013.

KIMBENG, C. A.; ZHOU, M. M.; SILVA, J. A. Genotype x environment interactions and resource allocation in sugarcane yield trials in the Rio Grande Valley region of Texas. **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**, Weslaco, v. 29, p. 11-24, 2009.

KOFFLER, N. F. et al. **Caracterização Edafoclimática das Regiões Canavieiras do Brasil: Pernambuco**. 1ª ed. Piracicaba, Ed. IAA/PLANALSUCAR. 78p. 1986.

LANDELL, M. G. A., et al. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em Latossolo Roxo da Região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 2, p. 269-280, 1999.

LEITE, M. S. O. **Análise multiambientes visando à recomendação regionalizada de clones de cana-de-açúcar**. 2011. 72 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

LIMA, W. F. et al. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 43, n. 6, p. 729-736, 2008.

LINGLE, S. E. et al. Changes in juice quality and sugarcane yield with recurrent selection for sucrose. **Field Crops Research**, Davis, v. 118, n. 2, p. 152-157, 2010.

MARIOTTI, I. A. et al. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azúcar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronómica del Nordeste Argentino**, San Miguel de Tucumán, v. 13, n. 14, p. 105-127, 1976.

MATSUOKA, S.; BRESSIANI, J. A.; MACCHERONI, W.; FOUTO, I. Bioenergia da Cana. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Ed.). Cana-de-açúcar: Bioenergia, Açúcar e Álcool. 2 ed. Viçosa: UFV, 2011. v.1. p 487-517.

MATTOS, P. H. C. et al. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 1, n. 13, p. 83- 90, 2013.

MELO, L. J. O. T. et al. Desempenho agroindustrial de cultivares de cana-de-açúcar na zona da mata litoral sul de Pernambuco. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 3, p. 684-691, 2009.

MELO, L. J. O. T. et al. Interação genótipo x ciclos de colheita de cana-de-açúcar da zona da mata norte de Pernambuco. **Bragantia**, Campinas, v. 2, n. 65, p. 197-205, 2006.

MENDONÇA, O. et al. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 11, n. 42, p. 1567-1575, 2007.

MING, R. et al. Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant Breeding Reviews**, West Lafayette, v. 35, p. 15-118, 2011.

NYKO, D. et al. A evolução das tecnologias agrícolas do setor sucoenergético: estagnação passageira ou crise estrutural? **Revista Brasileira de Bioenergia**, São Paulo, v. 37, p. 399-442, 2013.

OLIVEIRA, M. A. S. et al. Estabilidade fenotípica de cultivares de soja no Brasil central. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 20, n. 2, p. 9-19, 2004.

PACHECO, C. A. P. et al. Environmental stratification based on a 28 x 28 diallel of open-pollinated maize varieties. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 8, p. 259-264, 2008.

PELUZIO, J. M. et al. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 3, p. 427-434, 2010.

PELUZIO, J. M. et al. Estratificação e dissimilaridade ambiental para avaliação de cultivares de soja no estado do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 3, p. 332-337, 2012.

PEREIRA, A. V. et al. Diversidade genética entre acessos de capim-elefante obtida com marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, n. 7, p. 1216-1221, 2008.

PEREIRA, H. S. et al. A Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum tipo carioca em Goiás e no Distrito Federal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 6, p. 554-562, 2010.

PIOVESAN, P. **Validação cruzada com correção de autovalores e regressão isotônica nos modelos AMMI**. 2007. 78 f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RAMBURAN, S. A multivariate illustration and interpretation of nonrepeatable genotype x environment interactions in sugarcane. **Field Crops Research**, Davis, v. 157, p. 57-64, 2014.

RAMBURAN, S.; ZHOUA, M.; LABUSCHAGNE, M. Interpretation of genotype x environment interactions of sugarcane: identifying significant environmental factors. **Field Crops Research**, Davis, v. 124, p. 392-399, 2011.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Goiânia, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.

ROCHA, A. M. C. et al. Quatro décadas de contribuição da Serra do Ouro para a agroindústria da cana-de-açúcar do Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DA STAB, 9., 2008, Maceió. **Anais...** Maceió: STAB Regional Leste, 2008. p. 552-536.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 69-81, 1999.

ROSA, C. O. **Interação de genótipos de cana-de-açúcar com ambientes no estado de Goiás**. 2008. 48 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Federal de Goiás, Goiânia.

ROSSE, L. N.; VENCovsky, R.; FERREIRA, D. F. Comparação de métodos de regressão a estabilidade fenotípica em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.1, n. 37, p. 23-32, 2002.

SAMAMAD, N. T. I. **Interação genótipos X ambientes dos teores de fibra e lignina em cana-de-açúcar**. 2011. 34 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SANTOS, M. S. M. et al. Repetibilidade de características agroindustriais em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 39, n. 4, p. 301-306, 2004.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 3, n. 30, p. 507-512, 1974.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; MELO, L. J. O. T. Seleção de genótipos de cana-de-açúcar via interação x ciclos de colheitas na Zona da Mata de Pernambuco. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 10, n. 2, p. 184-188, 2015.

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

SILVA, M. A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de ano. **Bragantia**, Campinas, v. 1, n. 67, p. 109-117, 2008.

SILVA, M. A. et al. Yield components in sugarcane families at four locations in the state of São Paulo, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 1, p. 97-106, 2002a.

SILVEIRA, L. C. I. et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 4, p. 587-593, 2012.

SIMÕES NETO, D. E. Variedades de cana-de-açúcar no estado de Pernambuco contribuição do melhoramento clássico da RIDESA-UFRPE. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica**, Recife, v. 5/6, p. 125-146, 2009.

SIMÕES NETO, D. E. et al. Lançamentos de novas variedades RB de cana-de-açúcar. **Boletim Técnico**, Recife: Imprensa Universitária UFRPE, 2005. 28 p.

SOUZA, A. E. R. et al. Seleção de famílias RB visando à alta produtividade e precocidade na maturação em cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v. 4, n. 70, p. 788-795, 2011.

SZMRECSÁNYI, T. Efeitos e desafios das novas tecnologias na agroindústria canavieira. In: MORAES, M. A. F. D.; SHIKIDA, P. F. A. (Orgs.). **Agroindústria canavieira no Brasil: evolução, desenvolvimento e desafios**. São Paulo: Atlas, 2002. 367 p.

TAHIR, M. et al. Assessment of genotype X environment Interaction and stability of promising sugarcane genotypes for different agronomic characters in peshawar valley. **American Journal of Experimental Agriculture**, New Castle Delaware, v. 3, n. 1, p. 142-151, 2013.

TEW, T. L.; COBILL, R. M. Genetic Improvement of sugarcane (*Saccharum* spp.) as an energy crop. In: VERMERRIS, W. **Genetic improvement of bioenergy crops**. New York: Ed. Springer, 2008. cap. 9, p. 273-29.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 1992, 496 p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. cap. 5, p. 122-201.

VERISSIMO, M. A. A. et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 4, n. 47, p. 561-568, 2012.

WACLAWOVSKY, A. J. et al. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnology Journal**, Malden, v. 8, n. 3, p. 263-276, 2010.

2 CAPÍTULO 2 - INTERAÇÃO GENÓTIPOS X CICLOS DE COLHEITA EM CANA-DE-AÇÚCAR NO LITORAL SUL DE PERNAMBUCO

GENOTYPES INTERACTION X CYCLES IN SUGARCANE IN CUTS ON THE SOUTH COAST OF PERNAMBUCO

RESUMO – Objetivou-se com este trabalho avaliar a interação genótipos x ciclos de colheitas através de sua decomposição em fração simples e complexa e o desempenho agroindustrial de genótipos RB de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) no Litoral Sul de Pernambuco. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, como tratamentos onze clones RB série 2004 e três variedades como testemunhas. Avaliou-se toneladas de colmos O experimento foi conduzido nas safras 2011/2012, 2012/2013 e 2013/2014, na Usina Cucaú, no município de Rio Formoso/PE. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e quatorze genótipos como tratamentos. Foi avaliado toneladas de colmo por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH) e açúcares totais recuperáveis (ATR). Verificou-se, diferenças significativas entre genótipos para TCH e TPH, para ciclos de colheita e interação GxC para todas as variáveis estudadas. Na decomposição da interação GxC predominou a fração simples (FS>60%) para TCH e TPH entre os pares de ciclos de colheita (cana-planta e cana-soca) e (cana-soca e ressoca), respondendo mais à melhoria ambiental. A porcentagem da interação complexa indica que além dos genótipos responderem em proporção diferente, eles mudam de desempenho conforme o ambiente.

Palavras-chave: *Saccharum spp.* Interação GxA. Ambientes de produção.

ABSTRACT - We evaluated the magnitude of genotype x environment interaction (GE) analysis in three cycles of harvest in sugarcane genotypes (*Saccharum* spp.) on the south coast of Pernambuco. We evaluated tons of stems The experiment was conducted in harvests 2011/2012, 2012/2013 and 2013/2014, the plant Cucaú in Rio Formoso/PE municipality. We used a randomized complete block design with four replications and fourteen genotypes as treatments. It was evaluated thatched tons per hectare (TCH), tons of pol per hectare (TPH) and total recoverable sugars (ATR). It was found significant differences among genotypes for TCH and TPH to harvest cycles and GXC interaction for all variables. On the decomposition of GXC interaction predominated simple fraction (FS> 60%) to TCH and TPH between pairs of harvest cycles (plant cane and first ratoon) and (first ratoon and second ratoon), responding more to environmental improvement. The percentage of the complex interaction indicates that in addition to genotypes respond in different proportion, they change performance as the environment.

Key words: *Saccharum* spp. GxE Interacion. Production environments.

INTRODUÇÃO

Para os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, a obtenção de cultivares superiores com alta produtividade de colmos e açúcar, é exigência para substituição das variedades em uso, que ao longo do tempo perdem sua produtividade devido ao processo de degenerescência varietal (SOUZA et al., 2011). O bom desempenho da cana-de-açúcar está relacionado aos programas de melhoramento genético, nos quais um dos principais objetivos é desenvolver variedades adaptadas às diversas regiões canavieiras do Brasil (ANDRADE et al.,

2011). As cultivares de cana-de-açúcar constituem a base de toda a cadeia produtiva que envolve o setor sucroenergético, (BARBOSA et al., 2012).

A cana-de-açúcar é cultivada em cinco microrregiões edafoclimáticas da Zona da Mata de Pernambuco (KOFFLER et al., 1986), numa extensa área de produção, que apresenta uma grande variabilidade, resultando em diversos tipos de ambientes com as quais ela interage, proporcionando o evento da interação de GxA, acarretando interferência no desempenho dos genótipos, obstando nas etapas de seleção e recomendação pela instabilidade das suas respostas com as variações ambientais (CANCELLIER et al., 2011; RIBEIRO e ALMEIDA, 2011; PELUZIO et al., 2012).

Mattos et al. (2013), afirmam que o desenvolvimento da cana-de-açúcar é afetado pelos efeitos do ambiente (A), do genótipo (G) e a sua interação (GxA), dos quais o último, causa significativas variações no desempenho das cultivares entre diferentes locais. A avaliação da interação GxA é importante para o melhoramento, pois no caso de sua existência, pode ser decomposta em fração simples e complexa onde a predominância do tipo simples manifesta que a disposição dos genótipos entre dois ambientes não foi afetada, de modo análogo, quando a maior parte corresponde ao tipo complexa, ocorrem mudanças na posição dos genótipos (PACHECO et al., 2008). Nesse contexto, o manejo varietal em cana-de-açúcar é uma estratégia que explora os ganhos gerados na interação GxA, objetivando alocar diferentes cultivares nos ambientes que proporcionem a melhor expressão produtiva.

Silva et al. (2011) trabalhando com genótipos de cana-de-açúcar na Mata Sul de Pernambuco, constataram que houve diferença significativa ($P < 0,05$; $P < 0,01$) entre as médias dos genótipos estudados para a maioria dos caracteres avaliados, o que indica boas condições para a seleção.

Este trabalho objetivou avaliar a magnitude da interação genótipos x ciclos de colheita (GxC) através de sua decomposição em fração simples e complexa e, o desempenho agroindustrial de genótipos RB de cana-de-açúcar no Litoral Sul de Pernambuco.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido durante os anos agrícolas 2011/2012, 2012/2013 e 2013/2014, na área agrícola da Usina Cucaú, localizada no Litoral Sul da Zona da Mata de Pernambuco, no Município de Rio Formoso (8°39'49" S e 35°09'31" W, altitude de 5 m). O plantio foi realizado no dia 16 de julho de 2010, em área de renovação da cultura, em Latossolo Vermelho Amarelo distrófico. Os tratamentos culturais e as técnicas de manejo foram realizados de acordo com as recomendações de análise de solo, obedecendo ao manejo usual da unidade produtora.

O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com quatro repetições (Tabela 1), utilizando-se como tratamentos quatorze genótipos, sendo onze clones RB da série 2004 e três variedades comerciais, como testemunhas por estarem entre as mais produtivas da região e indicadas para manejo de colheita no início (RB863129), meio (RB92579) e final de safra (RB867515).

Tabela 1. Esquema da análise de variância e estatística F para as fontes de variação da análise conjunta de um modelo em blocos casualizados com interações de primeira ordem.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos/Ambientes	J(K-1)	SQB	QMB	
Genótipos (G)	I-1	SQG	QMG	QMG/QMGA
Ambiente (A)	J-1	SQA	QMA	QMA/QMB
G x A	(J-1)(I-1)	SQGA	QMGA	QMGA/QMR
Resíduo	J(K-1)(I-1)	SQR	QMR	
Total	JIK-1	SQT		

A unidade experimental foi representada por 5 sulcos de 8,0 m de comprimento, espaçados de 1,0 m, totalizando uma área de 40 m². Registrou-se durante a condução da pesquisa precipitações pluviais de 1.943,10 mm, 2.663,20 mm e 1.105,30 mm nos anos agrícolas 2011/2012, 2012/2013 e 2013/2014, respectivamente.

A colheita foi realizada aos 15 meses de idade para cana-planta (1º ciclo de colheita) e aos 12 meses nos dois ciclos sucessivos, cana-soca (2º ciclo de colheita) e ressoça (3º ciclo de colheita). A produtividade foi obtida por meio da transformação da massa da parcela em toneladas de colmos por hectare (TCH), e os dados de toneladas de açúcar provável por hectare (TPH), multiplicando-se o TCH pelo percentual de sacarose aparente (PC) de cada amostra obtida a partir da análise tecnológica de dez colmos, retirados aleatoriamente dentro de cada parcela e, o açúcar total recuperável (ATR), calculado de acordo com a metodologia apresentada por Fernandes (2011).

Os dados fenotípicos foram submetidos a uma análise de variância por experimento (ciclo de colheita), obedecendo ao modelo em blocos ao acaso, e uma análise de variância conjunta, obedecendo ao critério de homogeneidade dos quadrados médios residuais, utilizando o modelo estatístico

$$Y_{ijk} = m + G_i + \frac{B}{A_{jk}} + A_j + GA_{ij} + E_{ijk}$$
 onde, Y_{ijk} é o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco dentro do k-ésimo ciclo de colheita; m é a média geral do ensaio; G_i é o efeito do i-

ésimo genótipo; A_j é o efeito do j-ésimo bloco dentro de ciclos de colheita; $\frac{B}{A_{jk}}$ é o

efeito do j-ésimo bloco dentro do k-ésimo ciclo de colheita; GA_{ij} é o efeito da

interação do *i*-ésimo genótipo com *k*-ésimo ciclo de colheita; E_{ijk} é o efeito do erro experimental. Foram determinados como fixos, os efeitos do genótipo (G), e aleatórios os efeitos de ciclo de colheita (C). Os genótipos foram agrupados de acordo com o teste de Scott e Knott (1974), a 5% de probabilidade de erro ($P \leq 0,05$).

Para o estudo da interação genótipos (G) x ciclos de colheita (C), além da análise de variância conjunta, procedeu-se o desdobramento do componente de variância da interação GxC em parte simples e complexa, pelo método de Cruz e Castoldi (1991), e por fim, a correlação de Pearson entre os pares de ciclos de colheitas avaliados. As análises genético-estatísticas foram processadas no programa Genes (CRUZ, 2009).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise conjunta da variância mostrou efeitos altamente significativos ($P \leq 0,01$) entre os genótipos, para TCH e TPH resultados corroborados por Verissimo et al., (2012) em estudo da interação de genótipos de cana-de-açúcar por ambientes para as características TCH e do Brix%, os autores encontraram para todos os efeitos avaliados (genótipo, ambiente e interação GxA) foram significativos para as variáveis analisadas (produtividade de colmos e brix), para os genótipos estudados. Esses resultados indicam que os genótipos apresentam comportamento diferenciado conforme as mudanças proporcionadas pelos ambientes e evidenciaram a alteração de posição na classificação dos genótipos de um ambiente para outro, mostrando que o melhoramento varietal, com ênfase na interação de genótipos por ambientes, é essencial para a eficiência e sustentabilidade do processo produtivo da cultura, inferindo que os efeitos de ambiente são responsáveis pela maior parte da variação observada, seguido dos efeitos de genótipos e, por último, da interação GxC.

Também foi possível inferir que no melhoramento de plantas, considerações a respeito da interação GxA são essenciais para a eficiência do processo.

Constatou-se diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para todos os caracteres avaliados, evidenciando a existência de alto grau de variabilidade genética entre os genótipos de cana-de-açúcar, abordando a mesma linha de pesquisa, Fernandes Junior et al. (2013), avaliando doze genótipos de cana-de-açúcar de maturação médio-tardia (dez clones e duas testemunhas comerciais) encontraram um ambiente que apresentou maior capacidade de discriminação entre os genótipos, o que permite um ordenamento mais confiável em relação à média geral dos ambientes.

Enquanto Souza et al. (2012) avaliando dados de TCH, em genótipos de cana-de-açúcar na Mata Norte de Pernambuco também encontrou significância a 1% de probabilidade para as variáveis TCH, TPH, e ATR. Os ciclos de cortes (C) e interação (G) x (C) foram altamente significativas ($P < 0,01$), para as três variáveis analisadas, resultados corroborados por Melo et al. (2009), avaliando 16 cultivares de cana-de-açúcar na Zona da Mata Litoral Sul de Pernambuco.

Com relação à interação significativa com o ciclo de colheita, os resultados indicaram que a maioria dos caracteres avaliados foram altamente influenciados pelos cortes da cana (ciclo de colheita), tendo a variável TCH exibido valor em magnitude superior aos demais caracteres, mostrando assim ser uma variável mais influenciada pelos ciclos de colheita da cana. Landell et al. (1999), Melo et al. (2006) e Santos (2004) encontram resultados semelhantes. Os estudos de Silva (2008), em cana-de-açúcar, mostraram interação GxA para TCH e TPH.

Os valores apresentados pelo coeficiente de variação (CV_e) variaram de 12,35%, 13,35%, e 4,21%, respectivamente para TCH, TPH e ATR, o que sugere uma precisão experimental adequada. A relação entre o maior e o menor valor do

QMR variou de 1,56 a 2,32, conforme Pimentel-Gomes, (2009) podendo-se afirmar que há homogeneidade da variância residual e que a realização da análise de variância conjunta é permitida (Tabela 2).

Tabela 2. Resumo da análise de variância para toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH) e açúcar total recuperável (ATR), avaliado em análise de grupo de experimento na região do Litoral Sul de Pernambuco

FV	GL	QM		
		TCH	TPH	ATR
Genótipo (G)	13	1602,94**	36,40**	226,30 ^{ns}
Ciclos de colheitas (C)	2	20646,29**	329,09**	1364,51**
G X C	26	172,01**	5,29**	115,59**
Média		68,37	9,84	140,69
CV _e (%)		12,35	13,35	4,21
>(QMR)/<(QMR)		1,93	1,56	2,32

(**) significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; (ns) não significativo.

Os genótipos de cana-de-açúcar foram agrupados em quatro grupos distintos para toneladas de cana-de-açúcar por hectare (TCH), no ciclo de colheita de cana planta e três grupos para os ciclos de cana soca e ressoça, indicando alta dependência dos ciclos de colheita da cana e resposta diferenciada dos genótipos em pelo menos um dos ciclos de colheita, provavelmente devido aos fatores não controláveis, como por exemplo, disponibilidade e distribuição de chuvas diferenciadas nos ciclos considerados (LIMA et al., 2008; MENDONÇA et al., 2007), confirmando existência de diversidade entre os ciclos de colheita. O clone UFRPE10 apresentou 116,50; 78,13 e 69,06 toneladas de cana por hectare, respectivamente para os ciclos de cana-planta, soca e ressoça, exibindo a melhor média dos três ciclos de colheita com 87,90 toneladas de cana por hectare, seguido dos genótipos UFRPE8 e UFRPE6 (Tabela 3), dados corroborados por Samamad (2011),

estudando teores de lignina em genótipos de cana-de-açúcar Minas Gerais, encontrando valores significativos para genótipos e ciclos de colheita bem como suas interações, para o referido atributo.

Tabela 3. Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH), obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013

Genótipos	TCH			
	Planta	Soca	Ressoca	Média
UFRPE1	84,75cA	60,00aB	61,25aB	68,67
UFRPE2	93,25bA	61,25aB	61,25aB	71,92
UFRPE3	59,00dA	39,06cB	49,06bA	49,04
UFRPE4	64,00dA	35,00cB	31,56cB	43,52
UFRPE5	80,75cA	50,31bB	51,88bB	60,98
UFRPE6	97,25bA	66,88aB	71,88aB	78,67
UFRPE7	84,50cA	66,25aB	61,88aB	70,88
UFRPE8	106,31aA	67,50aB	62,81aB	78,88
UFRPE9	95,75bA	57,81aB	56,25aB	69,94
UFRPE10	116,50aA	78,13aB	69,06aB	87,90
UFRPE11	92,75bA	72,19aB	58,13aC	74,35
RB863129*	104,75aA	61,25aB	50,63bB	72,21
RB867515*	93,25bA	52,81bB	51,25bB	65,77
RB92579*	94,00bA	54,06bB	45,63bB	64,56

(*) Variedades comerciais (padrões).

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal e minúscula na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de agrupamento Scott e Knott (1974).

Para toneladas de açúcar por hectare (TPH), pode-se constatar a formação de cinco grupos significativamente homogêneos para o ciclo de cana-planta e três grupos para cana-soca e ressoca, estes resultados confirmam ser este caráter influenciado pelos ciclos de colheita, e que as variações apresentadas se devem as diferentes características genotípicas dos clones em estudo, dados semelhantes foram encontrados por Arantes (2013) no Estado de São Paulo e por Khan et al. (2013) no Paquistão, que afirmam que a seleção de genótipos de cana pode ser

ênfatisada com base nos fatores de produção. O clone UFRPE10 obteve a média de 13,02 TPH nos três ciclos.

O genótipo UFRPE1 não apresentou diferença entre os ciclos de colheita demonstrando comportamento uniforme para esta variável (Tabela 4), resultados semelhantes foram encontrados por Kimbeng et al. (2009) no Texas, USA, pela determinação da presença de interações GxA para a produção de açúcar, através da variável TPH por meio de suas duas características principais TCH e Pol%. Os autores concluíram que quantidades apreciáveis de interações GxA foram reveladas neste estudo e que a interação GxA foi associada com mudanças consideráveis no ranking relativo dos genótipos, mesmo entre os de alto desempenho.

Tabela 4. Valores médios de toneladas de pol por hectare (TPH) obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013

Genótipos	TPH			
	Planta	Soca	Ressoca	Média
UFRPE1	10,15dA	8,72aA	8,95aA	9,27
UFRPE2	13,37cA	8,95aB	8,58aB	10,30
UFRPE3	7,73eA	5,57cB	7,36bA	6,89
UFRPE4	8,89eA	5,54bB	4,71cB	6,38
UFRPE5	11,31dA	7,81aB	7,47bB	8,86
UFRPE6	14,95bA	10,48aB	10,86aB	12,10
UFRPE7	11,80dA	9,74aB	9,64aB	10,39
UFRPE8	13,10cA	9,56bB	8,88aB	10,51
UFRPE9	13,18cA	8,07aB	8,74aB	9,99
UFRPE10	17,50aA	11,26aB	10,30aB	13,02
UFRPE11	13,16cA	10,01aB	8,93aB	10,70
RB863129*	14,71bA	8,83aB	7,33bB	10,29
RB867515*	12,53cA	7,58bB	7,77bB	9,29
RB92579*	14,68bA	8,07bB	6,96bB	9,90

(*) Variedades comerciais (padrões)

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na HORIZONTAL e minúscula na VERTICAL constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de agrupamento Scott and Knott (1974).

Quanto ao açúcar total recuperável (ATR), em cana-planta, verificou-se a formação de quatro grupos estatisticamente distintos e o genótipo RB92579 obteve o maior resultado com 149,06 toneladas de ATR.ha⁻¹, possivelmente em função desta variedade ser recomendada para ser colhida no período de meio de safra, época em que foi efetuada a avaliação, podendo em função disto ter influenciado o resultado uma vez que nos genótipos não foram efetuados os testes indicativos para recomendação da época de corte mais adequada ao mesmos. Silva et al. (2014), encontraram também valores distintos de ATR, no primeiro ciclo de avaliação de diferentes genótipos de cana-de-açúcar, estudando o potencial produtivo da cana-de-açúcar sob irrigação, no Estado de São Paulo, resultados corroborados em trabalho de avaliação de genótipos de cana-de-açúcar para início de safra, conduzido na Mata Norte de Pernambuco por Souza et al. (2012).

No ciclo de colheita de cana soca verificou-se a formação de dois grupos distintos, com os clones UFRPE6 e UFRPE4 obtendo os maiores resultados com as médias de 151,51 e 151,38 toneladas de ATR/ha⁻¹, respectivamente.

Para o ciclo de ressoca não houve formação de grupos distintos e o clone UFRPE7 obteve a maior média com 151,66 toneladas de ATR por hectare. Na média geral dos três ciclos de colheita os melhores resultados foram obtidos pelos genótipos UFRPE6 e RB92579 respectivamente com 148,04 e 147,12 toneladas de ATR.ha⁻¹. Para esta variável, o comportamento dos genótipos UFRPE2 UFRPE6, RB863129 e RB92579 foi estatisticamente igual entre os ciclos confirmando para este caráter uma boa estabilidade dos mesmos, sendo que os demais clones apresentaram comportamento diverso em pelo menos um dos ciclos estudados (Tabela 5).

Tabela 5. Valores médios de toneladas de açúcar recuperável (ATR) obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013

Genótipos	ATR			
	Planta	Soca	Ressoca	Média
UFRPE1	119,99dB	140,70bA	142,93aA	134,54
UFRPE2	138,63bA	140,43bA	138,56aA	139,20
UFRPE3	127,26cB	139,04bA	145,20aA	137,17
UFRPE4	137,43bB	151,38aA	143,02aB	143,94
UFRPE5	136,26bB	148,46aA	140,18aB	141,63
UFRPE6	146,67aA	151,51aA	145,94aA	148,04
UFRPE7	134,54bB	142,56bB	151,66aA	142,92
UFRPE8	120,58dB	137,20bA	138,95aA	132,24
UFRPE9	134,86bB	135,93bB	149,68aA	140,16
UFRPE10	143,22aA	141,15bA	144,37aA	142,91
UFRPE11	137,94bB	136,45bB	149,02aA	141,13
RB863129*	135,49bA	140,50bA	142,84aA	139,61
RB867515*	130,26cB	140,80bA	145,91aA	138,99
RB92579*	149,06aA	145,52aA	146,80aA	147,12

(*) Variedades comerciais (padrões)

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na HORIZONTAL e minúscula na VERTICAL constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de agrupamento Scott and Knott (1974).

Os pares de ciclos de colheita cana-planta e cana-soca (C1 e C2) e cana-soca e ressoca (C2 e C3) apresentaram o maior percentual da interação atribuído à fração simples, 67,91% e 62,85% para TCH e 69,35% e 62,41% para TPH.

O coeficiente de correlação de Pearson foi significativo a 1% e 5% de probabilidade, para todos os pares de ciclos de colheita, para as variáveis TCH ($r = 0,49^{**}$, $0,98^*$ e $0,59^*$, respectivamente) e para o TPH ($r = 0,44^*$, $0,91^*$ e $0,60^*$ respectivamente), confirmando a maior percentagem da fração simples, ratificando a associação entre os ciclos de colheita. A variável ATR apresentou significância de 1% de probabilidade para os pares de ciclos de colheitas cana-planta e cana-soca (C1 e C2) e cana-planta e ressoca (C1 e C3) $r = 0,79^*$ e $0,67^*$ respectivamente, não

ocorrendo significância para os pares de ciclos de colheita cana-soca e rressoca (C2 e C3). Esta variável, para todos os pares de ciclos de colheita apresentou alta percentagem da interação GxC atribuída à fração complexa, segundo Pereira et al. (2010), isto indica grandes diferenças entre ambientes, neste caso, ocorrendo em maior percentual entre os ambientes cana-soca e rressoca (C2 e C3), podendo-se inferir que essas diferenças ocorrem pela influencia dos diferentes ciclos de colheita. As variáveis TCH e TPH para os pares de ciclos de colheita cana-planta e cana-soca (C1 e C2) e cana-soca e rressoca (C2 e C3), apresentaram valores acima de 60% para a fração simples e fator de correlação de Pearson, significativos pelo teste F, resultados corroborados pelo trabalho de Silva et al. (2015), estudando a interação x ciclos de colheitas e sua decomposição em fração simples e complexa, na avaliação de 18 genótipos de cana-de-açúcar, em três safras agrícolas, na Zona Canavieira do Litoral Sul de Pernambuco, encontraram para a produtividade de cana por hectare, o par de ciclos de colheitas soca e rressoca (C2 x C3) apresentou alta porcentagem da interação GxC atribuída à fração simples (FS = 64,42%), demonstrando que a variação apresentada pelos genótipos para estas variáveis é proporcionada pelos diferenciados ciclos de colheita. Para o par de ciclos de colheita cana-planta e rressoca (C1 e C3), todas as variáveis estudadas, apresentaram valores superiores a 50% da fração complexa, traduzindo-se em dificuldade para recomendação ou seleção de genótipos. A fração complexa para ATR, em todos os pares de ciclos de colheita, representou a maior parte da interação GxC (%FC > 55), o que segundo Pereira et al. (2010) revela grandes diferenças entre ambientes (ciclos) e a necessidade de avaliação dos genótipos em diversas condições. Conforme Cruz et al., 2004 a fração complexa da interação é proveniente da baixa correlação entre os

ambientes (ciclos de colheita) em razão do desempenho irregular dos genótipos (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativas da fração simples e complexa da interação genótipos x ciclos de colheita (%FS e %FC, respectivamente) e da correlação entre os pares de ciclos de colheita (r) de 14 genótipos de cana-de-açúcar, para toneladas de colmos por hectare (TCH), toneladas de açúcar por hectare (TPH) e açúcar total recuperável (ATR) nos ciclos de colheita de cana-planta, soca e ressoca no Litoral Sul de Pernambuco

Ciclos de colheita	Pares de ciclos de colheita	TCH			TPH			ATR		
		%FS	%FC	r	%FS	%FC	r	%FS	%FC	r
Planta (C1)	C1 x C2	67,91	32,99	0,49**	69,35	30,65	0,44*	43,58	56,42	0,79*
Soca (C2)	C1 x C3	49,58	50,42	0,98*	47,79	52,20	0,91*	40,33	59,66	0,67*
Ressoca (C3)	C2 x C3	62,85	37,15	0,59*	62,41	37,59	0,60*	3,52	103,52	0,03 ^{ns}

(** e *) significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; (^{ns}) não significativo.

CONCLUSÕES

Existe interação genótipos x ciclos de colheitas para produtividade de colmos, açúcar e açúcar total recuperável na população de genótipos de cana-de-açúcar avaliada nas condições edafoclimáticas do Litoral Sul da Mata de Pernambuco.

Na decomposição da interação GxC predominou a fração simples (FS>60%) para TCH e TPH entre os pares de ciclos de colheita (cana-planta e cana-soca) e (cana-soca e ressoca), respondendo mais à melhoria ambiental. A porcentagem menor da interação complexa indica que além dos genótipos responderem em proporção diferente, eles mudam de desempenho conforme o ambiente.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, J. S. C. O.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; MELO, L. J. O. T. e REIS, O. V. Avaliação de progênies em famílias RB na fase inicial do melhoramento genético em cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 4, p. 609- 616, 2011.
- ARANTES, F. C. **Interação Genótipo X Ambiente, Adaptabilidade e Estabilidade em Genótipos de Cana-de-Açúcar**, 2013, 94 f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Unesp, Jaboticabal, 2013.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D.V.; DIAS, L. A. S.; BARBOSA, G. V. S.; OLIVEIRA, R. A.; PETERNELLI, L. A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 87-98, 2012.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 2001,104 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.
- CANCELLIER, L. L.; AFFÉRI, F. S.; CARVALHO, E. V.; DOTTO, M. A.; LEÃO, F. F. Eficiência no uso do nitrogênio e correlação fenotípica em populações tropicais de milho no Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, v.42, p. 139-148, 2011.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: Aplicativo computacional em genética e estatística versão 7.0. Viçosa, MG: UFV, 2009.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ª ed. UFV, Viçosa, 480p. 2004.

CRUZ, C. D. e CASTOLDI, F. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexas. **Revista Ceres**, v. 38, p. 422-430, 1991.

FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria de cana-de-açúcar**. 3 ed. Piracicaba: STAB, 2011. 416 p.

FERNANDES JÚNIOR, A. R.; ANDRADE, J. A. C.; SANTOS, P. C.; HOFFMANN, H. P.; CHAPOLA, R. G.; CARNEIRO, M. S.; CURSI, D. E. Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 72, n. 3, p.208- 216, 2013.

KHAN, I. A.; RAZA, N. S., S.; YASMINE, S.; BIBI, S. Environmental Interactions of Sugarcane Genotypes and Yield Stability Analysis of Sugarcane. **Pakistan Journal of Botany**, v. 45, n. 5, p. 1617- 1622, 2013.

KIMBENG, C. A.; ZHOU, M. M.; SILVA, J. A. Genotype x Environment Interactions and Resource Allocation in Sugarcane Yield Trials in the Rio Grande Valley Region of Texas, **Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists**. n. 29, p. 11-24, 2009.

KOFFLER, N. F.; LIMA, J. F. W. F.; DE LACERDA, M. F.; SANTANA, J. F.; SILVA, M. A. **Caracterização Edafo-climática das Regiões Canavieiras do Brasil: Pernambuco**. 1. ed. Piracicaba: IAA/Planalsucar, 1986. 78p.

LANDELL, M. G. A.; ALVAREZ, R.; ZIMBACK, L.; CAMPANA, M. P.; SILVA, M. A.; PEREIRA, J. C. V. N. A.; PERECIN, D.; GALLO, P. B.; MARTINS, A. L. M.; KANTHACK, R. A. D.; FIGUEIREDO, P. e VASCONCELOS, A. C. M. Avaliação final de clones IAC de cana-de-açúcar da série 1982, em Latossolo Roxo da Região de Ribeirão Preto. **Bragantia**, v. 58, n. 2, p. 269-280. 1999.

LIMA, W. F.; PÍPOLO, A. E.; MOREIRA, J. U. V.; CARVALHO, C. G. P.; PRETE, C. E. C.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; SOUZA, G. E.; TOLEDO, J. F. F. Interação

genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 729- 736, 2008.

MATTOS, P. H. C.; OLIVEIRA, R. A.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; VERÍSSIMO, M. A. A. Evaluation of sugarcane genotypes and production environments in Paraná by GGE biplot and AMMI analysis, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 13, p. 83- 90, 2013.

MELO, L. J. O. T.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. e REIS, O. V. Desempenho agroindustrial de cultivares de cana-de-açúcar na zona da mata litoral sul de Pernambuco, **Ciência Agrotécnica**, v. 33, p. 684-691, 2009.

MELO, L. J. O. T.; OLIVEIRA, F. J.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da; REIS, O.V. Interação Genótipo x Ciclos de Colheita de Cana-de-açúcar da Zona da Mata Norte de Pernambuco. **Bragantia**, v. 65, n. 2, p.197- 205, 2006.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GARBUGLIO, D. D.; FONSECA JÚNIOR, N. S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 11,n.42, p. 1567- 1575, 2007.

PACHECO, C. A. P.; SILVA, H. D.; SANTOS, M. X.; GUIMARÃES, P. E. O.; PARENTO,N. I. S. N.; GAMA, E. E.; SCAPIM, C. A.; MEIRELLES, W. F.; CARVALHO, H. W. L.; VIEIRA JUNIOR, P. A. V.; Environmental stratification based on a 28 x 28 diallel of open-pollinated maize varieties. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 8, p. 259- 264, 2008.

PELUZIO, J. M.; GEROMINNI, G.; SILVA, J. P. A.; AFFÉRI, F. S.; VENDRUSCOLO, J. B. G., **Bioscience**, v. 28, n. 3, p. 332- 337, 2012.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. 15. ed Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; WENDLAND A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.6, p.554-562, 2010.

RIBEIRO, J. Z. e ALMEIDA, M. I. M. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 875-883, 2011.

SAMAMAD, N. T. I. Interação genótipos X ambientes dos teores de fibra e lignina em cana-de-açúcar. 2011. 34 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

SANTOS, M. S. M.; MADALENA, J. A.; SOARES, L.; FERREIRA, P. V. e BARBOSA, G. V. S. Repetibilidade de características agroindustriais em cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, p. 301-306, 2004.

SCOTT, A. J. e KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 3, n. 30, p. 507- 512, 1974.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; MELO, L. J. O. T., Seleção de genótipos de cana-de-açúcar via interação x ciclos de colheitas na Zona da Mata de Pernambuco **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 10, n. 2, p. 184- 188, 2015.

SILVA, M. A.; ARANTES, M. T.; RHEIN, A. F. L; GAVA, G. J. C.; KOLLN, O. T., Potencial produtivo da cana-de-açúcar sob irrigação por gotejamento em função de variedades e ciclos, **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.18, n.3, p.241–249, 2014.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 1, n. 6, p. 52- 58, 2011.

SILVA, M. A. Interação genótipo x ambiente e estabilidade fenotípica de cana-de-açúcar em ciclo de cana de ano. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.1 p. 107-117, 2008.

SILVA, M. A.; LANDELL, M. G. A. de; GONÇALVES, P.S. e MARTINS, A. L. M. (2002a) Yield components in sugarcane families at four locations in the state of São Paulo, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 2: 97-106.

SOUZA, P. H. N. de; BASTOS, G. Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da; DUTRA FILHO, J. A., MACHADO, P. R. Avaliação de genótipos de cana-de-açúcar para início de safra na Microrregião Centro de Pernambuco, **Revista Ceres**, v. 59, n.5, p. 677- 683, 2012.

SOUZA, A. E. R.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da; MELO FILHO, P. A.; MELO, L. J. O. T.; TABOSA, J. N. Seleção de famílias RB visando à alta produtividade e precocidade na maturação em cana-de-açúcar, **Bragantia**, v. 4, n. 70, p. 788- 795, 2011.

VERISSIMO, M. A. A.; ANJOS E SILVA, S. D.; AIRES, R. F.; DAROS, E.; PANZIERA, W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.4, p.561-568, 2012.

ANEXOS

Tabela 1. Esquema da análise de variância e estatística F para as fontes de variação da análise conjunta de um modelo em blocos casualizados com interações de primeira ordem.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos/Ambientes	J(K-1)	SQB	QMB	
Genótipos (G)	I-1	SQG	QMG	QMG/QMGA
Ambiente (A)	J-1	SQA	QMA	QMA/QMB
G x A	(J-1)(I-1)	SQGA	QMGA	QMGA/QMR
Resíduo	J(K-1)(I-1)	SQR	QMR	
Total	JIK-1	SQT		

Tabela 2 – Resumo da análise de variância para tonelada de cana por hectare (TCH), tonelada de pol por hectare (TPH) e açúcar total recuperável (ATR) avaliado em análise de grupo de experimento na região do Litoral Sul de Pernambuco

FV	GL	QM		
		TCH	TPH	ATR
Genótipo (G)	13	1602,94**	36,40**	226,30 ^{ns}
Ciclos de colheitas (C)	2	20646,29**	329,09**	1364,51**
G X C	26	172,01**	5,29**	115,59**
Média		68,37	9,84	140,69
CV _e (%)		12,35	13,35	4,21
>(QMR)/<(QMR)		1,93	1,56	2,32

(**) significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; (ns) não significativo.

Tabela 3. Valores médios de toneladas de cana por hectare (TCH), obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013

Genótipos	TCH			
	Planta	Soca	Ressoca	Média
UFRPE1	84,75cA	60,00aB	61,25aB	68,67
UFRPE2	93,25bA	61,25aB	61,25aB	71,92
UFRPE3	59,00dA	39,06cB	49,06bA	49,04
UFRPE4	64,00dA	35,00cB	31,56cB	43,52
UFRPE5	80,75cA	50,31bB	51,88bB	60,98
UFRPE6	97,25bA	66,88aB	71,88aB	78,67
UFRPE7	84,50cA	66,25aB	61,88aB	70,88
UFRPE8	106,31aA	67,50aB	62,81aB	78,88
UFRPE9	95,75bA	57,81aB	56,25aB	69,94
UFRPE10	116,50aA	78,13aB	69,06aB	87,9
UFRPE11	92,75bA	72,19aB	58,13aC	74,35
RB863129*	104,75aA	61,25aB	50,63bB	72,21
RB867515*	93,25bA	52,81bB	51,25bB	65,77
RB92579*	94,00bA	54,06bB	45,63bB	64,56

(*) Variedades comerciais (padrões).

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal e minúscula na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de agrupamento Scott e Knott (1974).

Tabela 4. Valores médios de toneladas de pol por hectare (TPH) obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013

Genótipos	TPH			
	Planta	Soca	Ressoca	Média
UFRPE1	10,15dA	8,72aA	8,95aA	9,27
UFRPE2	13,37cA	8,95aB	8,58aB	10,30
UFRPE3	7,73eA	5,57cB	7,36bA	6,89
UFRPE4	8,89eA	5,54bB	4,71cB	6,38
UFRPE5	11,31dA	7,81aB	7,47bB	8,86
UFRPE6	14,95bA	10,48aB	10,86aB	12,10
UFRPE7	11,80dA	9,74aB	9,64aB	10,39
UFRPE8	13,10cA	9,56bB	8,88aB	10,51
UFRPE9	13,18cA	8,07aB	8,74aB	9,99
UFRPE10	17,50aA	11,26aB	10,30aB	13,02
UFRPE11	13,16cA	10,01aB	8,93aB	10,70
RB863129*	14,71bA	8,83aB	7,33bB	10,29
RB867515*	12,53cA	7,58bB	7,77bB	9,29
RB92579*	14,68bA	8,07bB	6,96bB	9,90

(*) Variedades comerciais (padrões)

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na HORIZONTAL e minúscula na VERTICAL constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de agrupamento Scott and Knott (1974).

Tabela 5. Valores médios de toneladas de açúcar recuperável (ATR) obtidos em genótipos de cana-de-açúcar nos ciclos de cana planta, soca e ressoca, no Litoral Sul de Pernambuco, Usina Cucaú, nos anos agrícolas 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013

Genótipos	ATR			
	Planta	Soca	Ressoca	Média
UFRPE1	119,99dB	140,70bA	142,93aA	134,54
UFRPE2	138,63bA	140,43bA	138,56aA	139,20
UFRPE3	127,26cB	139,04bA	145,20aA	137,17
UFRPE4	137,43bB	151,38aA	143,02aB	143,94
UFRPE5	136,26bB	148,46aA	140,18aB	141,63
UFRPE6	146,67aA	151,51aA	145,94aA	148,04
UFRPE7	134,54bB	142,56bB	151,66aA	142,92
UFRPE8	120,58dB	137,20bA	138,95aA	132,24
UFRPE9	134,86bB	135,93bB	149,68aA	140,16
UFRPE10	143,22aA	141,15bA	144,37aA	142,91
UFRPE11	137,94bB	136,45bB	149,02aA	141,13
RB863129*	135,49bA	140,50bA	142,84aA	139,61
RB867515*	130,26cB	140,80bA	145,91aA	138,99
RB92579*	149,06aA	145,52aA	146,80aA	147,12

(*) Variedades comerciais (padrões)

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na HORIZONTAL e minúscula na VERTICAL constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste de agrupamento Scott and Knott (1974).

Tabela 6. Estimativas da fração simples e complexa da interação genótipos x ciclos de colheita (% FS e % FC, respectivamente) e da correlação entre os pares de ciclos de colheita (r) de 14 genótipos de cana-de-açúcar, baseado em toneladas de açúcar por hectare (TPH), toneladas de colmos por hectare (TCH) e açúcar total recuperável (ATR) nos ciclos de cana planta, soca e ressoca no Litoral Sul de Pernambuco.

Ciclos de colheita	Pares de ciclos de colheita	TCH			TPH			ATR		
		%FS	%FC	r	%FS	%FC	r	%FS	%FC	r
Planta (C1)	C1 x C2	67,91	32,99	0,49**	69,35	30,65	0,44*	43,58	56,42	0,79*
Soca (C2)	C1 x C3	49,58	50,42	0,98*	47,79	52,20	0,91*	40,33	59,66	0,67*
Ressoca (C3)	C2 x C3	62,85	37,15	0,59*	62,41	37,59	0,60*	-3,52	103,52	0,03 ^{ns}

(** e *) significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; (ns) não significativo.