

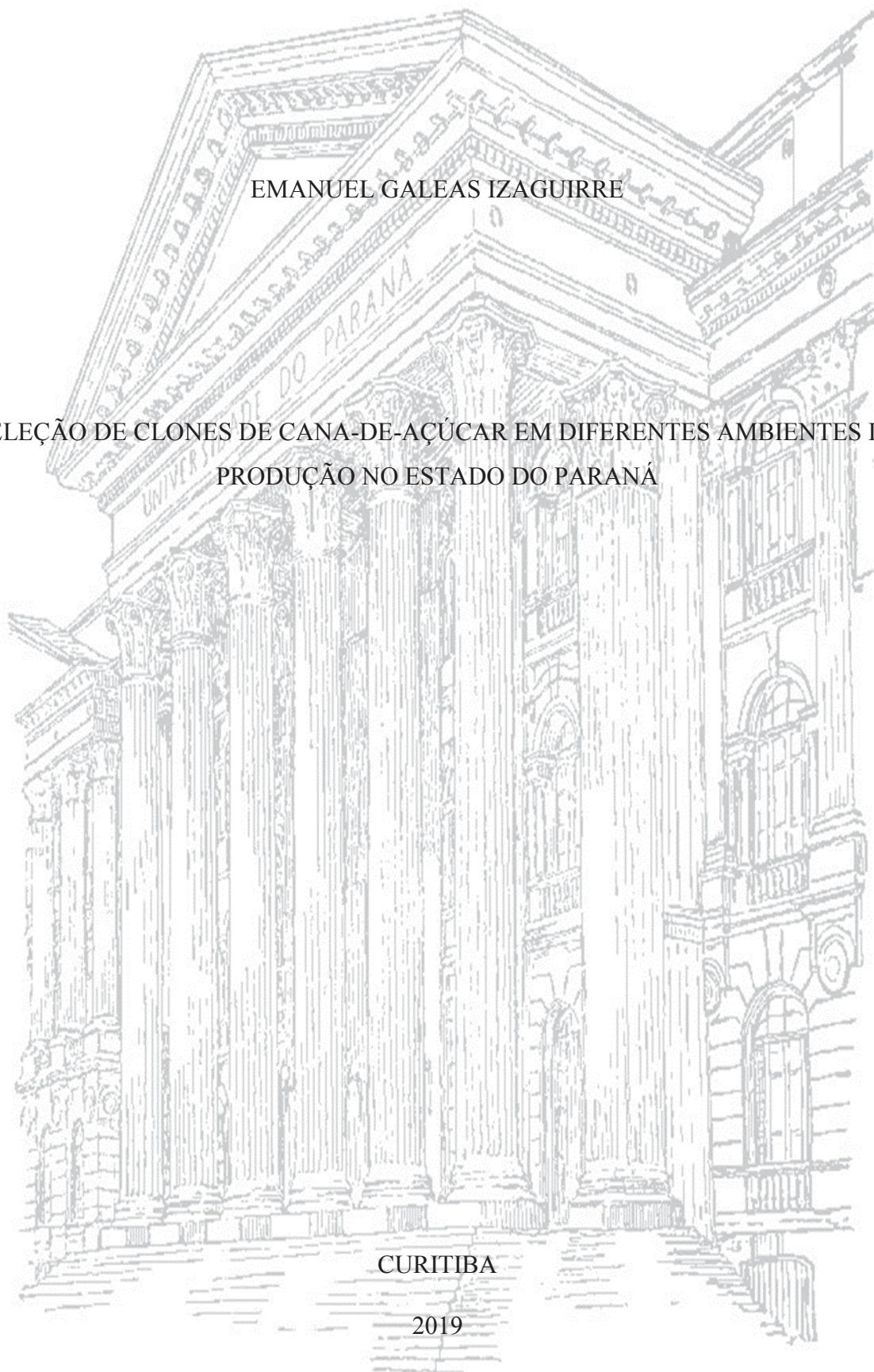
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

EMANUEL GALEAS IZAGUIRRE

SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DIFERENTES AMBIENTES DE
PRODUÇÃO NO ESTADO DO PARANÁ

CURITIBA

2019



EMANUEL GALEAS IZAGUIRRE

SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DIFERENTES AMBIENTES DE
PRODUÇÃO NO ESTADO DO PARANÁ

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Bruno Portela Brasileiro

Co-orientador: Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira

Co-orientador: Prof. Dr. João Carlos Bespalhok Filho

CURITIBA

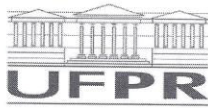
2019

Izaguirre, Emanuel Galeas
198s Seleção de clones de cana-de-açúcar em diferentes ambientes de produção no estado do Paraná / Emanuel Galeas Izaguirre. - Curitiba, 2019.
60 p.: il.,

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia - (Produção Vegetal).
Orientador: Bruno Portela Brasileiro
Coorientador: Ricardo Augusto De Oliveira
Coorientador: João Carlos Belpalhok Filho

1. Cana-de-açúcar. 2. Cana-de-açúcar - Cultivo. 3. Melhoramento genético. 4. Mudanças climáticas - Paraná. 5. Genótipos. I. Brasileiro, Bruno Portela (Orientador). II. Oliveira, Ricardo Augusto De (Coorientador). III. Belpalhok Filho, João Carlos (Coorientador). IV. Título. V. Universidade Federal do Paraná.

CDU 633.61(816.2)



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
SETOR SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO AGRONOMIA
(PRODUÇÃO VEGETAL) - 40001016031P6

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL) da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da Dissertação de Mestrado de **EMANUEL GALEAS IZAGUIRRE** intitulada: **SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM DIFERENTES AMBIENTES DE PRODUÇÃO NO ESTADO DO PARANÁ**, após terem inquirido o aluno e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

CURITIBA, 26 de Março de 2019.

BRUNO PORTELA BRASILEIRO
Presidente da Banca Examinadora (UFPR)

LUIS CLAUDIO NACIO DA SILVEIRA
Avaliador Externo (UFV)

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO
Avaliador Externo (UFPR)

A Deus,

Aos meus amados pais Guillermina Izaguirre Oviedo e Manuel Galeas Sanchez, pelo amor, dedicação, esforço e suporte incondicional. São a minha maior inspiração.

Aos meus queridos irmãos Marlon, Ligia e Merlin pela amizade, e suporte, que nossa amizade nunca acabe.

A toda minha família e amigos.

Dedico

“Porque o Senhor dá a sabedoria; da sua boca é que vem o conhecimento e o entendimento”

Provérbios 2:6

AGRADECIMENTOS

A **Deus**, por iluminar o meu caminho, por me dar esperança, fé, sabedoria, e pela minha vida.

A **Organização dos Estados Americanos (OEA)**, e o **Grupo Coimbra de Universidades Brasileiras (GCUB)**, por me dar a oportunidade de realizar meus estudos de pós-graduação no Brasil.

A **Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)** pela bolsa concedida.

A **Universidade Federal do Paraná** e ao Programa de **Pós-graduação em Agronomia**, Área de Concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal do Paraná pela oportunidade de realizar os estudos necessários para a conclusão do mestrado, em especial ao coordenador **Prof. Dr. Anibal de Moraes** e à secretária **Lucimara Antunes**.

Aos meus amados pais **Manuel Galeas** e **Guillermina Izaguirre** por me educar com muito amor, carinho e esforço, sendo os grandes responsáveis por todas as minhas conquistas.

Aos meus irmãos, **Marlon**, **Lili**, e **Merlin**, minhas avós **Marta** e **Mercedes** (*In Memoriam*), minhas tias **Ana Maria**, **Olivia**, **Erundina**, **Eda** (*In Memoriam*), **Laura** (*In Memoriam*), meus tios **Hernan**, **Ramon Francisco**, **Jose Maria**, pela motivação, apoio, respeito e carinho ao longo da minha vida.

Ao **Prof. Dr. Bruno Portela Brasileiro**, pela orientação, amizade, paciência e confiança, pelos ensinamentos e conhecimentos compartilhados e pelo apoio para alcançar este objetivo. Sendo um exemplo para mim como profissional e como pessoa.

Ao **Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira**, pela co-orientação, pela confiança, pelo suporte, pelos ensinamentos ao longo do curso e no desenvolvimento deste trabalho e pela oportunidade de fazer parte do programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sulcroenergético.

Aos Professores da UFPR: **Dr. João Carlos Bespalhok Filho** e **Dr. José Luis Camargo Zambom**, pelas contribuições dadas ao longo do curso.

Aos colegas da Universidade Federal do Paraná, em especial a **Edwin Pulido**, **Caroline Frizo**, **Michelle Trobim**, **Mirelli Trombin**, **Livia Lemos**, **Maíra Tomazzoli**, **Jéssica Tomasi**, **Julliane Borella**, **Mariana Franca**, **João Alves**, **Lucas Wagner**, **Gabriel Koch**, **Evandro Keller**, **Jonathan Tratenmulher**, **Nicolas Brito**, **Gustavo Padilha**, pela amizade, e pelo apoio sempre que precisei deles.

Aos grandes amigos que fiz durante esta caminhada, em especial a **Afonso Campos, Tales Romano, Renã Araujo, Jorge Iscoa, Ronaldo Aguilar, Emerson Ortega, Carlos Morales, Damian Fletzer, Fayver De Leon, Josieder Batista, Ferdinando Afonso, Francois Benetulliere** pela amizade e pelos momentos de informação e descontração.

Aos meus amigos intercambistas e Brasileiros que tive o prazer de conhecer nesse período, em especial a **Marco Gonzales, Danny Magerman, Thiago Kucarz, Alby Recierdo, Daniel Pedernera, Leandro Avila, Gustavo Jaldin, Lorena Xavier, Loren Salazar, Gimena Maurin, Taniri Vilchis, Lucelly Soria, Taísa Lewiski, Myrian Noguera**, pela amizade e pelos momentos de descontração.

Aos meus amigos desde a infância e primos **Eduardo Izaguirre, Josue Hernandez, Emilio Martinez, Fernando Galeas**, meus amigos da faculdade de Agronomia **Milton Murillo, Enrique Caballero** que mesmo estando longe me acompanharam sempre nessa luta.

A minha mentora e amiga a **Loida Mandujano**, meus amigos os pastores **Ignacio e Marcela Mejia** pela sua amizade, pela motivação e os conselhos e pelo apoio para mim e para minha família.

Ao Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR/RIDESA), que através da Estação Experimental de Paranavaí, possibilitou a geração de todos os resultados deste trabalho.

Aos Engenheiros agrônomos: **Dr. Heroldo Weber e MSc. Guilherme Berton**, da Estação Experimental de Paranavaí.

Aos técnicos, auxiliares de pesquisa e de campo da Estação Experimental de Paranavaí, pelo apoio na implantação e tomada de dados do experimento, além da amizade e consideração.

A todos os professores da Pós-Graduação da UFPR que contribuíram com a minha qualificação profissional, aos amigos do curso pelo companheirismo durante as atividades acadêmicas que muito valorizaram o aprendizado.

As usinas e destilarias do Estado do Paraná conveniadas ao PMGCA/UFPR/RIDESA.

A todos, que direta ou indiretamente, contribuíram para a conclusão do curso, e fizeram parte desta experiencia maravilhosa.

RESUMO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma das principais culturas no Brasil e no mundo, no Brasil a cultura vem se expandindo expressivamente, principalmente para áreas com condições restritivas de ambiente, tal fato gera grande demanda de novas variedades com capacidade de se adaptar e produzir sob condições edafoclimáticas e de manejo adversas, no entanto um dos principais limitantes para a seleção e recomendação de novas variedades é a variação do seu comportamento frente as mudanças ambientais. Diante disto o objetivo deste trabalho foi estudar a interação genótipo \times ambiente em clones de cana-de-açúcar e selecionar os mais produtivos, estáveis, e adaptáveis, por meio da estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos via modelos mistos (REML/BLUP). Após passar pelas fases prévias de seleção no programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do setor Sucroenergético (RIDESA), uma população de 24 clones de cana-de-açúcar foi avaliada na fase experimental (FE). Os experimentos foram conduzidos em 6 locais do estado Paraná, que representam os diferentes ambientes de produção. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com 3 repetições por clone. As avaliações foram realizadas em cana planta, soca e ressoca. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de colmos por metro (NCM), massa média de um colmo (MMC), tonelada de colmos por hectare (TCH), teor de sacarose aparente (PC), e tonelada de sacarose por hectare (TPH). Os dados foram analisados via máxima verossimilhança restrita e melhor preditor linear não viesado (REML/BLUP). Os valores de herdabilidade média dos clones variaram de 0,47 a 0,84, resultando em valores altos de acurácia seletiva (0,69 – 0,92), favorecendo o processo de seleção. Foram observados valores de correlação genotípica entre os ambientes são de baixa a intermediária magnitude para todas as características estudadas (0,13 – 0,50), indicando a presença de interação genótipo \times ambiente significativa. Em relação aos valores genotípicos preditos destacaram-se para a característica PC os clones RB006629, RB005003 e RB005017, para TCH foram os clones RB005565, RB006655 e RB005098, para TPH foram RB006655, RB005017, RB005098, esses clones apresentaram o melhor desempenho geral tanto considerando como não considerando os efeitos da interação genótipo \times ambiente. Considerando o critério da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), os melhores clones foram para PC, RB006629, RB005017, RB005041, RB005003, RB006657; para TCH foram RB005565, RB005098, RB006655, RB005014, RB006656, os clones RB005017 e RB005151 apresentaram um desempenho equilibrado em relação a estas características. Para a característica TPH os melhores clones pelo critério MHPRVG foram RB006655, RB005017, RB005014, RB005098, e RB005151, devido a sua superioridade em relação a produtividade, sua ampla adaptabilidade e sua alta estabilidade, estes clones tem alto potencial para ser liberados como variedades comerciais.

Palavras Chave: *Saccharum* spp., Fitomelhoramento, Interação genótipo \times ambiente, Adaptabilidade e Estabilidade, REML/BLUP.

ABSTRACT

Sugarcane (*Saccharum* spp.) is one of the main crops in Brazil and in the world, in Brazil the crop has been expanding expressively, mainly to areas with restrictive conditions of environment, this fact generates great demand of new varieties with capacity to adapt and to produce under adverse edaphoclimatic and handling conditions, however one of the main limitations for the selection and recommendation of new varieties is the variation of their behavior in the face of environmental changes. Therefore, the objective of this work was to study the genotype \times environment interaction in sugarcane clones and to select those with higher yields, high stability, and wide adaptability, through the estimation of genetic parameters and prediction of genotypic values via mixed models (REML / BLUP). A population of 24 sugarcane clones was evaluated in the experimental phase (FE) in the genetic improvement program of the Interuniversity Network for the Development of the Sugarcane Sector (RIDESA). The experiments were conducted in 6 locations in the state of Paraná, representing the different production environments. The experimental design was a randomized block design with 3 replicates per clone. The evaluations were performed in plant cane, first and second ratoon. The following characteristics were evaluated: number of stalks per meter (NCM), average stalk mass (MMC), tonne of stalk per hectare (TCH), apparent sucrose content (PC), and tonne of sucrose per hectare (TPH). The data were analyzed via restricted maximum likelihood and best non-biased linear predictor (REML / BLUP). The mean heritability values of the clones ranged from 0.47 to 0.84, which led to high values of selective accuracy (0.69 - 0.92), favoring the selection process. The genotypic correlation values between the environments are low to intermediate magnitude for all the characteristics studied (0.13 - 0.50), indicating the presence of genotype \times significant environment interaction. The clones RB005565, RB006655 and RB005098, for TPH were RB006655, RB005017, RB005098, clones RB006629, RB005003 and RB005017. These clones presented the best overall performance both considering as not considering the effects of the genotype \times environment interaction. Considering the criterion of harmonic mean relative performance of genotypic values (MHPRVG), the best clones were for PC, RB006629, RB005017, RB005041, RB005003, RB006657; for TCH were RB005565, RB005098, RB006655, RB005014, RB006656, clones RB005017 and RB005151 showed a balanced performance against these characteristics. For TPH the best clones by the criterion MHPRVG were RB006655, RB005017, RB005014, RB005098, and RB005151, due to their superiority in productivity, their wide adaptability and their high stability, these clones have high potential to be released as commercial varieties.

Keywords: *Saccharum* spp., Plant breeding, Genotype \times environment interaction, Adaptability and Stability, REML / BLUP, clonal selection.

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1 – COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS PARA O NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).....	35
FIGURA 2 – COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS PARA A MASA MÉDIA DE UM COLMO (MMC), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).....	36
FIGURA 3 – COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS PARA O TEOR DE SACÁROSE APARENTE (PC), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).....	37
FIGURA 4 – COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS PARA TONELADA DE CANA POR HECTARÉ (TCH), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).....	38
FIGURA 5 – COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS PARA TONELADA DE SACÁROSE POR HECTARÉ (TPH), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).....	39

LISTA DE TABELAS

TABELA 1 – CLONES AVALIADOS NOS ENSAIOS DE COMPETIÇÃO COM SEUS RESPECTIVOS GENITORES (SÉRIE RB00)	27
TABELA 2 – LOCALIZAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DOS AMBIENTES ONDE FORAM CONDUZIDOS OS EXPERIMENTOS COM 24 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, NO ESTADO DO PARANÁ, BRASIL, NAS SAFRAS AGRÍCOLAS 2010/11, 2011/12 E 2012/13	28
TABELA 3 – ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS PARA OS CARACTERES NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), MASSA MÉDIA DE COLMO (MMC), TONELADA DE COLMOS POR HECTARE (TCH), TEOR DE SACAROSE APARENTE (PC) E TONELADA DE SACAROSE (TPH), EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SERIE RB00 TARDIO) AVALIADOS EM SEIS AMBIENTES NO ESTADO DO PARANÁ	32
TABELA 4 – MÉDIAS GENOTÍPICAS NÃO SE CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO ($\mu + g$) E ORDENAMENTO (R) DE 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00 TARDIO) E DUAS TESTEMUNHAS PARA OS CARÁTERES NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), MASSA MÉDIA DE COLMO (MMC), TEOR DE SACAROSE APARENTE (PC), TONELADA DE COLMOS POR HECTARE (TCH) E TONELADA DE SACAROSE POR HECTARE (TPH), EM SEIS AMBIENTES DO ESTADO DE PARANÁ (ALTO ALEGRE, GOIOERÊ, IVAÍCANA, NOVA PRODUTIVA, SABARÁLCOOL, SANTA TEREZINHA)	34
TABELA 5 – ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA A CARACTERÍSTICA NCM PREDITOS PELA ANÁLISE BLUP PARA 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00)	41
TABELA 6 – ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA A CARACTERÍSTICA MMC PREDITOS PELA ANÁLISE BLUP PARA 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00)	42

TABELA 7 – ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG);
ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ);
ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG
E MHPRVG* μ) PARA A CARACTERÍSTICA PC PREDITOS PELA ANÁLISE BLUP
PARA 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00)43

TABELA 8 – ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG);
ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ);
ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG
E MHPRVG* μ) PARA A CARACTERÍSTICA TCH PREDITOS PELA ANÁLISE
BLUP PARA 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00)44

TABELA 9 – ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG);
ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ);
ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG
E MHPRVG* μ) PARA A CARACTERÍSTICA NCM PREDITOS PELA ANÁLISE
BLUP PARA 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00)45

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS.....	v
RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
LISTA DE FIGURAS	ix
LISTA DE TABELAS.....	x
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	14
2. REVISÃO DE LITERATURA	16
2.1 ORIGEM E CARATERIZAÇÃO DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	16
2.2 IMPORTÂNCIA DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	16
2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR	17
2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR NO BRASIL.....	18
2.5 ETAPAS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR.....	19
2.5.1 CRUZAMENTOS	19
2.5.2 SELEÇÃO	20
2.5.2.1 Primeira fase de seleção (T1).....	20
2.5.2.2 Segunda fase de seleção (T2)	21
2.5.2.3 Terceira fase de seleção (T3)	21
2.5.2.4 Fase de multiplicação (FM).....	22
2.5.2.5 Fase experimental (FE).....	22
2.6 INTERAÇÃO GENOTIPOS × AMBIENTES	22
2.6.1 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	23
2.6.2 MÉTODOS PARA AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE	24
2.6.2.1 Método de Finlay & Wilkinson (1963)	24
2.6.2.2 Metodologia de Eberhart & Russel (1966).....	25
2.6.2.3 Metodologia de P_i proposta por Lin & Binns (1988), e a decomposição de P_i (CARNEIRO, 1998)	25
2.6.2.4 Modelo de Efeitos Principais Aditivos e Interação Multiplicativa (AMMI) (GAUCH, 1988)	26
2.6.2.5 Uso dos modelos mistos (REML/BLUP) na avaliação da interação Genótipo × Ambiente	26
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 EXPERIMENTOS	29
3.2 AVALIAÇÃO DOS EXPERIMENTOS.....	30
3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	31

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1 PARÂMETROS GENÉTICOS E COMPONENTES DE VARIÂNCIA	33
4.2 SELEÇÃO PARA O CONJUNTO DE AMBIENTES SEM CAPITALIZAR A INTERAÇÃO E PARA CADA AMBIENTE CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO	35
4.3 SELEÇÃO SIMULTANEA PARA PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS.....	42
5. CONCLUSÕES.....	49
REFERÊNCIAS	50
APÊNDICE 1 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+ga_m$), E ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA NCM AVALIADA EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515, RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO ESTADO DO PARANÁ.....	56
APÊNDICE 2 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+ga_m$), E ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA MMC AVALIADA EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515, RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO ESTADO DO PARANÁ.....	57
APÊNDICE 3 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+ga_m$), E ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA TCH AVALIADA EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515, RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO ESTADO DO PARANÁ.....	58
APÊNDICE 4 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+ga_m$), E ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA PC AVALIADA EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515, RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO ESTADO DO PARANÁ.....	59
APÊNDICE 5 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+ga_m$), E ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA TPH AVALIADA EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515, RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO ESTADO DO PARANÁ.....	60

1. INTRODUÇÃO GERAL

A cana-de-açúcar é uma das culturas mais importantes do mundo, sendo a principal fonte mundial de açúcar, sendo também uma importante fonte de energia e produção de biocombustíveis, contribuindo na geração de empregos renda e conseqüentemente na economia global (D'HONT et al. 2008; MOORE & MING, 2011; MORAIS, L. et al. 2015).

O Brasil é o maior produtor mundial de cana seguido pela Índia e a China (FAO, 2019). A cultura ocupou na safra 2017/2018, uma área de 8,73 milhões de hectares, e produziu 633,26 milhões de toneladas de colmos por hectare. A produção de açúcar atingiu 37,87 milhões de toneladas, e a produção de etanol foi de 27,76 bilhões de litros, no Estado do Paraná, a cultura ocupou uma área de 583,7 mil hectares com uma produtividade de 64 ton.ha⁻¹ e uma produção total de 37.477,4 toneladas (CONAB, 2018).

O melhoramento genético é a principal tecnologia para o desenvolvimento do setor sucroenergético (BERDING et al. 2004; MORAIS, L. et al. 2015), tem contribuído significativamente, disponibilizando variedades mais produtivas e adaptadas a diferentes condições climáticas e manejo, tolerância a estresses bióticos e outras características importantes da cana-de-açúcar, (HEINZ 1987; LAKSHMANAN et al. 2005), por meio da identificação de materiais com genes favoráveis, recombinação, a traves de cruzamentos dirigidos, e seleção nas populações segregantes (BERDING et al. 2004; CRUZ et al. 2014; MORAIS, L. et al. 2015; MATSUOKA et al. 2011).

Todavia a variação do comportamento do material vegetal quando submetido a diferentes condições ambientais, fenômeno denominado interação genótipo × ambiente (G×A), dificulta a recomendação de genótipos superiores (CROSSA et al. 2010; SILVA et al. 2016; SILVEIRA et al. 2012; ZENI-NETO et al. 2009).

A interação genótipo × ambiente é um fenômeno que afeta as características de importância econômica na cana-de-açúcar, pois estes são altamente influenciados pelo ambiente, dificultando com isto a seleção e recomendação de novas variedades (DUARTE & VENCOSKY, 1999; OLIVEIRA et al. 2005; SKINNER et al. 1987).

Diferentes metodologias estatísticas têm sido utilizadas para estimar os efeitos da G×A, métodos baseados na análise de variância (ANOVA), métodos baseados na análise de regressão, e métodos aditivos para os componentes principais e multiplicativos para a interação (AMMI). No entanto, estes procedimentos tem apresentado algumas limitações, sendo que, consideram os efeitos dos genótipos e da interação são como fixos, não lidam

com dados advindos de experimentos desbalanceados, não consideram a heterogeneidade das variâncias entre os locais (ELIAS et al. 2016; RESENDE, 2004; RESENDE, 2016).

Para contornar os problemas citados anteriormente, a utilização de métodos estatísticos que possam prever de maneira acurada os clones geneticamente superiores torna-se imprescindível durante as fases de seleção dos programas de melhoramento genético, nesse sentido, os modelos lineares mistos (REML/BLUP) tem sido utilizado com sucesso na seleção de genótipos superiores (BRASILEIRO et al. 2016a; CROSSA, 2012; OLIVEIRA et al. 2005; ZENI-NETO et al. 2009; ZENI-NETO et al. 2013).

O REML é o melhor procedimento de estimação de componentes de variância. O BLUP é o procedimento ótimo na predição de valores genéticos permitindo maior acurácia de seleção, comparar diferentes variedades no tempo (diferentes safras) e espaço (diferentes locais), correção dos efeitos da ambientais, estimação dos componentes de variância, e predição dos valores genéticos (RESENDE, 2016). Pode-se ainda selecionar genótipos com altas produtividades para uma ampla gama de ambientes, ou seja, com alta estabilidade e ampla adaptabilidade, através da obtenção da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) via modelos mistos (MENDES DE PAULA et al. 2014; RESENDE, 2007a; OLIVEIRA et al. 2005).

Define-se de estabilidade à previsibilidade do comportamento de um genótipo em diferentes condições ambientais, já a adaptabilidade é a resposta do genótipo à melhoria ambiental (CRUZ et al. 2014; RESENDE, 2015).

Diante disto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a interação genótipo \times ambiente em uma população constituída de 24 clones de cana-de-açúcar, na última fase de seleção clonal, em seis diferentes ambientes de produção no estado do Paraná, durante 3 safras, visando selecionar novas variedades de cana-de-açúcar com maiores produtividades que as variedades atualmente cultivadas e com alta estabilidade e ampla adaptabilidade.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 ORIGEM E CARATERIZAÇÃO DA CANA-DE-AÇÚCAR

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma planta perene da família das gramíneas, originária do sudeste da Ásia (DANIELS & ROACH, 1980). É cultivada em aproximadamente 80 países nas regiões tropicais e subtropicais, principalmente pela sua capacidade de armazenar sacarose (açúcar) nos seus colmos, é propagada de forma assexuada (TEW & COBILL, 2008). Aproximadamente 75% da demanda de açúcar mundial é fornecida pela cana-de-açúcar (MING et al. 2006).

A cana-de-açúcar moderna (*Saccharum* spp.) é um híbrido muito complexo que tem se obtido através de cruzamentos interespecíficos entre diferentes espécies do gênero *Saccharum* (*S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. barberi*, e *S. sinense*) (BERDING et al. 2004; MING et al. 2006; SREENIVASAN et al. 1956). Estudos do genoma destes híbridos sugerem que 70-80% da composição genética é devido ao aporte de *S. officinarum*, 10-20% de *S. spontaneum*, e aproximadamente 10% é devido à recombinação entre cromossomos destas espécies. As variedades atuais são poliploides com um número de cromossomos aproximado de 120, e isto contribui a altos níveis de heterozigose (D'HONT et al. 2008; MOORE & BOTHA 2013).

Devido as suas características anatômicas e fisiológicas, a cana-de-açúcar é uma das culturas com maior eficiência no uso da energia solar e conseqüentemente na conversão em energia química que pode ser usada para produção de eletricidade, biocombustíveis além da produção de açúcar (D'HONT et al. 2008; MOORE et al. 2013; TEW & COBILL, 2008).

2.2 IMPORTÂNCIA DA CANA-DE-AÇÚCAR

A cana-de-açúcar é uma das principais culturas do mundo, representando uma fonte econômica importante em pelo menos 80 países (TEW & COBILL, 2008), dos quais o Brasil é o maior produtor seguido pela Índia e a China (FAO, 2019), dela se derivam uma série de produtos e subprodutos, tais como açúcar, álcool e energia a partir do bagaço (MOORE et al. 2013).

Segundo dados da FAO, (2019), no ano 2017 a cultura da cana-de-açúcar tem sido cultivada em uma área de 26 milhões de hectares em regiões tropicais e subtropicais no

mundo, produzindo 18 bilhões de toneladas de matéria prima aproximadamente, com uma media de produtividade de 71 ton.ha⁻¹.

No Brasil segundo estimativas da Conab (2018), a safra nacional (2017/2018) ocupou uma área de 8,73 milhões de hectares, tendo uma produção de 633,26 milhões de toneladas de colmos por hectare, com 37,87 milhões de toneladas de açúcar e 27,76 bilhões de litros de etanol. Segundo este mesmo levantamento, área ocupada pela cana de açúcar no estado do paran  foi de 583,7 hectares, com uma produtividade de 64.207 ton.ha-1 e uma produ o total de 37.477,4 ton.ha-1, apresentado uma queda em compara o com a safra 2016/2017 devido principalmente  s condi es clim ticas.

2.3 MELHORAMENTO GEN TICO DA CANA-DE-A  CAR

Em Java no ano de 1888, foi descoberto que a semente bot nica da cana-de-a  car era vi vel (BERDING et al. 2004). A partir desse momento, o de melhoramento gen tico da cana de a  car pode ser dividido em cinco acontecimentos hist ricos: (1) Cruzamentos entre canas nobres (*S. officinarum*), para obten o de variedades que aportaram um incremento nos rendimentos e qualidade de a  car, com baixos teores de fibra e impurezas, por m essas variedades eram muito suscet veis a pragas e doen as; (2) Nobiliza o, ou cruzamentos entre canas nobres (*S. officinarum*) com a esp cie selvagem *S. spontaneum*, e posteriormente o retrocruzamento da prog nie F1 com o parental nobre para obter a rusticidade da esp cie *S. spontaneum* sem perder a produ o de a  car da *S. officinarum* (3) Cruzamentos entre variedades nobilizadas para obter h bridos; (4) Cruzamentos de h bridos para obter as variedades atuais (MING et al. 2006; SREENIVASAN et al. 1956).

As principais variedades utilizadas no come o da ind stria a  careira, foram esp cies *S. officinarum* conhecidas tamb m como canas nobres dentre destas a principal foi a Otaheite tamb m conhecida como Bourbon, que foi a mais utilizada nas regi es produtoras do mundo, at  1890, quando foi atacada pelos fungos *Phaeocytostroma sacchari* e *Glomerella tucumanensis*, outra variedade de cana nobre muito importante do s culo 19 at  o in cio do s culo 20, foi a Cheribon originada em Java, e introduzida posteriormente nas principais regi es produtoras do mundo, a Cheribon foi parte importante dos programas de melhoramento como genitor em cruzamentos para a posterior obten o de h bridos (JAMES 2004).

Devido   susceptibilidade das variedades nobres  s doen as, o processo de nobiliza o foi adotado em diferentes pa ses produzindo muitas variedades importantes

para a produção nas décadas de 1930 até 1960, um dos primeiros e mais importantes híbridos foi a POJ2878 desenvolvida em Java, e que em 1930 ocupou aproximadamente, 90% da área nesse país, sendo introduzida posteriormente nas principais regiões produtoras da Ásia e América (JAMES 2004). A partir dos anos 1960 começaram a funcionar os programas de melhoramento genético no Brasil, tendo sucesso na obtenção de novas variedades (LANDELL & BRESSIANI 2008).

O melhoramento genético é a principal tecnologia para o desenvolvimento do setor, através do desenvolvimento de novas variedades mais produtivas e adaptadas a diferentes climáticas, os principais estresses bióticos e outras características importantes para o manejo da cana-de-açúcar (BERDING et al. 2004; HEINZ 1987; LAKSHMANAN et al. 2005; MATSUOKA et al. 2011; MORAIS, L. et al. 2015).

A característica tonelada de açúcar por hectare (TPH) é um caráter importante nos programas de melhoramento, já que é economicamente importante, também seus componentes, a tonelada de cana por hectare (TCH) e o conteúdo de açúcar (PC); os caracteres agrônômicos como a capacidade de brotação, o florescimento, a tolerância a seca e o frio, a adaptação a colheita e o plantio mecanizado e a precocidade também são considerados importantes no processo de seleção clonal (SKINNER et al. 1987).

2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR NO BRASIL

No Brasil as primeiras variedades de cana-de-açúcar cultivadas foram espécies *S. officinarum* chamadas de cana nobre introduzidas durante o processo de colonização (JAMES 2004; LANDELL & BRESSIANI, 2008).

O uso de variedades introduzidas de outros países se manteve até que no final da década do 60, quando se iniciaram os primeiros programas de melhoramento no Brasil, sendo: O Programa Nacional de Melhoramento genético da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR) e o Centro de Tecnologia Canavieira (COPERSUCAR) (LANDELL & BRESSIANI, 2008).

Em 1990 o PLANALSUCAR foi transferido para as Universidades Federais, formando-se assim a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), contribuindo com o desenvolvimento de variedades adaptadas a diferentes condições ambientais visando suprir as necessidades do setor sucroenergético brasileiro (BARBOSA et al. 2012; MATSUOKA et al. 2005).

Incrementos na produtividade têm sido relatados desde o começo dos programas de melhoramento genético no Brasil. Segundo Barbosa et al. (2012), desde 1970 até 2011,

a produtividade aumentou até atingir 155,7 Kg ha⁻¹ em ATR (açúcar total recuperável), em que 50% dos ganhos são devido à adoção de novas tecnologias de produção e o restante é atribuído utilização de novas variedades.

O desenvolvimento de variedades mais adaptadas a condições gerais ou específicas permite a expansão da produção em ambientes mais restritivos (MENDES DE PAULA et al. 2014; OLIVEIRA et al. 2005; SILVEIRA et al. 2012; VERISSIMO et al. 2012). Segundo Matsuoka et al. (2011), essa expansão não compete diretamente por áreas produtoras de outras culturas importantes como milho e soja, e não ameaça as áreas naturais, sendo a área ocupada atualmente pela cana-de-açúcar pertencente anteriormente as pastagens.

2.5 ETAPAS DO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR

Barbosa et al. (2012), ressaltam que os principais aspectos de um programa de melhoramento genético são: a escolha de genitores superiores, o aumento da variabilidade genética por meio de cruzamentos e a seleção.

As etapas dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar podem ser agrupadas em três: (1) seleção de genitores; (2) hibridação; (3) seleção clonal, onde os clones obtidos serão multiplicados, e avaliados em diferentes anos e ambientes de produção.

2.5.1 CRUZAMENTOS

A hibridação entre genitores para a geração de variabilidade e obtenção populações segregantes, seguido pela seleção dentro dessas populações, são os procedimentos clássicos adotados no melhoramento de plantas de espécies de propagação assexuada (RESENDE & BARBOSA, 2006). A escolha dos genitores superiores e o planejamento dos cruzamentos são importantes etapas para o sucesso de um programa de melhoramento (BERDING et al. 2004; CHANG & MILLIGAN, 1992; HEINZ & TEW, 1987; RESENDE & BARBOSA, 2006). Isso pode ser obtido, convencionalmente, por dois tipos de hibridações (BERDING et al. 2004; VERÍSSIMO et al. 2002):

- a) Cruzamentos Biparentais: Cruzamento simples utilizando-se dois parentais conhecidos.
- b) Policruzamentos: Quando é utilizado um grupo de parentais selecionados, que é inter cruzado. Nesse caso, conhece-se somente o parental feminino, de onde serão coletadas as panículas fecundadas por machos diversos.

No Brasil, a atividade de hibridação tem sido desenvolvida em áreas litorâneas da Bahia, Alagoas, e mais recentemente, em Pernambuco, que oferecem condições climáticas bastante favoráveis ao florescimento e à viabilidade dos grãos de pólen (BARBOSA et al. 2012). Muitos programas de melhoramento de cana-de-açúcar no mundo utilizam-se de uma “Casa de Fotoperíodo”, ou seja, fazem uso de condições artificiais para induzir o florescimento da cana-de-açúcar (LANDELL & BRESSIANI, 2008).

Segundo HEINZ & TEW (1987), planejamento dos cruzamentos é realizado adotando-se os seguintes critérios:

1. Grau de endogamia entre genitores;
2. Teor de açúcar;
3. Produtividade agrícola;
4. Resistência às principais doenças (carvão, mosaico, ferrugens, amarelinho e escaldadura);
5. Capacidade de brotação da soqueira;
6. Hábito ereto de crescimento da touceira dos genitores.

2.5.2 SELECÇÃO

Os métodos e as estratégias de seleção podem mudar de um programa para outro. Na RIDESA, as seleções são divididas em cinco diferentes fases, podendo durar de 12 a 15 anos até a liberação de uma nova variedade (LANDELL & BRESSIANI, 2008).

2.5.2.1 Primeira fase de seleção (T1)

A primeira fase de seleção é constituída por um grande número de *seedlings* provenientes de cruzamentos direcionados (KIMBENG & COX, 2003). No Brasil esta etapa é chamada de T1, e anualmente são produzidos pela RIDESA, milhares de *seedlings* (plântulas). Juntamente com as plântulas, são alocadas no campo parcelas de cultivares-padrão, as quais são essenciais para se obter estimativas prévias do Brix, além de servirem de referência na seleção dos genótipos para florescimento, chochamento e tolerância as principais doenças e pragas da cultura (BRASILEIRO, et al. 2016a).

Embora a seleção massal seja aplicada rotineiramente nesta fase, esse tipo de seleção tem sofrido críticas devido a sua ineficiência, vários estudos demonstram que a seleção de famílias seguida da seleção individual apresentaria maiores ganhos que a

simples seleção massal, principalmente em caracteres de baixa herdabilidade (BRASILEIRO et al. 2016a; KIMBENG & COX, 2003; STRINGER et al. 2011).

A seleção em cana soca é preferida em alguns programas de melhoramento em climas temperados, pois permite observar a capacidade de rebrota dos clones (MATSUOKA et al. 2005). Nesta fase de seleção, as avaliações inicialmente consistem na observação de clones que apresentem: a) mais de seis colmos por touceira; b) colmos de idade fisiológica semelhante e de diâmetro médio; c) hábito de crescimento ereto; d) tolerância às principais doenças fúngicas de ocorrência natural na região; e) ausência de florescimento e chochamento; f) Brix semelhante ou superior ao das cultivares-padrão (BASTOS, 2005; BRASILEIRO et al. 2016a; BRASILEIRO et al. 2016b; MATSUOKA et al. 2005).

2.5.2.2 Segunda fase de seleção (T2)

A segunda fase de seleção é constituída por clones selecionados na fase T1. Devido ao fato de ainda haver um grande número de clones e pouco material vegetativo impossibilita a implementação de experimentos com repetições, portanto, o delineamento utilizado nesta etapa é o em blocos aumentados (DBA) (BARBOSA et al. 2005). Cada bloco é geralmente constituído por 18 clones, cada clone é plantado em um sulco de 4 a 5 metros com uma única repetição, ou seja, num único bloco; e ao menos duas testemunhas (variedades padrões) que se repetem em todos os blocos, para comparar os resultados dos clones avaliados (MATSUOKA et al. 2005).

Na fase T2, a avaliação é realizada para os mesmos caracteres relatados no T1 na fase de planta e soca (MATSUOKA et al. 2005).

2.5.2.3 Terceira fase de seleção (T3)

A terceira fase de seleção consiste na avaliação dos clones selecionados na fase T2. Nesta fase é geralmente utilizado o delineamento em blocos aumentados (DBA), com duas repetições por clone sendo avaliados em mais de um local (MATSUOKA et al. 2005).

As avaliações são feitas em duas colheitas, cana-planta e cana-soca, avalia-se além da produtividade de colmos, o Brix, o teor de sacarose aparente (PC), além de serem realizados testes de resistência e avaliação das principais doenças (MATSUOKA et al. 2005).

2.5.2.4 Fase de multiplicação (FM)

A fase de multiplicação consiste, basicamente, na multiplicação dos clones selecionados na fase T2 para obter mudas a serem utilizadas na fase T3, quando as avaliações nesta fase serão feitas em mais de um local, e dos clones selecionados na fase T3 para obtenção de mudas a serem utilizadas na fase experimental (FE).

Após terem sido multiplicados, os clones selecionados são enviados aos diversos locais, em geral usinas e destilarias conveniadas que possuem estações experimentais.

2.5.2.5 Fase experimental (FE)

A fase experimental é a última fase de seleção dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, nesta fase os clones promissores são avaliados em experimentos no delineamento de blocos completos ao acaso com pelos menos três repetições, em diferentes localidades e várias safras consecutivas (SKINNER et al. 1987; BERDING et al. 2004; MATSUOKA et al. 2005). Paralelamente aos ensaios de competição, são conduzidos ensaios adicionais com o intuito de se obter a curva de maturação dos clones avaliados (MATSUOKA et al. 2005).

Comumente essas avaliações mostram interações significativas entre os genótipos e ambientes, genótipos e anos e uma interação tripla envolvendo genótipos, locais e anos (ALLARD & BRADSHAW, 1964; BORÉM & MIRANDA, 2013). Isto implica que o comportamento dos genótipos pode não ser o mesmo quando existem diferenças entre os ambientes, uma vez que o fenótipo é influenciado pelo ambiente (BARBOSA et al. 2014). O uso adequado das informações resultantes dessas avaliações pode auxiliar na recomendação de variedades mais produtivas, estáveis e com maior capacidade de adaptação a diferentes ambientes de produção (ALLARD & BRADSHAW, 1964; RAIZER & VENCOSKY, 1999).

2.6 INTERAÇÃO GENOTIPOS × AMBIENTES

O desempenho da cana-de-açúcar como outras culturas é afetado tanto por fatores internos, ou seja, sua composição genética (genótipo), como externos ou das condições nas que se desenvolve (ambiente) e a interação entre ambos (genótipo × ambiente) (ELIAS et al. 2016; MALOSETTI et al. 2013; MOHAMMADI et al. 2007).

Na presença de interação ($G \times A$) a resposta fenotípica em diferentes ambientes não é a mesma para todos os genótipos, e as consequências das variações entre os genótipos são, em sua maior parte devido ao efeito ambiental, acarretando na redução da correlação entre os valores fenotípicos e o genotípicos (COMSTOCK & MOLL, 1963; CROSSA et al. 2004; CROSSA et al. 2010)

Quando se avalia uma população em diferentes condições ambientais, dependendo o tamanho da população e o número de ambientes considerados, o número de combinações ou tipos de interação ($G \times A$) pode ser muito grande, porém só uma pequena porção dessa interação é importante para a seleção (ALLARD & BRADSHAW, 1964).

O mais importante é interpretar o grau de complexidade da interação ($G \times A$). Segundo Vencovsky (1987), a interação pode ser de dois tipos enquanto ao grau de complexidade: a) interação simples, que acontece devido a diferenças na variabilidade genética do material dentro de cada ambiente; e b) interação complexa, resultante da falta de correlação entre os genótipos de um ambiente para outro, isto significa que um material superior em um ambiente tem o seu desempenho afetado com a mudança ambiental e pode não ser em outro.

Alguns caracteres são mais influenciados pela variação ambiental que outros, na cana-de-açúcar os caracteres de produção como tonelada de cana por hectare (TCH), e consequentemente, tonelada de açúcar por hectare (TPH), tem sua expressão fortemente influenciada pelas condições ambientais (SKINNER et al. (1987).

As interações ($G \times A$) do tipo complexa causam significativas variações no desempenho das culturas e por tanto dificultam a recomendação de novas cultivares (CROSSA et al. 2004; ELIAS et al. 2016; MALOSETTI et al. 2013).

2.6.1 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

Na presença de interação ($G \times A$) de tipo complexa, o estudo dessa interação é feito por meio da estimação de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade, que fornecem informações sobre o comportamento de uma variedade frente as mudanças ambientais, a fim de tornar a seleção e recomendação mais acurada (MENDES de PAULA et al. 2014; OLIVEIRA et al. 2005; SILVA & DUARTE, 2006; SILVEIRA et al. 2012).

Na literatura é possível encontrar diferentes definições dos termos de adaptabilidade e estabilidade, dependendo do método utilizado como referência para a estimação destes parâmetros.

2.6.2 MÉTODOS PARA AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE

Diferentes métodos têm sido utilizados para analisar a interação genótipo × ambiente, dentre das quais destacam-se os métodos baseados na análise de variância (ANOVA), os métodos via análise de regressão linear como o de Finlay & Wilkinson (1963), Eberhart & Russell (1966), a metodologia de Lin & Binns (1988), Carneiro (1998); os modelos estatísticos de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI) de Gauch (1988), e o método da média harmônica (MHPRVG) preconizado por Resende (2007b).

O método tradicional baseado na análise de variância conjunta dos experimentos considerando todos ambientes identifica a interação genótipo × ambiente, porém não analisa ela, devido a isso pode ser enganoso (ZOBEL et al. 1988).

2.6.2.1 Método de Finlay & Wilkinson (1963)

O método de Finlay & Wilkinson (1963), é baseado na análise de regressão linear, e mede a resposta de cada genótipo às variações do ambiente, considerando uma variável dependente em função de um índice ambiental.

Por esse método a estabilidade é interpretada a partir do coeficiente de regressão, portanto, este parâmetro indica o grau de variação de um genótipo tanto nos ambientes mais favoráveis como em aqueles ambientes desfavoráveis, já a adaptabilidade indica a resposta as variações do ambiente.

Para Finlay & Wilkinson (1963), o genótipo ideal é aquele com uma média elevada, que seja capaz não só de responder a melhoria do ambiente, mas também de manter seu desempenho quando desenvolvido em condições de ambiente desfavoráveis, estatisticamente é aquele com coeficiente de regressão baixo, próximo de 1.

Aqueles genótipos com médias elevadas e com coeficiente de regressão maior que 1, são considerados de adaptabilidade específica em ambientes favoráveis, porém, em ambientes desfavoráveis reduzem significativamente seu desempenho, sendo considerados de baixa estabilidade. Os genótipos com médias elevadas e com coeficiente de regressão menor que 1 são considerados de adaptabilidade específica em ambientes adversos, por manter bom desempenho em ambientes desfavoráveis são considerados de alta estabilidade (FINLAY & WILKINSON, 1963).

O método combina componentes aditivos e multiplicativos, analisando os efeitos principais e a interação, porém apresenta várias deficiências na adaptação do modelo, além disso, o método pode confundir os efeitos da interação com os efeitos principais (ZOBEL et al. 1988).

2.6.2.2 Metodologia de Eberhart & Russel (1966)

O método de Eberhart & Russel (1966), assim como o método de Finlay & Wilkinson (1963) é baseado na análise de regressão linear, no entanto, esse método além de considerar o coeficiente de correlação dos valores fenotípicos de uma variável dependente dos genótipos em função de um índice ambiental, considera também os desvios da regressão.

Por este método a adaptabilidade é dada pelo coeficiente de regressão, assim genótipos que apresentam um valor de coeficiente de regressão igual a 1 são considerados de ampla adaptabilidade, genótipos com coeficiente de regressão maior que 1, consideram-se que tem um melhor comportamento em ambientes favoráveis, contrariamente genótipos que apresentam um coeficiente de regressão menor que 1 são considerados de melhor comportamento em ambientes desfavoráveis.

Já o parâmetro de estabilidade é dado pelos desvios da regressão, de maneira que genótipos que apresentem desvios igual a 0, são considerados de alta estabilidade, genótipos com desvios maiores que 0, são considerados de baixa estabilidade.

2.6.2.3 Metodologia de P_i proposta por Lin & Binns (1988), e a decomposição de P_i (CARNEIRO, 1998)

Lin & Binns (1988), definiram o parâmetro P_i como medida de estabilidade e adaptabilidade, sendo a medida de superioridade máxima de um genótipo. Esse parâmetro representa o somatório dos quadrados médios das distâncias entre a resposta de um determinado genótipo para um dado ambiente e a resposta do genótipo que apresenta produtividade máxima no mesmo ambiente, nos diversos ambientes estudados. Assim, quanto menor for o valor do parâmetro P_i mais estável é o genótipo, apresentando melhor desempenho no maior número de ambientes possíveis.

A estatística P_i compara o desempenho de um genótipo, em relação a outro genótipo hipotético com coeficiente de regressão próximo a unidade, como uma medida de adaptabilidade, e a sua variação, o que é uma medida de estabilidade fenotípica (Cruz et al. 2014).

A recomendação de cultivares através deste método, é uma recomendação geral, diante disto Carneiro (1988), propôs uma variante que permite decompor o estimador P_i , e fazer a recomendação para ambientes tanto favoráveis como desfavoráveis.

2.6.2.4 Modelo de Efeitos Principais Aditivos e Interação Multiplicativa (AMMI) (GAUCH, 1988)

A análise AMMI combina, num único modelo, componentes aditivos para os efeitos principais de genótipos (g_i) e ambientes (e_j), e componentes multiplicativos para o efeito da interação (ga) $_{ij}$. Assim, a resposta média de um genótipo i num ambiente j (GAUCH & ZOBEL, 1996; ZOBEL et al. 1988).

Este método faz o estudo da interação $G \times A$, via decomposição da soma de quadrados original ($SQ_{G \times A}$), em uma porção denominada padrão e em outra denominada ruído, a primeira possibilita a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação, sendo obtida após o descarte de ruídos adicionais ao erro experimental. Isso proporciona uma melhoria na capacidade preditiva das respostas fenotípicas (GAUCH, 1988; ZOBEL et al. 1988).

A análise permite uma análise mais detalhada da interação $G \times A$; garante a seleção de genótipos, capitalizando suas interações positivas com os ambientes; propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas; possibilita fácil interpretação gráfica dos resultados, em gráficos biplots. Portanto, pode ajudar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e amplamente adaptados como na realização do zoneamento agrônomico, com fins de recomendação regionalizada (GAUCH & ZOBEL, 1996; ZOBEL et al. 1988).

A maioria dos métodos para a análises da interação $G \times A$ já mencionados anteriormente, embora tenham sido utilizados no melhoramento genético, apresentam uma série de limitações. A ANOVA é um modelo aditivo, portanto identifica, mas não interpreta a interação além de ter problemas com dados desbalanceados e não ortogonais, os modelos baseados na regressão apresentam problemas de adequação na modelagem, a metodologia AMMI interpreta melhor a interação, mas é um modelo de efeitos fixos.

2.6.2.5 Uso dos modelos mistos (REML/BLUP) na avaliação da interação Genótipo \times Ambiente

Uma metodologia que tem mostrado ótimos resultados no melhoramento tanto animal quanto vegetal graças à sua capacidade de lidar com as dificuldades demonstradas

pelas outras metodologias e gerar estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos e valores genotípicos que auxiliam na seleção de genótipos superiores é o uso de modelos lineares mistos (REML/BLUP) (PIEPHO et al. 2008; RESENDE, 2004; RESENDE & THOMPSON, 2004).

Este método é baseado em modelos mistos que geralmente consideram os efeitos do ambiente como fixos e os efeitos dos tratamentos (genótipos) como aleatórios (PIEPHO et al. 2008; STRINGER, 1996; THOMPSON et al. 2005). Um modelo linear misto é o seguinte:

$$y = X\beta + Zu + e$$

Em que: y é o vector dos dados observados, β e u são os vetores dos efeitos fixos e aleatórios respectivamente, X e Z são as matrizes de incidência e e é o vector do erro aleatório.

O fato de considerar os efeitos genotípicos como aleatórios é de fundamental importância no melhoramento genético, já que isto conduz a maiores acurácias seletivas, devido ao efeito *shrinkage* que tende a forçar as predições em direção à média geral, e eliminar os efeitos residuais do ambiente, isto permite fazer uma seleção genotípica (PIEPHO et al. 2008; RESENDE, 2004). Piepho (1994), comparando a metodologia BLUP com a metodologia AMMI, demonstrou que o BLUP foi mais preciso na seleção.

Segundo Resende (2016), em termos gerais as principais vantagens do uso de metodologia REML/BLUP na seleção são: i) permite maior acurácia de seleção, ii) permite comparar diferentes variedades no tempo (anos, e safras) e espaço (diferentes locais), iii) a correção dos efeitos da ambientais, iv) estimação dos componentes de variância, e predição dos valores genéticos, v) capacidade de lidar com dados de experimentos desbalanceados e não ortogonais.

O uso de procedimentos de seleção mais simples que levem em consideração produtividade, estabilidade e adaptabilidade, estão sendo explorados, tal é o caso do uso do método Lin & Binns (1988), e no contexto dos modelos mistos, o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) (BASTOS et al. 2007; MENDES DE PAULA et al. 2014; OLIVEIRA et al. 2005; RESENDE, 2007a).

Um método que seleciona os genótipos simultaneamente por seus valores genéticos e estabilidade é o BLUP sob as médias harmônicas dos valores genotípicos (MHVG). Quanto menor o desvio padrão do comportamento genotípico nos locais, maior será o valor de MHVG, assim a seleção pelos maiores valores de MHVG implica na

seleção para produtividade e estabilidade, simultaneamente. Quanto à adaptabilidade pode ser mensurada pela performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), onde os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada local obtendo-se posteriormente o valor médio desta proporção através dos locais (RESENDE, 2007b).

Segundo Resende (2007a), a seleção considerando simultaneamente a produtividade, estabilidade e adaptabilidade pode ser feita por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), apresentando como principais vantagens, quando comparada com outros métodos: a) considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica; b) permite lidar com desbalanceamentos; c) permite lidar com heterogeneidade de variâncias; d) permite considerar erros correlacionados dentro de locais; e) fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; f) pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; g) não depende da estimação de outros parâmetros, tais como coeficientes de regressão; h) gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado; i) permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos (produtividade, adaptabilidade e estabilidade), simultaneamente.

Oliveira et al. (2005), avaliaram 180 clones de cana-de-açúcar em três ambientes diferentes na fase T3 do programa de melhoramento da RIDESA, utilizando o método MHPRVG, selecionando clones superiores para produtividade, adaptabilidade e estabilidade simultaneamente para a variável TCH. No mesmo trabalho o método foi comparado com o de Lin & Binns (1988), os autores concluíram que apresenta a vantagem de fornecer resultados na própria escala de medição do caráter avaliado, os quais podem ser interpretados diretamente como valores genéticos. Entretanto Mendes de Paula et al. (2014), avaliando diferentes métodos na seleção de clones de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais também concluíram que o método MHPRVG foi o mais eficiente dentre os métodos avaliados.

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

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 EXPERIMENTOS

Foram avaliados na fase experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA) da Universidade Federal do Paraná (UFPR) / Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), 24 clones obtidos através de cruzamentos realizados na Estação Experimental da Serra do Ouro, pertencente à Universidade Federal de Alagoas, localizada no Município de Murici, estado de Alagoas, Brasil e 2 variedades comerciais foram usadas como testemunhas (RB867515, RB72454) (Tabela 1).

TABELA 1 – CLONES AVALIADOS NOS ENSAIOS DE COMPETIÇÃO COM SEUS RESPECTIVOS GENITORES.

CLONE	GENITOR	
	FEMININO	MASCULINO
RB006655	SP80-1520	RB855536
RB005017	SP80-1816	RB855536
RB005098	SP80-1842	RB855536
RB005014	RB835486	RB825548
RB005151	SP80-1842	RB855536
RB006607	RB855536	SP80-1816
RB006629	SP80-1816	RB855536
RB005565	RB75126	RB835205
RB005041	SP80-1816	RB855536
RB005598	RB835487	CB68-34
RB006676	RB785679	?
RB006634	SP80-1816	RB855536
RB006656	SP80-1520	RB855536
RB005182	SP80-1842	RB835205
RB006624	SP80-1842	RB855536
RB005482	SP80-1816	RB855536
RB005205	RB867515	?
RB006610	SP80-1842	RB855156
RB006609	RB855536	SP80-1816
RB005294	RB835486	?
RB005003	SP80-1842	RB855536
RB005206	RB835487	?
RB006638	SP80-1816	RB855536
RB006657	TUC71-7	RB835486
RB72454*	CP53-76	?
RB867515*	RB72454	?

*Padrões.

? - Pólen originado de policruzamento (genitor masculino desconhecido).

Os experimentos foram instalados no delineamento em blocos casualizados, com 3 repetições, em que as parcelas experimentais foram constituídas de 4 linhas de 8 metros de comprimento e um espaçamento de 1,4 metros entrelinhas em todos os locais.

TABELA 2 – LOCALIZAÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DOS AMBIENTES ONDE FORAM CONDUZIDOS OS EXPERIMENTOS COM 24 GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR, NO ESTADO DO PARANÁ, BRASIL, NAS SAFRAS AGRÍCOLAS 2010/11, 2011/12 E 2012/13.

UNIDADE	USINA	LOCAL	AMBIENTE	COORDENADAS	ALTITUDE (m)
IVAI	IVAÍCANA	SÃO PEDRO DO IVAÍ	A*	Lat 23° 51' S, Long 51° 53' W	360
NP	NOVA PRODUTIVA	ASTORGA	B	Lat 23° 05' S, Long 51° 38' W	430
GOI	GOIOERÊ	MOREIRA SALES	C	Lat 24° 06' S, Long 52° 53' W	500
AA	ALTO ALEGRE	COLORADO	E	Lat 22° 54' S, Long 51° 54' W	480
SAB	SABARÁLCOOL	PEROBAL	E	Lat 23° 55' S, Long 53° 28' W	330
STA	SANTA TEREZINHA	IGUATEMI	E	Lat 23° 23' S, Long 52° 05' W	500

*A: Potencial de produção muito alto (>95 t/ha), B: Potencial de produção alto (90-95 t/ha), C: Potencial de produção médio/alto (85-89 t/ha), E: Potencial de produção baixo (70-79 t/ha).

Fonte: CTC

O plantio dos experimentos nos locais foi efetuado nas seguintes datas: 20/04/2010 em Sabarálcool, 30/04/2010 em Santa Terezinha, 05/05/2010 em Goiorê, 18/06/2010 em Alto Alegre, 29/06/2010 em Ivaicana e 15/07/2010 em Nova Produtiva.

Os clones foram cultivados em regime de sequeiro e receberam os tratamentos culturais de acordo com os procedimentos normalmente utilizados em cada Usina.

3.2 AVALIAÇÃO DOS EXPERIMENTOS

Os experimentos foram avaliados durante três safras agrícolas (cortes), sendo último corte em 2013.

Os caracteres mensurados foram: número de colmos por metro (NCM), massa média de colmo (M1C), teor de sacarose aparente (PC), tonelada de colmos por hectare (TCH) e tonelada de sacarose por hectare (TPH). Nas avaliações, foi realizada a contagem de número de colmos por parcela para estimar o número de colmos por metro (NCM), além disso três amostras de 10 colmos por parcela foram coletadas nas duas linhas centrais, estas amostras foram usadas para estimar a massa média de um colmo (M1C), uma amostra de 5 colmos por parcela foi enviada para os laboratórios das usinas para realizar a análise tecnológica e estimar o teor de sacarose aparente (PC). O cálculo da TCH foi realizado por meio da fórmula: $TCH = (M1C \times NCP \times 10) / AP = 11,2 \text{ m}^2$. A produtividade de sacarose por hectare, dada em TPH foi obtida por meio da fórmula: $TPH = (TCH \times PC) / 100$.

3.3 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

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

Foram utilizados os dados referentes à todas características anteriormente citadas, no entanto, dando maior importância para os caracteres tonelada de colmos por hectare (TCH), teor de sacarose aparente (PC) e tonelada de sacarose por hectare (TPH), já que esses caracteres indicam a produtividade.

O modelo estatístico adotado para a avaliação dos clones durante vários anos ou safras, para estimar os componentes de variância (REML) e os valores genotípicos (BLUP) dos clones para os caracteres avaliados foi:

$$y = Xf + Zg + Qgl + Tgm + Wglm + Sp + e$$

Em que:

y é o vetor de dados; f é o vetor dos efeitos das combinações repetição-local-medição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), gl é vetor dos efeitos da interação de genótipos com locais (aleatórios), gm é o vetor dos efeitos da interação genótipos \times medições, glm é o vetor dos efeitos da interação tripla genótipos \times locais \times medições (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos permanentes de parcela dentro de locais (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Os efeitos ambientais de blocos dentro de locais (b), medições (m), locais (l) e as interações bloco \times medição dentro de locais e locais \times medições são consideradas como efeitos fixos em um único vetor de efeitos fixos (f) dado pela combinação bloco-medição-local.

Os seguintes componentes de variância foram estimados:

σ_g^2 : variância genotípica entre clones.

σ_{glm}^2 : variância da interação genótipo \times ambiente.

σ_e^2 : variância residual entre os clones.

$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{gl}^2 + \sigma_{gm}^2 + \sigma_{glm}^2 + \sigma_{perm}^2 + \sigma_e^2}$: herdabilidade no sentido amplo das parcelas.

$h_{2mc} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gl}^2}{l} + \frac{\sigma_{gm}^2}{c} + \frac{\sigma_{glm}^2}{lc} + \frac{\sigma_{perm}^2}{b} + \frac{\sigma_e^2}{cbl}}$: herdabilidade média entre clones.

$r_{aa} = \sqrt[2]{h_{2mc}}$: Acurácia seletiva.

$r_{glm} = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{glm}^2 - V(\sigma_{gi})}$: correlação genotípica através dos ambientes.

Por meio desse modelo foram obtidos os preditores BLUP empíricos (REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação, dados por $\mu + g$, em que μ é a média de todos os locais e g é o efeito genotípico livre da interação genótipo \times ambiente. Para cada local j , os valores genotípicos (Vg) são preditos por $\mu_j + g_i + (ga)_{ij}$, em que μ_j é a média do local j , g_i é o efeito genotípico do clone i , no local j , e $(ga)_{ij}$ é o efeito da interação genótipo \times ambiente relativo ao clone i .

A predição dos valores genotípicos capitalizando a interação média (ga_m) nos diferentes locais é dada por $\mu_j + g_i + ga_m$, sendo calculada por: $\mu + [(Vg + V\sigma/n) Vg]g_i$, em que μ é a média geral de todos os locais, n é o número de locais e g_i é o efeito genotípico do clone i .

Os valores genotípicos originais foram padronizados e são representados em escala de desvio padrão, portanto, a média geral é igual a zero, para representar as testemunhas RB867515 e RB72454, tendo em vista que as duas não estavam presentes em todos os locais, usou-se o maior valor dentre as duas no local avaliado. A seguinte fórmula foi utilizada:

$$Z = \frac{Vg_{ij} - \mu_j}{\sigma}$$

Em que Z é o valor genotípico padronizado, Vg_{ij} é o valor genotípico real do clone i no local j , μ_j é a média geral no local j e σ é o desvio padrão.

A seleção conjunta considerando-se, simultaneamente, a produtividade, a estabilidade e a adaptabilidade dos clones é dada pela estatística média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos preditos:

$$MHPRVG_i = \frac{n}{\sum_{j=1}^n \frac{1}{Vg_{ij}}}$$

Em que n é o número de locais onde se avaliou o clone i ; e Vg_{ij} é o valor genotípico do clone i no local j , expresso como proporção da média desse local.

Na estimação de componentes de variância, Vg_{ij} e $MHPRVG_i$ empregou-se o modelo 155 do software Selegen (RESENDE, 2016).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 PARÂMETROS GENÉTICOS E COMPONENTES DE VARIÂNCIA

As estimativas das herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h^2g) apresentaram valores de: 0,16 para a característica NCM, 0,17 para MMC e 0,16 para PC, para os caracteres TCH e TPH os valores estimados foram de 0,06 e 0,03 respectivamente (Tabela 3). Segundo a classificação de Resende (2002), os valores para NCM, MMC, PC são considerados moderados, já para TCH e TPH são considerados baixos. Valores de herdabilidade baixos para TCH e TPH são bastante comuns, já que são características altamente influenciadas pelo ambiente. Ramos et al. (2017), encontraram valores baixos de herdabilidade (0,13), para TCH, em seleção de clones de cana energia na fase T2. Oliveira et al. (2005), encontraram o mesmo valor (0,13), para TCH, em seleção de clones na fase T3. Os valores de herdabilidade no sentido amplo observados podem estar associados à diferentes fatores, principalmente, fatores tais como a variância ambiental e o delineamento dos experimentos (BARBOSA et al. 2014). Segundo Barbosa et al. (2004), o uso de maior número de repetições, pelo menos quatro nas últimas fases, pode ser útil para aumentar a herdabilidade no sentido amplo e assim melhorar a resposta à seleção.

Os valores da herdabilidade média entre clones (h^2mc) foram de moderados a altos para todos os caracteres, Resende (2002), para NCM (0,84), MMC (0,78), PC (0,65), TCH (0,67), e TPH (0,47) (Tabela 3). Dessa forma, a partir dos resultados obtidos, recomenda-se a seleção de clones baseando na herdabilidade média entre clones.

Para o caso da acurácia de seleção (r_{aa}) os valores estimados foram 0,69 para TPH, 0,81 para PC, 0,82 para TCH, 0,88 para MMC e 0,92 para NCM (Tabela 3), este parâmetro fornece confiabilidade na predição de valores genotípicos para a seleção de novas variedades; considerasse que para TPH o valor é intermediário, para PC, TCH e MMC são considerados altos e para NCM muito altos (RESENDE & DUARTE, 2007). Ramos et al. (2017), avaliando clones de cana energia encontraram valores de acurácia seletiva de 0,51 para teor de sacarose (PC), concluindo que esses valores favorecem o processo de seleção para esse caráter.

TABELA 3 - ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS PARA OS CARACTERES NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), MASSA MÉDIA DE COLMO (MMC), TONELADA DE COLMOS POR HECTARE (TCH), TEOR DE SACAROSE APARENTE (PC) E TONELADA DE SACAROSE POR HECTARE (TPH), EM 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SERIE RB00) AVALIADOS EM SEIS AMBIENTES NO ESTADO DO PARANÁ.

PARÂMETROS	NCM	MMC	TCH	PC	TPH
σ_g^2 *	0,55	0,01	37,46	0,14	0,38
σ_{gm}^2	0,027	0,00	5,80	0,09	0,31
σ_{gl}^2	0,38	0,01	69,96	0,22	1,27
σ_{glm}^2	0,14	0,00	30,25	0,08	1,04
σ_{perm}^2	0,72	0,00	85,79	0,02	1,18
σ_e^2	1,71	0,03	391,05	0,33	7,90
σ_f^2	3,54	0,05	620,36	0,89	12,07
h^2g	0,16 ± 0,04	0,17 ± 0,04	0,06 ± 0,03	0,16 ± 0,04	0,03 ± 0,01
h^2mc	0,84	0,78	0,67	0,65	0,47
r_{aa}	0,92	0,88	0,82	0,81	0,69
rgl	0,59	0,45	0,35	0,38	0,23
rgm	0,95	0,85	0,87	0,60	0,55
$rglm$	0,50	0,40	0,26	0,26	0,13
MÉDIA	10,85	1,48	114,86	13,87	15,69

*Variância genotípica (σ_g^2), variância da interação genótipos × medições (σ_{gm}^2), variância da interação genótipos × locais (σ_{gl}^2), variância da interação genótipos × locais × medições (σ_{glm}^2), variância dos efeitos permanentes de parcela (σ_{perm}^2), variância residual (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), heritabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais ($h^2g=h^2$), herdabilidade no sentido amplo da média de genótipos (h^2mc), acurácia da seleção de genótipos (r_{aa}), correlação genotípica através dos locais, válida para qualquer medição (rgl), correlação genotípica através das medições, válida para qualquer local (rgm), correlação genotípica através dos locais e medições ($rglm$), Média geral do experimento.

Foram observados valores correlação genotípica através dos locais (rgl) de 0,59 para NCM, 0,45 para MMC, 0,38 para PC, 0,35 para TCH e 0,23 para TPH, implicando em um alto nível de interação genótipos × locais (G×L) e indicando que não necessariamente o melhor clone em um local será também em outro (Tabela 3).

A estimativa da correlação genotípica da performance dos clones através dos anos (rgm), forneceu valores altos ($\geq 0,85$) para NCM, MMC e TCH, indicando que o desempenho enquanto a essas características é pouco influenciado pelas condições ambientais de uma safra para outra, porem para PC e TPH ($\leq 0,60$) forneceu valores menores, indicando a presença da interação entre genótipos e cortes (G×A), demonstrando a importância da avaliação dos clones em mais de uma safra.

Quando se considera a estimativa da correlação genotípica do comportamento dos clones nos locais e anos (ambientes) ($rglm$) torna-se fundamental os estudos de adaptabilidade e estabilidade, pois seu valor é baixo para todas as características, variando

de 0,13 para TPH a 0,50 para NCM, indicando interação genótipos \times ambiente ($G \times A$) do tipo.

A interação genótipo \times ambiente é um fenômeno frequente nos programas de melhoramento genético, o que dificulta a recomendação de novas variedades (BASTOS et al. 2007; OLIVEIRA et al. 2005; RESENDE, 2015). Oliveira et al. (2005), encontraram o valor de correlação genotípica entre os ambientes de 0,62 para TCH, enquanto Bastos et al. (2007), ao avaliarem a tonelada de Brix por hectare (TBH), encontraram um valor de 0,49, ambos relataram existência moderada de interação genótipos \times ambiente ($G \times A$) de tipo complexa, justificando a necessidade de se considerar o estudo da adaptabilidade e a estabilidade para fins de uma seleção mais confiável.

4.2 SELEÇÃO PARA O CONJUNTO DE AMBIENTES SEM CAPITALIZAR A INTERAÇÃO E PARA CADA AMBIENTE CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO

Os valores genotípicos para os 24 clones de cana-de-açúcar e duas testemunhas não se capitalizando a interação genótipo \times ambiente para os caracteres: NCM, MMC, TCH, PC e TPH respectivamente encontram-se na tabela 4.

Para o número de colmos por metro (NCM) os cinco genótipos com maiores médias foram RB005565, RB005151, RB005182, RB006606 e RB005014 variando de 11,51 a 12,13. Para MMC os clones com maiores médias foram RB006655, RB005017, a variedade RB867515, RB005041 e RB006629 variando de 1,56 a 1,63. Para TCH os cinco melhores clones foram RB005565, RB006655, RB005098, RB005014 e RB006656 variando de 119,55 a 122,38. Para teor de sacarose aparente (PC) as maiores médias foram dos clones RB006629, RB005003, RB005017, RB005041, RB006657 variando de 14,10 a 14,36. Para tonelada de sacarose por hectare (TPH), os clones com melhores desempenhos foram RB006655, RB005017, RB005098, RB005014, RB005151 variando de 16,02 a 16,40. Dentro destes, três genótipos se destacam para ambas características TCH e TPH: RB006655, RB005098 e RB005014 (Tabela 4).

TABELA 4 - MÉDIAS GENOTÍPICAS NÃO SE CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO ($\mu+g$) E ORDENAMENTO (R) DE 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00) E DUAS TESTEMUNHAS PARA OS CARÁTERES NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), MASSA MÉDIA DE COLMO (MMC), TONELADA DE COLMOS POR HECTARE (TCH), TEOR DE SACAROSE APARENTE (PC), E TONELADA DE SACAROSE POR HECTARE (TPH), EM SEIS AMBIENTES DO ESTADO DE PARANÁ.

CLONE	NCM		MMC		TCH		PC		TPH	
	$\mu+g$	R	$\mu+g$	R	$\mu+g$	R	$\mu+g$	R	$\mu+g$	R
RB006655	10,73	15	1,63	1	122,34	2	13,95	13	16,40	1
RB005017	10,46	20	1,60	2	118,95	6	14,13	3	16,25	2
RB005098	11,33	7	1,51	8	121,26	3	13,72	20	16,15	3
RB005014	11,52	5	1,50	12	120,68	4	13,97	12	16,12	4
RB005151	11,76	2	1,40	21	117,41	8	14,04	7	16,02	5
RB006607	10,81	13	1,51	11	117,10	9	14,02	10	15,96	6
RB006629	9,99	24	1,56	5	113,59	15	14,36	1	15,93	7
RB005565	12,13	1	1,45	16	122,38	1	13,15	26	15,89	8
RB005041	10,07	23	1,56	4	115,32	12	14,12	4	15,88	9
RB005598	10,72	16	1,55	7	118,10	7	13,59	22	15,80	10
RB006676	11,32	8	1,42	20	115,34	11	13,82	18	15,75	11
RB006634	10,51	18	1,51	9	115,72	10	13,87	17	15,70	12
RB006656	11,44	6	1,51	10	119,55	5	13,20	25	15,68	13
RB005182	11,68	3	1,35	25	113,10	17	13,87	16	15,64	14
RB006624	11,14	10	1,42	18	113,85	14	13,80	19	15,57	15
RB867515*	10,15	22	1,58	3	115,13	13	13,53	23	15,55	16
RB005482	10,84	12	1,39	23	111,36	22	14,03	8	15,54	17
RB005205	10,97	11	1,44	17	113,12	16	13,94	14	15,52	18
RB006610	10,49	19	1,47	15	111,55	19	14,02	9	15,52	19
RB006609	11,52	4	1,36	24	112,70	18	13,92	15	15,51	20
RB005294	9,90	25	1,55	6	111,39	21	14,00	11	15,49	21
RB005003	10,55	17	1,42	19	110,52	23	14,14	2	15,37	22
RB005206	11,32	9	1,32	26	109,55	24	14,10	6	15,31	23
RB006638	10,36	21	1,49	13	111,40	20	13,67	21	15,25	24
RB006657	9,62	26	1,48	14	106,58	26	14,10	5	15,07	25
RB72454*	10,75	14	1,40	22	108,31	25	13,52	24	15,02	26
MÉDIA GERAL	10,85		1,48		114,86		13,87		15,69	

*Testemunhas nos experimentos.

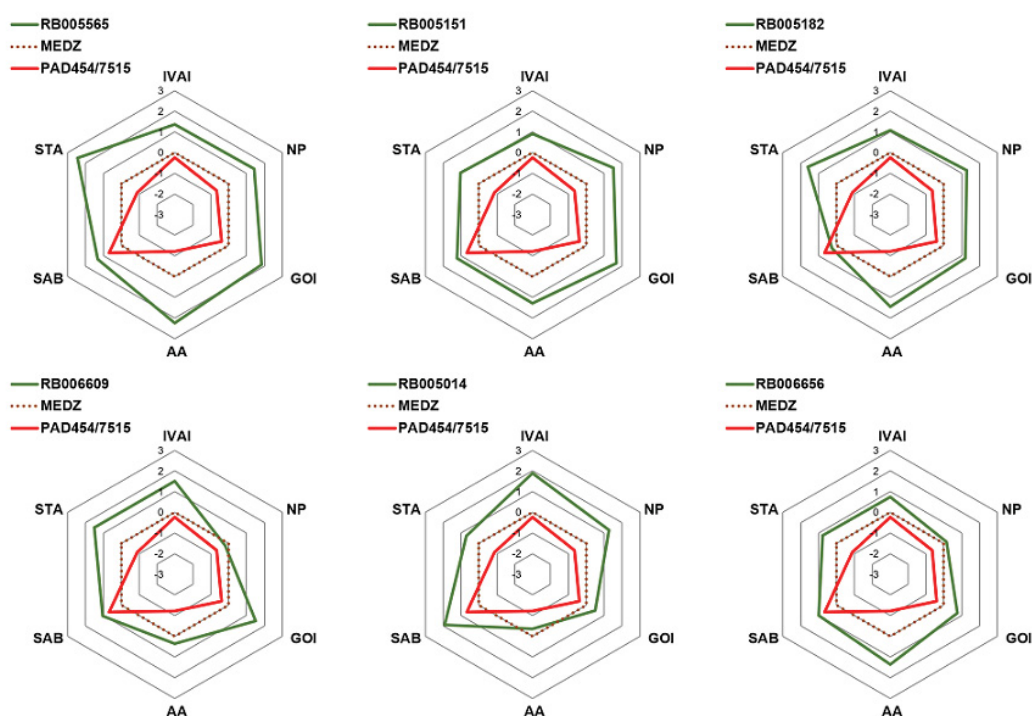
Os valores genotípicos quando não se capitaliza a interação ($\mu+g$) irão se manter através dos ambientes, portanto uma recomendação dos clones com maiores valores pode ser feita tanto nos locais considerados na rede experimental como em locais diferentes daqueles avaliados, já que esta estimativa não está considerando o efeito da interação genótipo \times ambiente (BASTOS et al. 2007; RESENDE 2007a).

No entanto quando se consideram os efeitos da a interação genótipo \times ambiente por local ($\mu+g+ga$) e a interação genótipo \times ambiente media ($\mu+g+ga_m$) podem ser feitas recomendações para cada local dentro da mesma rede experimental considerada ou em

áreas com o mesmo padrão de interação genótipo \times ambiente respectivamente (RESENDE, 2007a).

Nas Figuras 1, 2, 3, 4 e 5 é apresentado o comportamento dos seis clones com os melhores desempenhos quando se capitaliza a interação genótipo \times ambiente média ($\mu+g+ga_m$) nos seis ambientes para os caracteres: NCM, MMC, TCH, PC e TPH respectivamente.

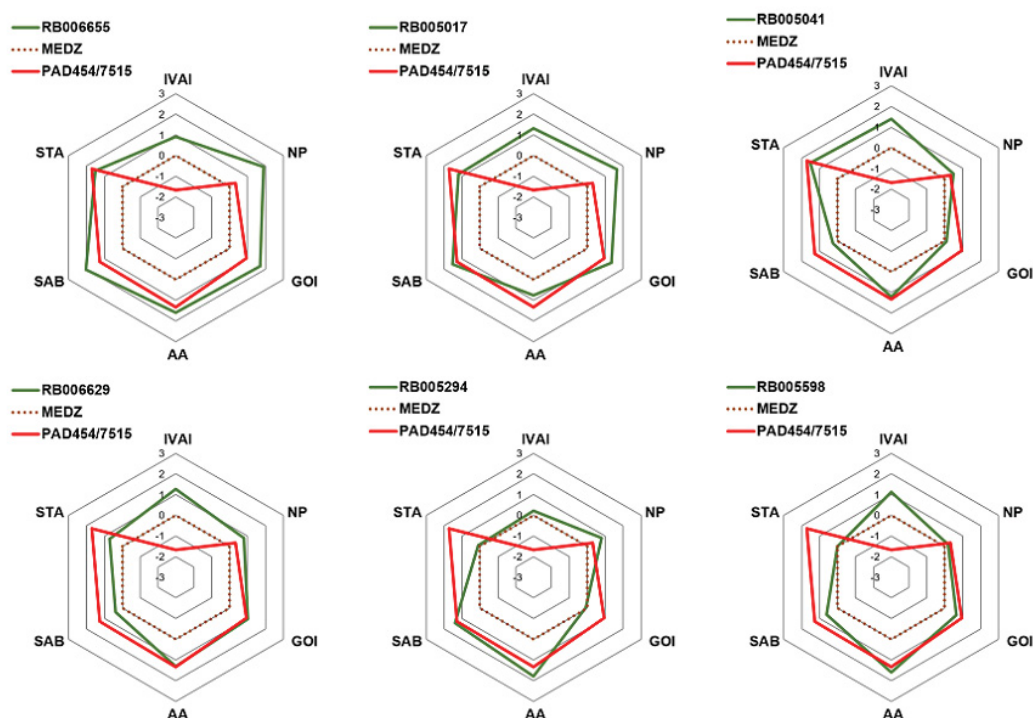
FIGURA 1 - COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS (PAD454/7515) PARA O NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO \times AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+ga_m$).



MEDZ: Média geral padronizada; PAD454/7515: Maior média do padrão no local avaliado.

Para NCM destacam-se os clones RB005151 e RB005565, os quais foram superiores em relação à média geral e as testemunhas em todos os locais, com médias variando de 9,28 no local Nova Produtiva a 14,72 em Ivaicana, e 9,20 em Nova Produtiva a 15,10 em Ivaicana, respectivamente. Entretanto a testemunha RB867515 apresentou valores de 7,33 a 10,43, enquanto a RB72454 apresentou valores 7,63 – 13,78. Os locais com maiores médias foram Ivaicana e Alto Alegre com medias gerais de 13,94 e 11,58 respectivamente (Figura 1, Apêndice 1).

FIGURA 2 - COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS (PAD454/7515) PARA A MASSA MÉDIA DE UM COLMO (MMC), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO \times AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).

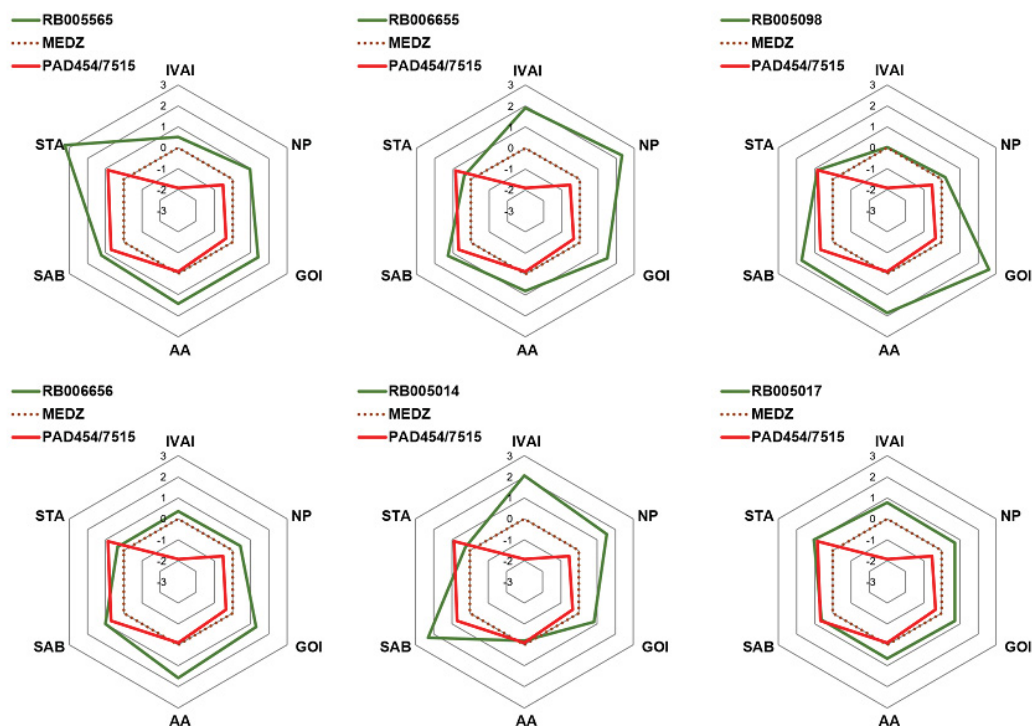


MEDZ: Média geral padronizada; PAD454/7515: Maior média do padrão no local avaliado.

Para MMC destacam-se os clones RB00665 e RB005017 que foram superiores em relação à média geral dos experimentos e as testemunhas em pelo menos cinco dos seis locais avaliados, as menores médias para estes clones foram encontradas no local Sabarácool e foram de 1,08 e 1,04, respectivamente, já as maiores médias foram encontradas no local Alto Alegre e foram 1,98 e 1,85, respectivamente (Figura 2, Apêndice 2). Os menores valores para as testemunhas foram 0,85 e 1,02 no local Sabarácool para RB72454 e RB867515, respectivamente, já os maiores valores genotípicos preditos para essas testemunhas foram 1,73 para RB72454 e 1,94 para RB867515, a RB867515 ficou dentre os cinco melhores nos locais Sabarácool, Alto Alegre e Santa Terezinha (Figura 2, Apêndice 2). Os ambientes com maiores médias foram Ivaicana com 1,97 e Alto Alegre com 1,73 (Figura 2, Apêndice 2).

Os caracteres NCM e MMC são os componentes de tonelada de colmos por hectare (TCH), porém, há uma forte correlação negativa entre ambos caracteres, recomendando-se a seleção direta para tonelada de colmos por hectare (TCH) (SKINNER et al. 1987).

FIGURA 3 - COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS (PAD454/7515) PARA A TONELADA DE COLMOS POR HECTARE (TCH), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO \times AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_a$).

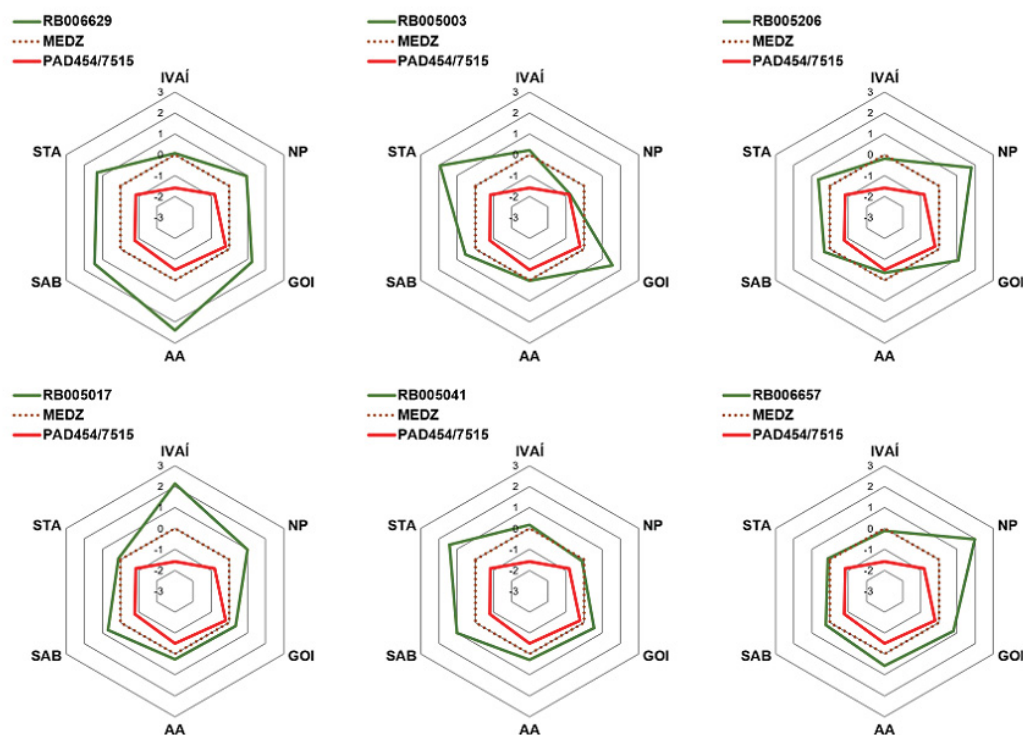


MEDZ: Média geral padronizada; PAD454/7515: Maior média do padrão no local avaliado.

Para TCH considerando a de maior média no local avaliado as testemunhas (PAD454/7515) apresentaram valores genotípicos variando entre 70,18 em Sabarácool e 177,59 em Ivaicana (Figura 3, Apêndice 3). Os locais com maiores médias foram Ivaicana com 194,45 e Goioerê com uma média geral de 133,4, os locais com menores médias foram Santa Terezinha com 75,01 e Sabarácool com 76,75 (Figura 3, Apêndice 3).

Dentre os clones promissores com melhor desempenho destacam-se o RB005565 o qual mostrou-se superior à média geral e as testemunhas em todos ambientes, comportando-se muito bem em ambientes mais restritivos, o RB006655 mostrou-se superior à média geral e as testemunhas em cinco dos seis locais, tendo melhor desempenho nos ambientes favoráveis, o RB005098 foi superior às testemunhas e à média geral em todos os ambientes, mostrando melhor comportamento em ambientes de media restrição, o RB006656 e RB005017 mantiveram um desempenho com pouca variação através dos ambientes, e o clone RB005014 (Figura 3, Apêndice 3).

FIGURA 4 - COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS (PAD454/7515) PARA O TEOR DE SACAROSE APARENTE (PC), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO \times AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).



MEDZ: Média geral padronizada; PAD454/7515: Maior média do padrão no local avaliado.

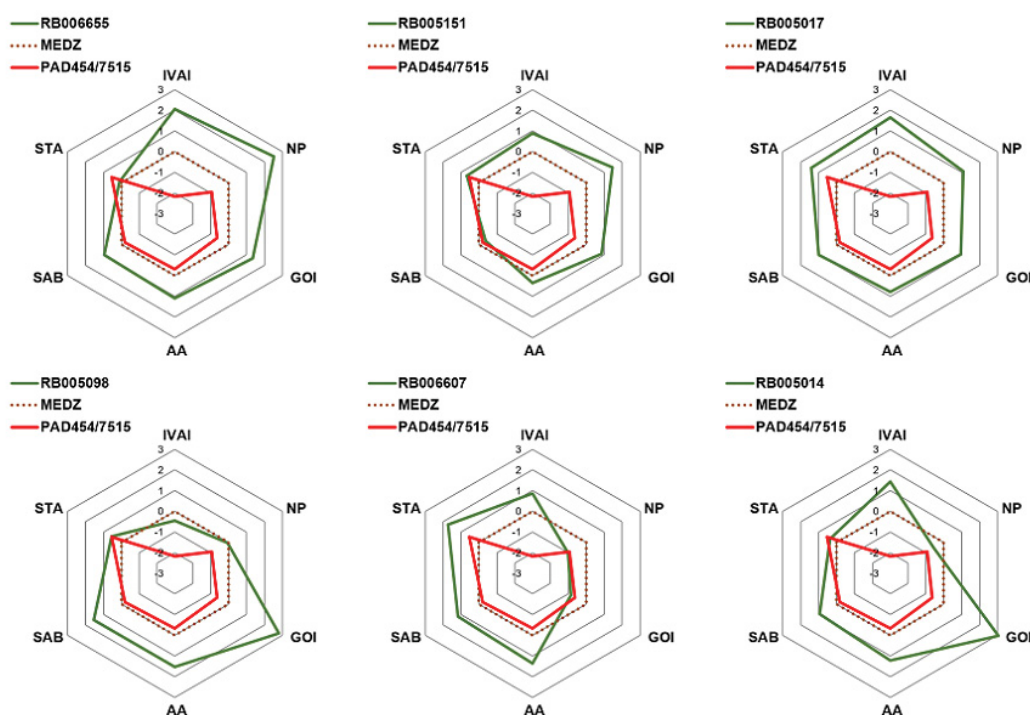
Para PC os ambientes com maiores médias foram Goioerê com 15,67 e Santa Terezinha com 15,26, já as menores médias foram 12,34 em Ivaicana e 12,15 em Nova Produtiva (Figura 4, Apêndice 4). Considerando a maior média para o local avaliado para as testemunhas (PAD454/7515) os valores genotípicos variaram de 11,72 em Nova Produtiva a 15,57 para RB867515 em Goioerê (Figura 4, Apêndice 4).

Dentre os clones promissores destacam-se o RB006629 que foi o melhor considerando a interação média, com médias variando de 12,38 no ambiente de Ivaicana a 16,26 no local Goioerê, apresentando melhor desempenho nos ambientes de média e alta restrição, o clone com maior média foi RB005003, sendo de 16,42 no ambiente Goioerê, mantendo um considerável desempenho nos ambientes de média e alta restrição, outros clones promissores foram RB005206, RB005017, RB005041 e RB006657 (Figura 4, Apêndice 4).

Segundo Skinner et al. (1987), TCH e PC são dois dos caracteres mais importantes na cana-de-açúcar. No entanto, a tonelada de açúcar por hectare (TPH) é o caráter econômico de maior importância da cultura, e que permite fazer uma seleção mais eficiente.

Para TPH, os seis clones melhor ranqueados, ou seja, que em geral melhor aproveitaram a interação genótipo \times ambiente média considerando todos os locais ($\mu+g+g_{am}$), foram os clones RB006655, RB005151, RB005017, RB005098, RB006607 e RB005014. A média geral considerando a interação média foi de 15,98. Os locais com maior média foram o Ivaicana com 23,99 e Alto Alegre com 18,78; já os locais com menor média foram Sabarácool com 8,1 e Santa Terezinha com 10,99. Considerando a de maior média no local avaliado as testemunhas (PAD454/7515) apresentaram valores genotípicos que variaram de 8,0 no local Sabarácool a 21,81 em Ivaicana (Figura 5, Apêndice 5).

FIGURA 5 - COMPORTAMENTO DOS SEIS CLONES DE MAIORES MÉDIAS E DAS TESTEMUNHAS (PAD454/7515) PARA A TONELADA DE SACAROSE POR HECTARE (TPH), CONSIDERANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO \times AMBIENTE MÉDIA ($\mu+g+g_{am}$).



MEDZ: Média geral padronizada; PAD454/7515: Maior média do padrão no local avaliado.

Dos clones promissores, destaca-se o RB006655 que apresentou médias variando de 8,56 em Sabarácool a 26,06 em Ivaicana, demonstrando um desempenho superior em relação à média geral e as testemunhas principalmente por ser responsivo nos ambientes de maior qualidade, nos ambientes de menor qualidade teve uma queda no desempenho porem mantendo sua superioridade exceto em Santa Terezinha onde a seu desempenho foi próximo das testemunhas (Figura 5, Apêndice 5). Outros destaques foram: o clone RB005017 que apresentou médias variando de 8,57 em Sabarácool a 25,65 em Ivaicana,

este clone mostrou um comportamento altamente previsível, sendo superior em relação à média geral e as testemunhas em todos os ambientes avaliados, e o clone RB005098 que apresentou médias de 8,83 em Sabarácool a 23,55 em Ivaicana, este clone mostrou um comportamento melhor em ambientes medianamente restritivos, ou seja aqueles de tipo C e E. Os outros clones promissores foram RB005014, RB005151 e RB006607 (Figura 5, Apêndice 5).

4.3 SELEÇÃO SIMULTANEA PARA PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS

Nas Tabelas 5, 6, 7, 8 e 9 são apresentados os resultados das estimativas sobre a estabilidade dos valores genotípicos (MHVG), da adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG e $PRVG*\mu$) e da estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG e $MHPRVG*\mu$) para as características, NCM, MMC, PC, TCH e TPH, preditos pela método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos para os 24 clones de cana-de-açúcar e as duas testemunhas.

O procedimento da média harmônica da performance dos valores genotípicos (MHPRVG), permite a seleção de clones superiores, com alta estabilidade e ampla adaptabilidade simultaneamente. A média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), estima a estabilidade, entretanto, a performance dos valores genotípicos através dos ambientes (PRVG), estima a adaptabilidade (OLIVEIRA et al. 2005).

A estabilidade refere-se à constância do desempenho dos clones através dos diferentes ambientes, já a adaptabilidade é a habilidade de resposta dos clones à melhoria ambiental (CRUZ et al. 2014; OLIVEIRA et al. 2005).

TABELA 5 - ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM) PREDITOS PARA OS 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00).

CLONE	MHVG	CLONE	PRVG	PRVG* μ	CLONE	MHPRVG	MHPRVG* μ
RB005565	11,75	RB005565	1,14	12,34	RB005565	1,14	12,32
RB005151	11,37	RB005151	1,10	11,92	RB005151	1,10	11,92
RB005182	11,26	RB005182	1,09	11,82	RB005182	1,09	11,80
RB005014	11,05	RB005014	1,07	11,63	RB005014	1,07	11,59
RB006609	10,97	RB006609	1,07	11,59	RB006609	1,07	11,56
RB005206	10,93	RB006656	1,06	11,50	RB006656	1,06	11,49
RB006656	10,91	RB005206	1,05	11,45	RB005206	1,05	11,43
RB006676	10,89	RB005098	1,05	11,42	RB006676	1,05	11,42
RB005098	10,86	RB006676	1,05	11,42	RB005098	1,05	11,40
RB006624	10,66	RB006624	1,03	11,19	RB006624	1,03	11,18
RB005205	10,50	RB005205	1,02	11,02	RB005205	1,01	11,01
RB005482	10,29	RB005482	1,00	10,83	RB005482	1,00	10,82
RB005598	10,22	RB006607	0,99	10,74	RB006607	0,99	10,72
RB72454*	10,17	RB005598	0,99	10,72	RB005598	0,99	10,72
RB006655	10,15	RB72454	0,99	10,71	RB72454	0,99	10,69
RB006607	10,14	RB006655	0,99	10,69	RB006655	0,98	10,68
RB005003	10,01	RB005003	0,97	10,52	RB005003	0,97	10,51
RB006634	9,99	RB006634	0,97	10,48	RB006634	0,97	10,48
RB005017	9,88	RB006610	0,96	10,40	RB006610	0,96	10,40
RB006610	9,86	RB005017	0,96	10,40	RB005017	0,96	10,39
RB006638	9,80	RB006638	0,95	10,30	RB006638	0,95	10,29
RB005041	9,46	RB867515	0,92	9,99	RB867515	0,92	9,98
RB006629	9,39	RB005041	0,92	9,96	RB005041	0,92	9,95
RB005294	9,23	RB006629	0,91	9,87	RB006629	0,91	9,86
RB867515*	9,03	RB005294	0,90	9,74	RB005294	0,90	9,73
RB006657	8,94	RB006657	0,87	9,42	RB006657	0,87	9,42

*Testemunhas nos experimentos; MGHV: Média harmônica dos valores genotípicos, PRVG: Performance relativa dos valores genotípicos, MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos, μ : Média geral.

Para NCM os cinco clones com maiores valores de estabilidade (MHGV) foram RB005565, RB005151, RB005182, RB005014 e RB006609. Os mesmos clones também apresentaram os maiores valores de adaptabilidade (PRVG), e pelos três critérios produtividade, estabilidade e adaptabilidade (MHPRVG), no caso das testemunhas RB867515 e RB72454 o desempenho de ambas foi abaixo do mostrado pelos clones anteriormente mencionados enquanto a estabilidade (MHGV), adaptabilidade (PRVG) e considerando a seleção simultânea (MHPRVG) (Tabela 5).

TABELA 6 - ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA A MASSA MÉDIA DE UM COLMO (MMC) PREDITOS PARA OS 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00).

CLONE	MHVG	CLONE	PRVG	PRVG* μ	CLONE	MHPRVG	MHPRVG* μ
RB006655	1,55	RB006655	1,14	1,68	RB006655	1,13	1,67
RB005017	1,50	RB005017	1,11	1,64	RB005017	1,11	1,64
RB006629	1,44	RB867515	1,10	1,62	RB867515	1,10	1,62
RB005041	1,44	RB005041	1,07	1,58	RB006629	1,07	1,57
RB005294	1,43	RB006629	1,07	1,57	RB005041	1,07	1,57
RB005598	1,42	RB005294	1,06	1,56	RB005294	1,06	1,56
RB005098	1,41	RB005598	1,05	1,55	RB005098	1,05	1,55
RB867515*	1,40	RB005098	1,04	1,53	RB005098	1,03	1,53
RB006607	1,39	RB006607	1,03	1,51	RB006607	1,03	1,51
RB006656	1,38	RB006656	1,02	1,51	RB006656	1,02	1,51
RB005014	1,38	RB005014	1,02	1,50	RB005014	1,02	1,50
RB006638	1,37	RB006634	1,01	1,50	RB006638	1,01	1,49
RB006657	1,37	RB006638	1,01	1,49	RB006634	1,01	1,49
RB006610	1,36	RB006657	1,01	1,49	RB006657	1,00	1,48
RB006634	1,34	RB006610	1,00	1,48	RB006610	1,00	1,47
RB005565	1,34	RB005565	0,99	1,46	RB005565	0,99	1,45
RB005205	1,33	RB005205	0,98	1,44	RB005205	0,97	1,44
RB006624	1,32	RB006624	0,96	1,42	RB006624	0,96	1,42
RB006676	1,28	RB006676	0,95	1,40	RB006676	0,95	1,40
RB005003	1,26	RB005003	0,95	1,40	RB005003	0,94	1,39
RB005151	1,25	RB005151	0,93	1,38	RB005151	0,93	1,37
RB005482	1,25	RB72454	0,93	1,37	RB72454	0,93	1,37
RB72454*	1,25	RB005482	0,93	1,37	RB005482	0,93	1,37
RB005182	1,23	RB005182	0,90	1,33	RB005182	0,90	1,33
RB006609	1,21	RB006609	0,90	1,33	RB006609	0,90	1,33
RB005206	1,16	RB005206	0,86	1,27	RB005206	0,86	1,27

*Testemunhas nos experimentos; MGHV: Média harmônica dos valores genotípicos, PRVG: Performance relativa dos valores genotípicos, MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos, μ : Média geral.

Para MMC destacam-se os clones RB006655, RB005017, RB006629, RB005041 e RB005294 com os maiores valores de estabilidade (MHVG). Para a adaptabilidade (PRVG) os melhores clones foram RB006655, RB005017, RB867515, RB005041 e RB006629. Já levando em consideração os três critérios (MHPRVG), os melhores clones foram RB006655, RB005017, RB867515, RB006629, RB005041 mudando apenas o ordenamento (Tabela 6). É possível observar o bom desempenho da variedade RB867515 sendo uma característica importante desta já observada no campo tanto em experimentação como em área comercial, a RB72454 apresentou, no entanto, um desempenho abaixo dos clones promissores e da média geral (Tabela 6).

TABELA 7 - ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA A TONELADA DE COLMOS POR HECTARE (TCH) PREDITOS PARA OS 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00).

CLONE	MHVG	CLONE	PRVG	PRVG* μ	CLONE	MHPRVG	MHPRVG* μ
RB005565	108,75	RB005565	1,11	126,97	RB005565	1,10	126,49
RB005098	106,48	RB005098	1,09	125,07	RB005098	1,09	124,90
RB006655	106,03	RB006655	1,09	124,85	RB006655	1,08	124,41
RB005014	105,10	RB005014	1,07	123,28	RB005014	1,07	122,91
RB006656	103,30	RB006656	1,06	121,58	RB006656	1,06	121,45
RB005017	102,90	RB005017	1,05	120,81	RB005017	1,05	120,79
RB005598	100,47	RB005598	1,03	118,81	RB005598	1,03	118,62
RB005151	100,24	RB005151	1,03	118,22	RB005151	1,03	118,13
RB006607	99,46	RB006607	1,02	117,45	RB006607	1,02	117,06
RB006676	97,96	RB006676	1,01	116,09	RB006676	1,01	115,89
RB006624	97,36	RB006624	1,01	115,55	RB006624	1,00	115,42
RB005041	97,30	RB005041	1,00	115,04	RB005041	1,00	114,94
RB006634	96,52	RB006634	1,00	114,92	RB006634	1,00	114,60
RB005205	96,01	RB005205	0,99	114,05	RB005205	0,99	114,01
RB005182	95,57	RB005182	0,98	112,76	RB005182	0,98	112,64
RB006629	95,02	RB006629	0,98	112,63	RB006629	0,98	112,51
RB006609	94,80	RB006609	0,98	112,58	RB006609	0,98	112,49
RB006638	93,51	RB006638	0,97	111,70	RB006638	0,97	111,60
RB006610	93,42	RB006610	0,96	110,22	RB006610	0,96	110,10
RB005482	93,14	RB005482	0,96	110,18	RB005482	0,96	110,05
RB005294	92,76	RB005294	0,96	109,71	RB005294	0,95	109,54
RB72454*	90,84	RB72454	0,95	109,60	RB72454	0,95	109,54
RB005003	90,67	RB005003	0,94	107,99	RB005003	0,94	107,62
RB005206	90,22	RB005206	0,93	107,07	RB005206	0,93	106,91
RB867515*	90,20	RB867515	0,92	105,57	RB867515	0,92	105,53
RB006657	87,46	RB006657	0,90	103,25	RB006657	0,90	103,17

*Testemunhas nos experimentos; MGHV: Média harmônica dos valores genotípicos, PRVG: Performance relativa dos valores genotípicos, MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos, μ : Média geral.

Para TCH destacam-se os clones RB005565, RB005098, RB006655, RB005014, RB006656 com maiores valores de estabilidade (MHVG), esses mesmos clones também são os melhores quando se considera adaptabilidade (PRVG), sendo também estes mesmos os melhores quando se consideram os três critérios simultaneamente (MHPRVG), esses clones apresentaram uma superioridade média de 6% a 10% sobre a média geral. Considerando TCH o clone RB005565 apresentou superioridade média no desempenho sobre as testemunhas de 15% sobre a RB72454 e 18% sobre a RB00867515 (Tabela 7).

TABELA 8 - ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA O TEOR DE SACAROSE APARENTE (PC) PREDITOS PARA OS 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00).

CLONE	MHVG	CLONE	PRVG	PRVG* μ	CLONE	MHPRVG	MHPRVG* μ
RB006629	14,15	RB006629	1,04	14,49	RB006629	1,04	14,48
RB005017	13,93	RB005017	1,03	14,23	RB005017	1,03	14,22
RB005041	13,85	RB005003	1,02	14,19	RB005041	1,02	14,17
RB006657	13,84	RB005041	1,02	14,18	RB005003	1,02	14,17
RB005206	13,83	RB006657	1,02	14,16	RB006657	1,02	14,15
RB005003	13,83	RB005206	1,02	14,15	RB005206	1,02	14,14
RB005151	13,79	RB005151	1,02	14,10	RB005151	1,02	14,09
RB005482	13,79	RB005482	1,02	14,09	RB005482	1,02	14,08
RB006610	13,77	RB006610	1,01	14,07	RB006610	1,01	14,07
RB006607	13,74	RB006607	1,01	14,06	RB006607	1,01	14,06
RB005294	13,72	RB005294	1,01	14,04	RB005294	1,01	14,03
RB005014	13,67	RB005014	1,01	14,00	RB005014	1,01	13,98
RB005205	13,67	RB005205	1,01	13,97	RB005205	1,01	13,96
RB006655	13,65	RB006655	1,01	13,97	RB006655	1,01	13,96
RB006609	13,62	RB006609	1,00	13,93	RB006609	1,00	13,93
RB005182	13,57	RB005182	1,00	13,87	RB005182	1,00	13,87
RB006634	13,55	RB006634	1,00	13,87	RB006634	1,00	13,86
RB006624	13,47	RB006624	0,99	13,78	RB006624	0,99	13,78
RB006676	13,40	RB006676	0,99	13,77	RB006676	0,99	13,74
RB005098	13,38	RB005098	0,99	13,68	RB005098	0,99	13,67
RB867515*	13,33	RB006638	0,98	13,60	RB006638	0,98	13,60
RB006638	13,28	RB005598	0,98	13,54	RB005598	0,98	13,53
RB005598	13,26	RB867515	0,97	13,40	RB867515	0,97	13,39
RB005565	12,73	RB72454	0,96	13,35	RB72454	0,96	13,35
RB006656	12,69	RB006656	0,94	13,00	RB006656	0,94	13,00
RB72454*	12,59	RB005565	0,94	13,00	RB005565	0,94	12,97

*Testemunhas nos experimentos; MGHV: Média harmônica dos valores genotípicos, PRVG: Performance relativa dos valores genotípicos, MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos, μ : Média geral.

Para PC os cinco clones mais estáveis foram RB006629, RB005017, RB005041, RB006657 e RB005206. Os cinco mais adaptáveis foram RB006629, RB005017, RB005003, RB005041 e RB006657. Considerando a produtividade, estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG) os melhores clones foram RB006629, RB005017, RB005041, RB005003 e RB006657. Os cinco melhores clones para PC considerando MHPRVG apresentaram superioridade média de 2% a 4% sobre a média geral. Destes destaca-se o RB006629 o qual apresentou uma superioridade média sobre as testemunhas de 6% sobre RB867515 e 10% sobre RB72454 (Tabela 8).

TABELA 9 - ESTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHVG); ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (PRVG E PRVG* μ); ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE VALORES GENOTÍPICOS (MHPRVG E MHPRVG* μ) PARA A TONELADA DE SACAROSE POR HECTARE (TPH) PREDITOS PARA OS 24 CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR (SÉRIE RB00).

CLONE	MHVG	CLONE	PRVG	PRVG* μ	CLONE	MHPRVG	MHPRVG* μ
RB005014	14,09	RB006655	1,07	16,79	RB006655	1,07	16,76
RB006655	14,03	RB005017	1,06	16,61	RB005017	1,06	16,61
RB005017	13,95	RB005014	1,06	16,59	RB005014	1,05	16,53
RB005098	13,90	RB005098	1,05	16,53	RB005098	1,05	16,48
RB005151	13,67	RB005151	1,04	16,26	RB005151	1,04	16,24
RB006607	13,56	RB006607	1,03	16,14	RB006607	1,03	16,09
RB005565	13,51	RB006629	1,02	16,07	RB006629	1,02	16,06
RB006629	13,45	RB005565	1,02	16,07	RB005565	1,02	16,06
RB005041	13,37	RB005041	1,02	15,97	RB005041	1,02	15,96
RB005598	13,19	RB005598	1,01	15,80	RB005598	1,01	15,77
RB005205	13,14	RB006676	1,00	15,74	RB006676	1,00	15,72
RB006676	13,14	RB006656	1,00	15,64	RB006656	1,00	15,62
RB006624	13,09	RB006634	0,99	15,60	RB005182	0,99	15,57
RB006656	13,07	RB005182	0,99	15,58	RB006634	0,99	15,56
RB005182	13,03	RB006624	0,99	15,54	RB006624	0,99	15,54
RB006634	12,98	RB005205	0,99	15,54	RB005205	0,99	15,52
RB005482	12,97	RB005482	0,98	15,44	RB867515	0,98	15,42
RB006610	12,89	RB867515	0,98	15,43	RB005482	0,98	15,42
RB006609	12,86	RB006610	0,98	15,39	RB006610	0,98	15,37
RB005294	12,85	RB006609	0,98	15,37	RB006609	0,98	15,35
RB005003	12,58	RB005294	0,98	15,33	RB005294	0,98	15,32
RB005206	12,56	RB005003	0,96	15,10	RB005003	0,96	15,07
RB006638	12,55	RB005206	0,96	15,05	RB005206	0,96	15,02
RB006657	12,30	RB006638	0,95	14,98	RB006638	0,95	14,97
RB72454*	11,95	RB006657	0,94	14,67	RB006657	0,94	14,67
RB867515*	11,90	RB72454	0,92	14,49	RB72454	0,92	14,49

*Testemunhas nos experimentos; MGHV: Média harmônica dos valores genotípicos, PRVG: Performance relativa dos valores genotípicos, MHPRVG: Média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos, μ : Média geral.

Para TPH os cinco clones com maior estabilidade (MHVG) foram RB005014, RB006655, RB005017, RB005098, e RB005151, com maior adaptabilidade foram os clones RB006655, RB005017, RB005014, RB005098, RB005151, levando em consideração a seleção simultânea com base na produtividade, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), os mesmos clones ficaram entre os cinco primeiros, havendo mudança apenas no ordenamento (Tabela 9).

Os cinco clones de melhor desempenho para TPH nos métodos MHPRVG e da análise dos valores genótipos considerando a interação genótipo \times ambiente media ($\mu+g+g_{am}$) foram os mesmos. Esses clones apresentaram uma superioridade média de 4%

a 7% sobre a média geral dos seis locais. O clone RB006655, primeiro colocado no método das MHPRVG, apresentou desempenho ao menos 13% superior que as testemunhas para o caráter TPH (Tabela 9).

O uso dos valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), permite a seleção simultânea para produtividade e estabilidade, considerando a instabilidade dentro dos locais; entretanto os valores de PRVG e MHPRVG manifestam a superioridade média de um genótipo em relação à média do ambiente onde este for cultivado, os valores de MHPRVG $\cdot\mu$ proporcionam o valor genotípico médio dos clones nos ambientes avaliados, capitalizando a adaptabilidade e penalizando a instabilidade (RESENDE 2007a). Diante disto os genótipos de melhor desempenho pelo método da média harmônica podem ser usados para plantio em qualquer local com variados padrões de interação genótipo \times ambiente, já que além de ser mais produtivos são altamente estáveis e amplamente adaptáveis.

Os clones RB006655, RB005014 e RB005098 apresentaram altos valores de MHPRVG para TCH e conseqüentemente para TPH, ou seja, são materiais com elevada produção de biomassa, estes clones estão sendo cultivados em áreas de plantio pre-comercial, o RB006655 está ganhando área no plantio pre-comercial no estado do Paraná, entretanto o RB005014 e o RB005098 no estado de São Paulo.

Silveira, (2011), recomenda a seleção de genótipos de cana-de-açúcar com base na produtividade e adaptabilidade geral levando em consideração além de TPH também as outras características, assim a seleção de clones com valores equilibrados entre TCH e PC, ou seja, com alta produção de biomassa mas também ricos em sacarose, podem contribuir a melhorar a relação custo/benefício de produção, como é o caso dos clones RB005017 e RB005151, entretanto aqueles clones que não apresentem um desempenho equilibrado mas apresentem desempenho bom para uma característica determinada podem ser usados como genitores em novos cruzamentos, como é o caso do RB006629 o qual é um clone rico em sacarose.

Diante dos resultados verificou-se que os clones de melhor desempenho para as principais características de produção foram todos superiores em relação as testemunhas. Se considerar outros caracteres agrônômicos importantes tais como comportamento em relação as principais doenças, florescimento, colheita mecanizada, estes clones têm potencial de se tornar novas variedades para o plantio comercial de cana-de-açúcar.

5. CONCLUSÕES

Foi constatada a existência de interação genótipo \times ambiente para todas as características avaliadas.

Os cinco clones promissores para se tornar novas variedades de cana-de-açúcar são RB006655, RB005017, RB005014, RB005098 e RB005151, já que estes apresentaram elevadas produtividades, uma alta estabilidade e ampla adaptabilidade.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503, 1964. Crop Science Society of America.
- BARBOSA, M. H. P.; FERREIRA, A.; PEIXOTO, L. A.; et al. Selection of sugar cane families by using BLUP and multi-diverse analyses for planting in the Brazilian savannah. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 1, p. 1619–1626, 2014.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. DE; BRESSIANI, J. A.; DA SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by Reml/Blup. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 443–450, 2005.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. DE; DIAS, S.; et al. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy : the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, p. 87–98, 2012.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. DE; PETERNELLI, L. A.; et al. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 218–226, 2004.
- BASTOS, I. T. **Seleção, adaptabilidade e estabilidade genotípica na seleção de clones de cana- de-açúcar utilizando modelos mistos**, 2005. Universidade Federal de Viçosa.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V. DE; et al. Avaliação Da Interação Genótipo X Ambiente Em Cana-De-Açúcar Via Modelos Mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 4, p. 195–203, 2007.
- BERDING, N.; HOGARTH, M.; COX, M. Plant Improvement of Sugarcane. **Sugarcane**. p.20–53, 2004. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6^o ed. Viçosa MG, 2013.
- BRASILEIRO, B. P.; MENDES, T. O. DE P.; PETERNELLI, L. A.; et al. Simulated individual best linear unbiased prediction versus mass selection in sugarcane families. **Crop Science**, v. 56, n. 2, p. 570–575, 2016a.
- BRASILEIRO, B. P.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; BARBOSA, M. H. P. Importance of agronomic traits in the individual selection process in sugarcane determined using the logistic regression. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 3, p. 289, 2016b.
- CARNEIRO, P. C. S. **Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento**, 1988. UFV.
- CHANG, Y. S.; MILLIGAN, S. B. Estimating the potential of sugarcane families to produce elite genotypes using bivariate prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 84, n. 5–6, p. 633–639, 1992.

COMSTOCK, R. E.; MOLL, R. H. Genotype-Environment Interactions. In: W. D. Hanson; H. F. Robinson (Orgs.); **Statistical Genetics and Plant Breeding**. p.164–196, 1963. Washington, DC.

CROSSA, J. From genotype \times environment interaction to gene \times environment interaction. **Current genomics**, v. 13, n. 3, p. 225–44, 2012. Bentham Science Publishers.

CROSSA, J.; VARGAS, M.; JOSHI, A. K. Linear, bilinear, and linear-bilinear fixed and mixed models for analyzing genotype \times environment interaction in plant breeding and agronomy. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 90, n. 5, p. 561–574, 2010.

CROSSA, J.; YANG, R.-C.; CORNELIUS, P. L. Studying crossover genotype \times environment interaction using linear-bilinear models and mixed models. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 9, n. 3, p. 362–380, 2004. Springer-Verlag.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, C.; REGAZZI, J. A. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3^o ed. Viçosa, MG: UFV, 2014.

D'HONT, A.; SOUZA, G. M.; MENOSSI, M.; et al. Sugarcane: A Major Source of Sweetness, Alcohol, and Bio-energy. In: P. H. Moore; R. Ming (Orgs.); **Genomics of Tropical Crop Plants**. p.483–513, 2008. New York, NY: Springer New York.

DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and Evolution. **Sugarcane Improvement through Breeding**. v. 11, p.7–84, 1980. Elsevier B.V.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Interação Genótipos x ambientes - Uma introdução à análise "AMMI". **Sociedade Brasileira de Genética**, v. Série Mono, n. 9, p. 60, 1999.
EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability Parameters for Comparing Varieties. **Crop Science**, v. 6, n. 3, p. 36–40, 1966.

ELIAS, A. A.; ROBBINS, K. R.; DOERGE, R. W.; TUINSTRA, M. R. Half a century of studying genotype \times Environment interactions in plant breeding experiments. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2090–2105, 2016.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant-breeding program. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 14, n. 1958, p. 742–754, 1963.

GAUCH, H. G. Model Selection and Validation for Yield Trials with Interaction. **Biometrics**, v. 44, n. 3, p. 705, 1988.

GAUCH, R. ; ZOBEL, W. AMMI Analysis of Yield Trials. **Genotype-by-Environment Interaction**. p.85–122, 1996. CRC Press.

HEINZ, D. J. Sugarcane Improvement through Breeding Edited by. **Developments in Crop Science**. v. 11, p.603, 1987.

HEINZ, D. J.; TEW, T. L. Hybridization Procedures. **Sugarcane Improvement**

through Breeding. v. 11, p.313–342, 1987.

JAMES, G. L. An Introduction to Sugarcane. **Sugarcane.** p.1–19, 2004. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd.

KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early Generation Selection of Sugarcane Families and Clones in Australia: A Review. **Journal american society of sugarcane technologist,** v. 3, 2003.

LAKSHMANAN, P.; GEIJSKES, R. J.; AITKEN, K. S.; et al. INVITED REVIEW : **Society for In Vitro Biology,** , n. August, p. 345–363, 2005.

LANDELL, M. G. DE A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: L. L. Dinardo-Miranda; A. C. M. Vasconcelos; M. G. de A. Landell (Orgs.); **Cana-de-açúcar.** p.101–155, 2008. Campinas, SP.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A Superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science,** v. 68, n. 1, p. 193–198, 1988. NRC Research Press Ottawa, Canada.

MALOSETTI, M.; RIBAUT, J. M.; VAN EEUWIJK, F. A. The statistical analysis of multi-environment data: Modeling genotype-by-environment interaction and its genetic basis. **Frontiers in Physiology,** v. 4 MAR, n. March, p. 1–17, 2013.

MATSUOKA, S.; FERRO, J.; ARRUDA, P. The Brazilian Experience of Sugarcane Ethanol Industry. **Biofuels.** p.157–172, 2011. New York, NY: Springer New York.

MATSUOKA, S.; FRANCO GARCIA, A. A.; ARIZONO, H. Melhoramento da Cana-de-açúcar. In: A. Borém (Org.); **Melhoramento de espécies cultivadas.** 2^o ed, p.225–274, 2005. Viçosa: UFV.

MENDES DE PAULA, T. O.; MARINHO, C. D.; SOUZA, V.; et al. Relationships between methods of variety adaptability and stability in sugarcane. **Genetics and Molecular Research,** v. 13, n. 2, p. 4216–4225, 2014.

MING, R.; MOORE, P. H.; WU, K.; TEW, T. L.; SCHNELL, R. J. **Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology.** 2006.

MOHAMMADI, R.; HAGHPARAST, R.; AGHAEI, M.; ROSTAEI, M.; POURDAD, S. S. Biplot analysis of multi-environment trials for identification of winter wheat mega-environment in Iran. **World Journal of Agricultural Sciences,** v. 3, n. 4, p. 475–480, 2007.

MOORE, P. H.; BOTHA, F. C. (ORGS.). **Sugarcane: Physiology, Biochemistry, and Functional Biology.** Chichester, UK: John Wiley & Sons Ltd, 2013.

MOORE, P. H.; MING, R. Sugarcane Breeding and Biotechnology to Feed the Emergent Sugarcane Biorefinery Industry. **Tropical Plant Biology,** v. 4, n. 1, p. 1–2, 2011.

MOORE, P. H.; PATERSON, A. H.; TEW, T. Sugarcane: The Crop, the Plant, and Domestication. **Sugarcane: Physiology, Biochemistry, and Functional Biology**. p. 1–17, 2013. Chichester, UK: John Wiley & Sons Ltd.

MORAIS, L., K.; CURSI, D., E.; SANTOS, J. M.; et al. Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar. , p. 7–31, 2015.

OLIVEIRA, R. A. DE; DEON, M.; RESENDE, V. DE; et al. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1988, p. 426–434, 2005.

PIEPHO, H.-P. Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) for regional yield trials: a comparison to additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, n. 5, p. 647–654, 1994. Springer-Verlag.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1–2, p. 209–228, 2008.

RAIZER, J. A.; VENCOVSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o estado de São Paulo. **Pesq. agropec. bras**, v. 34, p. 2241–2246, 1999.

RAMOS, R. S.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; et al. Selection of energy cane clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 4, p. 327–333, 2017.

RESENDE, M. D. V. DE. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. 1º ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, M. D. V. DE. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. **Documentos (Embrapa)**, v. 100, p. 57, 2004.

RESENDE, M. D. V. DE. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. 2007a.

RESENDE, M. D. V. DE. **SELEGEN-REML/BLUP - Sistema Estatístico e Seleção Genética Computarizada via Modelos Lineares Mistos**. 1º ed. Colombo, PR: Embrapa, 2007b.

RESENDE, M. D. V. DE. **Genética Quantitativa e de Populações**. Viçosa, MG: UFV, 2015.

RESENDE, M. D. V. DE. Software Selegen-REML / BLUP : a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. September, p. 330–339, 2016.

RESENDE, M. D. V. DE; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 3, p. 421–429, 2006.

RESENDE, M. D. V. DE; DUARTE, J. B. Precisão E Controle De Qualidade Em Experimentos De Avaliação De Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical (Agricultural Research in the Tropics)**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; THOMPSON, R. Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 22, n. 2, p. 31–52, 2004.

SILVA, K. B.; BRUZI, A. T.; ZUFFO, A. M.; et al. Adaptability and phenotypic stability of soybean cultivars for grain yield and oil content. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, p. 1–11, 2016.

SILVEIRA, L. C. I. DA. **Adaptabilidade e Estabilidade de clones de Cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais**, 2011. Univerisidade Federal de Viçosa.

SILVEIRA, L. C. I. DA; KIST, V.; DE PAULA, T. O. M.; et al. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Minas Gerais. **Ciência Rural**, 2012.

SKINNER, J. C.; HOGARTH, D. M.; WU, K. K. Selection methods, criteria, and indices. **Developments in Crop Science**, v. 11, n. C, p. 409–453, 1987.

SREENIVASAN, T. V.; AHLOOWALIA, B. S.; HEINZ, D. J. Cytogenetics. **Sugarcane Improvement through Breeding**, 1956.

STRINGER, J. K. **Evaluation of methods of estimating breeding value of sugarcane parental clones : SRDC final project report BS75S**. 1996.

STRINGER, J. K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X.; HOGARTH, D. M. Family Selection Improves the Efficiency and Effectiveness of Selecting Original Seedlings and Parents. **Sugar Tech**, v. 13, n. 1, p. 36–41, 2011.

TEW, T. L.; COBILL, R. M. Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum* spp.) as an Energy Crop. **Genetic Improvement of Bioenergy Crops**. p.273–294, 2008. New York, NY:

THOMPSON, R.; BROTHERSTONE, S.; WHITE, I. M. S. Estimation of quantitative genetic parameters. **Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences**, v. 360, n. 1459, p. 1469–77, 2005.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: E. Paterniani; G. P. Viégas (Orgs.); **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. 2º ed, p.122–201, 1987. Campinas, SP: Fundação Cargill.

VERÍSSIMO, G. S. B. DE; CRUZ, M. M. DE; SOARES, L.; ROCHA, A. M. C.; RIBEIRO, C. A. G. A brief report on sugarcane breeding program in Alagoas, Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, p. 4, 2002.

VERISSIMO, M. A. A.; ANJOS, S. D. DOS; SILVA; et al. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no rio Grande do Sul. **Pesquisa**

Agropecuaria Brasileira, v. 47, n. 4, p. 561–568, 2012.

ZENI-NETO, H.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; et al. Selection of families and parents of sugarcane (*Saccharum spp.*) through mixed models by joint analysis of two harvests. , p. 391–408, 2013.

ZENI-NETO, H.; OLIVEIRA, R. A. DE; DAROS, E.; et al. SELEÇÃO PARA PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM TRÊS AMBIENTES NO ESTADO DO PARANÁ VIA MODELOS MISTOS. **Scientia Agraria**, v. 10, p. 191–198, 2009.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical Analysis of a Yield Trial. **Agronomy Journal**, v. 80, n. 3, p. 388, 1988. American Society of Agronomy.

**APÊNDICE 1 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS
CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA
LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+gam$), E
ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA NCM AVALIADA EM 24
CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515,
RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO
ESTADO DO PARANÁ.**

CLONE	LOCAL 1 (NP)		LOCAL 2 (IVAÍ)		LOCAL 3 (NP)		LOCAL 4 (AA)		LOCAL 5 (STA)		LOCAL 6 (GOI)		AMBIENTE MÉDIO	
	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+gam$	R
RB006607	7,40	22	14,28	10	10,33	11	12,00	8	9,30	12	10,14	20	10,80	13
RB006676	8,98	6	14,54	7	10,62	7	12,02	6	9,59	8	11,20	9	11,38	8
RB005003	8,05	13	13,84	13	9,73	20	10,78	20	9,14	14	10,22	17	10,52	17
RB006610	7,53	20	13,65	17	9,77	18	11,48	12	8,54	20	10,40	15	10,45	19
RB006629	7,46	21	12,75	24	8,95	25	10,52	22	8,49	23	97,95	24	9,89	24
RB005151	9,28	2	14,72	5	10,99	3	12,80	5	10,03	4	12,03	2	11,87	2
RB006656	8,27	12	14,58	6	10,83	5	12,85	4	9,83	5	11,31	7	11,50	6
RB006624	8,68	7	14,53	8	10,29	14	11,51	11	9,45	10	11,22	8	11,17	10
RB006638	7,89	16	13,17	21	9,63	21	11,32	14	8,66	18	9,82	22	10,31	21
RB005182	9,10	4	14,85	4	10,30	12	12,94	3	10,45	2	11,65	5	11,77	3
RB005014	9,09	5	15,53	1	11,50	1	11,24	17	9,77	6	11,10	10	11,60	5
RB005206	9,35	1	14,24	11	10,48	9	11,92	9	9,58	9	11,35	6	11,38	9
RB005017	7,66	19	13,41	19	9,53	22	11,34	13	9,00	16	10,21	18	10,42	20
RB005565	9,20	3	15,10	3	11,07	2	13,68	1	11,09	1	12,16	1	12,28	1
RB005205	8,63	8	13,78	14	10,30	13	12,02	7	9,19	13	10,66	13	10,99	11
RB005041	7,39	23	12,94	23	9,11	24	10,59	21	8,53	21	10,01	21	9,99	23
RB006655	8,39	11	14,37	9	9,81	17	11,23	18	8,49	22	10,67	12	10,72	15
RB005294	7,10	25	13,04	22	9,16	23	10,08	25	8,20	24	9,81	23	9,79	25
RB867515*	7,33	24	NA	NA	9,82	16	10,43	23	8,60	19	9,67	25	10,07	22
RB006634	7,98	15	13,19	20	9,74	19	11,29	16	9,06	15	10,19	19	10,47	18
RB005482	7,88	17	14,14	12	10,39	10	11,02	19	9,62	7	10,62	14	10,83	12
RB005098	8,59	9	13,62	18	10,71	6	13,01	2	9,37	11	11,67	4	11,39	7
RB006609	8,01	14	15,21	2	10,86	4	11,91	10	10,38	3	11,89	3	11,60	4
RB006657	6,76	26	12,24	25	88,45	26	10,23	24	8,09	25	9,33	26	9,48	26
RB72454*	7,67	18	13,78	15	10,60	8	NA	NA	NA	NA	10,39	16	10,74	14
RB005598	8,39	10	13,76	16	9,85	15	11,30	15	8,94	17	10,68	11	10,71	16
MÉDIA GERAL	8,16		13,94		10,12		11,58		9,25		10,7		10,85	

*Testemunhas nos experimentos.

**APÊNDICE 2 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS
CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA
LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+gam$), E
ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA MMC AVALIADA EM 24
CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515,
RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO
ESTADO DO PARANÁ.**

CLONE	LOCAL 1 (NP)		LOCAL 2 (IVAÍ)		LOCAL 3 (SAB)		LOCAL 4 (AA)		LOCAL 5 (STA)		LOCAL 6 (GOI)		AMBIENTE MÉDIO	
	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+ga$	R	$u+g+gam$	R
RB006607	1,68	14	2,02	8	0,97	7	1,81	9	1,21	6	1,23	18	1,51	11
RB006676	1,67	15	1,82	20	0,86	19	1,76	13	1,06	21	1,14	23	1,41	20
RB005003	1,71	12	1,93	16	0,82	25	1,53	22	0,97	23	1,34	11	1,41	19
RB006610	1,72	10	1,93	15	0,93	15	1,55	21	1,13	14	1,42	4	1,47	15
RB006629	1,78	5	2,15	5	0,95	10	1,86	6	1,20	9	1,40	5	1,58	5
RB005151	1,59	19	1,92	18	0,86	20	1,67	16	1,07	19	1,06	26	1,39	21
RB006656	1,80	4	1,92	17	0,95	11	1,80	10	1,08	17	1,38	7	1,51	10
RB006624	1,50	24	1,80	21	0,94	13	1,71	15	1,16	11	1,20	19	1,41	18
RB006638	1,75	7	1,99	11	0,92	17	1,65	17	1,20	8	1,30	12	1,49	13
RB005182	1,44	26	1,75	23	0,85	22	1,50	25	1,03	22	1,24	17	1,32	25
RB005014	1,71	13	1,94	14	0,97	8	1,82	8	1,08	18	1,34	10	1,50	12
RB005206	1,45	25	1,78	22	0,74	26	1,51	24	0,95	25	1,15	22	1,29	26
RB005017	1,89	2	2,16	3	1,04	2	1,85	7	1,25	4	1,44	2	1,63	2
RB005565	1,66	17	1,87	19	0,92	16	1,62	19	1,22	5	1,25	15	1,45	16
RB005205	1,54	22	2,01	9	0,94	14	1,52	23	1,10	15	1,36	8	1,44	17
RB005041	1,74	9	2,17	2	0,94	12	1,92	5	1,28	2	1,29	13	1,58	4
RB006655	1,92	1	2,10	6	1,08	1	1,98	2	1,28	3	1,48	1	1,66	1
RB005294	1,78	6	2,00	10	1,03	3	2,01	1	1,14	12	1,27	14	1,56	6
RB867515*	1,72	11	NA	NA	1,02	4	1,94	3	1,30	1	1,39	6	1,60	3
RB006634	1,74	8	2,16	4	0,91	18	1,94	4	1,07	20	1,15	21	1,52	9
RB005482	1,54	23	1,94	13	0,84	23	1,59	20	1,09	16	1,12	24	1,38	23
RB005098	1,55	21	2,05	7	0,99	5	1,73	14	1,21	7	1,43	3	1,52	8
RB006609	1,63	18	1,74	24	0,82	24	1,62	18	0,97	24	1,11	25	1,34	24
RB006657	1,57	20	1,98	12	0,96	9	1,79	11	1,18	10	1,25	16	1,48	14
RB72454*	1,66	16	1,73	25	0,85	21	NA	NA	NA	NA	1,18	20	1,38	22
RB005598	1,82	3	2,20	1	0,97	6	1,76	12	1,13	13	1,35	9	1,56	7
MÉDIA GERAL	1,68		1,97		0,92		1,73		1,13		1,28		1,48	

*Testemunhas nos experimentos.

**APÊNDICE 3 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS
CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA
LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+gam$), E
ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA TCH AVALIADA EM 24
CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515,
RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO
ESTADO DO PARANÁ.**

CLONE	LOCAL 1 (NP)		LOCAL 2 (IVAÍ)		LOCAL 3 (SAB)		LOCAL 4 (AA)		LOCAL 5 (STA)		LOCAL 6 (GOI)		AMBIENTE MÉDIO	
	u+g+ga	R	u+g+ga	R	u+g+ga	R	u+g+ga	R	u+g+ga	R	u+g+ga	R	u+g+gam	R
RB006607	91,04	22	203,60	4	70,41	6	144,6	5	79,87	5	92,646	20	117,80	9
RB006676	103,31	6	191,40	17	66,30	13	138,5	9	74,30	14	94,437	18	115,49	11
RB005003	97,72	13	192,76	16	59,54	24	117,6	25	66,27	25	96,532	14	109,17	23
RB006610	91,92	20	189,69	19	64,50	17	122,7	24	69,04	21	100,675	8	110,52	19
RB006629	98,01	11	193,39	13	61,60	23	131,0	14	73,49	17	97,099	13	113,20	15
RB005151	103,41	5	197,87	7	68,30	9	142,4	6	76,66	10	95,940	16	118,20	8
RB006656	100,23	9	197,71	8	71,73	5	148,3	2	77,17	8	106,321	4	121,02	5
RB006624	94,84	17	190,82	18	67,87	11	129,3	17	76,15	12	97,651	12	113,54	14
RB006638	97,89	12	186,01	22	62,53	21	127,2	19	73,08	18	90,571	22	110,33	20
RB005182	93,70	18	188,00	21	62,44	22	130,0	16	76,38	11	100,082	9	112,54	17
RB005014	107,66	2	212,62	1	78,07	1	131,9	12	76,78	9	103,242	5	122,49	4
RB005206	96,14	14	183,94	23	59,34	25	123,0	22	66,62	24	93,687	19	107,90	24
RB005017	102,10	7	201,28	5	69,79	8	139,8	8	81,18	2	102,540	6	120,23	6
RB005565	103,80	4	198,93	6	72,84	4	147,1	3	93,84	1	107,186	3	124,72	1
RB005205	95,75	15	192,86	15	67,54	12	123,4	21	72,07	19	99,213	10	112,58	16
RB005041	95,73	16	197,08	10	63,85	19	137,2	10	78,23	6	96,048	15	115,47	12
RB006655	112,98	1	211,26	2	72,97	3	141,1	7	77,35	7	107,760	2	124,67	2
RB005294	91,90	21	189,21	20	64,92	16	131,0	13	68,75	22	91,443	21	110,31	21
RB867515*	93,60	19	NA	NA	70,18	7	132,6	11	80,21	3	95,327	17	115,22	13
RB006634	100,85	8	197,62	9	65,07	15	145,2	4	72,03	20	90,465	23	115,98	10
RB005482	89,33	23	195,36	11	64,24	18	122,7	23	75,24	13	90,072	24	110,27	22
RB005098	98,58	10	194,69	12	75,29	2	151,1	1	80,12	4	115,063	1	123,25	3
RB006609	88,83	24	193,16	14	65,14	14	128,5	18	74,10	16	97,799	11	112,02	18
RB006657	82,93	26	177,10	25	59,33	26	123,7	20	68,74	23	87,670	26	104,01	26
RB72454 *	88,80	25	177,59	24	63,48	20	NA	NA	NA	NA	87,820	25	106,27	25
RB005598	107,14	3	207,50	3	68,24	10	130,8	15	74,20	15	102,110	7	119,11	7
MÉDIA GERAL	97,24		194,45		66,75		133,4		75,01		97,67		114,86	

*Testemunhas nos experimentos.

**APÊNDICE 4 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS
CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA
LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+gam$), E
ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA PC AVALIADA EM 24
CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515,
RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO
ESTADO DO PARANÁ.**

CLONE	LOCAL 1 (NP)		LOCAL 2 (IVAÍ)		LOCAL 3 (NP)		LOCAL 4 (AA)		LOCAL 5 (STA)		LOCAL 6 (GOI)		AMBIENTE MÉDIO	
	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+gam$	R
RB006607	12,85	10	12,27	17	12,58	6	14,17	7	15,48	10	15,99	7	14,06	10
RB006676	12,06	25	12,45	8	11,30	24	14,56	3	15,45	12	16,01	6	13,81	18
RB005003	12,40	19	12,43	9	12,45	8	14,06	13	16,51	1	16,42	1	14,21	2
RB006610	13,16	8	12,69	6	12,24	15	14,08	12	15,45	11	15,75	14	14,06	9
RB006629	13,16	7	12,38	12	12,94	2	15,09	1	16,09	3	16,26	2	14,49	1
RB005151	12,72	13	12,36	13	12,72	4	14,63	2	15,53	7	15,56	20	14,09	7
RB006656	12,25	24	11,50	25	10,88	26	13,30	24	14,44	23	14,77	24	13,02	25
RB006624	12,51	16	12,24	18	12,06	18	14,16	9	15,04	19	15,68	16	13,78	19
RB006638	12,62	15	12,15	19	11,51	23	13,84	19	14,72	22	15,85	11	13,62	21
RB005182	12,48	18	12,73	5	12,13	16	14,03	14	15,18	17	15,63	17	13,87	16
RB005014	12,79	11	11,78	23	13,05	1	13,71	22	15,62	5	16,04	5	14,00	12
RB005206	13,53	2	12,28	16	12,32	11	13,90	17	15,68	4	16,19	3	14,15	6
RB005017	13,18	6	13,15	1	12,53	7	14,16	10	15,35	14	15,83	12	14,20	3
RB005565	11,97	26	12,39	11	11,68	22	12,93	25	13,32	25	14,48	26	12,96	26
RB005205	13,19	5	11,93	22	12,81	3	13,91	16	15,50	9	15,41	21	13,96	14
RB005041	12,69	14	12,41	10	12,70	5	14,17	8	16,18	2	15,93	8	14,18	4
RB006655	12,97	9	12,64	7	11,76	20	14,52	4	15,52	8	15,38	22	13,97	13
RB005294	12,38	21	12,81	2	12,36	9	14,42	5	15,41	13	15,79	13	14,03	11
RB867515*	12,38	20	NA	NA	11,12	25	13,83	20	14,74	21	15,57	19	13,44	23
RB006634	13,20	4	12,09	21	12,08	17	13,89	18	15,24	16	15,69	15	13,87	17
RB005482	13,24	3	12,74	4	12,33	10	14,13	11	15,09	18	15,86	10	14,07	8
RB005098	12,50	17	12,11	20	12,25	14	13,64	23	14,93	20	15,59	18	13,68	20
RB006609	12,33	22	12,80	3	12,25	13	13,74	21	15,60	6	15,88	9	13,94	15
RB006657	13,62	1	12,31	15	12,27	12	14,29	6	15,35	15	16,06	4	14,15	5
RB72454*	12,29	23	11,76	24	11,72	21	NA	NA	NA	NA	15,18	23	13,43	24
RB005598	12,73	12	12,32	14	11,94	19	14,02	15	14,43	24	14,62	25	13,51	22
MÉDIA GERAL	12,74		12,34		12,15		14,03		15,26		15,67		13,87	

*Testemunhas nos experimentos.

**APÊNDICE 5 – ESTIMATIVAS DOS VALORES GENOTÍPICOS
CAPITALIZANDO A INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE, PARA CADA
LOCAL ($\mu+g+ga$), PARA O AMBIENTE MÉDIO ($\mu+g+ga_m$), E
ORDENAMENTO (R), PARA A CARACTERÍSTICA TPH AVALIADA EM 24
CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR E DUAS TESTEMUNHAS (RB867515,
RB72454), DURANTE TRÊS CICLOS DE CULTIVO EM SEIS LOCAIS NO
ESTADO DO PARANÁ.**

CLONE	LOCAL 1 (NP)		LOCAL 2 (IVAI)		LOCAL 3 (SAB)		LOCAL 4 (AA)		LOCAL 5 (STA)		LOCAL 6 (GOI)		AMBIENTE MÉDIO	
	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga$	R	$\mu+g+ga_m$	R
RB006607	11,72	23	24,86	5	8,65	3	20,27	3	11,96	1	14,63	21	16,15	6
RB006676	12,79	8	23,69	17	7,80	20	19,91	6	10,98	15	14,94	18	16,01	11
RB005003	12,34	14	23,92	14	7,48	24	16,92	25	10,26	24	15,64	8	15,78	22
RB006610	12,14	17	24,00	13	7,98	15	17,54	23	10,40	21	15,92	5	15,83	19
RB006629	12,90	7	24,21	10	7,97	16	19,42	10	11,52	5	15,74	6	16,12	7
RB005151	13,03	5	24,34	8	8,51	6	20,39	2	11,38	6	14,98	17	16,18	5
RB006656	12,27	16	23,20	21	7,89	18	19,76	7	10,75	17	15,57	9	15,96	13
RB006624	12,04	19	23,47	19	8,18	9	18,33	15	11,08	13	15,29	13	15,91	15
RB006638	12,41	12	22,80	23	7,47	25	17,74	20	10,63	18	14,41	23	15,74	24
RB005182	12,04	18	23,81	16	7,76	21	18,49	13	11,26	10	15,73	7	15,94	14
RB005014	13,41	3	25,23	4	9,55	1	18,21	17	11,21	11	15,94	3	16,23	4
RB005206	12,78	9	22,87	22	7,46	26	17,56	22	10,11	25	15,18	15	15,76	23
RB005017	13,17	4	25,65	2	8,57	4	19,64	8	11,79	3	15,94	4	16,32	2
RB005565	12,43	11	24,21	9	8,23	8	19,21	11	11,89	2	15,46	10	16,09	8
RB005205	12,50	10	23,41	20	8,40	7	17,52	24	10,78	16	15,37	12	15,85	18
RB005041	12,29	15	24,43	7	8,02	13	19,59	9	11,75	4	15,23	14	16,06	9
RB006655	14,17	1	26,06	1	8,56	5	19,99	5	11,08	12	16,22	2	16,39	1
RB005294	11,86	21	23,92	15	8,07	10	18,79	12	10,47	19	14,64	20	15,80	21
RB867515*	11,77	22	NA	NA	8,00	14	18,46	14	11,31	9	14,79	19	15,89	16
RB006634	12,90	6	24,10	12	7,88	19	20,11	4	10,39	22	14,23	25	15,99	12
RB005482	11,88	20	24,66	6	8,04	12	17,67	21	11,38	7	14,50	22	15,87	17
RB005098	12,38	13	23,55	18	8,83	2	20,44	1	11,32	8	17,28	1	16,26	3
RB006609	11,44	24	24,20	11	7,92	17	17,97	19	11,02	14	15,40	11	15,82	20
RB006657	11,30	26	22,16	24	7,54	23	18,01	18	10,38	23	14,39	24	15,71	25
RB72454*	11,41	25	21,81	25	7,71	22	NA	NA	NA	NA	13,96	26	15,69	26
RB005598	13,44	2	25,30	3	8,05	11	18,26	16	10,42	20	15,14	16	16,04	10
MÉDIA GERAL	12,42		23,99		8,1		18,78		10,99		15,25		15,98	

*Testemunhas nos experimentos