

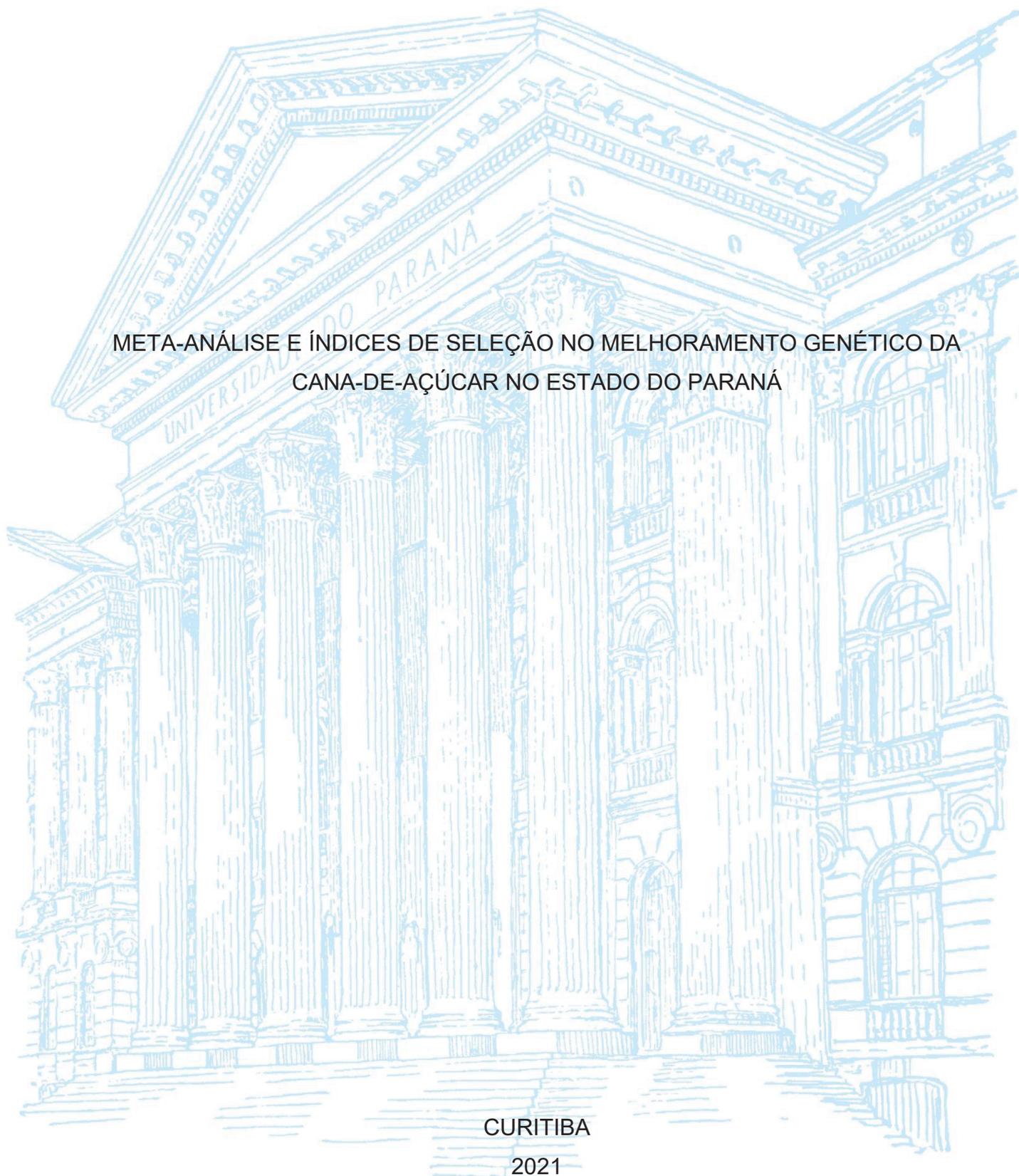
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

GUILHERME SOUZA BERTON

META-ANÁLISE E ÍNDICES DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA
CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ

CURITIBA

2021



GUILHERME SOUZA BERTON

META-ANÁLISE E ÍNDICES DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA
CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ

Tese apresentada ao curso de Pós-Graduação em
Produção Vegetal, Setor de Ciências Agrárias,
Universidade Federal do Paraná, como requisito
parcial à obtenção do título de Doutor em
Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira

Coorientador: Dr. Amaro Afonso Campos de
Azeredo

CURITIBA

2021

Berton, Guilherme Souza

Meta-análise e índices de seleção no melhoramento genético da cana-de-açúcar no estado do Paraná. - Curitiba, 2021.

79f. : il.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Paraná. Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira

Coorientador: Dr. Amaro Afonso Campos de Azeredo

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético - Paraná. 2. Cana-de-açúcar - Variedades. 3. Genética vegetal. I. Oliveira, Ricardo Augusto de. II. Azeredo, Amaro Afonso Campos de. III. Título. IV. Universidade Federal do Paraná.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
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 AGRONOMIA (PRODUÇÃO VEGETAL) da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da tese de Doutorado de **GUILHERME SOUZA BERTON** intitulada: **META-ANÁLISE E ÍNDICES DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ**, sob orientação do Prof. Dr. RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA, que após terem inquirido o aluno e realizada a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua APROVAÇÃO no rito de defesa.

A outorga do título de doutor 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, 16 de Dezembro de 2021.

Assinatura Eletrônica

16/12/2021 13:53:38.0

RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA
Presidente da Banca Examinadora

Assinatura Eletrônica

16/12/2021 20:44:24.0

GERALDO VERISSIMO DE SOUZA BARBOSA
Avaliador Externo (UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS)

Assinatura Eletrônica

16/12/2021 14:15:01.0

JOÃO CARLOS BESPALHOK FILHO
Avaliador Interno (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Assinatura Eletrônica

16/12/2021 13:49:52.0

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO
Avaliador Externo (UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ)

Rua dos Funcionários, 1540 - CURITIBA - Paraná - Brasil
CEP 80035-050 - Tel: (41) 3350-5601 - E-mail: pgapv@ufpr.br

Documento assinado eletronicamente de acordo com o disposto na legislação federal Decreto 8539 de 08 de outubro de 2015.

Gerado e autenticado pelo SIGA-UFPR, com a seguinte identificação única: 136316

Para autenticar este documento/assinatura, acesse <https://www.prppg.ufpr.br/siga/visitante/autenticacaoassinaturas.jsp>
e insira o código 136316

A minha esposa Carolina, filhas Maria Clara e Alícia e mãe Aparecida, “vocês me chamam pro mundo”, **dedico.**

AGRADECIMENTOS

A Deus por estar sempre presente na minha vida, tornando tudo isto possível.

Ao meu pai, Aroldo Ramos Berton (*in memoriam*), exemplo de vida, fé, garra e superação.

Ao meu irmão Daniel e toda minha família, especialmente aos curitibanos, tio Mário e tia Tereza, Adriana, Diogo e Erick, Rafael e Tia Lourdes, Mário Eduardo e Ricardo, obrigado pelo apoio, conversas e caronas nos momentos que estive em Curitiba.

Um agradecimento especial ao meu orientador e amigo Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira, pela oportunidade, ensinamentos e por ter confiado na minha capacidade desde o início.

Ao co-orientador Dr. Amaro Afonso Campos de Azevedo por todo o suporte na execução deste trabalho e pela ajuda concedida sem medir esforços.

Aos professores Dr. Edelclaiton Daros, Dr. José Luis Camargo Zambon e Dr. Heroldo Weber por acreditarem no meu potencial desde o início da minha carreira.

Aos professores Dr. João Carlos Bessalho Filho, Dra. Lucimeris Ruaro e Dr. Bruno Portela Brasileiro pelos ensinamentos e experiências que me foram passados.

Ao Eng. Agrônomo Paulo Afonso Graciano pela amizade e incentivo para trabalhar com cana-de-açúcar.

A todos os professores e funcionários do PGAPV/UFPR, pela oportunidade de realização do Curso de Doutorado. A todos amigos e colegas do PGAPV/UFPR, especialmente ao Adilson Harter e Renã Araújo, pela amizade e pelos incentivos.

A todos pesquisadores e técnicos da RIDESA, pelo grande empenho na obtenção de cultivares RB de cana-de-açúcar, em especial ao Eng. Agrônomo Dr. Luís Cláudio Inácio da Silveira, pela amizade e pelas trocas de experiências e discussões sobre cana-de-açúcar.

Aos amigos das usinas e destilarias do Estado do Paraná por confiarem no trabalho do PMGCA/UFPR/RIDESA.

A todos os colegas de trabalho, Fabio, Alessandro, Ailton, Luiz Carlos, José Batista, Alexandro, Cláudio, Ismael, Valdimario, Maikon, Anderson, Geraldo, Maria, João Monteiro, Claudio e Vera pela convivência, amizade e alegria.

E aos demais que, direta ou indiretamente contribuíram para a execução deste trabalho.

Eu vou viver enquanto houver
Um vestígio dos quadros que eu fiz
(RUBEL, 2013)

RESUMO

No melhoramento da cana-de-açúcar, o progresso genético obtido entre as cultivares ao longo das décadas, adquiri uma maior importância, pois o processo de obtenção de uma nova cultivar é lento e oneroso. Diante disso, a primeira etapa deste trabalho teve como objetivos comparar e selecionar modelos meta-analíticos que se ajustem melhor para descrever o comportamento no decorrer das séries avaliadas na fase final de experimentação obtidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná. Foram avaliadas nove séries experimentais, totalizando doze anos agrícolas no período de 2005 a 2017. Os caracteres mensurados foram: Produção de toneladas de colmo por hectare (TCH), porcentagem aparente de sacarose (PC%) e toneladas de PC% por hectare (TPH). Através das análises de variâncias foram extraídos os parâmetros: média (μ), herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação (CV). Os modelos empregados para as estimativas meta-analíticas foram: o modelo de regressão simples, fixo e misto. Considerando as médias e os coeficientes de variação estimados, os modelos de efeito fixo foram mais eficientes. Para as herdabilidades de TPH e TCH o modelo simples foi mais eficaz, e para PC%, o modelo misto. O Progresso Genético (PG) no decorrer das séries, para o parâmetro CV, mantiveram estáveis para TCH e TPH, com decréscimo para PC%. As herdabilidades estimadas apresentaram os maiores valores positivos. As médias estimadas, apresentaram PG positivo para TCH e TPH e estável para PC%. Não foi possível encontrar uma única estrutura de modelo que seja capaz de explicar todas as combinações dos parâmetros nas características estudadas. A segunda etapa deste trabalho comparou duas metodologias de índice de seleção, o índice da distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI) e a análise de fatores e design de ideótipos (FAI-BLUP) em seis diferentes séries avançadas de cana-de-açúcar, avaliadas durante três safras, utilizando as médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos dos caracteres como variável de entrada dos índices. O estudo teve como objetivo comparar a performance dos índices FAI-BLUP e MGIDI, utilizando as MHPRVG dos caracteres como variável de entrada, na seleção de genitores produtivos, adaptados e estáveis, considerando dados históricos de diferentes experimentos em fases avançadas na cana-de-açúcar. Considerando todas as taxas de seleção possíveis nas séries SE01, SE03 e SE05 a coincidência entre os índices FAI-BLUP e MGIDI mantiveram-se acima de 75%. As demais séries demandaram maiores taxas de seleção para que a coincidência entre os índices atingisse valores elevados e estáveis. Os resultados dos desvios de seleção considerando uma taxa de seleção de 30% em cada série para o caráter fibra, presente em cinco das seis séries avaliadas, apresentou o menor ganho de seleção direta em quatro séries, sendo a exceção a SE04. O MGIDI demonstrou ser capaz de selecionar clones superiores considerando multicaracteres nas séries avaliadas apresentando desvios de seleção individual mais equilibrados para as médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos. Esta metodologia promissora pode ser adotada em programas de melhoramento em busca de novos genitores para integrar o banco de germoplasmas e serem empregados em futuros cruzamentos.

Palavras-chave: Modelos biométricos; *Saccharum spp.*; progresso genético; genética quantitativa; MGIDI.

ABSTRACT

In the improvement of sugarcane, the genetic progress obtained between cultivars over the decades has acquired greater importance, as the process of obtaining a new cultivar is slow and costly. Therefore, the first stage of this work aimed to compare and select meta-analytic models that best fit to describe the behavior during the series evaluated in the final phase of experimentation obtained by the sugarcane breeding program of the Federal University of Paraná. Nine experimental series were evaluated, totaling twelve agricultural years in the period from 2005 to 2017. The characters measured were: Production of tons of stalk per hectare (TCH), apparent percentage of sucrose (SPC) and tons of SPC per hectare (TPH). Through analysis of variances, the following parameters were extracted: mean (μ), heritability (h^2) and coefficient of variation (CV). The models used for the meta-analytic estimates were: the simple, fixed and mixed regression model. Considering the estimated means and coefficients of variation, the fixed effect models were more efficient. For the heritability of TPH and TCH, the simple model was more effective, and for SPC, the mixed model. The Genetic Progress (PG) during the series, for the CV parameter, remained stable for TCH and TPH, with a decrease for SPC. The estimated heritability had the highest positive values. The estimated means showed positive PG for TCH and TPH and stable for SPC. It was not possible to find a single model structure capable of explaining all combinations of parameters in the studied characteristics. The second stage of this work compared two selection index methodologies, the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI) and the factor analysis and ideotype design (FAI-BLUP) in six different advanced sugarcane series, evaluated during three harvests, using the harmonic averages of the relative performance of the predicted genetic values of the characters as an input variable for the indices. The study aimed to compare the performance of the FAI-BLUP and MGIDI indices, using the MHPRVG of the characters as an input variable, in the selection of productive, adapted and stable parents, considering historical data from different experiments at advanced stages in sugarcane. Considering all possible selection rates in the SE01, SE03 and SE05 series, the coincidence between the FAI-BLUP and MGIDI indices remained above 75%. The other series demanded higher selection rates so that the coincidence between the indices reached high and stable values. The results of selection deviations considering a selection rate of 30% in each series for the fiber character, present in five of the six series evaluated, showed the smallest gain of direct selection in four series, with the exception being SE04. MGIDI proved to be able to select superior clones considering multi-characters in the evaluated series, presenting more balanced individual selection deviations for the harmonic averages of the relative performance of the predicted breeding values. This promising methodology can be adopted in breeding programs in search of new parents to integrate the germplasm bank and be used in future crosses.

Keywords: biometric templates; *Saccharum spp.*; genetic progress; quantitative genetics; MGIDI.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I - META-ANÁLISE TEMPORAL EM FASES FINAIS DE EXPERIMENTAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ.

- FIGURA 1 - NÚMERO DE CRUZAMENTOS (CR), GENITORES (GE) E CLONES (CL) DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADOS NAS FASES EXPERIMENTAIS (FE). A CONDIÇÃO DE NOVOS SE REFERE A NÃO TER SIDO UTILIZADO TOMANDO COMO PONTO DE REFERÊNCIA A PRIMEIRA FASE EXPERIMENTAL (FE94), OS RECORRENTES DE UMA DETERMINADA SÉRIE SÃO AQUELES QUE FORAM UTILIZADOS ANTERIORMENTE32
- FIGURA 2 - MODELOS META-ANALÍTICOS SELECIONADOS DE REGRESSÃO (FIXO (MF) E MISTO (MM)) DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OS PARÂMETROS COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (CV), HERDABILIDADE (h^2) E MÉDIA (μ) PARA PORCENTAGEM DE SACAROSE APARENTE (PC%). MÉDIAS PADRONIZADAS POR ANO DE IMPLANTAÇÃO DA PRIMEIRA DA FASE DE SELEÇÃO PARA VERIFICAÇÃO DO DESEMPENHO DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR (FE): FE94 (-4,56), FE95 (-3,56), FE96(-2,56), FE97(-1,56), FE98(-0,56), FE99(0,44), FE00(1,44), FE03(4,44), FE05 (6,44)34
- FIGURA 3 - MODELOS META-ANALÍTICOS SELECIONADOS DE REGRESSÃO (SIMPLES (MS) E FIXO (MF)) DAS FASES DE EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OS PARÂMETROS COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (CV(%)), HERDABILIDADE (h^2) E MÉDIA (μ) PARA TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE (TCH). MÉDIAS PADRONIZADAS POR ANO DE IMPLANTAÇÃO DA PRIMEIRA DA FASE DE SELEÇÃO PARA VERIFICAÇÃO DO DESEMPENHO DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR (FE): FE94 (-4,56), FE95 (-3,56), FE96(-2,56), FE97(-1,56), FE98(-0,56), FE99(0,44), FE00(1,44), FE03(4,44), FE05 (6,44)36
- FIGURA 4 - MODELOS META-ANALÍTICOS SELECIONADOS DE REGRESSÃO (SIMPLES (MS) E FIXO (MF)) DAS FASES DE EXPERIMENTAIS EM

CANA-DE-AÇÚCAR PARA OS PARÂMETROS COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (CV), HERDABILIDADE (H^2) E MÉDIA (μ) PARA TONELADAS DE SACAROSE POR HECTARE (TPH). MÉDIAS PADRONIZADAS POR ANO DE IMPLANTAÇÃO DA PRIMEIRA DA FASE DE SELEÇÃO PARA VERIFICAÇÃO DO DESEMPENHO DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR (FE): FE94 (-4,56), FE95 (-3,56), FE96(-2,56), FE97(-1,56), FE98(-0,56), FE99(0,44), FE00(1,44), FE03(4,44), FE05 (6,44)38

CAPÍTULO II - SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE NOVOS GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR PRODUTIVOS, ADAPTADOS E ESTÁVEIS TEMPORALMENTE.

- FIGURA 1 - DADOS METEOROLÓGICOS DOS LOCAIS DE EXPERIMENTAÇÃO COLORADO E BANDEIRANTES NO ESTADO DO PARANÁ, DURANTE OS ANOS QUE COMPREENDEM OS PLANTIOS A COLHEITAS DE SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR.....49
- FIGURA 2 - COMPORTAMENTO MÉDIO DOS CARACTERES DE PRODUÇÃO DOS CLONES ENTRE AS SAFRAS AVALIADOS NAS SÉRIES. CARACTERES: FIBRA (FIB), MASSA DE UM COLMO (M1C), NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), PORCENTAGEM DE SACAROSE APARENTE (PC%), TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE (TCH) E TONELADAS DE PC POR HECTARE (TPH)55
- FIGURA 3 - CORRELAÇÃO DE PEARSON E SIGNIFICÂNCIA VIA TESTE T ENTRE AS MÉDIAS HARMÔNICAS DOS VALORES GENOTÍPICOS PREDITOS PARA AS SÉRIES SE01, SE02, SE03, SE04, SE05 E SE06. CARACTERES: FIBRA (FIB), MASSA DE UM COLMO (M1C), NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE (TCH) E TONELADAS DE PC POR HECTARE (TPH).....56
- FIGURA 4 - COINCIDÊNCIA ENTRE OS CLONES SELECIONADOS NOS ÍNDICES DE SELEÇÃO FAI-BLUP E MGIDI EM UMA MESMA SÉRIE CONSIDERANDO DIFERENTES TAXAS DE SELEÇÃO59

FIGURA 5 - DESVIO DE SELEÇÃO INDIVIDUAL (DSI) DOS CARACTERES NOS CLONES SELECIONADOS EM EXCLUSIVAMENTE UM DOS ÍNDICES DE SELEÇÃO EM QUATRO SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	62
--	----

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I - META-ANÁLISE TEMPORAL EM FASES FINAIS DE EXPERIMENTAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ

TABELA 1 - INFORMAÇÕES SOBRE A CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS DA FASE EXPERIMENTAL DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ - BRASIL	28
TABELA 2 - NÚMERO EXPERIMENTOS AVALIADOS INICIALMENTE (NI) E REMOVIDOS (NF) VIA OUTLIERS DO BOX-PLOT DOS ESTUDOS, PARA CADA PARÂMETRO EM CADA CARACTERÍSTICA DAS FASES DE EXPERIMENTAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR.....	29
TABELA 3 - COMPARAÇÃO ENTRE OS MODELOS DE REGRESSÃO (MR) DE PARÂMETROS ESTIMADOS NOVE SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS NA FASE EXPERIMENTAL PARA PORCENTAGEM DE SACAROSE APARENTE	33
TABELA 4 - COMPARAÇÃO ENTRE OS MODELOS DE REGRESSÃO (MR) DE PARÂMETROS ESTIMADOS NOVE SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS NA FASE EXPERIMENTAL PARA TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE.....	35
TABELA 5 - COMPARAÇÃO ENTRE OS MODELOS DE REGRESSÃO (MR) DE PARÂMETROS ESTIMADOS NOVE SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS NA FASE EXPERIMENTAL PARA TONELADAS DE SACAROSE APARENTE POR HECTARE	37

CAPÍTULO II - SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE NOVOS GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR PRODUTIVOS, ADAPTADOS E ESTÁVEIS TEMPORALMENTE

TABELA 1 - RESUMOS DOS EXPERIMENTOS CONDUZIDOS EM DIFERENTES SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ.....	48
TABELA 2 - AUTOVALORES E VARIÂNCIA ACUMULADA (VA) EXPLICADAS PELOS COMPONENTES PRINCIPAIS EM SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR	57
TABELA 3 - RESUMO DA ANÁLISE DE FATORES PARA SEIS CARACTERES AVALIADOS EM SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR	58
TABELA 4 - DIFERENCIAL DE SELEÇÃO GENÉTICO (DS) BASEADO NA SELEÇÃO DIRETA (SD) E INDIRETA VIA ÍNDICES FAI-BLUP E MGIDI CONSIDERANDO UMA TAXA DE SELEÇÃO DE 30%.....	60

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	14
1.1	REFERÊNCIAS	20
2	CAPÍTULO I: META-ANÁLISE TEMPORAL EM FASES FINAIS DE EXPERIMENTAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ	24
2.1	INTRODUÇÃO	26
2.2	MATERIAL E MÉTODOS	27
2.2.1	Locais, caracteres analisados e seleção de dados	27
2.2.2	Modelos empregados para estimativas meta-analíticas.....	29
2.2.2.1	Modelo de regressão simples	29
2.2.2.2	Modelo de regressão fixo: Efeito fixo + inclusão do fator de efeito entre estudos	30
2.2.3	Comparação entre modelos	31
2.2.4	Recurso Computacional	31
2.3	RESULTADOS	32
2.3.1	Análise descritiva das séries avaliadas.....	32
2.3.2	Comparação entre modelos para os parâmetros estimados nos caracteres	32
2.3.3	Porcentagem de sacarose aparente	33
2.3.4	Toneladas de colmos por Hectare	34
2.3.5	Toneladas de sacarose aparente por hectare	36
2.4	DISCUSSÃO	38
2.5	CONCLUSÕES	41
	REFERÊNCIAS	42
3	CAPÍTULO II: SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE NOVOS GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR PRODUTIVOS, ADAPTADOS E ESTÁVEIS TEMPORALMENTE	45
3.1	INTRODUÇÃO	47
3.2	MATERIAL E MÉTODOS	48
3.2.1	Informações dos locais de avaliação	48
3.2.2	Análise estatística e caracteres analisados	49
3.2.3	Índices de seleção.....	50
3.2.3.1	Análise de fatores e design de ideótipos (FAI-BLUP).....	50

3.2.3.2	Índice da distância genótipo–ideótipo multicaracterística (MGIDI).....	51
3.2.4	Métricas para comparação do desempenho dos índices	53
3.2.5	Recursos Computacionais	53
3.3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	54
3.3.1	Análise exploratória e univariada dos caracteres agronômicos	54
3.3.2	Análise Multivariada	57
3.3.3	Comportamento dos índices de seleção.....	58
3.4	CONCLUSÕES	62
	REFERÊNCIAS	64
4	CONSIDERAÇÕES FINAIS	66
5	REFERÊNCIAS GERAIS	69
6	APÊNDICES	76

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma das maiores culturas agrícolas do mundo, sendo a principal fonte de açúcar, representando mais de 70% da produção mundial, também uma importante fonte energética (MORAIS *et al.*, 2015; YADAV *et al.*, 2020).

Neste contexto, o Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, com 654,8 milhões de toneladas na safra 2020/2021, que corresponde a 40% do cultivo total no mundo (CONAB, 2021). É uma matéria-prima versátil utilizada para produção de açúcar, etanol e bioenergia (SOUZA *et al.*, 2014; SAMPAIO *et al.*, 2019). É cultivada predominantemente na Região Centro-Sul do país. Em 2019, esta cultura respondia por 18% da matriz energética do brasileira (MME, 2020).

As cultivares originaram-se do complexo *Saccharum*, que consiste em seis espécies (*S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. sinense*, *S. barberi*, e *S. edule*) e quatro gêneros de intercruzamento relacionados (*Erianthus*, *Miscanthus*, *Narenga* e *Sclerostachya*) (DANIELS & ROACH, 1987). *Saccharum officinarum* e *Saccharum spontaneum* foram usados nas primeiras hibridizações, *S. officinarum* contribuiu para o aumento do teor de sacarose, já *S. spontaneum* participou com rusticidade, perfilhamento, brotação de soqueiras e resistência a doenças. Posteriormente, sucessivos retrocruzamentos com *S. officinarum* foram realizados para recuperar o conteúdo de sacarose, chamadas de nobilitação (CHEAVEGATTI-GIANOTTO *et al.*, 2011; MORAIS *et al.*, 2015).

Mesmo diante desta complexidade citogenética, nas últimas décadas, os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar em todo o mundo, têm conseguido aumentar a produtividade de colmos (GOUY *et al.*, 2015; XU *et al.*, 2017). No Brasil, os melhoristas desenvolveram cultivares mais produtivas, sadias, adaptadas e com amplo ciclo de maturação. Isso resultou na expansão do cultivo da cana-de-açúcar em áreas agrícolas marginais, maior período de colheita e adaptadas a colheita mecanizada (COUTINHO *et al.*, 2017; BORDONAL *et al.*, 2018; CURSI *et al.*, 2021). Entretanto, nos últimos anos, houve um lento crescimento no teor de açúcar (DAL-BIANCO *et al.*, 2012; XU *et al.*, 2017).

O melhoramento genético visa garantir a sustentabilidade, reduzindo custos, aumentando a eficiência do cultivo e produtividade. A análise do progresso genético serve de diagnóstico para o programa de melhoramento acerca das estimativas dos caracteres agrônômicos nas populações que foram avaliadas.

Assim sendo, a performance do programa de melhoramento deve ser estudada com a finalidade de se conhecer o comportamento das populações que foram avaliadas, buscando empregar novas estratégias para contornar possíveis problemas evidenciados, aumentando assim a probabilidade de seleção de indivíduos superiores ao final dos novos ciclos de seleção.

No melhoramento da cana-de-açúcar, o progresso genético obtido entre as cultivares ao longo das décadas, adquire uma maior importância pois o processo de obtenção de uma nova cultivar é lento (10 a 15 anos) e oneroso. Ademais, a manutenção, caracterização e inclusão de genótipos nos bancos de germoplasmas são indispensáveis para estratégias de hibridações e, conseqüentemente, maximização do rendimento das características de interesse comercial (COBB *et al.*, 2019; BARRETO *et al.*, 2021).

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são importantes em programas de melhoramento genético. Entre os parâmetros que podem auxiliar o direcionamento dos melhoristas, destacam-se a herdabilidade (h^2), coeficiente de variação (CV) e médias gerais (μ) (CUSTÓDIO *et al.*, 2012).

A herdabilidade é a proporção da variação fenotípica explicada pela variância genética existente na população. É um parâmetro essencial em programas de melhoramento genético, pois indica quanto das diferenças existentes no desempenho para uma característica são determinadas por fatores genéticos ou ambientais, tendo assim papel fundamental na predição dos valores genéticos (BOURDON, 2000).

Desta forma, pela sua importância, a herdabilidade deve ser conhecida para a condução de um programa de melhoramento, e muitas das decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude (RAMALHO *et al.*, 2008).

O CV é a medida da precisão experimental, ou seja, menores coeficiente indicam maior validação dos resultados. Assim sendo, os locais com maior precisão experimental, devem ter maior peso na avaliação dos cultivares avaliadas.

Apesar do interesse para fins de melhoramento ser o de conhecer os valores genéticos, avalia-se diretamente apenas o fenótipo do indivíduo, considerando o estudo de caracteres quantitativos, a média e a variância desses valores são úteis para se compreender o comportamento da população (CRUZ, 2005).

Uma abordagem para estimar o progresso genético que ainda não foi empregada na cultura da cana-de-açúcar é a meta-análise, sendo definida como um procedimento estatístico que consiste em uma revisão quantitativa e resumida de

resultados de estudos independentes, mas relacionados, podendo ser utilizada como ferramenta para analisar dados de um programa de melhoramento, sobretudo por possibilitar uma melhor precisão na avaliação dos efeitos dos parâmetros de interesse (GIANNOTTI *et al.*, 2002; ELOY *et al.*, 2018).

A meta-análise é regularmente usada em programas de melhoramento animal para aumentar sua eficiência (AZEVEDO *et al.*, 2010, DEL CLARO *et al.*, 2012, VIEIRA *et al.*, 2013, ELOY *et al.*, 2018). Entretanto, no melhoramento de plantas, a meta-análise é pouco aplicada. Custódio *et al.*, (2012) e Carvalho *et al.*, (2012) utilizaram a meta-análise para estimativas de herdabilidade de *Coffea canéfora* e *C. arábica* respectivamente. Para estudos de arroz no Brasil, meta-análise foi usada em terras altas (BRESEGHELLO *et al.*, 2011) e irrigada (STRECK *et al.*, 2018, COSTA *et al.*, 2020).

A meta-análise que envolve a avaliação durante um período é denominada meta-análise temporal, sendo eficiente para agrupar as informações obtidas de experimentos de um programa de melhoramento genético uma vez que são utilizadas estimativas combinadas (COSTA *et al.*, 2020).

Um dos fatores que podem ser evidenciados com a meta-análise são dificuldades no incremento no decorrer das series para um ou mais caracteres agrônômicos. Dificuldades em ganhos genéticos simultâneos em caracteres agrônômicos na cana-de-açúcar foram relatados (JACKSON, 2005; DUMMONT *et al.*, 2019). Para buscar ganhos simultâneos, deve-se ter genitores de elevada performance para mais de um caractere agrônômico, aumentando assim, a probabilidade de seleção de um novo cultivar nos futuros cruzamentos.

Melhoristas experientes possuem em mente um grupo de qualidades da planta que, reunidas em um novo genótipo, resultariam em alto desempenho. Esse genótipo que reúne esses atributos desejáveis é denominado ideótipo, conceito introduzido por Donald (1968) há mais de 50 anos. Na cana-de-açúcar, a busca é de cultivares mais produtivas, resistente a pragas e doenças, adaptada a diferentes ambientes de produção etc. O objetivo da busca do ideótipo é aumentar o desempenho da cultura, com foco na seleção de genótipos com multicaracterística favoráveis simultaneamente (OLIVOTO & NARDINO, 2020).

Os índices de seleção são ferramentas que os melhoristas utilizam para selecionar genótipos superiores. O índice Smith-Hazel (SH), amplamente utilizado, também conhecido como índice clássico, necessita que o melhorista determine o valor

econômico relativo a cada caráter, e que sejam obtidas as variâncias e covariâncias genótípicas e fenotípicas entre cada par de caracteres (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; SILVA *et al.*, 2002). O índice requer a inversão de uma matriz de covariância fenotípica, podendo ocorrer a multicolinearidade (BURDON & LI, 2019). A multicolinearidade certamente aparecerá quando várias características forem avaliadas podendo resultar em matrizes mal dimensionadas e coeficientes de índice viesados, afetando, assim, as estimativas de ganhos genéticos. Além da questão da multicolinearidade, os criadores muitas vezes enfrentam escolhas difíceis para expressar o valor econômico das características, convertendo-as em ponderações econômicas realistas (BIZARI *et al.*, 2017).

Rocha *et al.* (2018) propôs um índice de seleção que permite o ranqueamento dos genótipos baseado em multicaracterística, sem problemas de multicolinearidade e não necessitar da atribuição de pesos econômicos, denominando-o de Análise de Fatores e Design de Ideótipos (FAI-BLUP). Os autores compararam o FAI-BLUP com o índice de seleção de SH na seleção de genótipos de capim-elefante (*Pennisetum purpureum*). Eles concluíram que o índice de seleção FAI-BLUP é recomendado para a seleção de multi-caracteres simultaneamente, como por exemplo, características em que seu valor deve tanto diminuir como características em que seu valor deve aumentar.

O FAI-BLUP é um modelo baseado em análise fatorial em que as pontuações fatoriais de cada ideótipo são criadas com base em elementos desejáveis e indesejáveis. Então, dependendo da distância genótipo-ideótipo, uma probabilidade geográfica é calculada permitindo a classificação do genótipo.

Além de lidar muito bem com problemas de multicolinearidade e falta de atribuição de pesos, o índice FAI-BLUP leva em consideração a estrutura de correlação obtida a partir dos dados e direciona a seleção de genótipos mais próximos do idealizado pelo melhorista (ideótipo). O FAI-BLUP utiliza a análise fatorial exploratória combinada com a construção de ideótipos. Dessa forma, o índice explora as correlações entre as características avaliadas (ROCHA *et al.*, 2018). No índice FAI-BLUP, o número de ideótipos é definido a partir da combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o objetivo da seleção. Após a determinação dos ideótipos, as distâncias de cada genótipo de acordo com os ideótipos (distância genótipo-ideótipo) são estimadas e convertidas em probabilidade espacial, permitindo a classificação dos genótipos com base em multicaracterística. Além disso, a correlação genética, positiva

ou negativa, dentro de cada fator é levada em consideração, preservando as relações entre as características e dando significado biológico aos ideótipos (ROCHA *et al.*, 2018).

Resultados promissores no emprego do índice FAI-BLUP em diferentes estruturas populacionais e fases de seleção podem ser observados em trabalhos com as culturas da soja (WOYANN *et al.*, 2019), feijão (ROCHA *et al.*, 2019), abóbora (OLIVEIRA, 2021) e trigo (MEIR *et al.*, 2021).

Todavia, Olivoto e Nardino (2020) propuseram o índice da distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI), que teve desempenho superior ao ser comparado com o FAI-BLUP em um estudo com dados reais e simulados. O índice MGIDI requer uma tabela bidirecional como dados de entrada e fornece uma classificação de linha dependendo do valor desejado das colunas. Assim, a gama de aplicações possíveis é estendida a qualquer tipo de experimento biológico com estrutura de tratamento qualitativa ou quantitativa (ou mesmo uma combinação deles), e mais de uma característica dependente avaliada (OLIVOTO & NARDINO, 2020).

Os autores definiram a teoria do índice MGIDI em quatro etapas principais: (i) redimensionar as características de modo que todas tenham um intervalo de 0-100, (ii) usar a análise fatorial para contabilizar a estrutura de correlação e a redução da dimensionalidade dos dados, (iii) planejar um ideótipo com base nos valores conhecidos / desejados das características, e (iv) calcular a distância entre cada genótipo para o ideótipo planejado.

Em ambos os índices descritos, a concepção inicial considerou a utilização dos valores genotípicos dos caracteres como variáveis de entrada, contudo, no contexto dos modelos mistos, considerando as avaliações em múltiplos locais e/ou safras, os valores genéticos podem ser utilizados para selecionar genótipos simultaneamente produtivos, adaptados e estáveis por meio das estimativas das médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) fornecendo resultados na própria escala do caráter.

A MHPRVG é baseada em valores genotípicos preditos por meio de modelos mistos, que agrupam estabilidade, adaptabilidade e produtividade em uma única avaliação estatística, facilitando a seleção de genótipos superiores (RESENDE, 2007).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos: 1) comparar e selecionar modelos meta-analíticos que se ajustem melhor para descrever o comportamento no decorrer das séries avaliadas na fase final de experimentação considerando os

parâmetros CV(%), h^2 e médias, estimadas nos caracteres agrônômicos produção de toneladas de colmo por hectare (TCH), porcentagem aparente de sacarose (PC%) e toneladas de PC%por hectare (TPH); 2) Comparar a performance dos índices FAI-BLUP e MGIDI, utilizando as MHPRVG dos caracteres como variável de entrada, na seleção de genitores produtivos, adaptados e estáveis, considerando dados históricos de diferentes experimentos em fases avançadas na cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná durante os anos de 2006 a 2019.

1.1 REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, J. A. G.; VALADARES FILHO, C. S.; PINA, D. S.; CHIZZOTTI, M. L.; VALADARES, R. F. D.; A meta-analysis of dry matter intake in Nellore and Zebu-crosses cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39: 1801-1809, 2010.
- BARRETO, F. Z.; BALSALOBRE, T. W. A.; CHAPOLA, R. G.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, A. P.; HOFFMANN, H. P.; GAZAFFI, R.; CARNEIRO, M. S. Genetic Variability, Correlation among Agronomic Traits, and Genetic Progress in a Sugarcane Diversity Panel. **Agriculture**, 11, 533, 2021. <https://doi.org/10.3390/agriculture11060533>.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica** 48, 110–117, 2017.
- BORDONAL, R. O.; CARVALHO, J. L. N.; LAL, R.; FIGUEIREDO, E. B.; OLIVEIRA, B. G.; LA SCALA, N. Sustainability of sugarcane production in Brazil. **Agronomy for Sustainable Development**, 38, 13 2018. <https://doi.org/10.1007/s13593-018-0490-x>.
- BOURDON, G. E. P. Understanding animal breeding. **Upper Saddle River: Prentice-Hall**, 538 p.; 2000.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P.; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. M.; GUIMARÃES, É. P.; CASTRO, A. P.; PEREIRA, J. A.; LOPES, A. M.; UTUMI, M. M.; OLIVEIRA, J. P.; Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science Society of America** 51: 914-923, 2011.
- BURDON, R. D.; LI, Y.; Genotype-environment interaction involving site differences in expression of genetic variation along with genotypic rank changes: simulations of economic significance. **Tree Genetics & Genomes** 15, 1–10, 2019.
- CARVALHO, S. P.; CUSTÓDIO, T. N.; BALIZA, D. P.; REZENDE, T. T.; Meta-análise para estimativas de herdabilidade de caracteres vegetativos e reprodutivos de *Coffea arabica* L.; **Semina: Ciências Agrárias**, 33, n.4, p.1291-1298, 2012. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n4p1291>.
- CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A.; ABREU, H. M. C.; ARRUDA, P.; BESPALHOK FILHO, J. C.; BURNQUIST, W. L.; CRESTE, S.; DI CIERO, L.; FERRO, J. A.; DE OLIVEIRA FIGUEIRA, A. V.; DE SOUSA FILGUEIRAS, T.; *et al.*; Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A reference study for the regulation of genetically modified cultivars in brazil. **Tropical Plant Biology**, 4, 62–89, 2011.
- COBB, J. N.; JUMA, R. U.; BISWAS, P. S.; ARBELAEZ, J. D.; RUTKOSKI, J.; ATLIN, G.; HAGEN, T.; QUINN, M.; NG, E. H. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: Lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, 132, 627–645, 2019. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03317-0>.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Cana-de-açúcar, Safra 2020/2021**. Quarto levantamento, Brasília, p.1-57, maio de 2021. Disponível em <https://www.conab.gov.br/infoagro/safras/cana/boletim-da-safra-de-cana-de-acucar>.

COSTA, W. G.; BORÉM, A. O.; CRUZ, C. D.; ROSADO, R. D. S. & SOARES, P. C. Dynamics, diversity and experimental precision in final irrigated rice testing: a time metaanalysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 20(4), 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a55>

COUTINHO, H. C.; TURETTA, A. D.; MONTEIRO, J. G.; CASTRO, S. S.; PIETRAFESA, J. Participatory sustainability assessment for sugarcane expansion in Goiás, Brazil. **Sustainability**, 9, 1573, 2017.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**, Viçosa, ed. UFV, 394 p.; 2005.

CURSI, D. E., HOFFMANN, H. P.; BARBOSA, G. V. S.; BRESSIANI, J. A.; GAZAFFI, R.; CHAPOLA, R. G.; FERNANDES JUNIOR, A. R. BALSALOBRE, T. W. A.; DINIZ, C. A.; SANTOS, J. M. *et al.* History and current status of sugarcane breeding, germplasm development and molecular genetics in Brazil. **Sugar Tech**, 2021.

CUSTÓDIO, T. N.; BALIZA, D. P.; CARVALHO, S. P.; REZENDE, T. T.; Meta-análise para estimativas de herdabilidade de características do desenvolvimento e produção do *Coffea canephora* Pierre. **Semina: Ciências Agrárias**, 33, 2501-2510, 2012. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n6Supl1p2501>.

DAL-BIANCO, M.; CARNEIRO, M. S.; HOTTA, C. T.; CHAPOLA, R. G.; HOFFMANN, H. P.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, G. M. Sugarcane improvement: How far can we go? **Current Opinion in Biotechnology**, 23, 265–270, 2012.

DANIELS, J. ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. **In Sugarcane Improvement through Breeding**; Heinz, D.J.; Ed.; Elsevier: Amsterdam, The Netherlands, 1987; pp. 7–84.

DEL CLARO, A. C.; MERCADANTE, M.; SILVA, J. A. I. V.; Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 47: 302-310, 2012.

DUMMONT, T.; THONG-CHANE, A.; BARAU, L.; SIEGMUND, B.; & HOARAU, J. Y. Genetic variabilities and genetic gains for yield components in regional sugarcane breeding programmes on Réunion Island. **Sugar Tech**, 21(6), 868-878, 2019.

EDMÉ, S. J.; MILLER, J. D.; GLAZ, B.; TAI, P. Y. & COMSTOCK, J. C. Genetic contribution to yield gains in the Florida sugarcane industry across 33 years. **Crop Science**, 45(1), 92-97. 2005.

ELOY, L.; PÖTTER, L.; LOBATO, J.; BREMM, C. & LACA, E. Reproductive performance of cattle: a meta-analytical approach. **Journal of Animal Science**, 96, Issue suppl_3, 7, Pages 144–145, 2018. <https://doi.org/10.1093/jas/sky404.315>.

GIANNOTTI, J.D.G.; PACKER, I.U. & MERCADANTE, M.E.Z. Meta-análise para

estimativas de correlação genética entre pesos ao nascer e desmama de bovinos. **Scientia Agrícola**, 59, n. 3, p. 435-440. 2002. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162002000300004>.

SILVA, G. E. G.; SOARES, L.; BARBOSA, G. V. S.; FERREIRA, P. V.; MADALENA, J. A. Aplicação do índice de seleção para recomendação de variedades de cana-de-açúcar In: Congresso nacional da Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil, 2002, RECIFE. **8º CONGRESSO NACIONAL DA STAB**. RECIFE: STAB. v.1. p.382 – 386. 2002.

GOUY, M.; ROUSSELLE, Y.; THONG CHANE, A.; ANGLADE, A.; ROYAERT, S.; NIBOUCHE, S.; COSTET, L. Genome wide association mapping of agromorphological and disease resistance traits in sugarcane. **Euphytica**, 202, 269–284, 2015.

HAZEL, L. N. The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. **Genetics** 28, 476–90, 1943.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, 92(2-3), 277-290, 2005.

MEIER, C.; MARCHIORO, V. S.; MEIRA, D.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L. A. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 51, e67996-e67996. 2021.

MME: Ministério de Minas e Energia. Resenha Energética Brasileira. Disponível online em: <http://antigo.mme.gov.br/documents/36208/948169/Resenha+Energ%C3%A9tica+Brasileira+-+edi%C3%A7%C3%A3o+2020/ab9143cc-b702-3700-d83a-65e76dc87a9e> (acessado em 20 setembro 2021).

MORAIS, L. K.; AGUIAR, M. S.; SILVA, P. A.; CÂMARA, T. M. M.; CURSI, D. E.; JÚNIOR, A. R. F.; CHAPOLA, R. G.; CARNEIRO, M. S.; FILHO, J. C. B. Breeding of sugarcane. In **Industrial Crops: Breeding for Bioenergy and Bioproducts**; Cruz, V.M.V.; Dierig, D.A.; Eds.; Springer: New York, NY, USA, 2015.

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

OLIVEIRA, R. L.; GOMES, R. S.; DE ALMEIDA, C. F.; MACHADO JUNIOR, R.; ROCHA, J. R. A. D. C.; DA SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. **Crop Science**, 61(3), 1620-1629. 2021.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments, **Bioinformatics**, v, 37, n, 10, p, 1383-1389, 2020, Doi: 10.1093/bioinformatics/btaa981.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 463 p. 2008.

RESENDE, M. D. V. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa Florestas, Ed. 1, 57 p. 2004.

ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GBC Bioenergy**, 10(1), 52-60. 2018.

ROCHA J. R. A. S.; NUNES K. V.; CARNEIRO A. L. N.; MARÇAL T. S.; SALVADOR F. V.; CARNEIRO P. C. S.; CARNEIRO J. E. S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal** 111: 1181-1189. 2019.

SAMPAIO, I. L. M.; CARDOSO, T. F.; SOUZA, N. R. D.; WATANABE, M. D. B.; CARVALHO, D. J.; BONOMI, A.; JUNQUEIRA, T. L. Electricity production from sugarcane straw recovered through bale system: Assessment of retrofit projects. **Bioenergy Research**. 12, 865-877, 2019. <https://doi.org/10.1007/s12155-019-10014-9>

SMITH, H. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics** 7, 240–250, 1936.

SOUZA, A. P. GRANDIS, A.; LEITE, D.C.C.; BUCKERIDGE, M.S. Sugarcane as a bioenergy source: History, performance, and perspectives for second-generation bioethanol. **Bioenergy Research**. 24–35, 2014.

STRECK, E. A.; MAGALHAES JÚNIOR, A. M.; AGUIAR, G. A.; FACCHINELLO, P. K. H.; FAGUNDES, P. R. R.; FRANCO, D. F.; NARDINO, M.; OLIVEIRA, A. C. Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in Southern Brazil. **Crop Science Society of America** 58: 1094-1105, 2018.

VIEIRA, P. A. S.; PEREIRA, L. G. R.; AZEVÊDO, J. A. G.; NEVES, A. L. A.; CHIZZOTTI, M. L.; SANTOS, R. D.; ARAÚJO, G. G. L.; MISTURA, C.; CHAVES, A. V. Development of mathematical models to predict dry matter intake in feedlot Santa Ines rams. **Small Ruminant Research**, 112. Pages 78-84. 2013. ISSN 0921-4488, <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2012.10.007>.

WOYANN L. G.; MEIRA D.; MATEI G.; ZDZIARSKI A. D.; DALLACORTE L. V.; MADELLA L. A. AND BENIN G. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal** 112: 175-182. 2020.

XU, Y.; LI, P.; ZOU, C.; LU, Y.; XIE, C.; ZHANG, X.; PRASANNA, B. M.; OLSEN, M. S. Enhancing genetic gain in the era of molecular breeding. **Journal of Experimental Botany**. 68, 2641–2666, 2017. <https://doi.org/10.1093/jxb/erx135>.

YADAV, S.; JACKSON, P.; WEI, X.; ROSS, E. M.; AITKEN, K.; DEOMANO, E.; ATKIN, F.; HAYES, B. J.; VOSS-FELS, K. P. Accelerating genetic gain in sugarcane breeding using genomic selection. **Agronomy**, v. 10, n. 4, p. 1–21, 2020.

2 CAPÍTULO I: META-ANÁLISE TEMPORAL EM FASES FINAIS DE EXPERIMENTAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ

RESUMO

Estudos que comparam fases avançadas e/ou cultivares comerciais ao longo dos anos, permitem inferir sobre a magnitude do progresso genético dos caracteres agrônômicos, permitindo que novas estratégias sejam traçadas nos programas de melhoramento. Este trabalho teve como objetivo comparar e selecionar modelos meta-analíticos que se ajustem melhor para descrever o comportamento no decorrer das séries avaliadas na fase final de experimentação do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná. Foram avaliadas nove séries experimentais, totalizando doze anos agrícolas no período de 2005 a 2017. Os caracteres mensurados foram: rendimento de toneladas de colmo por hectare (TCH), porcentagem aparente de sacarose (PC%) e toneladas de PC% por hectare (TPH). Através das análises de variâncias foram extraídas as medidas: média (μ), herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação (CV). Os modelos empregados para as estimativas meta-analíticas foram: o modelo de regressão simples, fixo e misto. Não foi possível encontrar uma única estrutura de modelo que seja capaz de explicar todas as combinações dos parâmetros nas características estudadas. Considerando as médias e os coeficientes de variação estimados, os modelos de efeito fixo foram mais eficientes. Para as herdabilidades de TPH e TCH o modelo simples foi mais eficaz, e para PC%, o modelo misto. O Progresso Genético (PG) no decorrer das séries, para o parâmetro CV, mantiveram-se estáveis para TCH e TPH, com decréscimo para PC%. As herdabilidades estimadas apresentaram os maiores valores positivos. As médias estimadas, apresentaram PG positivo para TCH e TPH e estável para PC%.

Palavra-chave: Progresso genético; modelos biométricos; melhoramento genético; *Saccharum spp.*

TEMPORAL META-ANALYSIS IN FINAL STAGES OF SUGARCANE EXPERIMENTATION IN THE STATE OF PARANÁ

ABSTRACT

Studies that compare advanced stages and/or commercial cultivars over the years allow inferences about the magnitude of genetic progress of agronomic characters, allowing new strategies to be traced in breeding programs. This work aimed to compare and select meta-analytic models that best fit to describe the behavior during the series evaluated in the final experimental phase the sugarcane breeding program of the Federal University of Paraná. Nine experimental series were evaluated, totaling twelve agricultural years in the period from 2005 to 2017. The characters measured were: production of tons of stalk per hectare (TCH), apparent percentage of sucrose (SPC) and tons of SPC per hectare (TPH). Through analysis of variances, the following parameters were extracted: mean (μ), heritability (h^2) and coefficient of variation (CV). The models used for the meta-analytic estimates were: the simple, fixed and mixed regression model. It was not possible to find a single model structure capable of explaining all combinations of parameters in the studied characteristics. Considering the estimated means and coefficients of variation, the fixed effect models were more efficient. For the heritability of TPH and TCH, the simple model was more effective, and for SPC, the mixed model. The Genetic Progress (PG) during the series, for the CV parameter, remained stable for TCH and TPH, with a decrease for SPC. The estimated heritability had the highest positive values. The estimated means showed positive PG for TCH and TPH and stable for SPC.

Keywords: genetic progress; biometric templates; genetic improvement; *Saccharum spp.*

2.1 INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de uma nova cultivar de cana-de-açúcar é um processo lento, que demanda tempo, capital e mão de obra especializada (STRECK *et al.*, 2018). Ao longo dos anos, os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar geram grandes bases de dados provenientes de experimentações conduzidas com avaliações dos clones nas diferentes fases de seleção e para todos os caracteres de interesse agrícola.

Na cana-de-açúcar, estudos comparando fases avançadas e/ou clones comerciais ao longo dos anos permitem inferir sobre sentido e magnitude dos ganhos genéticos dos caracteres agronômicos de interesse permitindo que estratégias possam ser traçadas no programa de melhoramento (COX & STRINGER, 2007; ACRECHE, SAEZ & CHALCO VERA *et al.*, 2015; ZHOU & GWATA, 2016; DUMONT *et al.*, 2019). Métodos de obtenções indiretas das informações dos bancos de dados permitem estimar o progresso genético de caracteres de interesse com redução de tempo e custos, uma vez que não é necessário que novos experimentos sejam implementados (FARIA *et al.*, 2018).

Uma abordagem para estimar os ganhos de maneira indireta que ainda não foi empregada na cana-de-açúcar é a meta-análise, sendo definida como um procedimento estatístico que consiste em uma revisão quantitativa e resumida de resultados de estudos independentes, mas relacionados, podendo ser utilizada como ferramenta para analisar dados de um programa de melhoramento, sobretudo por possibilitar uma melhor precisão na avaliação dos efeitos dos parâmetros de interesse (GIANNOTTI *et al.*, 2002; ELOY *et al.*, 2018).

Em programas de melhoramento genético animal a meta-análise proporciona maior acurácia na avaliação genética dos animais candidatos a seleção (AZEVEDO *et al.*, 2010; DEL CLARO *et al.*, 2012; VIEIRA *et al.*, 2013; ELOY *et al.*, 2018). No contexto do melhoramento vegetal, existem dois métodos que podem ser utilizados para obter estimativas de ganho genético: (a) avaliação de cultivares antigas e recentes em campo no mesmo ambiente executando uma análise de regressão dos valores fenotípicos de acordo com o ano e ambiente de colheita ou (b) meta-análises de séries históricas de avaliações de campo, normalmente obtidas de dados de ensaios de genótipos elites de programas de melhoramento (STRECK *et al.*, 2018).

Esta abordagem pode ser uma estratégia para estimar a qualidade dos experimentos e o ganho genético visando aumentar a eficiência do processo de desenvolvimento de novos cultivares (EDMÉ *et al.*, 2005). A meta-análise que envolve a avaliação durante um período é denominada meta-análise temporal sendo a ferramenta eficiente para agrupar as informações obtidas de experimentos do programa de melhoramento genético uma vez que são utilizadas estimativas combinadas (COSTA *et al.*, 2020).

Este trabalho teve como objetivos comparar e selecionar modelos meta-analíticos que se ajustem melhor, para descrever o comportamento no decorrer das séries avaliadas na fase final de experimentação do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná no período de 2005 a 2017. considerando os parâmetros CV(%), h^2 e médias, estimadas nos caracteres agrônômicos PC%, TCH e TPH.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 Locais, caracteres analisados e seleção de dados

A base de dados utilizada é proveniente das Fases de Experimentação (FE), sendo está a última fase de avaliação, obtidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR), que integra a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) formada por 10 universidades federais. Nesta fase, são avaliados os caracteres de produtividade, como tonelada de cana por hectare e o teor de sacarose dos clones avaliados, comparando-os com os padrões comerciais. Só foram incluídas para análise, os ensaios da fase experimental que tiveram ao menos duas safras e foram avaliadas em ao menos dois locais (Tabela 1). Foram avaliadas nove séries experimentais, totalizando 12 anos agrícolas no período de 2005 a 2017.

As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas com dez metros de comprimento e espaçamento de 1,4 metros entre linhas e área da parcela de 56 m². O sistema de plantio foi manual, com aproximadamente 18 gemas viáveis por metro. Os dados foram submetidos a análise de variância individualmente no delineamento em blocos casualizados, cada experimento foi composto por três locais: Colorado (COL); Maringá (MGA); São Pedro do Ivaí (SPI), safras (cana plana, cana

soca1 e/ou cana soca2) e ciclo de maturação (tardia (TA) ou precoce (PR)), totalizando 95 experimentos (Tabela 1). As médias padronizadas dos anos de plantio das fases do programa (MP (T0)) foram utilizados como variável regressora nos modelos meta-analíticos temporais. Os experimentos foram agrupados em seis estudos sendo formados pela combinação de três subestações e dois ciclos de maturação (Tardia e Precoce), sendo empregados nos modelos meta-analíticos com efeito de estudo (Tabela 2).

TABELA 1 - INFORMAÇÕES SOBRE A CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS DA FASE EXPERIMENTAL DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ - BRASIL

Variáveis	Município		
	Colorado (COL)	Maringá (MGA)	São Pedro do Ivaí (SPI)
Latitude (°S)	22°54'31"	23°17'52"	23°51'24"
Longitude (°W)	51°56'38"	52°09'47"	51°54'56"
Altitude (m)	400	580	400
Textura do Solo	Arenosa	Arenosa	Argilosa

FE	Anos			Número de Safras Avaliadas					
	P(T0)	MP(T0)	Safras	COL		MGA		SPI	
				TA	PR	TA	PR	TA	PR
FE94	1994	-4,56	2005 a 2007	0	0	2	0	2	0
FE95	1995	-3,56	2006 a 2008	2	1	1	1	2	0
FE96	1996	-2,56	2007 a 2009	2	3	3	2	2	3
FE97	1997	-1,56	2008 a 2010	0	3	3	3	0	2
FE98	1998	-0,56	2009 a 2011	2	3	2	3	2	0
FE99	1999	0,44	2010 a 2012	2	0	3	0	3	0
FE00	2000	1,44	2011 a 2013	2	3	3	3	2	2
FE03	2003	4,44	2012 a 2014	2	2	2	2	2	2
FE05	2005	6,44	2015 a 2017	3	2	3	3	0	0

Fonte: O autor (2021).

Ciclos de maturação tardias (TA) e Precoces (PR). Primeira fase de seleção (T0) e Fase Experimental (FE). Média Padronizada do Plantio da primeira fase de seleção (MP(T0)) = (Ano de hibridação T0) - (média dos anos de plantio T0).

Como critério de seleção das observações antes do emprego dos modelos meta-analíticos, após obtenção dos parâmetros de 95 experimentos, realizou-se a análise exploratória, com o objetivo de verificar a presença de outliers, por meio do gráfico Box-Plot, sendo removidas as observações discrepantes das estimativas dos parâmetros dentro de cada estudo (Tabela 2).

TABELA 2 - NÚMERO EXPERIMENTOS AVALIADOS INICIALMENTE (NI) E REMOVIDOS (NF) VIA OUTLIERS DO BOX-PLOT DOS ESTUDOS, PARA CADA PARÂMETRO EM CADA CARACTERÍSTICA DAS FASES DE EXPERIMENTAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Estudos	NI	NF								
		PC%			TCH			TPH		
		CV	h^2	μ	CV	h^2	μ	CV	h^2	μ
COL(PR) [§]	18	3	6	0	1	0	1	1	1	1
COL(TA)	14	4	6	0	0	0	0	2	0	0
SPI(PR)	9	2	4	0	1	0	1	0	3	0
SPI(TA)	15	2	2	0	0	1	1	1	1	0
MGA(PR)	17	0	4	0	2	0	0	0	0	0
MGA(TA)	22	1	7	1	0	0	1	0	0	1
Total	95	12	29	1	4	1	4	4	5	2

Fonte: O autor (2021).

[§]Locais: Colorado (COL), São Pedro do Ivaí (SPI) e Maringá (MGA). Ciclos de maturação tardias (TA) e Precoces (PR). Porcentagem aparente de sacarose (PC%); Toneladas de colmos por hectare (TCH); Toneladas de PC% por hectare (TPH); Coeficiente de variação (CV); herdabilidade (h^2); média(μ).

Os caracteres agrônômicos mensurados nos experimentos foram:

Toneladas de colmos por hectare (TCH) estimado por meio da fórmula:

$$TCH = (M1C \times NCP \times 10) / AP$$

Em que:

M1C: Massa de um colmo. Obtido por meio da média da pesagem 3 amostras de dez colmos por parcela;

NCP: Número de colmos da parcela.

AP: área da parcela.

A porcentagem sacarose aparente (PC%), foi determinada por sacarimetria baseada uma amostra de 5 colmos por parcela e as toneladas de sacarose aparente por hectare (TPH) foi obtida pela fórmula $TPH = (TCH \times PC\%) / 100$. Destas características foram extraídas das análises de variâncias os parâmetros: média (μ), herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação (CV).

2.2.2 Modelos empregados para estimativas meta-analíticas

2.2.2.1 Modelo de regressão simples

O modelo de regressão simples foi utilizado desconsiderando os efeitos dos estudos. Dessa forma, o modelo de regressão simples é dado por:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_i + e_i$$

em que:

Y_i : o resultado esperado para a variável dependente Y observada pela variável contínua X no experimento i; $i: 1, \dots, n$, sendo n o número de experimentos (observações);

β_0 : intercepto global de todos os experimentos (média das estimativas do parâmetro);

β_1 : coeficiente angular ou inclinação global de Y em X de todos os experimentos (refere-se a média centralizada da variável fase experimental);

X_i : o valor da variável contínua X no experimento i;

e_i : erro residual.

2.2.2.2 Modelo de regressão fixo: Efeito fixo + inclusão do fator de efeito entre estudos

O modelo de efeito fixo é dado por:

$$Y_{ij} = \beta_0 + S_i + \beta_1 X_{ij} + \beta_i X_{ij} + e_i$$

em que:

Y_{ij} : o resultado esperado para a variável dependente Y observada no nível j da variável contínua X no estudo i; $i: 1, \dots, n$, sendo n o número de estudos;

β_0 : intercepto global (média das estimativas do parâmetro) de todos os estudos;

S_i : o efeito fixo do estudo i ($i= 1, 2, \dots, 6$);

β_1 : coeficiente angular ou inclinação global de Y em X de todos os estudos (refere-se a variável fase experimental);

X_{ij} : o valor de j da variável contínua X no estudo i; $j: 1, \dots, n_i$, sendo n_i o número de experimentos;

β_i : efeito fixo do estudo i sobre o coeficiente de regressão de Y em X no estudo i;

e_i : erro residual.

2.2.2.3 Modelo de regressão misto: Efeito fixo + Efeito aleatório + inclusão do fator de efeito entre estudos

O modelo de regressão misto é descrito por:

$$Y_{ij} = \beta_0 + \beta_1 X_{ij} + s_i^* + b_i^* X_{ij} + e_{ij}$$

em que:

Y_i : o resultado esperado para a variável dependente Y observada no nível j da variável contínua X no estudo i; i : 1, ..., n, sendo n o número de estudos; j : 1, ..., n_i , sendo n_i o número de experimentos;

$\beta_0 + \beta_1 X_{ij}$: o efeito fixo do modelo;

$s_i^* + b_i^* X_{ij} + e_{ij}$: o efeito aleatório do modelo;

onde:

$$\begin{bmatrix} s_i^* \\ b_i^* \end{bmatrix} \sim \text{iidN} \left[\begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \Sigma \right]; e_{ij} \sim \text{iidN} (0, \sigma_e^2); \Sigma = \begin{bmatrix} \sigma_s^2 & \sigma_{sb} \\ \sigma_{sb} & \sigma_b^2 \end{bmatrix}$$

2.2.3 Comparação entre modelos

Para comparação entre os modelos de regressão meta-analíticas, utilizou-se os critérios de informação Akaike (AIC), Bayesiano (BIC) e a razão de probabilidade logarítmica (logLik), assim como o teste da razão de verossimilhança (TRV) para verificar as diferenças entre as regressões dos modelos, conforme recomendado por Viechtbauer (2010).

2.2.4 Recurso Computacional

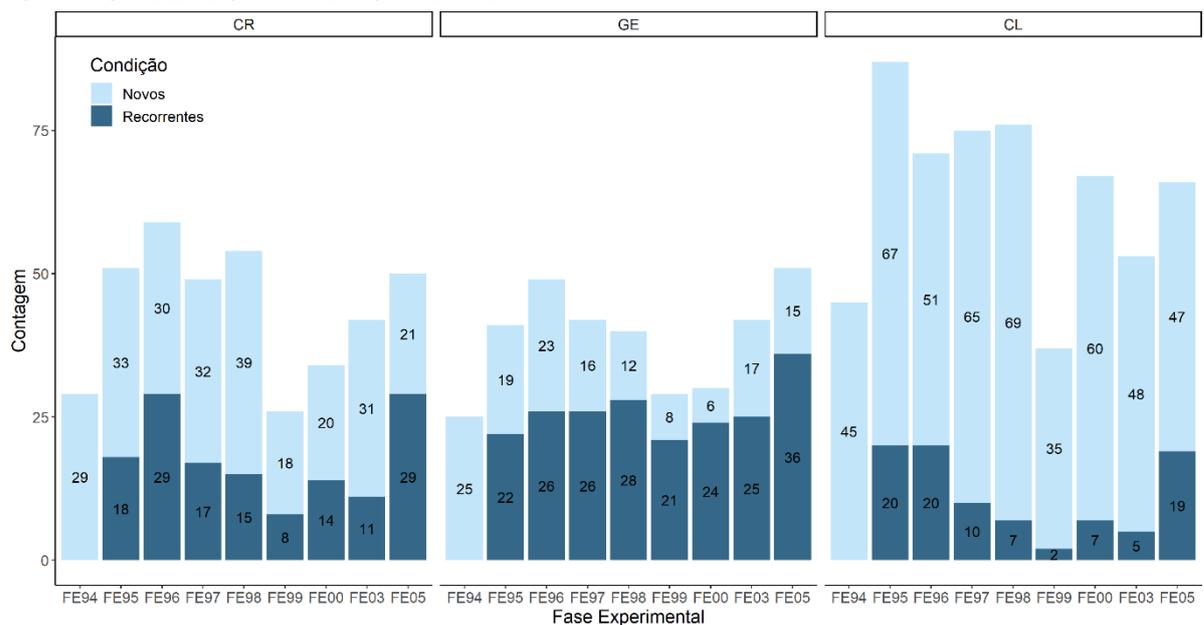
Foi utilizado o software R (R Core Team, 2019), para as análises de variância, obtenção das medidas meta-analíticas.

2.3 RESULTADOS

2.3.1 Análise descritiva das séries avaliadas

Por meio do somatório da condição novos nas nove séries, ou seja, não utilizados anteriormente partindo da série inicial (FE94), um total de 253 cruzamentos, 141 genitores e 487 clones foram avaliados na fase de experimentação (Figura 1). Gerando aproximadamente 24 cruzamentos, 16 genitores, e 54 clones novos avaliados por série na fase de experimentação. A média por série considerando a condição de recorrente foi de aproximadamente 16 cruzamentos, 29 genitores e 10 clones (Figura 1).

FIGURA 1 - NÚMERO DE CRUZAMENTOS (CR), GENITORES (GE) E CLONES (CL) DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADOS NAS FASES EXPERIMENTAIS (FE). A CONDIÇÃO DE NOVOS SE REFERE A NÃO TER SIDO UTILIZADO TOMANDO COMO PONTO DE REFERÊNCIA A PRIMEIRA FASE EXPERIMENTAL (FE94), OS RECORRENTES DE UMA DETERMINADA SÉRIE SÃO AQUELES QUE FORAM UTILIZADOS ANTERIORMENTE



FONTE: O autor (2021).

2.3.2 Comparação entre modelos para os parâmetros estimados nos caracteres

Considerando a seleção entre os modelos para estimar os parâmetros nos caracteres agrônômicos, os critérios de AIC, BIC e LL, foram adotados simultaneamente, sendo selecionado modelo o elencado como melhor para dois ou

mais critérios simultaneamente. Concomitantemente também foi observado o p-valor do TRV para verificar a existência de diferença significativa entre os modelos.

2.3.3 Porcentagem de sacarose aparente

O modelo fixo foi selecionado para estimar o coeficiente de variação na variável PC% (Tabela 3). Este modelo apresentou menores desvios-padrão de intercepto e coeficiente angular, e maior coeficiente de determinação para as estimativas do parâmetro. O coeficiente angular indica que o coeficiente de variação apresenta decréscimo de -0,07% (PG = -1,34%) a conforme as séries avançam. As estimativas da regressão do modelo fixo comparando a primeira e o último FE avaliados, em que os anos são baseados nos MP(T0) das respectivas séries em um intervalo de doze anos, o coeficiente de variação estimado decresceu de 5,54 na FE94 para 4,77% na FE05, acarretando uma queda de -13,9% (Figura 2a).

TABELA 3 - COMPARAÇÃO ENTRE OS MODELOS DE REGRESSÃO (MR) DE PARÂMETROS ESTIMADOS NOVE SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS NA FASE EXPERIMENTAL PARA PORCENTAGEM DE SACAROSE APARENTE

PR	MR	AIC	BIC	LL	TRV		β_0		β_1		R ²	PG(%)
					VS	p-value	est	dp	est	dp		
	S	360,34	367,53	-177,17			5,08	0,22	-0,22	0,07	0,11	-4,33
CV	F	314,51	343,92	-144,25	1 vs 2	0,00	5,22	0,17	-0,07	0,05	0,65	-1,34
	M	326,42	340,79	-157,21	2 vs 3	0,00	5,25	0,59	-0,09	0,17	0,64	-1,71
h ²	S	-59,70	-53,23	32,85			0,79	0,02	0,02	0,01	0,15	2,53
	F	-12,08	13,78	19,04	1 vs 2	0,00	0,79	0,02	0,02	0,01	0,44	2,53
	M	-64,69	-51,74	38,35	2 vs 3	0,00	0,79	0,03	0,02	0,01	0,40	2,53
μ	S	357,42	364,98	-175,71			13,67	0,16	-0,09	0,05	0,04	-0,66
	F	319,27	350,56	-146,64	1 vs 2	0,00	13,58	0,12	-0,17	0,04	0,57	-1,25
	M	319,55	334,68	-153,77	2 vs 3	0,05	13,56	0,39	-0,15	0,10	0,55	-1,11

Fonte: O autor (2021).

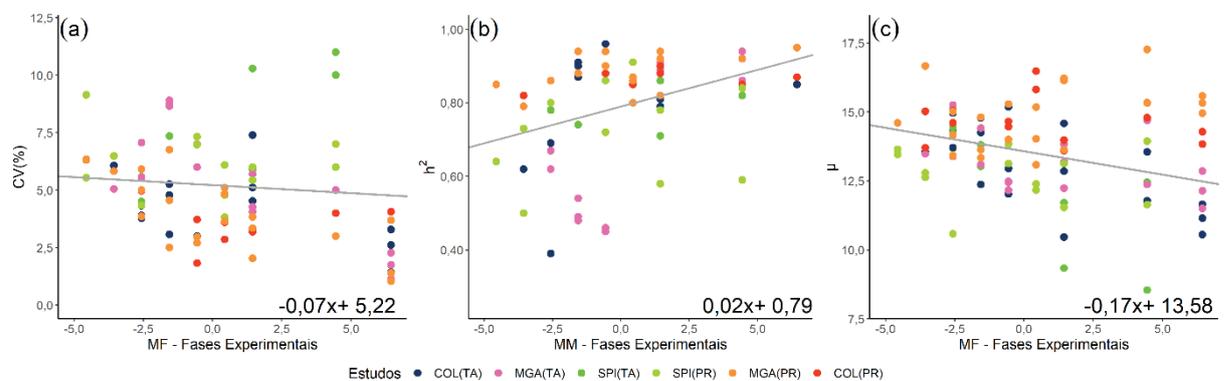
§Modelo de regressão simples (S); Modelo de regressão fixo (F); Modelo de regressão misto (M); Intercepto (β_0); inclinação (β_1); μ médias, coeficiente de variação (CV); herdabilidade (h²); critério de informação Akaike (AIC), bayesiano (BIC); logLik (LL); coeficiente de determinação (R²) e teste da razão de verossimilhança (TRV). Progresso genético por série PG(%) = β_1 / β_0 . Modelos selecionados em negrito.

A herdabilidade de PC% foi melhor estimada pelo modelo misto, os interceptos e coeficientes angulares apresentaram valores iguais para as estimativas havendo diferença nos desvios padrão estimados nos modelos. O coeficiente de determinação do modelo misto foi quase três vezes maior que o modelo simples, sendo próximo ao maior coeficiente obtido pelo modelo fixo (Tabela 3). Considerando

o PG estimado pelo modelo de regressão misto, a cada novo FE que o programa avalia a h^2 aumenta em 2,53% e considerando a diferença entre a primeira e última série avaliada, há aumento de 31,48%, pois as estimativas para o parâmetro aumentaram de 70% para 92%, nos FE94 e FE05, respectivamente (Tabela 3 e Figura 3b).

As médias para PC% tiveram o modelo fixo selecionado, apesar de não haver diferença estatisticamente significativa ($p > 0,05$) para o modelo misto pelo TRV, apresentou menores valores para AIC e BIC. De acordo com as estimativas do coeficiente angular do modelo, há decréscimo no PC% de 0.17 pontos percentuais (PG = -1,25%) à medida que novas séries chegam na FE. As estimativas do modelo fixo para PC% foram de 14,35% a 12,48%, para o primeiro e último FE, respectivamente, havendo decréscimo 1,87 pontos percentuais (Figura 2c).

FIGURA 2 - MODELOS META-ANALÍTICOS SELECIONADOS DE REGRESSÃO (FIXO (MF) E MISTO (MM)) DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OS PARÂMETROS COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (CV), HERDABILIDADE (h^2) E MÉDIA (μ) PARA PORCENTAGEM DE SACAROSE APARENTE (PC%). MÉDIAS PADRONIZADAS POR ANO DE IMPLANTAÇÃO DA PRIMEIRA DA FASE DE SELEÇÃO PARA VERIFICAÇÃO DO DESEMPENHO DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR (FE): FE94 (-4,56), FE95 (-3,56), FE96(-2,56), FE97(-1,56), FE98(-0,56), FE99(0,44), FE00(1,44), FE03(4,44), FE05 (6,44)



FONTE: O autor (2021).

2.3.4 Toneladas de colmos por Hectare

O coeficiente de variação apresentou diferenças entre os sinais dos coeficientes angulares para TCH sendo negativos nos modelos simples e misto, e positivo para o modelo fixo que pelos critérios de comparação foi selecionado para descrever o comportamento do parâmetro (Tabela 4). O modelo fixo apresentou o maior coeficiente de determinação, considerando os valores absolutos estimados para

os coeficientes angulares e interceptos o modelo fixo foi o que apresentou os menores valores estimados. O progresso genético para o coeficiente de variação para TCH foi próximo de zero (0,13%) o que acarretou diferença percentual entre a primeira (15,83%) e última (16,30%) FE de aproximadamente 1,39% (Figura 3a).

TABELA 4 - COMPARAÇÃO ENTRE OS MODELOS DE REGRESSÃO (MR) DE PARÂMETROS ESTIMADOS NOVE SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS NA FASE EXPERIMENTAL PARA TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE

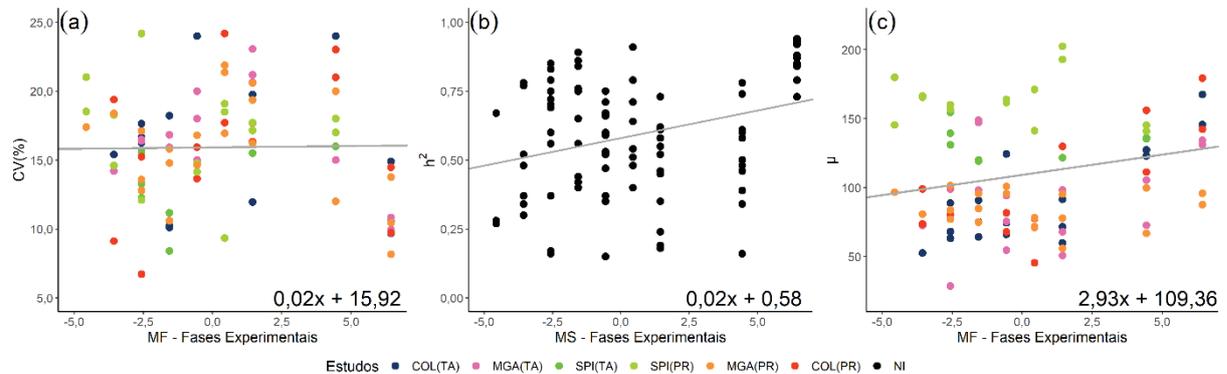
PR	MR	AIC	BIC	LL	TRV		β_0		β_1		R ²	PG(%)
					VS	p-value	est	dp	est	dp		
	MS	516,84	524,31	-255,42			16,09	0,42	-0,11	0,13	0,01	-0,68
CV	MF	515,60	546,40	-244,80	1 vs 2	0,02	15,92	0,45	0,02	0,14	0,12	0,13
	MM	522,74	537,67	-255,37	2 vs 3	0,00	16,04	0,45	-0,09	0,15	0,05	-0,56
	MS	-14,34	-6,78	10,17			0,58	0,02	0,02	0,01	0,07	3,45
h ²	MF	40,19	71,48	-7,10	1 vs 2	0,00	0,57	0,02	0,01	0,01	0,21	1,75
	MM	-10,43	4,70	11,22	2 vs 3	0,00	0,58	0,03	0,02	0,01	0,16	3,45
	MS	917,53	925,00	-455,77			106,36	4,01	2,03	1,25	0,03	1,91
μ	MF	790,14	820,94	-382,07	1 vs 2	0,00	109,36	2,55	2,93	0,82	0,69	2,68
	MM	856,04	870,97	-422,02	2 vs 3	0,00	109,29	12,94	2,90	1,82	0,69	2,65

Fonte: O autor (2021).

[§]Modelo de regressão simples (MS); Modelo de regressão fixo (MF); Modelo de regressão misto (MM); Intercepto (β_0); inclinação (β_1); μ médias, coeficiente de variação (CV); herdabilidade (h²); critério de informação Akaike (AIC), bayesiano (BIC); logLik (LL); coeficiente de determinação (R²) e teste da razão de verossimilhança (TRV). Progresso genético por fase experimental PG(%) = β_1 / β_0 . Modelos selecionados em negrito.

Não houve diferença nas estimativas dos interceptos e coeficientes angulares para herdabilidades associadas ao caráter TCH, sendo o modelo simples selecionado. Neste modelo foi observado PG de 3,45% a cada nova FE avaliada no programa, sendo os valores estimados na FE94 e FE05, foram de 0,49 a 0,71, respetivamente, acarretando um aumento de 45,01% na estimativa deste parâmetro ao compararmos ao primeiro e último FE (Tabela 4 e Figura 3b).

FIGURA 3 - MODELOS META-ANALÍTICOS SELECIONADOS DE REGRESSÃO (SIMPLES (MS) E FIXO (MF)) DAS FASES DE EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OS PARÂMETROS COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (CV(%)), HERDABILIDADE (h^2) E MÉDIA (μ) PARA TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE (TCH). MÉDIAS PADRONIZADAS POR ANO DE IMPLANTAÇÃO DA PRIMEIRA DA FASE DE SELEÇÃO PARA VERIFICAÇÃO DO DESEMPENHO DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR (FE): FE94 (-4,56), FE95 (-3,56), FE96(-2,56), FE97(-1,56), FE98(-0,56), FE99(0,44), FE00(1,44), FE03(4,44), FE05 (6,44)



FONTE: O autor (2021).

O modelo fixo foi selecionado para estimar o comportamento das médias para TCH, este modelo apresentou os menores desvios-padrão para o intercepto e coeficiente angular, e maior coeficiente de determinação ($R^2=0,69$), sendo mesmo valor com o modelo Misto, que foi substancialmente superior ao obtido no modelo simples ($R^2= 0,03$) (Tabela 4). O PG estimado para este parâmetro foi de 2.68% a cada nova séries avaliadas pelo programa e as médias estimas pelo modelo para a primeira e última FE foram de 96,01 e 128,24 TCH, respectivamente, gerando uma diferença percentual entre as FE's de 33,57% (Figura 3c).

2.3.5 Toneladas de sacarose aparente por hectare

O coeficiente de variação estimado para a variável nos FE para TPH foi melhor descrita pelo modelo fixo, este modelo apresentou o maior valor de intercepto e coeficiente de determinação com coeficiente angular estimado negativo, mas próximo de zero (Tabela 5). O percentual estimado do PG foi próximo de zero sendo igual a -0,12%, sendo o valor de 17,02 e 16,80%, no FE94 e FE05, respectivamente, gerando diferença de -1,29% entre as séries (Figura 4a).

De acordo com os critérios de comparação de modelos a adição do efeito estudo nos modelos fixo e misto, não geraram modelos melhores para estimar o comportamento das herdabilidades para TPH sendo selecionado o modelo simples

(Tabela 5). As estimativas dos coeficientes angulares e seus respectivos desvio-padrão no modelo simples foram iguais aos obtidos no modelo fixo, exceto pelo coeficiente de determinação, que foi maior no modelo misto. As estimativas das herdabilidades no modelo simples para o desempenho das FE mostram aumento de 3.33% para cada nova série avaliada, que gerou herdabilidades estimadas de 0,51 e 0,73 para a variável TPH nos FE94 e FE05, respectivamente, e um aumento comparativo de 43,23% (Tabela 5 e Figura 4b).

O modelo de fixo foi selecionado para estimar o comportamento das médias estimadas para variável TPH no decorrer dos FE avaliados. O modelo fixo apresentou o menor desvio-padrão para as estimativas do intercepto e coeficiente angular e maior coeficiente de determinação. O PG estimado pelo modelo fixo foi de 1,23% a cada novo FE avaliado. Os valores estimados nas FE94 e FE05 foram de 13,85 e 15,83 TCH, respectivamente, conferindo um aumento de 14,3% entre os FE (Tabela 5 e Figura 4c).

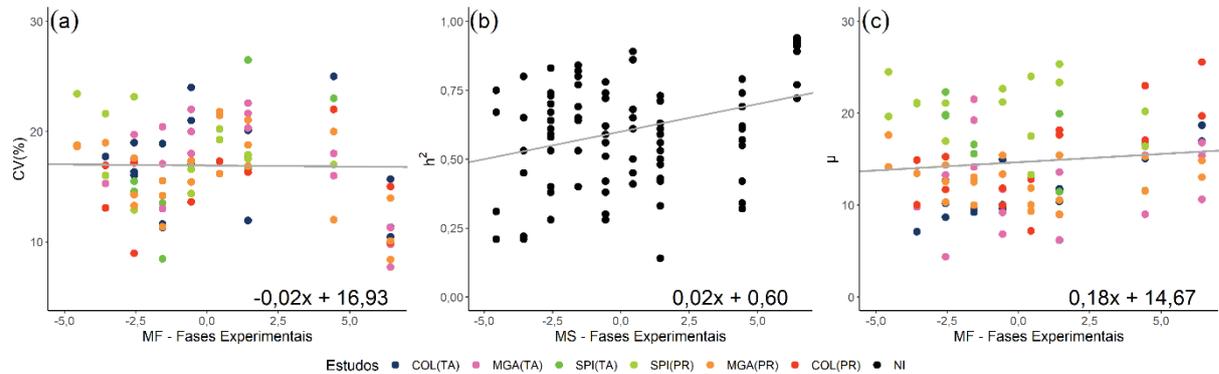
TABELA 5 - COMPARAÇÃO ENTRE OS MODELOS DE REGRESSÃO (MR) DE PARÂMETROS ESTIMADOS NOVE SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS NA FASE EXPERIMENTAL PARA TONELADAS DE SACAROSE APARENTE POR HECTARE

PR	MR	AIC	BIC	LL	TRV		β_0		β_1		R ²	PG(%)
					VS	p-value	est	dp	est	dp		
	MS	517,26	524,73	-255,63			16,88	0,42	-0,23	0,13	0,04	-1,36
CV	MF	507,65	538,45	-240,82	1 vs 2	0,00	16,93	0,42	-0,02	0,13	0,23	-0,12
	MM	521,02	535,95	-254,51	2 vs 3	0,00	16,86	0,44	-0,13	0,23	0,16	-0,77
	MS	-32,09	-24,66	19,05			0,60	0,02	0,02	0,01	0,13	3,33
h ²	MF	28,86	59,50	-1,43	1 vs 2	0,00	0,60	0,02	0,02	0,01	0,21	3,33
	MM	-26,09	-11,23	19,05	2 vs 3	0,00	0,60	0,02	0,02	0,01	0,13	3,33
	MS	564,40	571,93	-279,20			14,48	0,51	0,15	0,16	0,01	1,04
μ	MF	499,71	530,84	-236,86	1 vs 2	0,00	14,67	0,37	0,18	0,12	0,58	1,23
	MM	524,85	539,92	-256,43	2 vs 3	0,00	14,66	1,43	0,19	0,28	0,57	1,30

Fonte: O autor (2021).

§Modelo de regressão simples (S); Modelo de regressão fixo (F); Modelo de regressão misto (M); Intercepto (β_0); inclinação (β_1); μ médias, coeficiente de variação (CV); herdabilidade (h²); critério de informação Akaike (AIC), bayesiano (BIC); logLik (LL); coeficiente de determinação (R²) e teste da razão de verossimilhança (TRV). Progresso genético por fase experimental PG(%) = β_1 / β_0 . Modelos selecionados em negrito.

FIGURA 4 - MODELOS META-ANALÍTICOS SELECIONADOS DE REGRESSÃO (SIMPLES (MS) E FIXO (MF)) DAS FASES DE EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR PARA OS PARÂMETROS COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (CV), HERDABILIDADE (H^2) E MÉDIA (μ) PARA TONELADAS DE SACAROSE POR HECTARE (TPH). MÉDIAS PADRONIZADAS POR ANO DE IMPLANTAÇÃO DA PRIMEIRA DA FASE DE SELEÇÃO PARA VERIFICAÇÃO DO DESEMPENHO DAS FASES EXPERIMENTAIS EM CANA-DE-AÇÚCAR (FE): FE94 (-4,56), FE95 (-3,56), FE96(-2,56), FE97(-1,56), FE98(-0,56), FE99(0,44), FE00(1,44), FE03(4,44), FE05 (6,44)



FONTE: O autor (2021).

2.4 DISCUSSÃO

Neste trabalho, investigou-se os parâmetros estimados em caracteres agrônômicos em clones de cana-de-açúcar que chegaram a fase final de experimentação utilizando meta-análise de maneira a obter estimativas combinadas que refletissem o comportamento dos parâmetros CV, h^2 e médias, dos caracteres PC%, TCH e TPH ao longo de 95 experimentos avaliados, durante os anos de 2005 a 2017. Três modelos meta-analíticos foram comparados para avaliação do desempenho do total de 487 clones avaliados em fase final nas nove séries avaliadas, durante os anos de 2005 a 2017 em três locais, considerando os ciclos tardios e precoces e até três safras. Dos três modelos aplicados apenas o modelo simples não teve a variável efeito estudo, proveniente da combinação dos ambientes e ciclos, inclusa.

Considerando as médias e os coeficientes de variação estimados, os modelos de efeito fixo foram mais eficientes para estudar o comportamento das séries nas fases experimentais. Para as herdabilidades de TPH e TCH o modelo simples foi mais eficiente, e para PC%, o modelo misto.

Para St. Pierre (2001), a análise agrupada de diferentes trabalhos deve ter o efeito de estudo incluso sendo analisado em modelos de regressão misto com efeito

aleatório, pois modelos simples tendem a ter maiores coeficientes e erros-padrão, gerando conclusões precipitadas sobre fenômeno estudado. Todavia em seu trabalho não foi aplicado nenhum critério para comparação entre as diferentes estruturas dos modelos utilizadas nas estimativas.

Costa *et al.* (2020) compararam modelos de regressão simples, fixo e mistos ao avaliarem os parâmetros de caracteres agrônômicos estimados no programa de melhoramento de arroz irrigado, via meta-análise temporal, sendo observados que os modelos fixos foram eficientes nas estimativas e que o número de 60 observações em seu trabalho pode não ter sido grande o suficiente para que modelos de regressão mistos sejam mais eficientes. No presente trabalho não foi possível encontrar uma única estrutura de modelo que seja capaz de explicar todas as combinações dos parâmetros nas características, conseqüentemente, recomendamos que em novos estudos os três tipos de modelos devem ser testados e comparados antes que conclusões acerca do comportamento dos parâmetros estimados possam ser extraídas.

Os coeficientes de variação estimados, considerando os modelos selecionados, os valores estimados de PG no decorrer das séries mantiveram-se estáveis para TCH e TPH, com decréscimo para PC%. Os coeficientes de variação são influenciados pela natureza do caráter estudados sendo que os limites superiores para garantir uma média precisão experimental em cana-de-açúcar para PC%, TPH e TCH, devem ser de 10, 19 e 15%, respectivamente (COUTO *et al.*, 2013). Em todas as FE avaliadas os valores estimados nos modelos selecionados mantiveram-se próximos destes limites.

As herdabilidades estimadas nos três caracteres considerando os três parâmetros no geral apresentou os maiores valores positivos de PG no decorrer dos FE. Desta maneira é possível inferir que conforme as fases experimentais avançaram a chance de sucesso com a seleção aumenta, uma vez que as participações da influência ambiental sobre os fenótipos dos clones nas FE diminuiram.

As médias para os caracteres agrônômicos estimados pelos modelos fixos, TPH é a variável de produção mais importante das estudadas neste trabalho, uma vez que é resultante produto entre os caracteres TCH e PC%, apresentando PG positivo, sendo essa resposta devida ao PG positivo na média obtido para TCH, que conseguiu ser superior e compensar ao PG negativo obtido em PC%.

Os resultados positivos para TPH são refletidos em números do programa da RIDESA no estado do Paraná no Brasil. Dos 457 clones avaliados nos FE deste

trabalho, 76 (~17%) foram incorporados ao banco de germoplasma, destes, dez clones foram protegidos e liberados para cultivo na Região Centro-Sul do Brasil. Destas liberações, destaque-se a RB966928, segunda mais cultivada no Brasil na safra 2017/18 (JÚNIOR BRAGA *et al.*, 2019; BERTON *et al.*, 2020).

Durante o século 20, a produção de açúcar saltou de 4 para 14 t.ha⁻¹, com relatos na Colômbia (COCK, 2003) e Havaí (WU & ARCINAS, 2004). Esses aumentos levaram a ganhos genéticos variando de 0,09 a 0,18 t.ha⁻¹.ano. No Brasil, em 1970, a produtividade nacional por hectare de açúcar total recuperável (ATR) era de 3.712 e, em 2011, atingiu 9.148 kg.ha⁻¹ (BARBOSA *et al.*, 2012). A maioria desses ganhos no teor de açúcar por hectare, foram associados principalmente à produção de cana, enquanto houve menor progresso no teor de açúcar. Uma análise cuidadosa das tendências em todos esses estudos durante as últimas décadas revela que o aumento do teor de açúcar está realmente desacelerando desde os anos 80 (JACKSON, 2005, ACRECHE *et al.*, 2015).

A dificuldade em estabelecer ganhos para PC% em novos clones comerciais e/ou em clones em fases avançadas também foram observadas em estudos em outros programas de melhoramento como na África do Sul e na Ilhas Reunião, sendo observados ganhos anuais nulos ou próximos de zero para teor de açúcar, a depender do local, todavia houve aumento da produtividade de açúcares por hectare devido ao aumento da produção de cana (ZHOU & GWATA, 2016; DUMMONT *et al.*, 2019).

Essas grandes diferenças de progresso genético de rendimento (TCH) e qualidade (PC%) também foram citados por Baffa *et al.* (2014) e Tena *et al.* (2016). Estes resultados corroboram com o presente estudo. Todavia, a comparação entre clones comerciais lançados no decorrer dos anos nos programas de melhoramento nos Estados Unidos, Austrália e Argentina, relatam ganhos genéticos anuais positivos para teor de açúcares assim como para produtividade de colmos (EDMÉ *et al.*, 2005; COX & STRIGER, 2007; ACRECHE *et al.*, 2015).

Em busca de promover o aumento de teor de sacarose, acima dos limites atuais, estratégias de seleção recorrente são apropriadas e indicadas. Seleção recorrente para aumento de PC%, torna-se eficaz após algumas gerações (DUMONT *et al.*, 2019). Isto ocorre devido às propriedades genéticas favoráveis a PC%, classificada de alta herdabilidade, menor coeficiente de variação e repetibilidade dentro e entre as fases iniciais (BRESSIANI *et al.*, 2003). Estratégias, que podem ser adotadas no Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da

Universidade Federal do Paraná, promovendo maiores ganhos de TPH, promovidos simultaneamente pelos caracteres TCH e PC%.

2.5 CONCLUSÕES

Não foi possível encontrar uma única estrutura de modelo que seja capaz de explicar todas as combinações dos parâmetros nas características.

A meta-análise permite estimar o progresso genético de um sistema de um conjunto de dados de experimentos com clones superiores.

A meta-análise indica que o Programa de Melhoramento da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná obteve ganhos significativos em produção de colmos por hectare e toneladas de PC% por hectare no período de 2005 a 2017.

Estes resultados demonstram um banco de clones competitivos e indicam um alto potencial de ganhos de produtividade nas futuras variedades a serem liberadas.

REFERÊNCIAS

- ACRECHE, M. M.; SAEZ, J. V. & CHALCO VERA, J. Physiological bases of genetic gains in sugarcane yield in Argentina. **Field Crops Research** 175: 80–86. 2015.
- AZEVÊDO, J. A. G.; VALADARES FILHO, S. C.; PINA, D. S.; CHIZZOTTI, M. L. & VALADARES, R. F. D. A meta-analysis of dry matter intake in Nellore and Zebu-crosses cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(8), 1801-1809. 2010. <https://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010000800024>.
- BAFFA, D. C. F.; COSTA, P. M. A.; SILVEIRA, G.; LOPES, F. J. F.; BARBOSA, M. H. P.; LOUREIRO, M. E.; CRUZ, C. D. & PETERNELLI, L. A. Path analysis for selection of saccharification-efficient sugarcane genotypes through agronomic traits. **Agronomy Journal** 106, (5): 1643-1650. 2014.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V, DIAS, L. A. S.; BARBOSA, G. V. S.; OLIVEIRA, R. A.; PETERNELLI, L. A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** S2: 87-98. 2012.
- BERTON, G. S.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; BRASILEIRO, B. P.; IDO, O. T.; RUARO, L. & WEBER, H. RB036091 – an early-maturing sugarcane cultivar for the Central South of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 20. 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2c25>.
- BRESSIANI, J. A.; VENCOVSKY, R. & SILVA, J. A. G. Repeatability Within and Between Selection Stages in a Sugarcane Breeding Program. **Journal American Society of Sugarcane Technologists** 23: 40–47. 2003.
- COCK, J. H. Sugarcane growth and development. **International Sugar Journal** 105: 540–552. 2003.
- COSTA, W. G.; BORÉM, A. O.; CRUZ, C. D.; ROSADO, R. D. S. & SOARES, P. C. Dynamics, diversity and experimental precision in final irrigated rice testing: a time metaanalysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 20(4), 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a55>
- COUTO, M. F.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. **Ciência rural**, 43(6), 957-961. 2013.
- COX, M. C.; STRINGER, J. K. Benchmarking genetic gains from new cultivars in Queensland using productivity data. **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists**, 26, 624-631. 2007.
- DEL CLARO, A. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; SILVA, J. A. I. Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47(2), 302-310. 2012.

DUMMONT, T.; THONG-CHANE, A.; BARAU, L.; SIEGMUND, B.; HOARAU, J. Y. Genetic variabilities and genetic gains for yield components in regional sugarcane breeding programmes on Réunion Island. **Sugar Tech**, 21(6), 868-878. 2019.

EDMÉ, S. J.; MILLER, J. D.; GLAZ, B.; TAI, P. Y.; COMSTOCK, J. C. Genetic contribution to yield gains in the Florida sugarcane industry across 33 years. **Crop science**, 45(1), 92-97. 2005.

ELOY, L.; PÖTTER, L.; LOBATO, J.; BREMM, C.; LACA, E. Reproductive performance of cattle: a meta-analytical approach. **Journal of Animal Science**, 96, Issue suppl_3, 7, Pages 144–145, 2018. <https://doi.org/10.1093/jas/sky404.315>.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; DE SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Efficiency of methods for genetic progress estimation in common bean breeding using database information. **Euphytica**, 214(9), 164. 2018.

GIANNOTTI, J. D. G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M.E.Z. Meta-análise para estimativas de correlação genética entre pesos ao nascer e desmama de bovinos. **Scientia Agrícola**, 59, n. 3, p. 435-440. 2002.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research** 92: 277–290. 2005.

JUNIOR, BRAGA R. L. C.; LANDELL, M. G. A.; SILVA D. N.; BIDÓIA, M. A. P.; SILVA, T. N.; THOMAZINHO JÚNIOR J. R.; SILVA V. H. P.; ANJOS I. A. **Censo Varietal IAC de Cana-de-Açúcar No Brasil - Safra 2017/18 e na Região Centro-Sul - Safra 2018/19**. 64p. 2019.

R CORE TEAM R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>. 2019.

ST-PIERRE N. R. Invited review. Integrating quantitative findings from multiple studies using mixed model methodology. **Journal of Dairy Science** 84: 741–755. 2001.

STRECK E. A.; DE MAGALHAES A. M.; AGUIAR G. A.; FACCHINELLO P. K. H.; FAGUNDES P. R. R.; FRANCO D. F.; NARDINO M.; DE OLIVEIRA A. C. Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in Southern Brazil. **Crop Science** 58: 1094–1105. 2018.

TENA, E.; MEKBIB, F.; AYANA, A. Heritability and Correlation among Sugarcane (*Saccharum spp.*) Yield and Some Agronomic and Sugar Quality Traits in Ethiopia. **American Journal of Plant Sciences**, 07 (10):1453-1477. 2016. <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2016.710139>.

VIECHTBAUER, W.; Conducting Meta-Analyses in R with the metafor Package. **Journal of Statistical Software**, 36(3), 1-48, 2010. <https://doi.org/10.18637/jss.v036.i03>.

VIEIRA, P. A. S.; PEREIRA, L. G. R.; AZEVÊDO, J. A. G.; NEVES, A. L. A.;

CHIZZOTTI, M. L.; SANTOS, R. D.; ARAÚJO, G. G. L.; MISTURA, C.; CHAVES, A. V. Development of mathematical models to predict dry matter intake in feedlot Santa Ines rams. **Small Ruminant Research**, 112. Pages 78-84. 2013. ISSN 0921-4488, <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2012.10.007>.

WU, K. K.; ARCINAS, A. **Acreage census of cane varieties 2003**. Hawaii. 2004.

ZHOU, M. M.; GWATA, E. T. Quantifying sugarcane cultivar genetic gains in the Midlands region of South Africa. **Agronomy Journal**, 108(1), 342-348. 2016.

3 CAPÍTULO II: SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE NOVOS GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR PRODUTIVOS, ADAPTADOS E ESTÁVEIS TEMPORALMENTE

RESUMO

De maneira a suprir a dificuldade do desenvolvimento de clones comerciais de cana-de-açúcar que possam agregar ao máximo ganhos genéticos para múltiplos caracteres de interesse, os índices de seleção são empregados como ferramenta para auxiliar os melhoristas em diferentes culturas. O estudo teve como objetivo comparar a performance do índice análise de fatores e design de ideótipos (FAI-BLUP) e índice da distância genótipo–ideótipo multicaracterística (MGIDI), utilizando as médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) dos caracteres como variável de entrada, na seleção de genitores produtivos, adaptados e estáveis, considerando dados históricos de diferentes experimentos em fases avançadas do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná, durante os anos de 2006 a 2019. Este trabalho comparou as metodologias do índice MGIDI e FAI-BLUP em seis diferentes séries avançadas de cana-de-açúcar, avaliadas durante três safras, utilizando as MHPRVG dos caracteres como variável de entrada dos índices. Com base nos resultados das análises de componentes principais, etapa comum aos dois índices, foi observado que nas séries SE02, SE03 e SE06, três componentes foram selecionados, nas demais, apenas dois foram suficientes para explicar a variação existente entre os clones superiores a 77%. Os caracteres avaliados em cada série apresentaram estimativas de comunalidades elevadas variando entre 0,51-1,00, indicando que os fatores comuns selecionados explicaram ao menos 51% da variação do caráter. Considerando todas as taxas de seleção possíveis nas séries SE01, SE03 e SE05, a coincidência entre os índices FAI-BLUP e MGIDI mantiveram-se acima de 75%. As demais séries demandaram maiores taxas de seleção para que a coincidência entre os índices atingisse valores elevados e estáveis. Os resultados dos desvios de seleção considerando uma taxa de seleção de 30% em cada série para o caráter fibra, presente em cinco das seis séries avaliadas, apresentou o menor ganho de seleção direta em quatro séries, sendo a exceção a SE04. O MGIDI demonstrou ser capaz de selecionar clones superiores considerando multicaracteres nas séries avaliadas apresentando desvios de seleção individual mais equilibrados para as médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos. Esta metodologia promissora pode ser adotada em programas de melhoramento em busca de novos genitores para integrar o banco de germoplasmas e serem empregados em futuros cruzamentos.

Palavras-chave: Genética quantitativa; melhoramento genético; *Saccharum* spp.; índices de seleção.

MULTI-TRAIT SELECTION OF NEW SUGARCANE PARENTS, PRODUCTIVE, ADAPTED AND STABLE TEMPORALLY

ABSTRACT

In order to overcome the difficulty of developing commercial sugarcane clones that can maximize genetic gains for multiple characters of interest, selection indexes are used as a tool to help breeders in different cultures. The study aimed to compare the performance of the factor analysis and ideotype design index (FAI-BLUP) and the multi-trait genotype-ideotype distance index (MGIDI), using the harmonic means of the relative performance of the predicted genetic values (MHPRVG) of the characters as an input variable, in the selection of productive, adapted and stable parents, considering historical data from different experiments in advanced stages of the sugarcane breeding program of the Federal University of Paraná, during the years 2006 to 2019. This work compared the methodologies of the index MGIDI and the FAI-BLUP in six different sugarcane advanced series, evaluated over three harvests, using the means harmonics of the relative performance of the predicted genetic values of the traits as an input variable for the indices. Based on the results of the principal component analyses, a step common to the two indices, it was observed that in the SE06, SE03 and SE02 series, three components were selected, in the others, only two were sufficient to explain the variation between clones greater than 77 %. The characters evaluated in each series presented estimates of high commonalities ranging from 0.51-1.00, indicating that the selected common factors explained at least 51% of the character variation. Considering all possible selection rates in the SE01, SE03 and SE05 series, the coincidence between the FAI-BLUP and MGIDI indices remained above 75%. The other series demanded higher selection rates so that the coincidence between the indices reached high and stable values. The results of selection deviations considering a selection rate of 30% in each series for the fiber character, present in five of the six series evaluated, showed the smallest gain of direct selection in four series, the exception being SE04. MGIDI proved to be able to select superior clones considering multi-characters in the evaluated series, presenting more balanced individual selection deviations for the harmonic averages of the relative performance of the predicted breeding values. This promising methodology can be adopted in breeding programs in search of new parents to integrate the germplasm bank and be used in future crosses.

Keywords: quantitative genetics; genetic improvement; *Saccharum* spp.; selection index.

3.1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar de maneira geral buscam o desenvolvimento de variedades com elevada produtividade de colmos e açúcares, além de qualidade fitossanitária, resistentes ao acamamento, longevas e com níveis aceitáveis de fibra (JACKSON, 2005; KENNEDY, 2021). Contudo, dificuldades em ganhos genéticos simultâneos em caracteres agrônômicos na cana-de-açúcar são relatados em diferentes trabalhos (JACKSON, 2005; DUMMONT, *et al.*, 2019).

O método da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) é rotineiramente empregado para estimar os componentes de variância e prever os valores genéticos em programas de melhoramento genético (RESENDE, 2007). Considerando a seleção multicaracterística, os índices de seleção são empregados para superar a dificuldade inerente ao número de clones e/ou caracteres avaliados (OLIVOTO *et al.*, 2021).

Na seleção multicaracteres em progênie de capim elefante, Rocha *et al.* (2018) utilizaram os valores genotípicos preditos via BLUP em um novo índice denominado análise de fatores e design de ideótipos (FAI-BLUP), que apresenta como vantagens ser livre de multicolinearidade e não necessitar da atribuição de pesos econômicos. Resultados promissores no emprego do índice FAI-BLUP em diferentes estruturas populacionais e fases de seleção podem ser observados em trabalhos com as culturas da soja (WOYANN *et al.*, 2019), feijão (ROCHA *et al.*, 2019), abóbora (OLIVEIRA, 2021) e trigo (MEIR, *et al.*, 2021). Todavia, Olivoto e Nardino (2020) propuseram o índice da distância genótipo-ideótipo multicaracterística (MGIDI), que teve desempenho superior ao ser comparado com o FAI-BLUP em um estudo com dados reais e simulados.

Em ambos os índices descritos, a concepção inicial considerou a utilização dos valores genotípicos dos caracteres como variáveis de entrada, contudo, no contexto dos modelos mistos, considerando as avaliações em múltiplos locais e/ou safras, os valores genéticos podem ser utilizados para selecionar genótipos simultaneamente produtivos, adaptados e estáveis por meio das estimativas das médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG) fornecendo resultados na própria escala do caráter (STURION & RESENDE, 2005; VERARDI *et al.*, 2009).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo comparar a performance dos índices FAI-BLUP e MGIDI, utilizando as MHPRVG dos caracteres como variável de entrada, na seleção de genitores produtivos, adaptados e estáveis, considerando dados históricos de diferentes experimentos em fases avançadas na cana-de-açúcar

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1 Informações dos locais de avaliação

A base de dados utilizada foi proveniente de diferentes séries, que tiveram suas populações iniciais reduzidas após ao menos três seleções. Os experimentos foram conduzidos no município de Colorado-PR, entre as coordenadas de 22°50' S e 51°54' O, com altitude média de 400 m, precipitação média de 1480 mm anuais, temperaturas média, máxima e mínima de 22,1°C, 28,3°C, e 17,1°C, respectivamente e solo de textura arenosa. E no município de Bandeirantes-PR, entre as coordenadas 23°06' S e 50°22' O, altitude média de 492 m, precipitação média do município é de 1440 mm anuais, com temperaturas média, máxima e mínima de 21,9°C, 28,6°C e 16,7°C, respectivamente e solos de textura argilosa. Sendo avaliados por três safras consecutivas, durante os anos de 2006 a 2019 (Tabela 1).

As informações meteorológicas dos anos de condução dos experimentos estão resumidas na Figura 1.

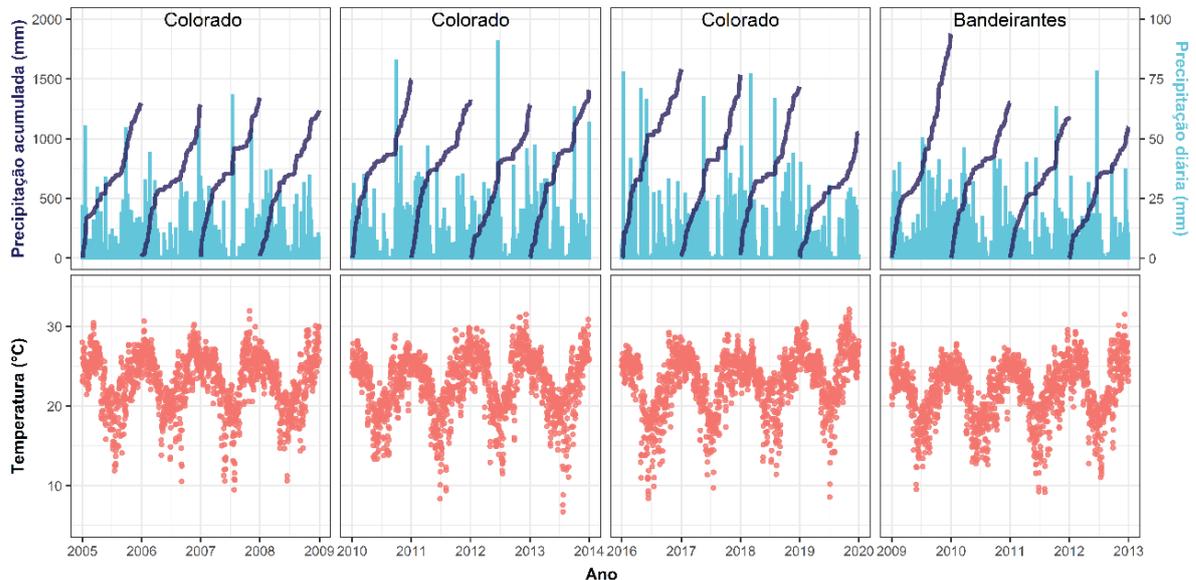
TABELA 1 - RESUMOS DOS EXPERIMENTOS CONDUZIDOS EM DIFERENTES SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO ESTADO DO PARANÁ

Locais	Série	NC [§]	NS	Safr (Ano)										
				2006	2007	2008	2010	2011	2012	2013	2017	2018	2019	
CO	SE01	14	4	P	S	S2								
CO	SE02	29	9	P	S	S2								
BAND	SE03	33	10				P	S	S2					
BAND	SE04	19	6				P	S	S2					
CO	SE05	25	8					P	S	S2				
CO	SE06	28	8									P	S	S2

Fonte: O autor (2021).

[§]NC = Número de clones avaliados; NS = Número de clones a serem selecionados nos índices considerando uma taxa de seleção de 30%. Safras planta (P), soca (S) e segunda soca (S2). Municípios de Colorado (CO) e Bandeirantes (BAND).

FIGURA 1 - DADOS METEOROLÓGICOS DOS LOCAIS DE EXPERIMENTAÇÃO COLORADO E BANDEIRANTES NO ESTADO DO PARANÁ, DURANTE OS ANOS QUE COMPREENDEM OS PLANTIOS A COLHEITAS DE SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR



FONTE: Sparks (2021).

3.2.2 Análise estatística e caracteres analisados

O sistema de plantio foi manual, com aproximadamente 18 gemas viáveis por metro. As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas com dez metros de comprimento com espaçamento de 1,4 metros entre linhas e a área total da parcela totalizou 56 m². O delineamento experimental empregado em todas as séries avaliadas foi em blocos casualizados com três repetições por clone.

Em todas as parcelas experimentais foram avaliados: número de colmos por metro (NCM), obtido pela contagem de todos os colmos da parcela e posteriormente convertido para metro; massa de um colmo (M1C), estimado por meio da média da pesagem de três amostras de dez colmos por parcela. A porcentagem de sacarose aparente (PC%) e o percentual de fibra (FIB) foi determinado a partir de uma amostra enviada a usina onde as análises são executadas conforme estabelece o Conselho de Produtores de Cana-de-Açúcar e Álcool do Estado de Paraná (CONSECANA, 2012). Toneladas de colmos por hectare (TCH) estimado por meio da fórmula: $TCH = (M1C \times NCP \times 10) / AP$, sendo AP a área da parcela. Toneladas de sacarose aparente por hectare (TPH) foi obtida pela fórmula $TPH = (TCH \times PC\%) / 100$.

Os componentes da variação fenotípica, a estabilidade e a adaptabilidade das populações associado ao modelo misto com interação genótipo x ambiente foram especificados conforme o modelo:

$$y = Xm + Zg + Wp + Ti + e,$$

Em que, y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações safrarepetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação clones x safras e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A performance relativa dos valores genotípicos foi obtida conforme a equação:

$$PRVG = \frac{1}{M} \left(\frac{\sum VG_j}{M_j} \right),$$

Em que, M é o número de safras; VG é o valor genotípico do j -ésimo genótipo.

A média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos multiplicada pela média geral (MHPRVG*MG) de cada caráter foi utilizada como variável de entrada nos índices de seleção sendo obtida a partir da equação:

$$MHPRVG * MG = \left(\frac{1}{\sum_{s=1}^s \frac{1}{PRVG}} \right) x MG,$$

3.2.3 Índices de seleção

Os índices de seleção descritos a seguir foram modificados com a substituição dos valores genotípicos pelas MHPRVG.

3.2.3.1 Análise de fatores e design de ideótipos (FAI-BLUP)

O índice FAI-BLUP foi utilizado conforme idealizado por Rocha *et al.* (2018), é baseado em análise de fatores considerando a designação de ideótipos. Sendo a primeira etapa a definição do número de ideótipos conforme a equação:

$$NI = 2^n,$$

Onde: NI = é o número de ideótipos e n é o número de fatores.

O número de fatores é baseado na combinação de fatores desejáveis e/ou indesejáveis de acordo com o objetivo do melhorista, sendo igual ao número de autovalores maiores ou iguais a um. Em seguida deve ser estimada a distância de cada clone de acordo com o seu ideótipo onde os valores estimados são uma probabilidade espacial que pode ser obtido com o seguinte algoritmo.

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; m}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}},$$

em que: P_{ij} = Probabilidade do i-ésimo clone ($i = 1, 2, \dots, n$) ser semelhante ao j-ésimo ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$); d_{ij} = distância entre i-ésimo clone ao j-ésimo ideótipo baseada na distância euclidiana média padronizada.

3.2.3.2 Índice da distância genótipo–ideótipo multicaracterística (MGIDI)

Conforme proposto por Olivoto e Nardino (2020) para obtenção do MGIDI primeiramente foi necessário reescalar as MHPRVG*MG para os caracteres agrônômicos conforme a equação:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{oj} - \varphi_{oj}} x(\theta_{oj} - \eta_{oj}) + \eta_{nj},$$

Onde, η_{nj} e φ_{nj} são os novos valores máximo e mínimo para a característica j após o reescalonamento, respectivamente; η_{oj} e φ_{oj} são os valores máximo e mínimo originais para a característica j, respectivamente, e θ_{oj} é o valor original para a j-ésima característica do i-ésimo clone. Os valores para η_{nj} e φ_{nj} foram escolhidos da seguinte maneira. Para todos os caracteres o objetivo foi ganho positivo sendo adotado $\eta_{nj} = 100$ e $\varphi_{nj} = 0$. Na tabela bidirecional reescalada (rX_{ij}), cada coluna tem um intervalo de 0-100 que considera o sentido de seleção desejado e mantém a estrutura de correlação do conjunto original de variáveis.

Após a obtenção dos valores reescalados (rX_{ij}), foi necessário executar a análise de fatores exploratória, e em seguida, os escores fatoriais para cada clone, conforme o modelo:

$$X = \mu + Lf + \varepsilon,$$

Em que, onde X é um $p \times 1$ é vetor de observações reescaladas; μ é um vetor $p \times 1$ de médias padronizadas; L é a matriz $p \times f$ de cargas fatoriais; f é o vetor $p \times 1$ de fatores comuns; e ε é um vetor $p \times 1$ de resíduos, sendo p e f o número de características e fatores comuns retidos, respectivamente.

Os autovalores e autovetores são obtidos da matriz de correlação de rX_{ij} . Os pesos iniciais foram obtidos considerando como fatores com autovalores maiores que um. Em seguida, o critério varimax (KAISER, 1958) foi usado para a rotação analítica e estimativa dos pesos finais.

Os escores foram obtidos com a equação:

$$F = Z(A^T R^{-1})^T,$$

Em que, F é uma matriz $g \times f$ com os escores fatoriais; Z é uma matriz $g \times p$ das médias padronizadas (redimensionadas); A é uma matriz $p \times f$ dos carregamentos canônicos e R é uma matriz de correlação $p \times p$ entre os caracteres. E g , f e p representam o número de clones, fatores e caracteres analisados, respectivamente.

Por último foi estimado o índice MGIDI conforme a equação:

$$MGIDI_i = \left[\sum_{j=1}^f (y_{ij} - y_j)^2 \right]^{0.5},$$

Em que, MGIDI índice da distância genótipo–ideótipo multicaracterística para o i -ésimo clone; y_{ij} é a escore clone no j -ésimo fator ($i = 1, 2, \dots, g$; $j = 1, 2, \dots, f$), sendo g e f o número de clones e fatores, respectivamente; e y_j é o j -ésimo escore do ideótipo. O clone com o menor MGIDI está, então, mais próximo do ideótipo e, portanto, apresenta os valores desejados para todos os caracteres.

3.2.4 Métricas para comparação do desempenho dos índices

A coincidência entre os índices de seleção em uma mesma série foi estimada conforme a fórmula:

$$CI(\%) = \left(\frac{NC_{(I_1 \cap I_2)}}{NCS} \right) \times 100,$$

Em que, $NC_{(I_1 \cap I_2)}$ é o número de clones selecionados simultaneamente nos dois índices de seleção.

O diferencial de seleção para as MHPRVG*MG (DS) foi obtido com a fórmula:

$$DS(\%) = \left(\frac{\bar{X}_s - \bar{X}_o}{\bar{X}_o} \right) \times 100,$$

Em que, \bar{X}_o é a média das MHPRVG*MG na população original e \bar{X}_s é a média das MHPRVG*MG dos clones selecionados no índice de seleção.

Para estudar os clones selecionados em apenas um dos índices foi estimado o diferencial de seleção individual:

$$DSI(\%) = \left(\frac{\bar{X}_i - \bar{X}_o}{\bar{X}_o} \right) \times 100,$$

Em que, \bar{X}_o é a média das MHPRVG*MG na população original e \bar{X}_i é o valor da MHPRVG*MG do clone selecionado no índice de seleção.

3.2.5 Recursos Computacionais

O Software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016), foi utilizado para análise de deviance e predição dos valores genéticos e MHPRVG. Demais análises foram efetuadas com o auxílio do software R (R Development Core Team, 2020), sendo utilizadas as bibliotecas nasapower (SPARKS, 2018) e metan (OLIVOTO & LÚCIO, 2020), para obtenção dos dados meteorológicos e os índices de seleção, respectivamente.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

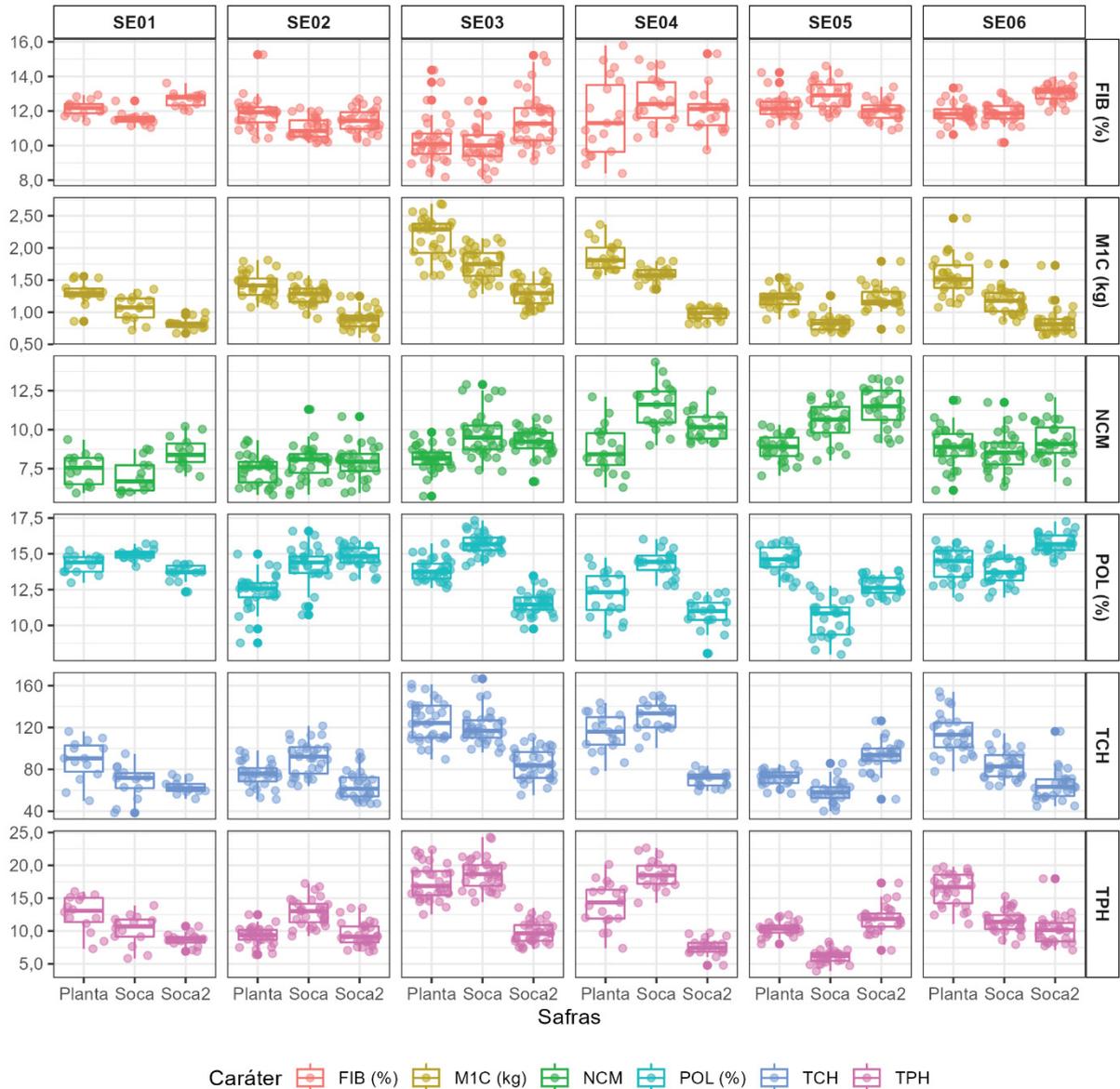
3.3.1 Análise exploratória e univariada dos caracteres agronômicos

Nas séries SE03 e SE04 as tendências de produção médias dos clones apresentaram comportamento semelhantes, provavelmente por terem sido avaliadas no mesmo local e das safras coincidirem nos anos agrícolas (Figura 2). Contudo, as demais séries avaliadas não apresentaram padrão detectável entre as safras (Figura 2). Considerando a variabilidade entre as safras, um estudo de repetibilidade envolvendo os caracteres conteúdo de sacarose (PC%) e TCH, chegou à conclusão de que no mínimo três cortes são necessários para que a seleção fosse praticada como uma previsibilidade de 80%. (HOFMANN, 2005).

As estimativas do teste de razão de verossimilhança (LRT), para a série SE06 não apresentou diferença significativa no efeito de interação dos clones durante as safras para nenhum dos caracteres, todavia apresentou diferença significativa entre o desempenho de clones (Apêndice A).

Em todas as séries avaliadas houve diferença estatisticamente significante para o efeito de clones considerando o caráter NCM. De maneira geral o efeito simples das safras apresentou menor significância considerando todos os caracteres avaliados nas séries estudadas. O caráter M1C não teve efeito de interação significativo apenas na série SE06. Apenas o caráter fibra na série SE01 não apresentou diferença significativa para nenhum dos efeitos estudados, sendo desconsiderada nos índices de seleção (Apêndice A).

FIGURA 2 - COMPORTAMENTO MÉDIO DOS CARACTERES DE PRODUÇÃO DOS CLONES ENTRE AS SAFRAS AVALIADOS NAS SÉRIES. CARACTERES: FIBRA (FIB), MASSA DE UM COLMO (M1C), NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), PORCENTAGEM DE SACAROSE APARENTE (PC%), TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE (TCH) E TONELADAS DE PC POR HECTARE (TPH)

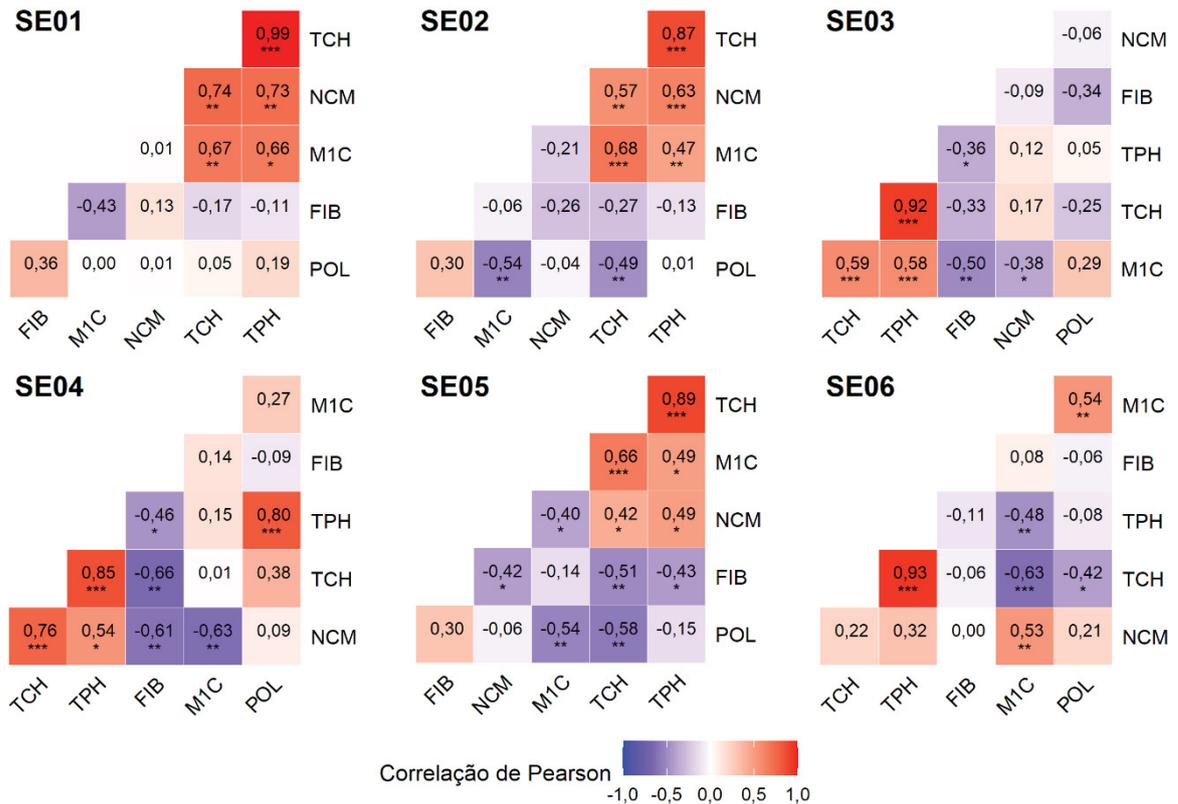


FONTE: O autor (2021).

As correlações entre caracteres para as MHPRVG podem ser observadas na Figura 3. O caráter TPH apresentou correlação significativa positiva com TCH em todas as séries, mas só apresentou correlação significativa com PC% na série SE04 (Figura 3). Esta mesma série foi a única que não apresentou correlações significativas positivas de M1C com TPH e TCH. O caráter FIB apresentou correlação negativa significativa com TPH em metade das séries estudadas (Figura 3 (SE03, SE04 e SE05)). Não foi observada correlação significativa entre os caracteres PC% e FIB (p

$\geq 0,05$). Todavia, estes dois caracteres apresentaram maiores frequências de correlações significativamente negativas com NCM, M1C e TCH (Figura 3).

FIGURA 3 - CORRELAÇÃO DE PEARSON E SIGNIFICÂNCIA VIA TESTE T ENTRE AS MÉDIAS HARMÔNICAS DOS VALORES GENOTÍPICOS PREDITOS PARA AS SÉRIES SE01, SE02, SE03, SE04, SE05 E SE06. CARACTERES: FIBRA (FIB), MASSA DE UM COLMO (M1C), NÚMERO DE COLMOS POR METRO (NCM), TONELADAS DE COLMOS POR HECTARE (TCH) E TONELADAS DE PC POR HECTARE (TPH)



FONTE: O autor (2021).

A seleção de clones comerciais usualmente utiliza a produtividade de açúcares por unidade de área como caráter de produção com maior peso, no entanto, considerando a ausência de correlações significantes com PC% e a presença com TCH, os ganhos futuros na produtividade de açúcares por unidade de área podem ser prejudicados. Esta preocupação foi objeto de estudo para Kennedy *et al.* (2021) ao avaliarem o comportamento da segunda submetade de dados históricos dos açúcares totais recuperáveis na cana-de-açúcar observaram que houve ganhos para os estados americanos da Louisiana (0,08%, 1969-2018) e Flórida (0,05%, 1942-2018), atribuindo como sucesso o lançamento de novas cultivares conjuntamente com a

adoção de práticas de manejo, além da introgressão de genitores de *Saccharum spontaneum* na Louisiana para ampliação da base genética. No mesmo estudo os autores observaram que na Austrália os ganhos estagnaram (-0,0075%, 1928–2018), sendo apontada como possível estratégia para contornar o problema a adoção de técnicas moleculares.

3.3.2 Análise Multivariada

A análise de componentes principais é metodologia adotada para determinar os fatores da análise fatorial em ambos os índices, sendo utilizado para redução do número de componentes o critério de Kaiser (1958), que propôs selecionar apenas aqueles em que número de autovalores de valores superiores ou iguais a uma unidade. Desta maneira, nas séries SE06, SE03 e SE02, três componentes foram selecionados, nas demais apenas dois foram suficientes (Tabela 2). Considerando o número de componentes selecionados em cada série, a capacidade de explicar a variação existente entre os clones pode ser mensurada com as estimativas da variância acumulada que foram superiores a 77% (Tabela 2).

TABELA 2 - AUTOVALORES E VARIÂNCIA ACUMULADA (VA) EXPLICADAS PELOS COMPONENTES PRINCIPAIS EM SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Série	Estimativa	Componentes principais					
		1	2	3	4	5	6
SE01	Autovalores	2,99	1,01	0,99	0,01	0	-
	VA(%)	59,84	80,05	99,77	99,99	100	-
SE02	Autovalores	2,88	1,48	1,09	0,55	0,01	0
	VA(%)	48,04	72,65	90,76	99,87	99,96	100
SE03	Autovalores	2,7	1,46	1,11	0,54	0,19	0
	VA(%)	44,94	69,27	87,83	96,78	99,99	100
SE04	Autovalores	3,2	1,73	0,73	0,33	0	0
	VA(%)	53,39	82,19	94,4	99,91	99,96	100
SE05	Autovalores	3,07	1,58	0,80	0,54	0	0
	VA(%)	51,1	77,49	90,84	99,91	99,98	100
SE06	Autovalores	2,7	1,57	1,02	0,7	0,01	0,01
	VA(%)	44,99	71,08	88,08	99,74	99,9	100

Fonte: O autor (2021).

A correlação entre os caracteres e fatores, variaram entre as séries estudadas em magnitude e direção (Tabela 3). Os caracteres avaliados em cada série apresentaram estimativa de comunalidades elevadas variando entre 0,51-1,00, indicando que os fatores comuns selecionados explicaram ao menos 51% da variação do caráter.

TABELA 3 - RESUMO DA ANÁLISE DE FATORES PARA SEIS CARACTERES AVALIADOS EM SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Série	Caráter	Fatores			Comunalidade
		1	2	3	
SE06	M1C [§]	0,59	-0,77	0,09	0,95
	NCM	0,37	0,87	-0,12	0,90
	PC%	-0,30	0,63	0,26	0,56
	TCH	0,98	-0,17	-0,02	1,00
	TPH	0,97	0,05	0,10	0,95
	FIB	-0,08	-0,01	-0,96	0,93
SE05	M1C	-0,05	-0,97	-	0,95
	NCM	0,90	0,31	-	0,90
	PC%	-0,16	0,71	-	0,53
	TCH	0,69	-0,71	-	0,97
	TPH	0,75	-0,45	-	0,77
	FIB	-0,70	0,19	-	0,53
SE04	M1C	-0,56	0,67	-	0,77
	NCM	0,98	-0,06	-	0,96
	PC%	0,12	0,86	-	0,75
	TCH	0,79	0,51	-	0,89
	TPH	0,58	0,80	-	0,98
	FIB	-0,76	-0,15	-	0,59
SE03	M1C	0,67	-0,42	0,52	0,90
	NCM	0,09	-0,03	-0,98	0,96
	PC%	-0,17	-0,89	0,09	0,84
	TCH	0,99	0,10	-0,08	1,00
	TPH	0,93	-0,12	-0,06	0,88
	FIB	-0,42	0,71	0,09	0,69
SE02	M1C	0,18	-0,96	-0,10	0,96
	NCM	0,85	0,28	0,32	0,90
	PC%	0,07	0,72	-0,53	0,81
	TCH	0,79	-0,59	0,17	1,00
	TPH	0,94	-0,27	-0,10	0,96
	FIB	-0,14	0,04	-0,89	0,82
SE01	M1C	0,69	0,20	-	0,51
	NCM	0,73	-0,14	-	0,55
	PC%	0,04	-0,97	-	0,94
	TCH	1,00	-0,02	-	1,00
	TPH	0,99	-0,16	-	1,00

Fonte: O autor (2021).

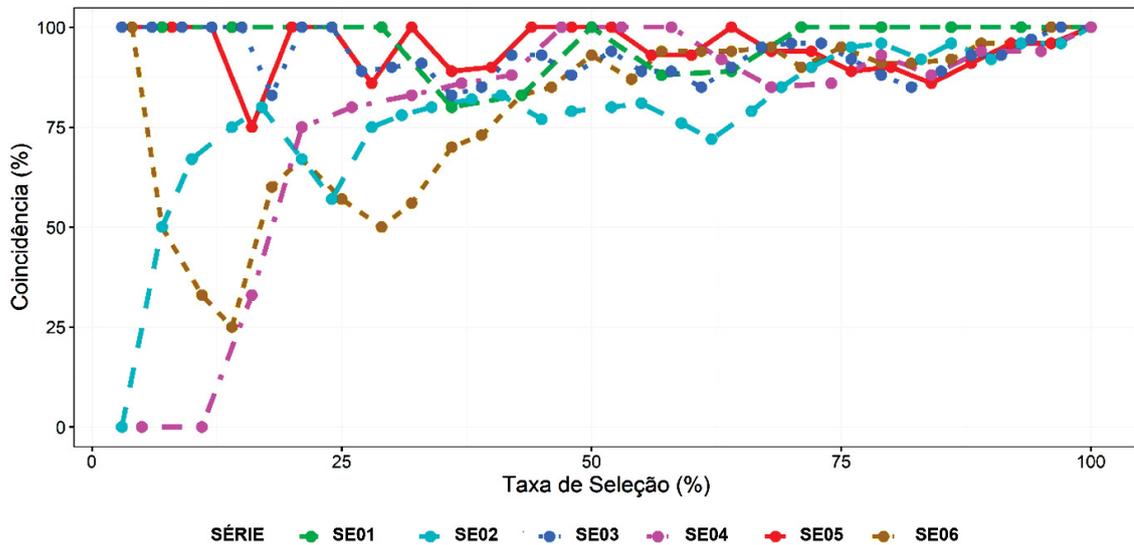
[§]Caracteres: fibra (FIB), massa de um colmo (M1C), número de colmos por metro (NCM), porcentagem sacarose aparente (PC%), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de PC por hectare (TPH).

3.3.3 Comportamento dos índices de seleção

Considerando todas as taxas de seleção possíveis nas séries SE05, SE03 e SE01 a coincidência entre os índices FAI-BLUP e MGIDI mantiveram-se acima de 75%. As demais séries demandaram maiores taxas de seleção para que a

coincidência entre os índices atingisse valores de coincidência elevados e estáveis (Figura 4).

FIGURA 4 - COINCIDÊNCIA ENTRE OS CLONES SELECIONADOS NOS ÍNDICES DE SELEÇÃO FAI-BLUP E MGIDI EM UMA MESMA SÉRIE CONSIDERANDO DIFERENTES TAXAS DE SELEÇÃO



FONTE: O autor (2021).

Os resultados dos desvios dos DS para uma taxa de seleção de 30% em cada série avaliada podem ser observados na tabela 4. O caráter fibra, avaliada em cinco das seis séries, apresentou o menor ganho de seleção direta em 3 séries, sendo a exceção a SE03 e SE04. Este mesmo caráter foi o que apresentou maior número de ocorrências em DS negativos nos índices de seleção FAI-BLUP e MGIDI, com três ocorrências nas mesmas séries (SE05, SE04 e SE03). Considerando o objetivo DS positivos para todos os caracteres, nas séries SE01 e SE02 os dois índices apresentaram, e na SE06 apenas o FAI-BLUP. Na SE04 os DS foram negativos para fibra, em ambos os índices, e NCM apenas no FAI-BLUP.

Os mesmos clones foram selecionados nos índices nas séries SE01 e SE05, acarretando valores iguais dos somatórios dos DS (Tabela 4). Nas demais séries o índice FAI obteve maiores somatórios em duas (SE06 e SE04) sendo o mesmo número de séries que o MGIDI foi superior (SE03 e SE02). Em duas séries foram observadas maior discrepâncias entre os índices. Na série SE06 o índice FAI-BLUP foi superior ao MGDI em 8,92%, enquanto na SE02 foi inferior em 17,62%.

TABELA 4 - DIFERENCIAL DE SELEÇÃO GENÉTICO (DS) BASEADO NA SELEÇÃO DIRETA (SD) E INDIRETA VIA ÍNDICES FAI-BLUP E MGIDI CONSIDERANDO UMA TAXA DE SELEÇÃO DE 30%

Série	Caractere	DS(%)		
		SD	FAI-BLUP	MGIDI
SE01	M1C	11,85	2,78	2,78
	NCM	14,45	7,61	7,61
	PC%	1,78	1,45	1,45
	TCH	14,64	10,31	10,31
	TPH	15,32	12,58	12,58
SE02	FIB	5,06	3,58	2,44
	M1C	14,12	2,75	8,55
	NCM	12,23	0,83	2,47
	PC%	6,42	2,79	0,87
	TCH	16,00	2,99	10,53
SE03	TPH	13,84	5,76	11,47
	FIB	10,48	-8,63	-5,63
	M1C	17,14	11,68	9,64
	NCM	8,38	0,75	0,03
	PC%	6,24	2,60	0,35
SE04	TCH	8,29	5,88	7,55
	TPH	7,65	5,81	7,20
	FIB	10,61	-1,31	-1,24
	M1C	4,89	1,68	3,47
	NCM	11,93	0,04	-3,04
SE05	PC%	8,78	7,45	7,16
	TCH	3,93	1,58	1,42
	TPH	10,62	7,92	7,44
	FIB	3,32	-2,06	-2,06
	M1C	10,78	2,96	2,96
SE06	NCM	8,97	5,80	5,80
	PC%	6,21	-3,23	-3,23
	TCH	9,40	8,06	8,06
	TPH	7,48	5,04	5,04
	FIB	1,93	0,04	1,09
SE06	M1C	19,24	1,81	2,58
	NCM	14,22	9,85	6,53
	PC%	4,53	0,38	-2,11
	TCH	13,34	8,44	7,70
	TPH	10,40	7,48	4,10
Soma (SE01)		-	34,72	34,72
Soma (SE02)		-	18,71	36,33
Soma (SE03)		-	18,09	19,14
Soma (SE04)		-	17,35	15,21
Soma (SE05)		-	16,56	16,56
Soma (SE06)		-	28,01	19,89

Fonte: O autor (2021).

§Caracteres: fibra (FIB), massa de um colmo (M1C), número de colmos por metro (NCM), porcentagem sacarose aparente (PC%), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de PC por hectare (TPH). Em negrito caracteres com desvio de seleção genético negativos.

O caráter FIB, presente em cinco das seis séries avaliadas, apresentou os menores DS considerando a SD nas séries SE06, SE03 e SE02. O mesmo caráter, foi o que teve maior frequência de DS negativos, estando presentes nas séries SE05, SE04 e SE03 em ambos os índices, o que pode ser constatado com a elevada frequência de clones selecionados com DSI negativos (Tabela 4 e Apêndice B).

Este comportamento reflete os valores de correlação negativas observados (Figura 3). Uma vez que o interesse da seleção foi de ganhos positivos para todos os caracteres, correlações negativas dificultam ganhos simultâneos (JACKSON; 2005). Considerando a taxa de seleção de 30%, dos 53 clones selecionados em todas as séries, 37 (~71%) foram selecionados simultaneamente nos dois índices, neste conjunto estavam os 5 genótipos (~11,32%) que apresentaram DSI superior para todos os caracteres simultaneamente (Apêndice B). Destes 6 genótipos, dois foram lançados como cultivares comerciais, a RB975952 e RB966928.

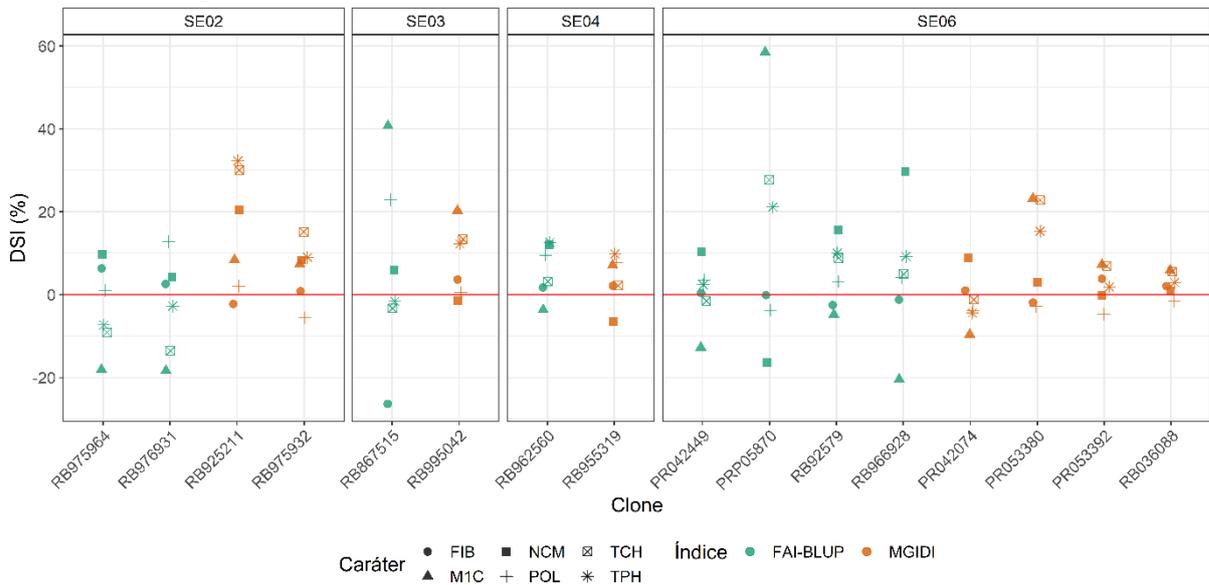
Em populações avançadas a variabilidade é menor que nas fases iniciais e a probabilidade de obter genótipos com DSI simultaneamente elevados acaba sendo menor do que em populações em fases iniciais submetidas a taxas de seleção menores. Todavia, o delineamento experimental empregado nesta fase fornece estimativas mais acuradas dos valores genotípicos devido ao emprego de repetições e das avaliações em múltiplos cortes, além disso, a frequência de clones que apresentam caracteres indesejáveis que afetam a produtividade como suscetibilidade a pragas e doenças, é menor.

Apesar da elevada coincidência de seleção, oito genótipos foram selecionados exclusivamente em cada índice, no FAI-BLUP (RB975964, RB76931, RB867515, RB962560, PR042449, PRP05870, RB92579 e RB966928) e no MGIDI (RB925211, RB975932, RB995042, RB955319, PR042074, PR053380, PR053392 e RB036088) (Apêndice B).

Ao compararmos o desempenho dos clones selecionados somente por um dos índices nas quatro séries, observamos que de maneira geral o MGIDI proporcionou ganhos mais equilibrados e com menor frequência de valores negativos (Figura 5). A frequência de DSI negativo no índice FAI-BLUP foi de aproximadamente 40%, entretanto no MGIDI, esta frequência foi de apenas 27%. Este resultado obtido considerando como variáveis de entrada as MHPRVG, atesta aos obtidos por Olivoto e Nardino (2020) ao avaliar a comportamento dos índices MGIDI e FAI-BLUP

considerando dados reais e simulados utilizando os valores genotípicos dos caracteres.

FIGURA 5 - DESVIO DE SELEÇÃO INDIVIDUAL (DSI) DOS CARACTERES NOS CLONES SELECIONADOS EM EXCLUSIVAMENTE UM DOS ÍNDICES DE SELEÇÃO EM QUATRO SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR



FONTE: O autor (2021).

De maneira a explorar a variabilidade para os caracteres agrônômicos na cultura da cana-de-açúcar, Paula *et al.* (2020) executou cruzamentos entre acessos do banco de germoplasmas no esquema em fatorial desconexo, recomendando a exploração dos grupos heteróticos formados utilizando as informações do pedigree e das estimativas da capacidade específica de combinação em diferentes esquemas de seleção recorrente. Esta estratégia poderia ser adotada futuramente considerando genitores já conhecidos do programa conjuntamente com clones selecionados considerando MGIDI.

3.4 CONCLUSÕES

O índice de seleção MGIDI, quando comparado com o FAI-BLUP, demonstrou ser capaz de selecionar genótipos superiores considerando multicares em nas séries avaliadas apresentando desvios de seleção individual mais equilibrados para as médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos. Esta metodologia pode ser adotada em programas de melhoramento em busca de novos

genitores para integrar o banco de germoplasmas e serem empregados em futuros cruzamentos.

REFERÊNCIAS

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE-AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DO PARANÁ - CONSECANA. **Manual de Instruções**. Curitiba. 3. Ed. .116p. 2012.

DUMONT, T.; THONG-CHANE, A.; BARAU, L.; SIEGMUND, B.; HOARAU, J. Y. Genetic variabilities and genetic gains for yield components in regional sugarcane breeding programmes on Réunion Island. **Sugar Tech**, 21(6), 868-878. 2019.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, 92(2-3), 277-290, 2005.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, 23, 187–200, 1958.

KENNEDY, P. L.; SCHMITZ, A.; ZHANG, F. Sugar recovery rates in Louisiana, Florida, and Australia (1901–2018): Sugarcane varietal development and cultural practices. **Crop Science**, 61(1), 331-341, 2021.

MEIER, C.; MARCHIORO, V. S.; MEIRA, D.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L. A. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 51, e67996-e67996. 2021.

OLIVEIRA, R. L.; GOMES, R. S.; DE ALMEIDA, C. F.; MACHADO JUNIOR, R.; ROCHA, J. R. A. D. C.; DA SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. **Crop Science**, 61(3), 1620-1629. 2021.

OLIVOTO, T.; DIEHL, M. I.; SCHMIDT, D.; LÚCIO, A. D. C. Multivariate analysis of strawberry experiments: where are we now and where can we go?. **BioRxiv**, 2020-12, 2021.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. Metan: an R package for multi-environment trial analysis, **Methods Ecol Evol**, 11:783-789, 2020, doi:10.1111/2041-210X.13384.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments, **Bioinformatics**, v, 37, n, 10, p, 1383-1389, 2020, Doi: 10.1093/bioinformatics/btaa981.

PAULA, M. T. O.; BRASILEIRO, B. P.; CURSI, D. E.; DE FREITAS, E. G.; DOS SANTOS, J. M.; DE RESENDE, M. D. V.; PEREIRA BARBOSA, M. H. Establishment of gene pools for systematic heterosis exploitation in sugarcane breeding. **Agronomy Journal**, 112(5), 3847-3858. 2020.

R CORE TEAM, R: A language and environment for statistical computing, **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2020. URL <https://www.R-project.org/>.

RESENDE, M. D. V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. **Embrapa Florestas**, Colombo, pp. 362. 2007.

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

ROCHA J. R. A. S.; NUNES K. V.; CARNEIRO A. L. N.; MARÇAL T. S.; SALVADOR F. V.; CARNEIRO P. C. S.; CARNEIRO J. E. S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal** 111: 1181-1189. 2019.

ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GBC Bioenergy**, 10(1), 52-60. 2018.

SPARKS A. **Nasapower: NASA-POWER Data from R.**, 2021 doi: 10.5281/zenodo.1040727

SPARKS, A. Nasapower: A NASA POWER Global Meteorology, Surface Solar Energy and Climatology Data Client for R, **Journal of Open Source Software**, 3(30), 1035, 2018. <https://doi.org/10.21105/joss.010>.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Seleção de progênies de erva-mate (*Llex paraguariensis* St. Hil.) para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n.50, p.37-51, 2005.

VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V. D.; COSTA, R. B. D.; GONÇALVES, P. D. S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 44, 1277-1282. 2009.

WOYANN L. G.; MEIRA D.; MATEI G.; ZDZIARSKI A. D.; DALLACORTE L. V.; MADELLA L. A. AND BENIN G. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal** 112: 175-182. 2020.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O processo de obtenção de uma nova cultivar de cana-de-açúcar é caro e exige tempo, trabalho e investimento. Cada decisão equivocada, pode afetar negativamente o programa e/ou melhoramento de uma empresa, e pode ser irreversível a curto prazo. Desde modo, é muito importante avaliar e monitorar a eficiência dos programas de melhoramento, obtendo estimativas e ganhos genéticos, analisando assim, a eficiência e planejar novas estratégias para o desenvolvimento e liberação de novas cultivares.

Na primeira etapa deste trabalho, investigou os parâmetros estimados em caracteres agronômicos em clones de cana-de-açúcar que chegaram a fase final de experimentação, utilizando meta-análise de maneira a obter estimativas combinadas que refletissem o comportamento dos parâmetros CV, h^2 e médias, dos caracteres PC%, TCH e TPH ao longo de nove FE avaliadas durante os anos de 2005 a 2017, do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná.

Esta metodologia utilizada, levou em consideração meta-análise de ensaios com clones avançados, de uma determinada série, quando comparada a séries anteriores. Assim, foram obtidas estimativas para todos os genótipos, sejam ou não liberadas como cultivar, fornecendo um modelo de avaliação mais abrangente das relações entre o progresso genético com o objetivo da pesquisa e as estratégias de seleção do programa ao longo dos anos.

Como resultados, os coeficientes de variação estimados de progresso genético ao longo das séries, mantiveram-se estáveis para TCH e TPH, com decréscimo para o PC%. Em todas as séries avaliadas, os valores estimados mantiveram próximos aos limites recomendados, demonstrando assim, uma boa precisão experimental dos experimentos estudados.

As herdabilidades estimadas no decorrer das séries, apresentaram os maiores valores positivos de progresso genético. Conforme as séries experimentais avançam, a chance de sucesso com a seleção aumenta, visto que a influência ambiental sobre os fenótipos dos clones elites, diminuíram.

O TPH é uma variável de produção de grande importância, sendo o produto resultante entre as variáveis TCH e PC%. Nas séries avaliadas o TPH apresentou

progresso genético positivo, sendo essa resposta devida ao PG positivo na média obtido para TCH, que conseguiu ser superior ao PG estável obtido em PC%.

A dificuldade em estabelecer ganhos para PC% em novos clones comerciais e/ou em clones em fases avançadas também foram observadas em estudos em outros programas de melhoramento como na África do Sul e na Ilhas Reunião, sendo observados ganhos anuais nulos ou próximos de zero para teor açúcar, a depender do local, todavia houve aumento da produtividade de açúcares por hectare devido ao aumento da produção de cana. (ZHOU & GWATA, 2016; DUMMONT *et al.*, 2019).

Apesar do sucesso anterior dos programas de melhoramento, existe a necessidade de adotar novas estratégias para superar o atual nível de características relacionadas à sacarose. Em busca de promover o aumento de teor de sacarose, estratégias de seleção recorrente são apropriadas e indicadas.

No melhoramento genético da cana-de-açúcar, a definição dos genitores marca o início de um longo processo de criação, portanto, esses genitores devem possuir características de interesse aos melhoristas. A manutenção e o planejamento de novos genitores nos bancos de germoplasma são importantes para uma sequência de todo o processo de melhoramento genético.

No segundo capítulo, comparou-se dois índices de seleção, o FAI-BLUP e MGIDI, com o objetivo de validar a seleção de novos genitores produtivos adaptados e estáveis para integrar o banco de germoplasma do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar ao final de cada série experimental conduzida.

O MGIDI demonstrou ser capaz de selecionar clones superiores considerando multicares nas séries avaliadas apresentando desvios de seleção individual mais equilibrados para as médias harmônicas da performance relativa dos valores genéticos preditos.

A próxima etapa deste estudo, é obter informações do pedigree e das estimativas da capacidade geral e específica de combinação em diferentes esquemas de seleção recorrente. Esta estratégia poderia ser adotada futuramente considerando genitores já conhecidos do programa conjuntamente com clones selecionados considerando MGIDI.

Por fim, a RIDESA ao longo desses mais de 30 anos tem desenvolvido um papel fundamental para sustentabilidade do setor sucroenergético. Integrado a esta rede, o PMGCA/UFPR liberou e protegeu dez variedades para o cultivo na região centro-sul do Brasil. Destas liberações, destaque-se a RB966928, segunda mais

cultivada no Brasil na safra 2017/18 (JUNIOR BRAGA *et al.*, 2019; BERTON *et al.*, 2020).

5 REFERÊNCIAS GERAIS

- ACRECHE, M. M.; SAEZ, J. V.; CHALCO VERA, J. Physiological bases of genetic gains in sugarcane yield in Argentina. **Field Crops Research** 175: 80–86. 2015.
- AZEVEDO, J. A. G.; VALADARES FILHO, S. C.; PINA, D. S.; CHIZZOTTI, M. L.; VALADARES, R. F. D. A meta-analysis of dry matter intake in Nellore and Zebu-crosses cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 39(8), 1801-1809. 2010. <https://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982010000800024>.
- BAFFA, D. C. F.; COSTA, P. M. A.; SILVEIRA, G.; LOPES, F. J. F.; BARBOSA, M. H. P.; LOUREIRO, M. E.; CRUZ, C. D.; PETERNELLI, L. A. Path analysis for selection of saccharification-efficient sugarcane genotypes through agronomic traits. **Agronomy Journal** 106, (5): 1643-1650. 2014.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V, DIAS, L. A. S.; BARBOSA, G. V. S.; OLIVEIRA, R. A.; PETERNELLI, L. A.; DAROS, E. Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* S2: 87-98. 2012.
- BARRETO, F. Z.; BALSALOBRE, T. W. A.; CHAPOLA, R. G.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, A. P.; HOFFMANN, H. P.; GAZAFFI, R.; CARNEIRO, M. S. Genetic Variability, Correlation among Agronomic Traits, and Genetic Progress in a Sugarcane Diversity Panel. **Agriculture**, 11, 533, 2021. <https://doi.org/10.3390/agriculture11060533>.
- BERTON, G. S.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; ZAMBON, J. L. C.; BESPALHOK FILHO, J. C.; BRASILEIRO, B. P.; IDO, O. T.; RUARO, L.; WEBER, H. RB036091 – an early-maturing sugarcane cultivar for the Central South of Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 20. 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2c25>.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica** 48, 110–117, 2017.
- BORDONAL, R. O.; CARVALHO, J. L. N.; LAL, R.; FIGUEIREDO, E. B.; OLIVEIRA, B. G.; LA SCALA, N. Sustainability of sugarcane production in Brazil. **Agronomy for Sustainable Development**, 38, 13 2018. <https://doi.org/10.1007/s13593-018-0490-x>.
- BOURDON, G. E. P. Understanding animal breeding. **Upper Saddle River: Prendice-Hall**, 538 p., 2000.
- BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O. P.; PINHEIRO, P. V.; SILVA, A. C. S.; CASTRO, E. M.; GUIMARÃES, É. P.; CASTRO, A. P.; PEREIRA, J. A.; LOPES, A. M.; UTUMI, M. M.; OLIVEIRA, J. P. Results of 25 years of upland rice breeding in Brazil. **Crop Science Society of America** 51: 914-923, 2011.
- BRESSIANI, J. A.; VENCOVSKY, R.; SILVA, J. A. G. Repeatability Within and Between Selection Stages in a Sugarcane Breeding Program. **Journal American**

Society of Sugarcane Technologists 23: 40–47. 2003.

BURDON, R. D.; LI, Y. Genotype-environment interaction involving site differences in expression of genetic variation along with genotypic rank changes: simulations of economic significance. **Tree Genetics & Genomes** 15, 1–10, 2019.

CARVALHO, S. P.; CUSTÓDIO, T. N.; BALIZA, D. P.; REZENDE, T. T. Meta-análise para estimativas de herdabilidade de caracteres vegetativos e reprodutivos de *Coffea arabica* L., **Semina: Ciências Agrárias**, 33, n.4, p.1291-1298, 2012. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n4p1291>

CHEAVEGATTI-GIANOTTO, A.; ABREU, H. M. C.; ARRUDA, P.; BESPALHOK FILHO, J. C.; BURNQUIST, W. L.; CRESTE, S.; DI CIERO, L.; FERRO, J. A.; DE OLIVEIRA FIGUEIRA, A. V.; DE SOUSA FILGUEIRAS, T.; *et al.* Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): A reference study for the regulation of genetically modified cultivars in Brazil. **Tropical Plant Biology**, 4, 62–89, 2011.

COBB, J. N.; JUMA, R. U.; BISWAS, P. S.; ARBELAEZ, J. D.; RUTKOSKI, J.; ATLIN, G.; HAGEN, T.; QUINN, M.; NG, E. H. Enhancing the rate of genetic gain in public-sector plant breeding programs: Lessons from the breeder's equation. **Theoretical and Applied Genetics**, 132, 627–645, 2019. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03317-0>.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Cana-de-açúcar, Safra 2020/2021**. Quarto levantamento, Brasília, p.1-57, maio de 2021. Disponível em <https://www.conab.gov.br/infoagro/safras/cana/boletim-da-safra-de-cana-de-acucar>.

COCK, J. H. Sugarcane growth and development. **International Sugar Journal** 105: 540–552. 2003.

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE-AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DO PARANÁ - CONSECANA. **Manual de Instruções**. Curitiba. 3. Ed. .116p. 2012.

COSTA, W. G.; BORÉM, A. O.; CRUZ, C. D.; ROSADO, R. D. S.; SOARES, P. C. Dynamics, diversity and experimental precision in final irrigated rice testing: a time metaanalysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 20(4), 2020. <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a55>

COUTINHO, H. C.; TURETTA, A. D.; MONTEIRO, J. G.; CASTRO, S. S.; PIETRAFESA, J. Participatory sustainability assessment for sugarcane expansion in Goiás, Brazil. **Sustainability**, 9, 1573, 2017.

COUTO, M. F.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Classification of the coefficients of variation for sugarcane crops. **Ciência rural**, 43(6), 957-961. 2013.

COX, M. C.; STRINGER, J. K. Benchmarking genetic gains from new cultivars in Queensland using productivity data. **Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists**, 26, 624-631. 2007.

CRUZ, C. D.; **Princípios de genética quantitativa**, Viçosa, ed. UFV, 394 p., 2005.

CURSI, D. E.; HOFFMANN, H. P.; BARBOSA, G. V. S.; BRESSIANI, J. A.; GAZAFFI, R.; CHAPOLA, R. G.; FERNANDES JUNIOR, A. R. BALSALOBRE, T. W. A.; DINIZ, C. A.; SANTOS, J. M.; *et al.* History and current status of sugarcane breeding, germplasm development and molecular genetics in Brazil. **Sugar Tech** 2021.

CUSTÓDIO, T. N.; BALIZA, D. P.; CARVALHO, S. P.; REZENDE, T. T. Meta-análise para estimativas de herdabilidade de características do desenvolvimento e produção do *Coffea canephora* Pierre. **Semina: Ciências Agrárias**, 33, 2501-2510, 2012. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n6Supl1p2501>.

DAL-BIANCO, M.; CARNEIRO, M. S.; HOTTA, C. T.; CHAPOLA, R. G.; HOFFMANN, H. P.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, G. M. Sugarcane improvement: How far can we go? *Curr. Opin. Biotechnol*, 23, 265–270, 2012.

DANIELS, J.; ROACH, B.T. Taxonomy and evolution. In **Sugarcane Improvement through Breeding**; Heinz, D.J.; Ed.; Elsevier: Amsterdam, The Netherlands, 1987; pp. 7–84.

DEL CLARO, A. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; SILVA, J. A. I. Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47(2), 302-310. 2012.

DUMMONT, T.; THONG-CHANE, A.; BARAU, L.; SIEGMUND, B.; HOARAU, J. Y. Genetic variabilities and genetic gains for yield components in regional sugarcane breeding programmes on Réunion Island. **Sugar Tech**, 21(6), 868-878. 2019.

EDMÉ, S. J.; MILLER, J. D.; GLAZ, B.; TAI, P. Y.; COMSTOCK, J. C. Genetic contribution to yield gains in the Florida sugarcane industry across 33 years. **Crop Science**, 45(1), 92-97. 2005.

ELOY, L.; PÖTTER, L.; LOBATO, J.; BREMM, C.; LACA, E. Reproductive performance of cattle: a meta-analytical approach. **Journal of Animal Science**, 96, Issue suppl_3, 7, 144–145, 2018. <https://doi.org/10.1093/jas/sky404.315>.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; DE SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Efficiency of methods for genetic progress estimation in common bean breeding using database information. **Euphytica**, 214(9), 164. 2018.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; PELOSO, M. J. D.; BRÁS, A. J. B. P.; MOREIRA, J. A. A.; CARVALHO, H. W. L.; MELO, L. C. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, 142, 68–74, 2013.

GIANNOTTI, J. D. G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M. E. Z. Meta-análise para estimativas de correlação genética entre pesos ao nascer e desmama de bovinos. **Scientia Agrícola**, 59, n. 3, p. 435-440. 2002.

GOUY, M.; ROUSSELLE, Y.; THONG CHANE, A.; ANGLADE, A.; ROYAERT, S.; NIBOUCHE, S.; COSTET, L. Genome wide association mapping of agro-morphological and disease resistance traits in sugarcane. **Euphytica**, 202, 269–284, 2015.

HAZEL, L. N. The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. **Genetics** 28, 476–90, 1943.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, 92(2-3), 277-290, 2005.

JUNIOR, BRAGA R. L. C.; LANDELL, M. G. A.; SILVA D. N.; BIDÓIA, M. A. P.; SILVA, T. N.; THOMAZINHO JÚNIOR J. R.; SILVA V. H. P.; ANJOS I. A. **Censo Varietal IAC de Cana-de-Açúcar No Brasil - Safra 2017/18 e na Região Centro-Sul - Safra 2018/19**. 64p. 2019.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, 23, 187–200, 1958.

KENNEDY, P. L.; SCHMITZ, A.; ZHANG, F. Sugar recovery rates in Louisiana, Florida, and Australia (1901–2018): Sugarcane varietal development and cultural practices. **Crop Science**, 61(1), 331-341, 2021.

MEIER, C.; MARCHIORO, V. S.; MEIRA, D.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L. A. Genetic parameters and multiple-trait selection in wheat genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 51, e67996-e67996. 2021.

MME: Ministério de Minas e Energia. Resenha Energética Brasileira. Disponível online em: <http://antigo.mme.gov.br/documents/36208/948169/Resenha+Energ%C3%A9tica+Brasileira+-+edi%C3%A7%C3%A3o+2020/ab9143cc-b702-3700-d83a-65e76dc87a9e> (acessado em 20 setembro 2021).

MORAIS, L. K.; AGUIAR, M. S.; SILVA, P. A.; CÂMARA, T. M. M.; CURSI, D. E.; JÚNIOR, A. R. F.; CHAPOLA, R. G.; CARNEIRO, M. S.; FILHO, J. C. B. Breeding of sugarcane. **In Industrial Crops: Breeding for Bioenergy and Bioproducts**; CRUZ, V.M.V.; DIERIG, D.A.; Eds.; Springer: New York, NY, USA, 2015.

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

OLIVEIRA, R. L.; GOMES, R. S.; DE ALMEIDA, C. F.; MACHADO JUNIOR, R.; ROCHA, J. R. A. D. C.; DA SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. **Crop Science**, 61(3), 1620-1629. 2021.

OLIVOTO, T.; DIEHL, M. I.; SCHMIDT, D.; LÚCIO, A. D. C. Multivariate analysis of strawberry experiments: where are we now and where can we go?. **BioRxiv**, 2020-12, 2021.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. Metan: an R package for multi-environment trial analysis, **Methods in Ecology and Evolution**, 11:783-789, 2020, doi:10.1111/2041-210X.13384.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M.; MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments, **Bioinformatics**, v, 37, n, 10, p, 1383-1389, 2020, Doi: 10.1093/bioinformatics/btaa981.

PAULA, M. T. O.; BRASILEIRO, B. P.; CURSI, D. E.; DE FREITAS, E. G.; DOS SANTOS, J. M.; DE RESENDE, M. D. V.; PEREIRA BARBOSA, M. H. Establishment of gene pools for systematic heterosis exploitation in sugarcane breeding. **Agronomy Journal**, 112(5), 3847-3858. 2020.

R CORE TEAM R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>. 2019.

R CORE TEAM, R: A language and environment for statistical computing, **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2020. URL <https://www.R-project.org/>.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 463 p.; 2008.

RESENDE, M. D. V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. **Embrapa Florestas**, Colombo, pp. 362. 2007.

RESENDE, M. D. V. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa Florestas, Ed. 1, 57 p., 2004.

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

ROCHA J. R. A. S.; NUNES K. V.; CARNEIRO A. L. N.; MARÇAL T. S.; SALVADOR F. V.; CARNEIRO P. C. S.; CARNEIRO J. E. S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal** 111: 1181-1189. 2019.

ROCHA, J. R. D. A. S. D. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GBC Bioenergy**, 10(1), 52-60. 2018.

SAMPAIO, I. L. M.; CARDOSO, T. F.; SOUZA, N. R. D.; WATANABE, M. D. B.; CARVALHO, D. J.; BONOMI, A.; JUNQUEIRA, T. L. Electricity production from sugarcane straw recovered through bale system: Assessment of retrofit projects. **Bioenergy Research**. 12, 865-877, 2019. <https://doi.org/10.1007/s12155-019-10014-9>.

SMITH, H.; A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics** 7, 240–250, 1936.

SOUZA, A. P. GRANDIS, A.; LEITE, D.C.C.; BUCKERIDGE, M.S. Sugarcane as a bioenergy source: History, performance, and perspectives for second-generation bioethanol. **Bioenergy Research**. 24–35, 2014.

SPARKS A. **Nasapower: NASA-POWER Data from R.**, 2021 doi: 10.5281/zenodo.1040727

SPARKS, A. Nasapower: A NASA POWER Global Meteorology, Surface Solar Energy and Climatology Data Client for R, **Journal of Open Source Software**, 3(30), 1035, 2018. <https://doi.org/10.21105/joss.010>.

ST-PIERRE N. R. Invited review. Integrating quantitative findings from multiple studies using mixed model methodology. **Journal of Dairy Science** 84: 741–755. 2001.

STRECK E. A.; DE MAGALHAES A. M.; AGUIAR G. A.; FACCHINELLO P. K. H.; FAGUNDES P. R. R.; FRANCO D. F.; NARDINO M.; DE OLIVEIRA A. C. Genetic progress in 45 years of irrigated rice breeding in Southern Brazil. **Crop Science** 58: 1094–1105. 2018.

STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. de. Seleção de progênies de erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) para a produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n.50, p.37-51, 2005.

TENA, E.; MEKBIB, F.; AYANA, A. Heritability and Correlation among Sugarcane (*Saccharum spp.*) Yield and Some Agronomic and Sugar Quality Traits in Ethiopia. **American Journal of Plant Sciences**, 07 (10):1453-1477. 2016. <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2016.710139>.

VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V. D.; COSTA, R. B. D.; GONÇALVES, P. D. S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 44, 1277-1282. 2009.

VIECHTBAUER, W. Conducting Meta-Analyses in R with the metafor Package. **Journal of Statistical Software**, 36(3), 1-48, 2010. <https://doi.org/10.18637/jss.v036.i03>.

VIEIRA, P. A. S.; PEREIRA, L. G. R.; AZEVÊDO, J. A. G.; NEVES, A. L. A.; CHIZZOTTI, M. L.; SANTOS, R. D.; ARAÚJO, G. G. L.; MISTURA, C.; CHAVES, A. V. Development of mathematical models to predict dry matter intake in feedlot Santa Ines rams. **Small Ruminant Research**, 112. Pages 78-84. 2013. ISSN 0921-4488, <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2012.10.007>.

WOYANN L. G.; MEIRA D.; MATEI G.; ZDZIARSKI A. D.; DALLACORTE L. V.; MADELLA L. A. AND BENIN G. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. **Agronomy Journal** 112: 175-182. 2020.

WU, K. K.; ARCINAS, A. **Acreage census of cane varieties 2003**. Hawaii. 2004.

XU, Y.; LI, P.; ZOU, C.; LU, Y.; XIE, C.; ZHANG, X.; PRASANNA, B. M.; OLSEN, M. S. Enhancing genetic gain in the era of molecular breeding. **Journal of Experimental Botany**. 68, 2641–2666, 2017. <https://doi.org/10.1093/jxb/erx135>.

YADAV, S.; JACKSON, P.; WEI, X.; ROSS, E. M.; AITKEN, K.; DEOMANO, E.; ATKIN, F.; HAYES, B. J.; VOSS-FELS, K. P. Accelerating genetic gain in sugarcane breeding using genomic selection. **Agronomy**, v. 10, n. 4, p. 1–21, 2020.

ZHOU, M. M.; GWATA, E. T. Quantifying sugarcane cultivar genetic gains in the Midlands region of South Africa. **Agronomy Journal**, 108(1), 342-348. 2016.

6 APÊNDICES

APÊNDICE A - VALORES DE DEVIANCE PARA CONSIDERANDO A ANÁLISE DE SEIS SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR AVALIADAS EM TRÊS SAFRAS

Série	Efeito	M1C [§]			NCM			PC%			TCH			TPH			FIB								
		Dev	LRT	CP	CD	Dev	LRT	CP	CD	Dev	LRT	CP	CD	Dev	LRT	CP	CD	Dev	LRT	CP	CD				
SE06	CI	-326,32	35,22**	0,04	0,42	458	45,18**	1,21	0,46	425,69	21,38**	0,42	0,22	1812,93	13,83**	127,49	0,21	885,05	9,37**	1,88	0,15	206,64	5,24*	0,08	0,1
	Sf	-360,59	0,95	0	0,04	412,87	0,05	0,02	0,01	404,31	0	0	0	1799,39	0,28	19,05	0,03	875,7	0,02	0,12	0,01	201,39	0	0	0
	CI x Sf	-361,55	-0,01	0	0	412,82	0	0	0	404,31	0	0,01	0	1799,1	0	1,67	0	875,68	0	0,02	0	201,42	0,02	0,01	0,01
	MC	-361,54	-	-	-	412,82	-	-	-	404,31	-	-	-	1799,1	-	-	-	875,68	-	-	-	201,4	-	-	-
SE05	CI	-459,94	10,42**	0,01	0,25	313,01	32,09**	0,91	0,48	232,49	3,65	0,25	0,18	1430,86	10,52**	56,19	0,22	550,29	1,86	0,37	0,09	47,25	0,03	0,01	0,02
	Sf	-470,03	0,33	0	0,03	285,95	5,03	0,18	0,1	228,86	0,02	0,01	0	1420,37	0,03	3,25	0,01	548,44	0,02	0,03	0,01	47,23	0	0	0
	CI x Sf	-462,93	7,44**	0,01	0,17	281,95	1,03	0,07	0,04	281,61	52,77**	0,65	0,46	1420,73	0,38	10,77	0,04	554,92	6,5*	0,84	0,19	128,99	81,76**	0,41	0,65
	MC	-470,36	-	-	-	280,92	-	-	-	228,84	-	-	-	1420,35	-	-	-	548,43	-	-	-	47,23	-	-	-
SE04	CI	-337,82	0,69	0,003	0,08	295,1	16,49**	1,07	0,4	192,72	22,34**	0,96	0,53	1141,08	0,15	12,7	0,03	538,14	3,45	1,73	0,17	332,57	6,39*	1,02	0,28
	Sf	-329,46	9,04**	0,01	0,21	285,53	6,92**	0,36	0,14	170,42	0,04	0,01	0	1148,63	7,7**	87	0,22	539,35	4,66*	1,44	0,14	327,03	0,85	0,12	0,03
	CI x Sf	-329,04	9,47**	0,01	0,22	281,92	3,31	0,22	0,08	192,12	21,74**	0,37	0,2	1147,09	6,16*	74,54	0,19	541,08	6,39*	1,79	0,18	355,8	29,62**	1,3	0,36
	MC	-338,51	-	-	-	278,61	-	-	-	170,38	-	-	-	1140,93	-	-	-	534,69	-	-	-	326,18	-	-	-
SE03	CI	-253,56	1,41	0,05	0,1	470,29	8,86**	0,44	0,21	623,44	0,12	0,03	0	2097,35	2,72	57,47	0,11	986,06	1,46	0,79	0,07	408,27	11,68**	0,74	0,3
	Sf	-254,31	0,67	0	0,01	465,68	4,26*	0,18	0,09	623,58	0,26	0,01	0	2098,76	4,13*	58,37	0,11	987,71	3,1	1,1	0,1	396,68	0,08	0,01	0,01
	CI x Sf	-254,23	128,74**	0,38	0,81	475,18	13,75**	0,45	0,22	1429,85	806,53**	140,24	1	2101,95	7,32**	98,49	0,18	990,43	5,83*	1,73	0,16	475,62	79,02**	1,13	0,45
	MC	-254,97	-	-	-	461,42	-	-	-	623,32	-	-	-	2094,63	-	-	-	984,6	-	-	-	396,6	-	-	-
SE02	CI	-699,07	43,44**	0,02	0,57	216,8	57,16**	0,86	0,62	223,92	41,94**	0,88	0,58	1559,4	31,61**	119,56	0,47	593,33	17,98**	1,62	0,34	253,67	16,28**	0,28	0,27
	Sf	-741,06	1,45	0	0,03	169,93	10,29**	0,11	0,08	182,36	0,37	0,02	0,01	1539,86	12,06**	26,41	0,1	580,35	5*	0,39	0,08	237,71	0,32	0,03	0,03
	CI x Sf	-720,78	21,73**	0,01	0,15	172,84	13,2**	0,13	0,09	214,11	32,12**	0,27	0,18	1548,96	21,16**	40,18	0,16	592,95	17,6**	0,92	0,2	238,83	1,44	0,07	0,07
	MC	-742,51	-	-	-	159,65	-	-	-	181,98	-	-	-	1527,8	-	-	-	575,35	-	-	-	237,39	-	-	-
SE01	CI	-268,45	6,05*	0,01	0,28	138,55	24,12**	0,77	0,55	49,82	0,02	0,01	0,01	790,9	10,05**	118,34	0,36	341,38	11,29**	2,59	0,37	71,43	2,36	0,06	0,1
	Sf	-274,08	0,42	0	0,04	115,02	0,6	0,05	0,04	49,82	0,02	0	0,01	780,86	0,01	1,28	0	330,1	0,01	0,02	0	69,09	0,02	0,01	0,01
	CI x Sf	-266,65	7,85**	0,01	0,22	115,34	0,92	0,07	0,05	60,68	10,87**	0,18	0,35	786,1	5,25*	54,14	0,16	333,73	3,64	0,93	0,13	69,07	0	0	0
	MC	-274,5	-	-	-	114,43	-	-	-	49,81	-	-	-	780,86	-	-	-	330,09	-	-	-	69,07	-	-	-

FONTE: O autor (2021).

§Caracteres: fibra (FIB), massa de um colmo (M1C), número de colmos por metro (NCM), porcentagem aparente de sacarose (PC%), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de PC por hectare (TPH).

APÊNDICE B. DESVIO DE SELEÇÃO INDIVIDUAL (DSI) EM CLONES SELECIONADOS PELOS ÍNDICES FAI-BLUP E MGIDI EM DIFERENTES SÉRIES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Série	Genótipo	DSI(%)						Ranque	
		M1C ^s	NCM	PC%	TCH	TPH	FIB	FAI-BLUP	MGIDI
SE01	RB966928	4,52	15,79	1,75	20,57	23,91	0,35	1	1
	RB965902	9,76	<u>-2,68</u>	2,72	7,09	11,31	<u>-1,43</u>	2	2
	RB855046	0,69	5,67	1,73	6,30	8,82	2,41	3	3
	RB925345	<u>-3,86</u>	11,65	<u>-0,41</u>	7,30	6,27	0,91	4	4
SE02	RB975952	0,22	4,07	8,73	4,21	12,85	2,93	1	2
	RB976933	3,89	0,76	2,72	4,88	7,82	4,92	2	4
	RB976936	<u>-4,62</u>	10,36	2,10	5,32	7,18	5,90	3	3
	RB975955	22,32	<u>-7,97</u>	<u>-5,17</u>	12,10	6,99	5,67	4	8
	RB986419	21,36	<u>-5,50</u>	0,54	14,55	15,89	<u>-1,47</u>	5	5
	RB975948	2,26	<u>-8,86</u>	1,75	<u>-6,88</u>	<u>-4,61</u>	7,96	7	9
	RB997627	15,73	0,64	0,64	15,33	15,79	<u>-2,59</u>	8	6
	RB976931	<u>-18,33</u>	4,30	12,80	<u>-13,53</u>	<u>-2,75</u>	2,59	6	12
	RB975964	<u>-18,06</u>	9,66	1,03	<u>-9,06</u>	<u>-7,29</u>	6,34	9	10
	RB925211	8,40	20,41	2,07	30,06	32,32	<u>-2,25</u>	27	1
	RB975932	7,40	8,35	<u>-5,57</u>	15,17	9,02	0,85	11	7
SE03	RB995031	<u>-3,11</u>	9,04	8,17	6,43	10,83	<u>-10,39</u>	1	1
	RB995426	17,67	<u>-3,34</u>	<u>-0,75</u>	9,64	8,56	<u>-15,11</u>	2	2
	RB995436	4,13	6,47	0,53	9,77	9,22	<u>-5,92</u>	3	3
	RB995395	9,74	0,61	1,80	8,50	8,74	0,70	4	4
	RB995241	12,21	<u>-5,81</u>	1,94	4,04	5,40	<u>-4,27</u>	5	5
	RB995431	13,78	1,52	<u>-7,00</u>	11,60	6,25	<u>-11,63</u>	6	7
	RB995264	15,84	<u>-4,20</u>	<u>-1,38</u>	7,79	6,39	<u>-4,33</u>	7	6
	RB995329	0,69	4,44	<u>-7,38</u>	5,39	1,12	<u>-10,23</u>	8	8
	RB996527	5,11	<u>-7,09</u>	7,09	<u>-1,09</u>	3,21	1,22	10	9
	RB867515	40,76	5,90	22,98	<u>-3,30</u>	<u>-1,60</u>	<u>-26,35</u>	9	29
RB995042	20,30	<u>-1,35</u>	0,52	13,44	12,27	3,66	11	10	
SE04	RB937747	3,37	<u>-2,22</u>	6,50	1,55	7,88	<u>-15,95</u>	1	3
	RB942930	<u>-2,08</u>	3,48	10,57	0,39	8,71	2,67	2	5
	RB955378	3,18	<u>-1,60</u>	4,17	2,60	6,60	8,96	3	4
	RB935866	5,54	<u>-5,76</u>	11,31	1,40	9,97	<u>-0,15</u>	4	1
	RB963183	3,70	<u>-5,75</u>	2,59	0,36	1,68	<u>-5,13</u>	5	6
	RB962560	<u>-3,63</u>	12,06	9,53	3,21	12,65	1,73	6	7
	RB955319	7,11	<u>-6,4</u>	7,8	2,22	9,82	2,14	8	2
SE05	RB005935	7,16	3,62	<u>-3,23</u>	9,85	6,83	<u>-2,81</u>	1	1
	RB006992	2,57	10,23	<u>-9,91</u>	12,89	4,22	<u>-4,09</u>	2	2
	RB005916	12,86	7,10	0,72	19,49	18,20	<u>-2,31</u>	3	3
	RB006995	0,14	11,59	2,63	9,83	11,38	2,64	4	5
	RB006996	0,07	1,34	<u>-8,17</u>	2,00	<u>-3,25</u>	<u>-1,83</u>	5	4
	RB006991	<u>-1,35</u>	4,94	1,54	2,47	3,67	<u>-2,17</u>	6	6
	RB006972	<u>-4,20</u>	8,38	<u>-0,34</u>	2,84	2,05	<u>-4,87</u>	7	8
	RB006997	6,40	<u>-0,82</u>	<u>-9,11</u>	5,13	<u>-2,74</u>	<u>-1,06</u>	8	7
SE06	RB935621	<u>-2,22</u>	14,35	1,47	9,55	9,98	2,93	1	1
	PR043509	<u>-10,20</u>	10,03	3,23	<u>-1,70</u>	0,68	1,16	4	5
	PR053362	11,53	3,89	<u>-6,96</u>	14,83	3,33	0,62	5	2
	RB036145	<u>-5,24</u>	11,23	<u>-1,93</u>	4,79	2,97	<u>-0,97</u>	6	6
	RB966928	<u>-20,40</u>	29,67	4,21	5,00	9,25	<u>-1,21</u>	2	12
	PR042449	<u>-12,72</u>	10,31	3,60	<u>-1,48</u>	2,40	0,41	3	10
	RB92579	<u>-4,78</u>	15,63	3,18	8,85	10,08	<u>-2,49</u>	7	13
	PRP05870	58,51	<u>-16,30</u>	<u>-3,75</u>	27,72	21,15	<u>-0,12</u>	8	14
	RB036088	5,87	0,95	<u>-1,59</u>	5,55	2,96	2,09	10	3
	PR053392	7,27	<u>-0,15</u>	<u>-4,64</u>	6,97	1,91	3,83	14	4
	PR053380	23,23	2,97	<u>-2,74</u>	22,83	15,33	<u>-1,91</u>	12	7
PR042074	<u>-9,61</u>	8,93	<u>-3,76</u>	<u>-1,18</u>	<u>-4,37</u>	1,00	17	8	

FONTE: O autor (2021).

^sCaracteres: fibra (FIB), massa de um colmo (M1C), número de colmos por metro (NCM), porcentagem aparente de sacarose (PC%), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de PC por hectare (TPH). Sublinhados os clones com DSI negativos e em negrito os clones selecionados no seu respectivo índice de seleção.