

Eficiência de métodos de repetibilidade nas fases finais do melhoramento genético da cana-de-açúcar

Efficiency of repeatability methods in final stages of the sugarcane genetic breeding

Eficiencia de los métodos de repetibilidad en las etapas finales del mejoramiento genético de la caña de azúcar.

Recebido: 01/08/2020 | Revisado: 08/08/2020 | Aceito: 10/08/2020 | Publicado: 15/08/2020

João de Andrade Dutra Filho

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9515-7267>

Universidade Federal de Pernambuco, Brasil

E-mail: joaodutrafilho7@gmail.com

Tercilio Calsa Júnior

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8302-2031>

Universidade Federal de Pernambuco, Brasil

E-mail: terciliojr@yahoo.com.br

Djalma Euzébio Simões Neto

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8313-0235>

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil

E-mail: desn@oi.com.br

Lauter Silva Souto

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1053-0297>

Universidade Federal de Campina Grande, Brasil

E-mail: lautersouto@yahoo.com.br

Rômulo Gil de Luna

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8350-5615>

Universidade Federal de Campina Grande, Brasil

E-mail: romulo.gil.luna@gmail.com

Anielson dos Santos Souza

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0145-0989>

Universidade Federal de Campina Grande, Brasil

E-mail: anielsonsantos@gmail.com

Resumo

O presente trabalho teve por objetivo, verificar a eficiência de diferentes métodos de repetibilidade na seleção de genótipos de cana-de-açúcar, com maior capacidade de rebrota, nas fases finais de experimentação. O experimento foi delineado em blocos ao acaso com 4 repetições. Foram avaliados 16 genótipos em quatro ciclos de colheita, os caracteres avaliados foram: toneladas de pol por hectare, toneladas de cana por hectare e toneladas de açúcares totais recuperáveis por hectare. Utilizou-se quatro metodologias para análise de repetibilidade: análise de variância, componentes principais, análise estrutural e modelos lineares mistos. Os genótipos RB972616 e RB972631 se destacaram quanto a produtividade, valores genéticos preditos e apresentaram maiores médias genotípicas livres das interações. Pelo método da análise de variância, de componentes principais e da análise estrutural, três avaliações seriam necessárias para a seleção de genótipos, nas fases finais de experimentação, com previsibilidade de 80% de seus valores reais. Já a metodologia de modelos mistos, mostrou-se mais eficiente, pois além de identificar genótipos com estabilidade genotípica ao longo dos ciclos de colheita, revelou que, por meio de uma acurácia de 90%, duas avaliações se mostram suficientes, para a seleção de genótipos com alta capacidade de rebrota, nas fases finais de experimentação.

Palavras-chave: *Saccharum* spp.; Longevidade; Produtividade; REML/BLUP.

Abstract

The objective this work was to verifield efficiency of repetibility methods in the genotypes sugarcane selection on final stages of experimentation. The experiment was conducted in randomized block design with four repetitions. Were evaluated sixteen genotypes in four harvest cycles. The characters analyzed were POL tonnage per hectare, sugarcane tonnage per hectare and total recoverable sugar tonnage per hectare. Were used four methodologies for repetibility analyses: variance analyse, principal components, estructural analyse and mixed linears models. The genotypes RB96972616 and RB972631 showed hight productivity, hight genetics valours predictededs and showed high genetic means free from interactions. By the variance analyse methods, of the principal components and estructural analyse three assessments would be necessary to select genotypes with 80% of predictability of the your real valours. The mixed models methodology, showed more efficient because besides to identified genotypes with genotipic stability in the harvest cycles, revealed that, through a

90% accuracy, two evaluations are enough to selected genotypes with high regrowth capacity, in the final stages of experimentation.

Keywords: *Saccharum* spp.; Longevity; Productivity; REML/BLUP.

Resumen

El presente trabajo tuvo como objetivo verificar la eficiencia de diferentes métodos de repetibilidad en la selección de genotipos de caña de azúcar, con mayor capacidad de rebrote, en las etapas finales de experimentación. El experimento fue diseñado en bloques aleatorios con 4 repeticiones. Se evaluaron 16 genotipos en cuatro ciclos de cosecha, los caracteres evaluados fueron: toneladas de pol por hectárea, toneladas de caña por hectárea y toneladas de azúcares recuperables totales por hectárea. Se utilizaron cuatro metodologías para el análisis de repetibilidad: análisis de varianza, componentes principales, análisis estructural y modelos lineales mixtos. Los genotipos RB972616 y RB972631 se destacaron en términos de productividad, predijeron valores genéticos y tuvieron mayores medios genotípicos libres de interacciones. Mediante el método de análisis de varianza, componentes principales y análisis estructural, serían necesarias tres evaluaciones para la selección de genotipos, en las etapas finales de experimentación, con una previsibilidad del 80% de sus valores reales. La metodología del modelo mixto, por otro lado, demostró ser más eficiente, porque además de identificar genotipos con estabilidad genotípica a lo largo de los ciclos de cosecha, reveló que, con una precisión del 90%, dos evaluaciones son suficientes para la selección de genotipos con alta capacidad de rebrote, en las etapas finales de experimentación.

Palabras clave: *Saccharum* spp.; Longevidad; Productividad; REML / BLUP.

1. Introdução

O Estado de Pernambuco é um dos tradicionais produtores de cana-de-açúcar da Região Nordeste. Na safra 2019/2020, a produtividade média foi de aproximadamente 52,76 kg/ha (CONAB 2020). Quando comparada a outros estados produtores como: São Paulo (79,63 kg/ha), Minas Gerais (83,72 kg/ha), Goiás (79,79 kg/ha) e Mato Grosso (81, 88 Kg/ha), a produtividade em Pernambuco é considerada baixa (CONAB 2020).

O principal fator que dificulta o incremento na produtividade é a interação genótipo x ambiente que se expressa na heterogeneidade dos solos, relevos acidentados e, sobretudo na irregularidade das chuvas com longos períodos de estiagem (Dutra Filho et al., 2014).

Além disso, os fatores climáticos de um ano agrícola são diferentes de outro afetando o desempenho agrônômico das variedades, reduzindo inclusive, a longevidade das soqueiras. Consequentemente, os canaviais são renovados mais cedo ocasionando consideráveis perdas na produtividade (Dutra Filho et al., 2018).

Ao selecionar um genótipo (clone ou variedade) espera-se que o seu elevado desempenho agroindustrial perdure por toda a sua vida e que o bom desempenho manifestado na expressão fenotípica dos caracteres de interesse a agroindústria canavieira reflita o seu potencial genético. No caso específico da cana-de-açúcar, ao selecionar um clone promissor na fase experimental, espera-se que o seu elevado desempenho agroindustrial se repita nos cultivos de cana soca, cana rессoca, cana rессoca 2 e assim por diante.

Uma alternativa bastante viável para identificar genótipos de maior longevidade, nas fases finais de experimentação, é a utilização do coeficiente de repetibilidade. Através de sua estimativa, o melhorista pode também determinar o número de colheitas necessárias para selecionar os melhores genótipos, reduzindo significativamente os custos e mão de obra já que a instalação de ensaios de avaliação de clones promissores é onerosa e demorada. E ainda reduzir, o tempo de liberação de novas variedades, que é um dos objetivos atuais dos programas de melhoramento, pois leva-se em média 12 a 15 anos para a liberação de novos materiais.

Os coeficientes de repetibilidade tem sido estimados através de metodologias tradicionais como: metodologia da análise de variância, metodologia dos componentes principais (Abeywardena, 1972), metodologia da análise estrutural (Mansour, Nordhein & Rutledge, 1981). Com o advento da metodologia de modelos lineares mistos tem-se avaliado simultaneamente a produtividade e a estabilidade, ao longo dos ciclos de colheita, pela média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). A grande vantagem em utilizar esta metodologia é o fornecimento de estimativas mais precisas da variação genética e ter, para cada genótipo avaliado, nos respectivos ciclos de colheita, o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade (Resende, 2007). Possibilitando uma seleção mais efetiva, feita diretamente no potencial genético dos caracteres mensurados nos genótipos em análise.

Em virtude dos fatos mencionados, objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência de métodos de análise de repetibilidade na seleção de genótipos de cana-de-açúcar, com maior longevidade nas soqueiras, em fases finais de experimentação.

2. Metodologia

A metodologia adotada consistiu em experimento de campo utilizando métodos quantitativos (Pereira et al., 2018). Os dados experimentais foram coletados e analisados por meio de técnicas estatísticas.

Para testar a eficiência dos métodos de repetibilidade, foi utilizado dados provenientes de experimento de clones promissores da série RB97, do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal Rural de Pernambuco, integrante da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (PMGC/UFRPE/RIDESA), mais duas variedades padrões (Tabela 1).

Tabela 1. Clones de cana-de-açúcar da fase de experimentação (FE), série RB97 e variedades padrão utilizadas na avaliação dos métodos de repetibilidade.

Genótipos	Instituição obtentora
1. RB763710*	UFRPE
2. RB93509*	UFAL
3. RB957689	UFRPE
4. RB957712	UFRPE
5. RB972503	UFRPE
6. RB972530	UFRPE
7. RB972540	UFRPE
8. RB972616	UFRPE
9. RB972631	UFRPE
10. RB972752	UFRPE
11. RB972769	UFRPE
12. RB972790	UFRPE
13. RB972797	UFRPE
14. RB972810	UFRPE
15. SP78-4765*	COPERSUCAR
16. SP79-1011*	COPERSUCAR

* Variedades padrão. Fonte: Elaboração dos autores (2020).

2.1. *Condução do Experimento*

O experimento foi conduzido na fase de experimentação (FE), instalado na área agrícola da Usina Trapiche no Município de Sirinhaém com coordenadas geográficas 8°35'27" S e longitude de 35°06'58" W. Delineado em blocos ao acaso com 4 repetições, tendo parcelas

experimentais constituídas por 5 sulcos de 8 metros com espaçamento de 1 metro entre sulcos, tendo cada parcela uma área útil de 40m².

Os caracteres avaliados, nos ciclos de colheita de cana planta (1), cana soca (2), cana rressoca(3) e cana rressoca 2 (4), foram: Toneladas de pol por hectare (TPH), Toneladas de cana por hectare (TCH) e Toneladas de açúcares totais recuperáveis por hectare (ATR/t.ha⁻¹).

A produtividade por área (TCH) foi estimada efetuando-se a pesagem, em kg, de todos os colmos da parcela, transformando-os posteriormente em TCH por meio da seguinte expressão (Peso total da parcela x 10 / área útil da parcela em m²). Toneladas de pol por hectare (TPH) foi obtido por meio da expressão (TCH x PCC / 100). Toneladas de açúcares totais recuperáveis por hectare: (TCH x ATR / 1000).

2.2. *Análise genético-estatística*

Para a análise de deviance conjunta (ANADEV), considerando todos os ciclos de colheita, o modelo apresentado por Resende (2007):

$$y = X_m + Z_g + W_p + T_i + e$$

Em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (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 genótipos x medições, e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor m contempla todas as medições em todas as repetições e ajusta simultaneamente para os efeitos de repetições, medição e interação repetição x medição.

Por meio desse modelo, foram obtidos os componentes de variância e os preditores (REML/BLUP) dos valores genotípicos livres da interação genótipos x medições.

Para a estimativa do coeficiente de repetibilidade utilizou-se a metodologia da análise de variância, a metodologia dos componentes principais, a metodologia da análise estrutural e a Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG).

A análise da repetibilidade foi efetuada utilizando o seguinte modelo na fase experimental do melhoramento genético da cana-de-açúcar adaptado de Cruz et al. (2014):

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + b_{(j)k} + \varepsilon_{ij} \text{ sendo:}$$

Y_{ijk} : observação referente ao i -ésimo genótipo no j -ésimo ciclo de colheita e na k -ésima repetição;

μ : média geral

g_i : efeito do i -ésimo genótipo sob influência do ciclo de colheita permanente ($i=1, 2, \dots, p$);

a_j : efeito do j -ésimo ciclo de colheita ($j=1, 2, \dots, \eta$);

ga_{ij} : efeito da interação genótipos x ciclo de colheita;

$b_{(j)K}$: efeito do k -ésimo bloco ($k= 1, 2, \dots, K$) dentro do j -ésimo ciclo de colheita;

ε_{ij} : erro experimental estabelecido pelos efeitos temporários do ciclo de colheita na j -ésima medição do i -ésimo genótipo.

Após a análise de variância o coeficiente de repetibilidade foi obtido por:

$$r = \frac{C\hat{o}v(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{\hat{V}(Y_{ij})\hat{V}(Y_{ij'})}} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_y^2} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_y^2 + \hat{\sigma}_g^2}$$

Logo o número de medições para predizer o valor real dos indivíduos foi obtido por:

$$\eta_0 = \frac{R^2(1-r)}{(1-R^2)r}$$

A estimativa do coeficiente de repetibilidade pela técnica dos componentes principais foi obtido a partir da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas de acordo com o modelo estatístico apresentado por Cruz et al. (2014): $Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \varepsilon_{ij}$

Entretanto nesse caso obteve-se a matriz de covariância:

$$r = \frac{\hat{\sigma}_y^2}{\hat{\sigma}_y^2} = \begin{bmatrix} 1 & \rho & \dots & \rho \\ \rho & 1 & \dots & \rho \\ \dots & \dots & \dots & \dots \\ \rho & \rho & \dots & 1 \end{bmatrix} \text{ em que:}$$

$$V(Y_{ij}) = V(Y_{ij}') = \hat{\sigma}_g^2 + \sigma_y^2 = \sigma^2$$

$$\text{Cov}(Y_{ij}, Y_{ij}') = ((\hat{\sigma}_g^2 + \sigma_y^2) \rho = \rho \sigma_y^2$$

O primeiro autovalor foi obtido por: $\lambda_1 = \sigma_y^2 [1 + (\eta - 1)\rho]$

O autovetor correspondente por: $\alpha'_1 = [1/\sqrt{\eta} \dots 1/\sqrt{\eta}]$

O estimador do coeficiente de repetibilidade foi obtido por: $r \hat{\rho} = \frac{\hat{\lambda}_1 - \sigma_y^2}{\sigma_y^2 (\eta - 1)}$

Já a estimativa do coeficiente de repetibilidade pelo método da análise estrutural foi obtido considerando a matriz paramétrica de correlações entre os genótipos em cada par de avaliação e \hat{R} o seu estimador obtido por:

$$r = \frac{\alpha'_1 \hat{R} \alpha_1 - 1}{\eta - 1} \text{ em que: } \alpha'_1 = [1/\sqrt{\eta} \dots 1/\sqrt{\eta}]$$

Neste caso verifica-se que: $\alpha'_1 \hat{R} \alpha_1 = 1 + \frac{2}{\eta} \sum_j \sum_{<j'} r_{jj'}$

$$\text{Consequentemente: } r = \frac{2}{\eta(\eta - 1)} \sum_j \sum_{<j'} r_{jj'}$$

Sendo este estimador do coeficiente de repetibilidade a média aritmética das correlações fenotípicas entre os genótipos considerando cada par de medições.

O coeficiente de determinação foi obtido por: $R^2 = \eta r / [1 + r(\eta - 1)]$. E o número de medições para prever o valor real do indivíduo: $\eta_0 = R^2(1 - r) / (1 - R^2)r$.

Para a análise via modelos mistos, seguiu-se a metodologia apresentada por Resende (2007), onde, a predição dos valores genotípicos, que reúne a interação média (gem) nos diferentes ambientes, é dada por: $(u + g + gem)$

Sendo calculado por: $u + \left\{ \left[\frac{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}{n} \right] \hat{\sigma}_g^2 \right\} \hat{g}_i$

Em que:

u é a média geral de todos os ciclos de colheita;

n é o número de ciclos de colheita; e

\hat{g}_i é o efeito genotípico específico (genótipo i).

A seleção conjunta, que considera a produtividade média, a estabilidade e a adaptabilidade dos clones e cultivares ao longo dos ciclos de colheita foi determinada pela Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG) conforme:

$$MHPRVG_i = n / \left(\sum_{j=1}^n 1/Vg_{ij} \right),$$

Em que:

n é o número de ciclos de colheita onde se avaliou o genótipo i ; e

Vg_{ij} é o valor genotípico do genótipo i , no ciclo de colheita j , expresso como proporção média desse ciclo

Os valores de MHPRVG foram multiplicados pela média geral de todos os ambientes (MG), o que resulta na mesma ordem de grandeza do caráter avaliado.

As análises genético-estatísticas foram processadas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2013) e Selegen (Resende, 2007).

Segundo Bastos et al. (2007), metodologias estatísticas de fácil interpretação e com seleção simultânea para produtividade, adaptabilidade e estabilidade também tem sido desenvolvidas buscando-se a seleção de genótipos com elevados rendimentos em diferentes ambientes de plantio. A metodologia de modelos lineares mistos se enquadra perfeitamente nesta definição apresentada, proporcionando a seleção genética de materiais superiores.

3. Resultados e Discussão

Os resultados referentes à análise de deviance e às estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres toneladas de pol por hectare, toneladas de cana por hectare e açúcares totais recuperáveis por hectare estão apresentados na Tabela 2.

Tabela 2. Média geral, parâmetros genéticos, estimativas dos componentes de variância dos caracteres toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcares totais recuperáveis por hectare (ATR/t.ha⁻¹), avaliados em experimento conduzido na área agrícola da Usina Trapiche Município Sirinhaém – PE, considerando 4 ciclos de colheita.

Parâmetros Genéticos	Caracteres		
	TPH	TCH	ATR/t.ha ⁻¹
V _G	2.98	143.61	3.02
V _{PERM}	0.13	12.94	0.13
V _{GM}	1.08	39.85	1.07
V _E	4.92	206.98	5.03
V _F	9.12	403.40	9.27
h _{2g}	0.33	0.36	0.33
r	0.34	0.39	0.34
R ² _{PERM}	0.01	0.03	0.01
R ² _{GM}	0.12	0.10	0.11
rgmed	0.73	0.78	0.74
h _{2mg}	0.89	0.90	0.89
Média geral	12.71	95.66	12.87
Efeito		Deviances	
Genótipo	642.71**	1364.06**	642.42**

Valores de Qui-quadrado (X²) tabelado: 2.71 e 6.63 para os níveis de significância de 5% (*) e 1% (**) de probabilidade, respectivamente, e (ns) não significativo.

V_G: Variância genotípica. V_{PERM}: Variância de ambiente permanente. V_{GM}: Variância da interação genótipo x medições. V_E: Variância residual temporária. V_F: Variância fenotípica individual. h_{2g}: Herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo. r: repetibilidade ao nível de parcela. R²_{PERM}: Coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente. R²_{GM}: Coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipos x medições. rgmed: Correlação genotípica através das medições. h_{2mg}: Herdabilidade média dos genótipos. Fonte: Elaboração dos autores (2020).

A análise de deviance revelou diferenças significativas entre os genótipos para os caracteres de produtividade avaliados em quatro ciclos de colheita. Este resultado demonstra a ocorrência de variabilidade genética no material estudado, indicando que a expressão fenotípica difere entre os genótipos, nos respectivos ciclos de colheita. Resultados semelhantes foram obtidos por Castro et al. (2020), ao selecionarem populações precoces de

soja para produtividade, demonstrando a importância da variabilidade para se praticar a seleção.

Os valores elevados da variância genotípica com relação a variância de ambiente permanente e a variância da interação genótipos x medições (ciclos de colheita) sugerem que a expressão desses importantes caracteres de produtividade são devidos, em sua maior parte, aos efeitos genéticos.

Os coeficientes de correlação genotípica através das medições foram elevados, sinalizando a identificação de genótipos, cuja expressão fenotípica dos caracteres, com maior predominância do componente genético, foram estáveis ao longo dos ciclos de colheita.

A herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, relativa aos efeitos genotípicos livres da interação genótipos x medições, bem como o coeficiente de repetibilidade apresentaram baixa magnitude. De acordo com Rosado et al. (2012), deve-se proceder ao desdobramento da interação genótipos x medições para maximizar o ganho na seleção.

Já a herdabilidade média dos genótipos, para os três caracteres, apresentaram alta magnitude, expressando segundo Rodrigues et al. (2011), confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genético. Rosado et al. (2012), sugerem que elevados valores da herdabilidade média evidenciam boa precisão experimental e elevado controle genético na expressão dos caracteres. Para Neto et al. (2012), herdabilidades de alta magnitude implicam em ganhos genéticos significativos. Sendo assim, é importante estimar os ganhos genéticos, uma vez que, além das altas estimativas de herdabilidade média, os coeficientes de determinação mostram pequena participação da variância do ambiente permanente e variância da interação genótipo x medições na variância fenotípica dos genótipos avaliados.

Constata-se que os genótipos RB972616 e RB972631 apresentaram os maiores valores genotípicos preditos ($u+g+ge$) para todos os caracteres avaliados, nos ciclos de colheita, e os maiores ganhos genéticos. O que demonstra superioridade produtiva desses materiais em relação aos demais (Tabela 3).

Tabela 3. Predição de ganhos genéticos para os caracteres toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH) e açúcares totais recuperáveis ($ATR/t.ha^{-1}$) nos 5 melhores genótipos de cana-de-açúcar, avaliados em experimento conduzido nas fases finais de experimentação (FE), na área agrícola da Usina Trapiche, microrregião canavieira Litoral Sul do Estado de Pernambuco em quatro ciclos de colheita.

		Toneladas de pol por hectare (TPH)			
Ciclos	Genótipo	g + ge	u + g + ge	Ganho	Nova média
Cana Planta	RB972616	2.87	18.10	2.87	18.10
	RB972631	2.09	17.33	2.40	17.71
	RB972810	2.04	17.28	2.33	17.57
	RB93509	1.74	16.97	2.18	17.42
	RB972769	0.76	15.99	1.90	17.13
Cana Soca	RB972616	2.51	17.49	2.51	17.49
	RB972631	1.99	16.98	2.25	17.24
	RB972810	1.58	16.57	2.03	17.01
	RB93509	1.12	16.11	1.80	16.79
	RB763710	0.74	15.72	1.59	16.57
Cana Ressoca	RB972616	2.55	13.29	2.56	13.29
	RB972631	1.82	12.56	2.18	12.92
	RB93509	1.71	12.46	2.03	12.76
	SP79-1011	1.71	12.46	1.95	12.69
	RB972810	1.47	12.21	1.85	12.59
Cana Ressoca 2	RB972616	3.30	13.19	3.30	13.19
	SP79-1011	2.45	12.34	2.87	12.76
	RB972631	1.90	11.79	2.55	12.44
	RB972810	1.70	11.59	2.33	12.23
	RB972769	1.46	11.36	2.16	12.06

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

Tabela 3. Continuação

		Toneladas de cana por hectare (TCH)			
Ciclos	Genótipo	g + ge	u + g + ge	Ganho	Nova média
Cana Planta	RB972616	19.98	155.40	19.97	155.40
	RB972631	16.02	151.45	18.00	153.42
	RB972810	12.35	147.77	16.12	151.54
	RB957712	6.99	142.42	13.83	149.26
	RB972752	4.63	140.06	11.99	147.42
Cana Soca	RB972616	20.49	127.27	20.49	127.27
	RB972631	15.02	121.21	17.75	124.53
	RB972810	9.19	115.98	14.90	121.68
	RB93509	5.97	112.76	12.67	119.45
	SP79-1011	2.80	109.59	10.70	117.48
Cana Ressoca	RB972616	19.51	92.09	19.51	92.09
	RB972631	12.27	84.85	15.89	88.47
	RB972810	12.05	84.63	14.61	87.19
	SP79-1011	10.99	83.57	13.70	86.28
	RB93509	8.50	81.08	12.66	85.24
Cana Ressoca 2	RB972616	23.13	91.02	23.13	91.02
	SP79-1011	16.57	84.45	19.85	87.74
	RB972631	12.71	80.60	17.47	85.36
	SP784764	10.66	78.55	15.76	83.66
	RB972769	8.98	76.87	14.41	82.30

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

Tabela 3. Continuação

Ciclos	Genótipo	Açúcares totais recuperáveis por hectare (ATR/t.ha ⁻¹)			
		g + ge	u + g + ge	Ganho	Nova média
Cana Planta	RB972616	2.83	18.40	2.83	18.40
	RB972810	2.09	17.66	2.46	18.03
	RB972631	2.07	17.64	2.33	17.90
	RB93509	1.72	17.29	2.18	17.75
	RB972769	0.73	16.30	1.89	17.46
Cana Soca	RB972616	2.49	17.77	2.49	17.77
	RB972631	2.00	17.28	2.25	17.52
	RB972810	1.63	16.90	2.04	17.32
	RB93509	1.16	16.43	1.82	17.10
	RB763710	0.79	16.07	1.61	16.89
Cana Ressoca	RB972616	2.59	13.55	2.59	13.55
	RB972631	1.85	12.81	2.22	13.18
	RB93509	1.78	12.74	2.07	13.03
	SP79-1011	1.71	12.67	1.98	12.94
	RB972810	1.50	12.46	1.89	12.85
Cana Ressoca 2	RB972616	3.30	13.00	3.30	13.00
	SP79-1011	2.36	12.06	2.83	12.53
	RB972631	1.83	11.53	2.49	12.19
	RB972810	1.74	11.44	2.30	12.01
	RB972769	1.47	11.17	2.14	11.84

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

Houve concordância na classificação dos genótipos RB972616 e RB972631 quanto aos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade genótípicas, ou seja, além de apresentarem maiores médias e valores genotípicos preditos, apresentaram também o melhor desempenho relativo ao longo dos ciclos de colheita. Com estes resultados pode-se inferir que estes genótipos apresentam maior capacidade de rebrota, característica esta, amplamente desejada entre os produtores (Tabela 4).

Tabela 4. Média Harmônica da Performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) de 16 genótipos de cana-de-açúcar em relação aos caracteres toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de pol por hectare (TPH) e açúcares totais recuperáveis por hectare (ATR/t.ha⁻¹) avaliados em experimento conduzido nas fases finais de experimentação (FE), na área agrícola da Usina Trapiçe, microrregião canavieira Litoral Sul do Estado de Pernambuco em quatro ciclos de colheita.

Genótipos	Caracteres					
	TPH		TCH		ATR/t.ha ⁻¹	
	MHPRVG	MHPRVG* MG	MHPRVG	MHPRVG* MG	MHPRVG	MHPRVG* MG
RB972616	1.23	15.62	1.23	117.94	1.22	15.79
RB972631	1.15	14.71	1.15	110.32	1.15	14.87
RB972810	1.13	14.45	1.12	107.52	1.13	14.66
RB93509	1.10	14.07	1.10	105.43	1.11	14.33
SP79-1011	1.10	14.04	1.06	101.92	1.10	14.19
RB972769	1.06	13.47	1.04	100.35	1.05	13.64
RB763710	1.05	13.42	1.03	100.03	1.05	13.54
RB957712	1.00	12.77	0.97	98.78	1.00	12.93
RB972752	0.95	12.08	0.96	93.52	0.95	12.28
RB972540	0.94	12.02	0.89	92.46	0.94	12.18
RB972503	0.94	12.00	0.89	85.85	0.94	12.16
SP78-4764	0.87	11.07	0.88	85.37	0.86	11.20
RB972530	0.86	11.05	0.86	84.59	0.86	11.19
RB972797	0.86	11.03	0.86	83.22	0.86	11.19
RB957689	0.82	10.50	0.84	80.86	0.82	10.61
RB972790	0.82	10.45	0.81	78.01	0.82	10.57

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

A seleção, praticada pelos maiores valores genotípicos, implica, simultaneamente, em adaptabilidade, estabilidade e produtividade (Rosado et al., 2012). Sendo assim, o genótipo RB972616 e RB972631 se apresentam como os mais estáveis em relação aos caracteres TCH, TPH e ATR/t.ha⁻¹ ao longo de quatro ciclos de colheita, seguidos pelos genótipos RB972810, RB93509, SP79-1011, RB972769, RB763710 e RB957712. Estes últimos, apesar de não serem os mais produtivos podem ser usados como genitores nos trabalhos de hibridação, com o objetivo de transmitir, aos seus descendentes, essa capacidade de rebrota nas soqueiras que confere estabilidade na expressão dos caracteres.

Os coeficientes de repetibilidade, (Tabela 5), apresentaram magnitude de 0,5 para os caracteres TPH, TCH e ATR t.ha⁻¹ com o emprego das metodologias da análise de variância, dos componentes principais e da análise estrutural. Santos et al. (2004), ressaltam que esses resultados indicam um bom controle genético na expressão desses caracteres nos genótipos avaliados e conseqüentemente regularidade na repetição dos mesmos nos diferentes ciclos de colheita, o que resultaria em maior longevidade das soqueiras nos canaviais. Segundo, Cruz et al. (2014), quanto mais alto o coeficiente de repetibilidade, menor será o número de medidas repetidas necessárias para predizer o valor real dos genótipos.

Tabela 5: Estimativa dos coeficientes de repetibilidade referentes aos caracteres toneladas de pol por hectare (TPH t.ha⁻¹), toneladas de cana por hectare (TCH t.ha⁻¹) e toneladas de açúcares totais recuperáveis por hectare (ATR t.ha⁻¹) de 16 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em experimento conduzido nas fases finais de experimentação (FE), na área agrícola da Usina Trapiche, microrregião canavieira Litoral Sul do Estado de Pernambuco em quatro ciclos de colheita.

N ^o Colheitas	Variáveis	ANOVA		CP		AE	
		r	R ²	r	R ²	R	R ²
4	TPH	0.51	80.71	0.57	84.35	0.51	80.70
	TCH	0.58	84.45	0.63	86.98	0.58	84.66
	ATR t.ha ⁻¹	0.51	80.71	0.57	84.14	0.51	80.70

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

As estimativas dos números de medições necessárias para a seleção de genótipos com 80%, 90% e 95% de previsibilidade dos seus valores reais estão apresentados na Tabela 6. Resende (2002), afirmam que valores a partir de 80% dos coeficientes de determinação são adequados para predizer o valor real do indivíduo e conseqüentemente o número de medições necessárias para selecioná-los. Sendo assim, constata-se que para os caracteres TPH, TCH e ATR t.ha⁻¹ três avaliações são necessárias para uma seleção com previsibilidade de 80% de seus valores reais. Para uma seleção com previsibilidade de 90% dos valores reais, considerando as três metodologias, seriam necessárias, em média, 7 avaliações, que no caso específico da cana-de-açúcar é impraticável.

Tabela 6. Número de medições necessárias para a seleção de genótipos de cana-de-açúcar em relação aos caracteres toneladas de pol por hectare (TPH t.ha⁻¹), toneladas de cana por hectare (TCH t.ha⁻¹), toneladas de açúcares totais recuperáveis por hectare (ATR t.ha⁻¹) nas fases finais de experimentação.

	ANOVA			CP			AE		
	R ² =0,8	R ² =0,9	R ² =0,95	R ² =0,8	R ² =0,9	R ² =0,95	R ² =0,8	R ² =0,9	R ² =0,95
TPH	3.8	8.6	18.16	2.9	6.6	14.9	3.8	8.7	18.3
TCH	2.9	6.6	13.9	2.3	5.3	11.3	2.8	6.5	13.7
ATR t.ha ⁻¹	3.8	8.6	18.16	3.1	6.7	14.3	3.8	8.7	18.4

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

Silva et al. (2018), avaliando 16 genótipos de cana-de-açúcar, na microrregião canavieira Litoral Norte do Estado de Pernambuco, obtiveram coeficientes de repetibilidade acima de 0.80 e conseqüentemente um menor número de avaliações para predizer o valor real dos genótipos. Esses autores, concluíram que 2 avaliações, se mostraram suficientes para selecionar genótipos superiores nas fases finais de experimentação com 90% de previsibilidade de seus valores reais. Conseqüentemente, poderia haver uma redução em até 3 anos no tempo de liberação de novas variedades, no Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-açúcar da Universidade Federal Rural de Pernambuco (PMGCA/UFRPE/RIDES), isto é, 2 anos na fase experimental e 1 ano na fase de competição de variedades.

Entretanto, tal afirmação deve ser vista com cautela, uma vez que os genótipos tem efeito fixo em ensaios de competição de variedades. Isto significa que as conclusões a respeito de um grupo de genótipos avaliados em determinado experimento são válidas somente para eles próprios. Logo, isto explicaria o maior número de avaliações nos genótipos considerados no presente trabalho, pois eles apresentam uma constituição genética diferente daqueles avaliados por Silva et al. (2018). Os genótipos avaliados por esses autores apresentaram melhor capacidade de rebrota, maior regularidade na repetição dos seus caracteres e conseqüentemente maior estabilidade ao longo dos ciclos de colheita, além de terem sido avaliados em ambiente distinto.

Dutra Filho et al. (2018), avaliaram 68 genótipos em toda a região canavieira do Estado de Pernambuco, todavia, nem todos os genótipos estavam presentes no mesmo local, e obtiveram resultados semelhantes aos de Silva et al. (2018), ou seja, eles verificaram que duas avaliações foram indicativas para selecionar genótipos superiores nas fases finais de experimentação, com 90% de previsibilidade de seus valores reais. E concluíram que seria possível reduzir em três anos agrícolas, o tempo de liberação de novas variedades de cana-de-açúcar para a Região Canavieira do Estado de Pernambuco, diminuindo consideravelmente os custos e mão de obra.

Duas grandes vantagens da metodologia de modelos lineares mistos, de acordo com Resende (2004), seria considerar os efeitos genotípicos como aleatórios e fornecer valores genéticos já descontados da instabilidade. Esses valores genéticos preditos obtidos com a realização de m medidas repetidas estão apresentadas na Tabela 7.

Tabela 7. Herdabilidade média, acurácia e eficiência obtidas a partir do diferente número de medições para os caracteres toneladas de pol por hectare (TPH), toneladas de cana por hectare (TCH) e açúcares totais recuperáveis (ATR/t.ha⁻¹).

Medida	TPH			TCH			ATR/t.ha ⁻¹		
	h ² _m	Ac	Ef	h ² _m	Ac	Ef	h ² _m	Ac	Ef
1	0.68	0.82	1.00	0.72	0.85	1.00	0.68	0.82	1.00
2	0.80	0.90	1.22	0.83	0.91	1.20	0.80	0.90	1.22
3	0.86	0.93	1.33	0.87	0.93	1.30	0.86	0.93	1.33
4	0.89	0.94	1.40	0.90	0.94	1.36	0.89	0.94	1.40
5	0.91	0.95	1.45	0.91	0.95	1.40	0.90	0.95	1.45
6	0.92	0.96	1.48	0.92	0.96	1.42	0.92	0.96	1.48
7	0.93	0.96	1.51	0.93	0.96	1.45	0.93	0.96	1.51
8	0.94	0.97	1.53	0.94	0.97	1.47	0.94	0.97	1.53
9	0.94	0.97	1.55	0.94	0.97	1.48	0.94	0.97	1.55
10	0.95	0.98	1.57	0.94	0.97	1.49	0.95	0.97	1.57

Fonte: Elaboração dos autores (2020).

É importante salientar que a acurácia seletiva, segundo Pereira et al. (2013), depende da herdabilidade e da repetibilidade do caráter. Esses autores ainda afirmam que a acurácia se refere a correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos reais dos indivíduos. Nesse caso, quanto maior a acurácia na avaliação de um caráter no genótipo, maior é a confiança no valor genético predito para uma seleção mais precisa (Maia et al., 2017).

Com acurácia entre 82 e 85%, uma avaliação seria suficiente para a seleção de genótipos com base nos valores genéticos preditos. Entretanto, para maior segurança, considerando a herdabilidade média dos caracteres TPH (0.89), TCH (0.90) e ATR/t.ha⁻¹(0.89), e uma acurácia de 90%, que seria a correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos reais, duas avaliações se mostram suficientes para a seleção de genótipos de cana-de-açúcar nas fases finais de experimentação.

4. Considerações Finais

A metodologia de modelos lineares mistos além de fornecerem vários parâmetros de alto conteúdo informativo, que auxilia o melhorista em suas decisões, possibilita a extração das variâncias de interações que mascaram o verdadeiro potencial genético dos caracteres ao longo dos ciclos de colheita. Proporcionando, desta forma, uma seleção mais efetiva com base no potencial genético dos genótipos.

O objetivo do presente trabalho foi alcançado, a metodologia de modelos lineares mistos para análise de repetibilidade se mostrou mais efetiva, inclusive na determinação do número de avaliações para a seleção de genótipos nas fases finais de experimentação, com base nos valores genéticos preditos.

Sugere-se um estudo mais aprofundado, utilizando esta metodologia para análise de repetibilidade de caracteres agroindustriais em genótipos avaliados em toda a Região Canavieira do Estado de Pernambuco.

Referências

- Abeywardena, V. (1972). An application of principal component analysis in genetics. *Journal of Genetics*, 16(01), 27-51.
- Bastos, IT., Barbosa, MHP., Resende, MDV., Peternelli, LA., Silveira, LCI., Donda, LR., Fortunato, AA., Costa, PMA. & Figueiredo, ICR. (2007). Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(4), 195-203.
- Castro, KS., Peres, RM., Zuffo, AM., Aguilera, JZ., Teodoro, LPR., Baio, FHR. & Teodoro, PE. (2020). Selection of soybean populations for earliness and high grain yield. *Research, Society and Development*, 9(7), 1-15.
- CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. (2020). *Safra brasileira de cana-de-açúcar 2019/2020*. Brasília: Conab, 71, 62.
- Cruz, C.D. (2013). GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, 35(3), 271-276.
- Cruz, C.D., Regazzi, A. & Carneiro, P.C.S. (2014). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 4, 514.

Dutra Filho, J. A., Junior, T. C. & Simões Neto, D. E. (2014). Phenotype adaptability and stability of sugarcane genotypes in the sugarcane belt of the State of Pernambuco, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 13(3), 6865-6877.

Dutra Filho. J.A., Simões Neto. D.E. & Calsa Júnior. T. (2018). Determination of the number of harvests to select elite sugarcane genotypes in NE Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 17(1), 1-16.

Maia, M.C.L., Oliveira, L.C., Vasconcelos, L.F.L., Neto, F.P.L.M., Yokomizo, G.K. & Araújo, L.B. Repetibilidade de características quantitativas de frutos em seleções elite de manga rosa. *Revista Agro@ambiente On-line*, 11(1), 56-62.

Mansour, H., Nordheim, E.V. & Ruledge, J.J. (1981). Estimators of repeatability. *Theoretical and Applied Genetics*, 60(03),151-156.

Neto, J.T.F., Oliveira, M.S.P., Resende, M.D.V. & Rodrigues, J.C. (2012). Parâmetros genéticos e ganhos com a seleção de progênies de Euterpe oleracea na fase juvenil. *CERNE*, 18(3), 515-521.

Pereira, A.S. et al. (2018). *Metodologia da pesquisa científica*. [e-book]. Santa Maria. Ed. UAB/NTE/UFSM. Disponível em:
https://repositorio.ufsm.br/bitstream/handle/1/15824/Lic_Computacao_Metodologia-Pesquisa-Cientifica.pdf?sequence=1.

Pereira, T.B., Carvalho, J.P.F., Botelho, C.E., Resende, M.D.V., Rezende, J.C. & Mendes, A.N.G. (2013). Eficiência da seleção de progênies de café F4 pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). *Bragantia*, 72(3), 230-236.

Resende, M. D. V. (2004). *Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo*. Paraná: Colombo, 1, 57.

Resende, M.D.V. (2007). *SELEGEN-REML/BLUP: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos*. Paraná: Colombo, 1, 561.

Resende, M.D.V. (2002). *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Paraná: EMBRAPA Informação Tecnológica, 1, 975.

Rosado A.M., Rosado, T.B., Alves, A.A., Laviola, B. G. & Bhering, L.L. (2012) Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 47(7), 964-971.

Rodrigues, F., Von Pinho, R. G., Albuquerque, C.J.B. & Von Pinho, E.V.R. (2011). Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. *Ciência e Agrotecnologia*, 35(2), 278-286.

Santos, M.S.M., Madalena, J.A., Soares, L., Ferreira, P.V. & Barbosa, G.V.S. (2004). Repetibilidade de características agroindustriais em cana-de-açúcar. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 39(4), 301-306.

Silva, H. Costa., Anunciação Filho, C.J., Bastos, G.Q., Dutra Filho, J. A. & Simões Neto, D.E. (2018). Repeatability of agroindustrial characters in sugarcane in different harvest cycles. *Revista Ciência Agronômica*, 49(2), 275-282.

Porcentagem de contribuição de cada autor no manuscrito

João de Andrade Dutra Filho – 30%

Tercilio Calsa Júnior – 20%

Djalma Euzébio Simões Neto – 20%

Lauter Silva Souto – 10%

Rômulo Gil de Luna – 10%

Anielson dos Santos Souza – 10%