

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**MUDAS PRÉ-BROTADAS NAS FASES INICIAIS DO
PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE
CANA-DE-AÇÚCAR**

**Victor Hugo Pavelqueires da Silva
Engenheiro Agrônomo**

2018

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**MUDAS PRÉ-BROTADAS NAS FASES INICIAIS DO
PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE
CANA-DE-AÇÚCAR**

Victor Hugo Pavelqueires da Silva

Orientador: Prof. Dr. Dilermando Perecin

Coorientadora: Profa. Dra. Gabriela Aferrri

Coorientador: Prof. Dr. Mauro Alexandre Xavier

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2018

S586m Silva, Victor Hugo Pavelqueires da
Mudas pré-brotadas nas fases iniciais do programa de
melhoramento genético de cana-de-açúcar / Victor Hugo Pavelqueires
da Silva. -- Jaboticabal, 2018
34 p. : il. , tabs.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp),
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientador: Dilermando Perecin
Coorientadora: Gabriela Aferri
Coorientador: Mauro Alexandre Xavier

1. Experimentos. 2. Propagação. 3. *Saccharum ssp.* I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp.
Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias,
Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: MUDAS PRÉ-BROTADAS NAS FASES INICIAIS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-AÇÚCAR


AUTOR: VICTOR HUGO PAVELQUEIRES DA SILVA

ORIENTADOR: DILERMANDO PERECIN

COORIENTADOR: MAURO ALEXANDRE XAVIER

COORIENTADORA: GABRIELA AFERRI

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Profa. Dra. GABRIELA AFERRI
Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios-APTA / Jaú/SP


Pesquisador Dr. IVAN ANTÔNIO DOS ANJOS
Divisão de Estações Experimentais / IAC - Ribeirão Preto, SP


Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO
Departamento de Produção Vegetal (Fitotecnia) / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 29 de novembro de 2018

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

VICTOR HUGO PAVELQUEIRES DA SILVA – nascido em Ribeirão Preto, São Paulo, em 04 de janeiro de 1988, formou-se como Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal de Lavras, no ano de 2011. Atualmente participa do Programa Cana do Centro Avançado de Tecnologia do Agronegócio de Cana, do Instituto Agronômico de Campinas, IAC, via Fundação de Apoio à Pesquisa Agrícola (Fundag), quanto à Pesquisa e Desenvolvimento de cultivares de cana-de-açúcar, Ribeirão Preto, São Paulo. Tem participações em congressos, publicações em boletins técnicos, informativos e artigos científicos sobre a cana-de-açúcar.

DEDICATÓRIA

À Deus por ter concedido mais esta etapa em minha vida pessoal e profissional.

À minha família, Marcela, Catarina e Teodora Silva que, durante a execução e conclusão desse trabalho tiveram paciência e compreensão dando-me forças.

À minha mãe, pela criação e educação proporcionada e, também, por não ter medido esforços para que pudesse alcançar meus objetivos.

Aos meus familiares, que mesmo à distância sempre depositaram confiança.

Em especial à minha esposa, Marcela, que soube entender e compreender meus horários e as prioridades em alguns momentos para a execução deste trabalho.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Dilermando Perecin, pelos valiosos ensinamentos, apoio e confiança.

Aos meus coorientadores, Pesquisadores e Professores Dr. Mauro Alexandre e Dra. Gabriela Aferri, que sempre me motivaram na busca dos resultados e objetivos, direcionando meus caminhos.

AGRADECIMENTOS

Aos pesquisadores, engenheiros, técnicos e colaboradores do Centro de Cana-IAC que, de uma forma ou de outra, foram essenciais para a realização das atividades.

Às Usinas parceiras do Programa Cana-IAC e seus colaboradores, que proporcionaram as avaliações da fase de Ensaio Regional.

À Fundação de Apoio à Pesquisa Agrícola, pelo apoio à pesquisa para o setor sucroenergético e à Universidade Estadual Paulista – Unesp, pela formação e orientações.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	iii
ABSTRACT	iv
LISTA DE FIGURAS	v
LISTA DE TABELAS	vi
1 INTRODUÇÃO	1
2 OBJETIVO	3
3 REVISÃO DE LITERATURA	4
3.1 Situação atual do Brasil	4
3.2 Cana-de-açúcar	4
3.3 Seleção em cana-de-açúcar	5
3.4 Mudanças Pré-Brotadas no processo de seleção de cana-de-açúcar	7
4 MATERIAL E MÉTODOS	9
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
5.1 Ciclo de cana planta	17
5.2 Ciclo de cana soca	22
5.3 Média de 2 cortes	25
6. CONCLUSÕES	27
REFERÊNCIAS	29
APÊNDICE	31
Tabela A1. Resumo das médias e das análises de variância para o atributo TCH (toneladas de Colmos por hectare), em quatro experimentos Regionais, colheitas cana planta 2017 e cana soca 2018 com média de 357 dias após plantio (cp) ou média de 405 após corte (cs).	30
Tabela A2. Resumo das médias e das análises de variância para o atributo TPH (toneladas de Pol por hectare), em quatro experimentos Regionais, colheitas cana planta 2017 e cana soca 2018 com média de 357 dias após plantio (cp) ou média de 405 após corte (cs).	31

Tabela A3. Resumo das médias e das análises de variância para o atributo TFibraH (toneladas de Fibra por hectare), em quatro experimentos Regionais, colheitas cana planta 2017 e cana soca 2018 com média de 357 dias após plantio (cp) ou média de 405 após corte (cs).	32
---	----

MUDAS PRÉ-BROTADAS NAS FASES INICIAIS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CANA-DE-AÇÚCAR

RESUMO – Os programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, na busca por novas cultivares, desenvolvem métodos e estratégias para acelerar a seleção nas fases iniciais de indivíduos superiores. Dentro deste contexto, o objetivo do presente trabalho consistiu na avaliação do uso de Mudanças Pré-brotadas – MPB, nas fases iniciais do programa de melhoramento genético, como ferramenta para o aumento da taxa de multiplicação vegetativa. E, comparar os resultados de rendimento por área de três séries de hibridação, 2009/2010 e 2012, e de clones em validação na fase de ensaio Regional. Assim, espera-se um rápido aumento na quantidade de material propagativo, possibilitando partir de uma touceira na fase inicial para a instalação de ensaio na fase avançada do programa. Na série de hibridação 2012 do Programa Cana do Instituto Agrônomo de Campinas, após a seleção massal dos genótipos superiores na Fase I priorizando indivíduos filhos de dois genitores de interesse, foi selecionado um grupo de genótipos e produzidas as MPB's para instalação de um ensaio na fase subsequente. Antes da primeira colheita, foram avaliados os parâmetros qualitativos como: porte, fechamento de entrelinha e fitossanidade. A partir dessa avaliação foram selecionados 5 genótipos (G1 – redução temporal, série 2012) para compor um agrupado de clones da fase intermediária de 17 genótipos (G2 – anos sucessivos de plantio de colmos, séries 2009 e 2010). Em seguida, foram produzidas as mudas para a instalação de Ensaio Regional em 4 locais, em delineamento de Blocos Inteiramente Casualizados, com 3 repetições, proporcionando uma maior uniformidade na instalação dos campos experimentais. O uso de MPB aumentou a área de avaliação em 1.340% e reduzir o tempo de avaliação. No ciclo de cana planta dos Ensaios Regionais não houve incremento para o atributo TCH nas séries 2009 e 2010, e pequeno ganho na série 2012. Com destaques para os clones IAC09-2015 e IAC10-2069, no atributo TPH. Para TFibraH, a série 2012 foi a que apresentou maior ganho, destaque para o clone IAC12-2165. No ciclo de cana soca, a série 2009 foi a que apresentou os maiores incrementos, para todos os atributos e o destaque individual geral foi o clone IAC09-2036. Na média dos 2 cortes em análise conjunta de locais, a série de hibridação 2010 teve maiores ganhos nos atributos TCH e TPH, e sendo a série 2009 para ganhos em TFibraH. No atributo TPH, na série 2012 houve redução em relação as testemunhas em todos os cortes e na média. Os clones com melhores performances foram IAC09-2015 e IAC10-2069, genótipos promissores para atender o atual cenário da canavicultura brasileira.

Palavras-chave: experimentos, propagação, *Saccharum ssp.*

PRE-BUDDED SEEDLINGS IN THE INITIAL PHASES OF THE GENETIC IMPROVEMENT PROGRAM OF SUGAR CANE

ABSTRACT – Sugarcane breeding programs, in the search for new cultivars, develop methods and strategies to accelerate selection in the early stages of higher individuals. In this context, the objective of this work was to evaluate the use of pre-budded seedlings - PBS, in the initial stages of the genetic improvement program, as a tool to increase the rate of vegetative multiplication. And, compare yield results by area of three hybridization series, 2009/2010 and 2012, and clones in validation in the regional testing phase. Thus, a rapid increase in the amount of propagation material is expected, making it possible to start from a clump in the initial phase for the test facility at the advanced stage of the program. In the 2012 hybridization series of the Cana Program of the Agronomic Institute of Campinas, after the mass selection of the superior genotypes in Phase I prioritizing individuals born to two parents of interest, a group of genotypes was selected and the PBS were produced for the installation of a test in the phase subsequent. Before the first harvest, the qualitative parameters were evaluated as: size, interlining closure and phytosanity. From this evaluation, 5 genotypes (G1 - temporal reduction, series 2012) were selected to form a group of clones of the intermediate phase of 17 genotypes (G2 - successive years of planting of stalks, 2009 and 2010 series). The seedlings were then produced for the installation of a Regional Trial in 4 locations, in a completely randomized block design, with 3 replicates, providing a greater uniformity in the experimental field installation. The use of PBS increased the evaluation area by 1,340% and reduce evaluation time. In the cane cycle of the Regional Trial there was no increment for the TSH attribute in the 2009 and 2010 series, and small gain in the series 2012. With highlights for the clones IAC09-2015 and IAC10-2069, in the TPH attribute. For TFiberH, the 2012 series presented the highest gain, highlight for clone IAC12-2165. In the cane soca cycle, the 2009 series presented the largest increments for all attributes and the general individual highlight was clone IAC09-2036. In the average of the 2 cuts in joint analysis of sites, the hybridization series 2010 had higher gains in the TSH and TPH attributes, and the 2009 series for gains in TFiberH. In the TPH attribute, in the 2012 series there was a reduction in relation to the witnesses in all the cuts and in the average. The best performance clones were IAC09-2015 and IAC10-2069, promising genotypes to meet the current scenario of Brazilian canaviculture.

Keywords: experiments, propagation, *Saccharum ssp.*

LISTA DE FIGURAS

	Página
Figura 1. Componentes de produção em cana-de-açúcar e cálculo do TCH biométrico. Fonte: Landell e Bressiani (2010).	2
Figura 2. Etapas de um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (Xavier et al., 2016).	7
Figura 3. Estação de Híbridação do Programa Cana do IAC.	9
Figura 4. Centro de Cana – IAC e “Seedlings” de cana-de-açúcar.	10
Figura 5. Plantio fases iniciais de seleção de cana-de-açúcar via colmo-semente.	11
Figura 6. Fases do processo de produção de Mudas Pré-Brotadas.	11
Figura 7. Plantio manual e arranjo espacial das MPBs, nos ensaios Regionais.	13
Figura 8. Feixes dos clones para as análises.	14
Figura 9a. Colheita mecanizada.	15
Figura 9b. Célula de carga e colheita manual.	15
Figura 10a. Diâmetro.	15
Figura 10b. Altura.	15
Figura 10c. Nº de colmos.	15

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1. Sites de Seleção Regional e suas particularidades – Programa Cana - IAC.	6
Tabela 2. Datas de semeadura, plantio, corte e seleção, número de genótipos e intensidade de seleção das séries de hibridação.	10
Tabela 3. Relação dos clones das séries 2009, 2010 e 2012 e das testemunhas. .	12
Tabela 4. Pedologia, classificação do ambiente de produção por época de colheita e dias de ciclo cana planta e soca.	14
Tabela 5. Média dos blocos, G1 e G2, nos 5 locais avaliados.	18
Tabela 6. Resumo da análise de variância conjunta dos 4 experimentos regionais, no ciclo de cana planta.	19
Tabela 7. Médias de TCH, TPH e TFibraH ajustadas para igualdade dos blocos na análise conjunta do Ensaio Regional em 4 locais (12 blocos) e ganho dos melhores clones, no ciclo de cana planta.	20
Tabela 8. Resumo da análise de variância conjunta dos 4 experimentos regionais, no ciclo de cana soca.	23
Tabela 9. Médias de TCH, TPH e TFibraH ajustadas para igualdade dos blocos na análise conjunta do Ensaio Regional em 4 locais (12 blocos) e ganho dos melhores clones, no ciclo de cana soca.	24
Tabela 10. Resumo da análise de variância conjunta dos 4 experimentos regionais, na média de 2 cortes.	25
Tabela 11. Médias de TCH, TPH e TFibraH ajustadas para igualdade dos blocos na análise conjunta do Ensaio Regional em 4 locais (12 blocos) e ganho dos melhores clones, na média de 2 cortes.	26

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar é uma planta semiperene, alógama, da família *Poaceae* (Gramínea), gênero *Saccharum*, no qual existem seis espécies: *S. officinarum* L. ($2n = 80$), *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl ($2n = 60-205$), *S. barberi* Jeswiet ($2n = 81-124$), *S. sinense* Roxb. ($2n = 111-120$), *S. spontaneum* L. ($2n = 40-128$) e *S. edule* Hassk. ($2n = 60-80$) (Daniels e Roach, 1987; Matsuoka et al., 1999), as quais fazem parte de um complexo de espécies poliploides altamente polimórficas.

Sua cultura é considerada de grande importância no setor do agronegócio brasileiro, ocupando área de cultivo na ordem de 8,66 milhões de hectares (Conab, 2018), apresentando versatilidade frente aos principais produtos extraídos (açúcar e etanol) que visa atender às demandas dos mercados interno e externo.

Atualmente, o recolhimento e o processamento da palha, associado ao bagaço, vêm ganhando espaço dentro dos produtos oriundos do processamento da cana-de-açúcar como fonte de energias renováveis, pois através da cogeração de energia elétrica, visa-se atender às demandas internas das indústrias do setor sucroenergético e, seus excedentes, podem ser fornecidos às concessionárias locais de energia elétrica. Assim, os programas de melhoramento podem atender essas demandas atuais do cenário econômico do mercado e incorporar na sua base genética de seleção de um novo cultivar, estratégias para que novos genótipos voltados à maior produção de biomassa por hectare sejam desenvolvidos, sem que percam o balanço entre a produtividade de fibra e de açúcar por hectare.

Para a composição da produção de cana-de-açúcar por hectare (TCH), algumas características agrônômicas são importantes. A TCH pode ser subdividido em duas partes, segundo Landell e Bressiani (2010): número de colmos por hectare e peso médio dos colmos.

O peso médio dos colmos é composto pelo diâmetro (d), altura (h) e densidade dos colmos (ds). Já a altura dos colmos (h), o diâmetro de colmos (d) e o número de colmos por metro linear (C) são considerados como componentes determinantes para o potencial de produção agrícola (TCH). Considerando a densidade dos colmos igual a um, a produtividade da cana-de-açúcar pode ser estimada pela fórmula exposta na Figura 1, em que o espaçamento entre sulcos é dado pelo valor (E) em metros (Landell

e Bressiani, 2010).

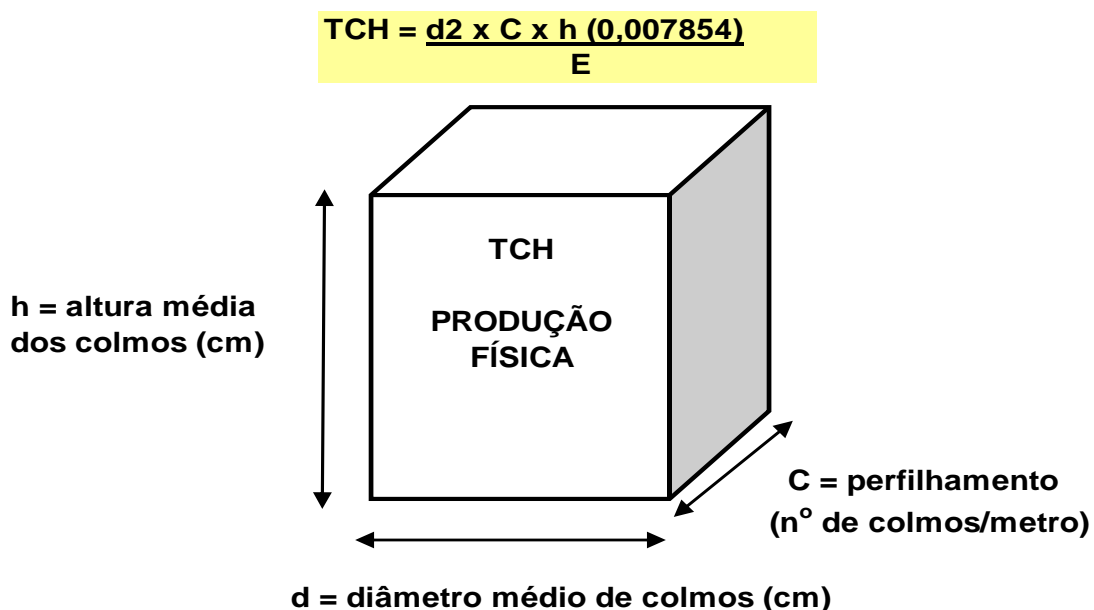


Figura 1. Componentes de produção em cana-de-açúcar e cálculo do TCH biométrico. Fonte: Landell e Bressiani (2010).

Para a identificação, caracterização e validação de uma nova cultivar os programas gastam, em média, 10 a 12 anos, devido ao alto número de genótipos envolvidos. Outros fatores, como: avaliação de performance com base em apenas um indivíduo (touceira), parcelas pequenas e a natureza subjetiva de seleção nessas etapas, torna-se necessário a utilização de metodologias que, de forma eficiente, auxiliem os melhoristas a obterem resultados mais precisos, otimizando tempo e recursos para liberação de novas cultivares.

Uma possibilidade de obtenção de ganho no volume de material propagativo sem alteração das demais características do processo seria emprego da tecnologia de Mudas Pré-Brotadas (MPB) já nas primeiras fases de seleção. Isso aumentaria o dimensionamento dos campos experimentais, com implantação da Fase II em delineamento estatístico com repetições, reduzindo o efeito ambiental na expressão do fenótipo, tendo como consequência uma maior aproximação da seleção do fenótipo ao potencial do genótipo.

2 OBJETIVO

O objetivo do presente trabalho consistiu em avaliar a utilização de Mudanças Pré-Brotadas nas fases iniciais do programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar; e avaliação do rendimento por área de colmos, sacarose e de fibra dos clones de 3 séries de hibridação, em diferentes locais da região de Ribeirão Preto, São Paulo.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Situação atual do Brasil

A produção de cana-de-açúcar estimada para a safra 2018/19 é de 635,51 milhões de toneladas, crescimento previsto em 0,4% em relação à safra anterior (Conab, 2018).

Para tanto, segundo tal Instituição, a área a ser colhida está estimada em 8,66 milhões de hectares, portanto queda de 0,8% se comparada com a safra 2017/18. A produção de açúcar deverá atingir 34,25 milhões de toneladas, retração de 9,6% ao produzido na safra anterior. No entanto, a produção de etanol deve manter-se acima de 30,41 bilhões de litros, incremento de 11,6% em relação à safra 2017/18. Já a produção de etanol anidro, utilizada na mistura com a gasolina, deverá ter aumento de 2,2%, alcançando 11,24 bilhões de litros. Para a produção de etanol hidratado o total poderá atingir 19,17 bilhões de litros, aumento de 18,0% ou 2,9 bilhões de litros.

Ainda, de acordo com Conab (2018), a produtividade média estimada para a safra 2018/19 é de 73,37 t/ha, valor 1,1% maior do que os 72,54 t.ha⁻¹ obtidos na safra 2017/18. Por fim, o envelhecimento das lavouras, a baixa taxa de renovação, a falta de investimento em algumas regiões e a redução do pacote tecnológico como, por exemplo o uso de novas cultivares em áreas comerciais têm mantido as médias brasileiras inferiores a 80 t.ha⁻¹.

3.2 Cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é originária do Sudeste Asiático, sendo as regiões da Nova Guiné e da Indonésia consideradas o seu centro de origem (Ometo, 1982). Trata-se de uma planta alógama, semi-perene e de reprodução sexuada, porém quando cultivada comercialmente é multiplicada assexuadamente por propagação vegetativa. É caracterizada pela inflorescência do tipo panícula, flor hermafrodita, caule em crescimento cilíndrico compostos de nós e entrenós, folhas alternadas, opostas, presas aos nós dos colmos, com lâminas de sílica em suas bordas e bainha aberta, segundo Rodrigues (1995) citado por Jadoski et al. (2010).

Atualmente, as cultivares plantadas no Brasil e no mundo são consideradas híbridos de *Saccharum officinarum* com outras espécies do gênero *Saccharum*, segundo Matsuoka et al. (2005) e Arantes (2012), podendo ser cultivada em uma ampla faixa de 35° N a 30° S e em variações de altitude de até 1.000 metros.

Para atender essa ampla faixa de cultivo e, conseqüentemente, uma gama enorme de ambientes de produção, com vários tipos de solos, épocas de colheita (safra centro-sul e norte/nordeste) e tipos de manejos aplicados à cultura de sequeiro, irrigado e semi-irrigado, os programas de melhoramento têm desenvolvido novas e aprimoradas cultivares de cana-de-açúcar, por meio de estratégias de seleção regional, a fim de selecionar genótipos superiores e que possam trazer ganhos em produtividade de colmos, de fibra e teores de sacaroses, entre outros parâmetros para o setor sucroenergético.

3.3 Seleção em cana-de-açúcar

Em cana-de-açúcar há duas principais etapas no processo de identificação e desenvolvimento de uma nova cultivar: hibridação e fases de seleções. Através da hibridação os programas de melhoramento procuram ampliar a variabilidade genética, possibilitando ao melhorista a execução de seleção (Xavier et al., 2016). Segundo Oliveira (2007), a seleção é praticada em todas as fases do melhoramento genético, desde a escolha dos genitores e cruzamentos, passando pela seleção na população segregante e, também, nas etapas subsequentes com a seleção clonal.

Para a identificação, caracterização e validação de uma nova cultivar os programas gastam, em média, de 10 a 12 anos. No início, logo após a hibridação, a maioria dos programas trabalham com populações grandes, utilizando como processo de escolha a seleção fenotípica ou massal. De acordo com Bressiani (2001), tais programas apresentam sucesso relativo, já que a seleção na etapa inicial, em que os indivíduos são originários de “sementes” sexuadas (“Seedlings”), apresenta menor eficiência quando comparadas às demais. Isto ocorre devido às baixas herdabilidades no sentido amplo para a maioria dos atributos e ao longo período necessário para a avaliação de todos os indivíduos.

Em função da importância e dos custos envolvidos nestas etapas iniciais,

melhoristas têm se empenhado na busca de métodos de seleção mais eficientes e menos onerosos.

O Programa Cana do Instituto Agronômico de Campinas – IAC tem adotado, já em sua fase inicial, o método de seleção regional contemplando oito diferentes regiões de seleção, o que permite explorar as interações genótipo versus ambiente. Assim, os desafios para obtenção de cultivares adaptadas às regiões de atuação do Programa Cana-IAC, de modo resumido (Landell e Silva, 2004) são demonstradas na Tabela 1.

Tabela 1. Sites de Seleção Regional e suas particularidades – Programa Cana-IAC.

REGIONAL 1 Piracicaba	Aumento do potencial de produção agrícola e tolerância ao alumínio em subsuperfície; tolerância às Ferrugens Marrom e Alaranjada.
REGIONAL 2 Ribeirão Preto	Maior capacidade de brotação em período de estresse hídrico; tolerância ao Mosaico e Escaldadura.
REGIONAL 3 Jaú	Maior resistência às doenças, em especial à Ferrugem e Carvão, também à Escaldadura; maior capacidade de produção em solos de baixa fertilidade.
REGIONAL 4 Mococa:	Maior potencial de maturação em condições de baixo estresse hídrico; Tolerância às Ferrugens.
REGIONAL 5 Pindorama	Maior capacidade de brotação em período de estresse hídrico; tolerância à Escaldadura e Nematóides.
REGIONAL 6 Assis	Maior potencial de maturação em condições de baixo estresse hídrico; tolerância ao Mosaico, Estrias de folhas e Ferrugem.
REGIONAL 7 Adamantina	Capacidade de realizar grande acúmulo de massa verde no período de crescimento vegetativo; tolerância ao Carvão, adaptabilidade a solos com horizontes A decapitados.
REGIONAL 8 Goianésia	Capacidade de suportar período de estresse hídrico e ausência de florescimento; tolerância ao Carvão.

Associada a essa metodologia, os Programas têm buscado novos avanços no processo de seleção como a incorporação da tecnologia de Mudanças Pré-Brotadas (MPB), como é o caso do Programa Cana - IAC (Xavier et al., 2016). A hipótese é que a utilização de condições controladas de brotação, característica do processo de produção de MPB, favoreça maior quantidade de material propagativo por indivíduo oriundo de “Seedlings” e possibilite o desenvolvimento do maior número possível de gemas. Dessa forma, a produção de MPBs permitirá ter material suficiente para plantio em arranjo espacial mais eficiente para expressão dos clones, com ampliação da área de avaliação na Fase II de seleção e, por conseguinte, maior repetibilidade por clone. Tal processo possivelmente possibilitará redução do tempo de obtenção de uma nova

cultivar (Xavier et al., 2016).

3.4 Mudas Pré-Brotadas no processo de seleção de cana-de-açúcar

Um sistema de multiplicação rápida de cana-de-açúcar, associando elevado padrão de fitossanidade, vigor e uniformidade de plantio, foi desenvolvido no Instituto Agrônomo de Campinas-IAC, sendo denominado de Mudanças Pré-Brotadas-MPB (Landell et al., 2012).

Um programa de desenvolvimento e caracterização de novas cultivares de cana-de-açúcar, basicamente é subdividido em quatro etapas: hibridação, seleção na população segregante, seleções clonais e validação final (Figura 2).



Figura 2. Etapas de um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (Xavier et al., 2016).

Após a hibridação, parte-se de uma população altamente segregante (“Seedlings”) e as fases iniciais são compostas de muitos genótipos com pouco material vegetativo de cada indivíduo. No método de multiplicação convencional, realizando todas as etapas via colmo, a taxa de multiplicação é baixa, tornando-se necessário uma fase de multiplicação, que no caso do Programa Cana IAC, denominada de Fase III, para que tenham maior quantidade de colmos suficientes para a implantação dos ensaios Regionais.

No entanto, no método de multiplicação rápida, como o caso da utilização de Mudas Pré-Brotadas (MPB), após a primeira seleção massal intrapopulacional, os genótipos selecionados são multiplicados por esse processo, aumentando assim exponencialmente a taxa de multiplicação vegetativa. Segundo Xavier et al. (2016) o uso de MPB possibilitou a implantação, já na Fase II de seleção, um ensaio com delineamento estatístico, saindo de parcelas de 8 metros lineares para 40 metros, com 2 repetições, um aumento de 400%. Por fim, os autores relataram que a Fase III de seleção torna-se desnecessária para o aumento do material propagativo, visto que a taxa de multiplicação clonal não é mais um fator limitante para a experimentação.

Na primeira etapa de seleção (Fase I – “Seedlings”) as unidades biológicas (touceiras) são únicas, o que naturalmente restringe o número de gemas a serem utilizadas para a multiplicação convencional dos genótipos. Esse fato limita as possibilidades experimentais nas fases iniciais do processo de seleção de uma nova cultivar, implicando em maior tempo para a multiplicação e avaliação, e um maior efeito do ambiente na expressão do fenótipo, dificultando a seleção dos melhores genótipos (Xavier et al., 2016).

Nesse sentido, considera-se também que o uso das mudas pré-brotadas na implantação dos campos experimentais nas fases iniciais, associado aos métodos de seleção, poderá representar um modelo inovador de avaliação de progênies, com aumento da precisão da experimentação agrônômica, empregando repetições das parcelas experimentais já na segunda fase de multiplicação dos genótipos (Xavier et al., 2016).

4 MATERIAL E MÉTODOS

As séries de hibridação avaliadas foram dos anos de 2009, 2010 e 2012. Os cruzamentos foram realizados na Estação de Hibridação (Figura 3), localizada no município de Uruçuca-BA, litoral Baiano, clima Af (tropical úmido), na Latitude de 14°28'22.08" e Longitude de 39°04'35.56", com Altitude de 90 metros.



Figura 3. Estação de Hibridação do Programa Cana do IAC.

Na Tabela 2 são apresentadas as datas de semeadura, plantio, corte e seleção das fases do melhoramento genético, número de genótipos e intensidade de seleção por série de hibridação.

A semeadura para a produção dos “Seedlings” (plântulas originadas de sementes) e os plantios das Fases de Seleção I, II e III (FSI, FSII e FSIII) foram realizados no Centro de Cana – IAC (Figura 4), localizado no município de Ribeirão Preto-SP (Latitude: 21°10'39"; Longitude: 47°48'37" e altitude: 546 metros).

Tabela 2. Datas de semeadura, plantio, corte e seleção, número de genótipos e intensidade de seleção das séries de hibridação.

ATIVIDADE	SÉRIES DE HIBRIDAÇÃO					
	2009 e 2010			2012		
	Data	Número de Genótipos	Intensidade de Seleção	Data	Número de Genótipos	Intensidade de Seleção
Semeadura	dez/2010	16.000	1,2%	dez/2012	14.000	1,41%
Plantio fase inicial	fev/2011			fev/2013		
Corte/Uniformização	jul/2012			jun/2014		
Seleção Fase I	fev/2013			fev/2015		
Plantio Fase II colmo	mar/2013	192	29,17%	mar/2015	164	14,03%
Corte/Uniformização	jul/2014			jul/2016		
Seleção Fase II colmo	fev/2015	56		fev/2017	23	
Plantio Fase II MPB ^a	Não			mai-2015	34	14,71%
Seleção Fase II MPB	Não			jan/2016		
Plantio Fase III colmo	mar/2015	56	30,36%	mar/2017	23	-
Seleção Fase III colmo	fev/2016			fev/2018		
Produção da MPB ^a	mar/2016	17	-	mar/2016	5	-
Plantio Regional	mai-jun/2016			mai-jun/2016		
1º Corte Regional	jun-jul/2017			jun-jul/2017		
2º Corte Regional	jul/2018			jul/2018		

^a Mudas Pré-Brotadas.



Figura 4. Centro de Cana – IAC e “Seedlings” de cana-de-açúcar.

As séries de hibridação 2009 e 2010 foram unificadas e as fases de seleções conduzidas juntamente, desde a semeadura dos “Seedlings” até o Ensaio Regional.

As Fases II e III de seleção foram multiplicadas convencionalmente, via colmo-semente (Figura 5), com uma repetição, um local, parcelas de 2 sulcos de 4 metros e 5 sulcos de 8 metros, respectivamente.



Figura 5. Plantio fases iniciais de seleção de cana-de-açúcar via colmo-semente.

Na série de hibridação 2012, em fevereiro de 2015, durante a seleção massal convencional (intrapopulacional) foi dada ênfase em dois genitores de interesse, fontes para as características números de colmos e teor de fibra (IACCTC06-8126 e IACCTC06-8128). Foram selecionados 34 clones para a fase seguinte, denominada Fase II, e a multiplicação foi realizada por meio do sistema de Mudanças Pré-Brotadas (MPBs), Figura 6, de acordo com Landell et al. (2012).



Figura 6. Fases do processo de produção de Mudanças Pré-Brotadas.

Antes da primeira colheita da Fase II, em janeiro de 2016, foi realizada uma seleção massal intrapopulacional levando em consideração os parâmetros visuais como hábito de crescimento, fechamento, porte, sanidade, população de colmos; e

dos 34 genótipos, 05 clones foram selecionados (14,71%), formando o que se denominou de G1 (grupo com redução temporal, em que a multiplicação foi feita via MPB e foi direto para os ensaios regionais, pulando assim a Fase III de seleção).

Nas séries de hibridação 2009 e 2010, em fevereiro de 2016, na FS III foi selecionado outro grupo de 17 genótipos, denominado G2 (Fases II e III realizadas pelo processo tradicional de multiplicação, por colmos-sementes).

Esses grupos G1 e G2, totalizando 22 genótipos (5 da série 2012 e 17 das séries 2009 e 2010) e mais 3 testemunhas (com perfis rústico IACSP97-4039; responsivo IACSP95-5000 e estável IAC91-1099), totalizando 26 tratamentos, foram multiplicados pelo sistema de Mudas Pré-brotadas e possibilitou a instalação de 4 Ensaios Regionais. Na tabela 3 são apresentados os tratamentos.

Tabela 3. Relação dos clones das séries 2009, 2010 e 2012 e das testemunhas.

SÉRIES DE HIBRIDAÇÃO			
2009	2010	2012	TESTEMUNHAS
IAC09-2010	IAC10-2069	IAC12-2159	IAC91-1099
IAC09-2011	IAC10-2116	IAC12-2165	IACSP-955000
IAC09-2013	IAC10-2119	IAC12-2181	IACSP-974039
IAC09-2015	IAC10-2143	IAC12-2196	
IAC09-2028	IAC10-2148	IAC12-2197	
IAC09-2036	IAC10-2175		
IAC09-2037	IAC10-2181		
IAC09-2043	IAC10-2217		
IAC09-2050			

O Ensaio Regional é avaliação de desempenho individual, em competição composta por grupos de clones elites que são submetidos a uma determinada região edafoclimática e comparados com padrões de destaques, representados por cultivar comercial consagrada da região em estudo.

O delineamento estatístico utilizado para o plantio dos ensaios Regionais foi de Blocos Inteiramente Casualizados com 3 repetições, com parcelas experimentais plantadas manualmente (Figura 7), compostas de 96 MPBs, espaçadas 0,5 metros entre plantas e 1,5 metros entre linhas, com dimensionamento de 4 sulcos de 12

metros cada, totalizando 78 parcelas por ensaio e 288 MPBs/tratamento.



Figura 7. Plantio manual e arranjo espacial das MPBs, nos ensaios Regionais.

Os Ensaio Regionais e a FSIII série 2012 (colmo-semente) foram plantados em quatro diferentes locais representativos da região Nordeste do Estado de São Paulo, sendo eles Usina Alta Mogiana, localizada no município de São Joaquim da Barra, Latitude de 20°34'53", Longitude de 47°51'17" e Altitude: 625 metros e o plantio realizado em 02/06/2016; Usina Da Pedra, localizada no município de Serrana, Latitude de 21°12'41", Longitude de 47°35'44" e Altitude: 568 metros e o plantio realizado em 17/05/2016; Usina Guáira, localizada no município de Guáira, Latitude de 20°19'06", Longitude de 48°18'38" e Altitude: 517 metros e o plantio realizado em 25/05/2016; Usina São Martinho, localizada no município de Pradópolis, Latitude de 21°21'34", Longitude de 48°03'56" e Altitude: 538 metros e o plantio realizado em 02/06/2016; e, por fim, no Centro de Cana-IAC, localizado no município de Ribeirão Preto, Latitude de 21°10'39", Longitude de 47°48'37" e Altitude: 546 metros e o plantio realizado em 31/03/2016.

As classificações pedológicas e do ambiente de produção (Prado, 2013), além do número de dias do ciclo de cana planta e de soca de cada local, são apresentados na Tabela 4.

Próximo às datas de colheitas dos ensaios regionais, foi retirado um feixe de 10 colmos por parcela (Figura 8) para a realização da análise dos parâmetros agrotecnológicos de acordo com as normas do Consecana (1998). As análises foram realizadas nos laboratórios de sacarose ou de PCTS (Pagamento de Cana por Teor de Sacarose) das 4 usinas participantes dessa rede de ensaios.

Tabela 4. Pedologia, classificação do ambiente de produção por época de colheita e dias de ciclo cana planta e soca.

LOCAL	PEDOLOGIA	ÉPOCA DE COLHEITA			CICLO CANA PLANTA (dias)	CICLO CANA SOCA (dias)
		OUTONO	INVERNO	PRIMAVERA		
Alta Mogiana	LVmf-4 ^d	B1	B2	C2	341	407
Guaíra	LVAm-3 ^b	B1	B2	C2	371	405
Da Pedra	LAd-1 ^a	E1	E2	F2	387	406
São Martinho	LVmf-4 ^d	B1	B2	C2	330	401
Centro de Cana	LVdf-3 ^c	C1	C2	D2	294	-

^a LAd-1: Latossolo Amarelo distrófico típico textura média (16-25% de argila);

^b LVAm-3: Latossolo Vermelho-Amarelo típico textura argilosa (36-60% de argila);

^c LVdf-3: Latossolo Vermelho distroférico típico textura argilosa (36-60% de argila);

^d LVmf-4: Latossolo Vermelho mesotroférico típico textura muito argilosa (>60% de argila).



Figura 8. Feixes dos clones para as análises.

A pesagem das parcelas experimentais foi realizada mecanicamente, com auxílio de um caminhão instrumentado com células de carga (Figura 9a), para o registro dos pesos. O ensaio instalado na Usina Guaíra foi colhido pelo método de corte e pesagem manual de cana crua, com o auxílio de uma carregadeira de cana e célula de carga (Figura 9b). Assim, com os dados dos pesos das parcelas, foi possível estimar a produtividade para tonelada de colmos por hectare (TCH).



Figura 9a. Colheita mecanizada. **Figura 9b.** Célula de carga e colheita manual.

No sistema de multiplicação convencional (G2, colmo-semente), a determinação do TCH_e foi feita utilizando a equação que se baseia nos atributos biométricos para a estimativa da produtividade final, proposta por Landell e Bressiani (2010) - $TCH_e = \frac{0,007854 \times (d^2 \times h \times C)}{E}$; onde: d^2 = diâmetro (cm) (Figura 10a); h = altura (cm) (Figura 10b); C = número de colmos/metro linear (Figura 10c); E = espaçamento entre sulcos (m). Nesse cálculo assume-se a premissa de que todas as densidades dos colmos das amostras são iguais a 1.



Figura 10a. Diâmetro. **Figura 10b.** Altura. **Figura 10c.** Nº de colmos.

Os valores estimados do TCH_e do G2 foram determinados com ciclo de 294 dias, em função da necessidade de ter em mãos essas informações no momento da seleção massal da Fase III, que acontece, em média, com idade de 10-11 meses, visando evitar o risco de tombamento.

Nos ensaios regionais, pertencentes ao G1, instalados em 4 locais, foi realizado o 1º corte, quando completado, em média, um ciclo de 357 dias e, o ciclo de cana soca, em média com 405 dias. Essa estratégia atende o manejo de colheita dos

ensaios do Programa Cana-IAC, que visa colher canaviais mais juvenis no ciclo de cana planta (11 meses) e, no ciclo seguinte, avançar a época de colheita em torno de 30-40 dias a mais do que no ano ciclo anterior. Assim, os genótipos já são validados dentro do sistema de Manejo do Terceiro Eixo, proposto pelo Programa Cana-IAC.

Os rendimentos e desempenhos por área dos genótipos foram determinados em função da sua produtividade (Tonelada de Colmos por hectare-TCH), sua produção de açúcar (Tonelada de Pol por Hectare: $TPH = TCH \times POL\%_{cana} \times 100$) e a produção de fibra (Tonelada de Fibra por hectare: $TFibraH = TCH \times Fibra \times 100$).

As análises dos resultados foram realizadas usando o pacote estatístico SAS® (2008), por meio do procedimento PROC GLM, com efeitos de Local, Blocos dentro de local, Testemunhas versus Clones, Séries entre clones, entre Testemunhas, Clones dentro das Séries, Interação Local x Genótipos e Resíduo. Com essas análises, procurou-se ajustar os efeitos para a média dos blocos, destacar os melhores clones, os ganhos ou falta deles, que as séries obtiveram. As médias foram comparadas pelo teste t e as diferenças foram consideradas significativas a 5% de probabilidade. Para facilitar a interpretação, só foram utilizados os padrões comuns em todos os experimentos.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O uso do sistema de MPB empregado na multiplicação do material selecionado na FS III para a Fase Regional proporcionou um aumento de 1.340% no número de metros lineares disponíveis para avaliação. Enquanto no sistema convencional era possível estabelecer uma parcela de 5 sulcos de 8 metros, totalizando 40 metros lineares, no entanto, nos Regionais implantados em MPB foi possível instalar 12 parcelas compostas de 4 sulcos de 12 metros em 4 locais, totalizando 576 metros lineares. Ainda foi possível garantir um padrão de uniformidade na instalação do campo experimental e uma maior aproximação do fenótipo ao genótipo, uma vez que o efeito do ambiente é minimizado com o aumento do número de repetições.

Esse aumento na taxa de multiplicação corrobora com Xavier et al. (2016) que relataram que o emprego da MPB para a multiplicação do material selecionado na FSI para a FSII, possibilitou um aumento de 400% na área de amostragem. Assim, ao invés de plantar uma parcela de 2 sulcos de 4 metros, totalizando 8 metros lineares, devido a utilização da tecnologia de Mudas Pré-Brotadas foi possível a instalação de 2 parcelas de 4 sulcos de 5 metros, totalizando uma área amostral de 40 metros lineares por genótipo selecionado.

5.1 Ciclo de cana planta

No primeiro corte, realizado em 2017, no campo da FSIII – série de hibridação 2012 – pertencente ao G2, com apenas uma repetição de cada genótipo, foram realizadas as avaliações biométricas (diâmetro, altura e contagem de colmos) para a determinação do TCH_e (Landell e Bressiani, 2010) e foram utilizados os 3 padrões comuns no Ensaio Regional (IAC91-1099, IACSP95-5000 e IACSP97-4039), sendo obtidas as médias ajustadas em função das médias das testemunhas nos blocos, conforme apresentado na Tabela 5.

Tabela 5. Média dos blocos, G1 e G2, nos 5 locais avaliados.

Bloco	Tipo de muda	Local	TCH ^a	TPH ^b
1	MPB	Guaíra	164,26	24,50
2	MPB	Guaíra	167,60	24,44
3	MPB	Guaíra	117,43	24,94
4	MPB	São Martinho	92,22	8,88
5	MPB	São Martinho	99,62	9,42
6	MPB	São Martinho	100,20	9,64
7	MPB	Alta Mogiana	110,45	12,01
8	MPB	Alta Mogiana	118,14	12,00
9	MPB	Alta Mogiana	117,93	12,82
10	MPB	Pedra-Matriz	94,91	11,43
11	MPB	Pedra-Matriz	98,98	12,00
12	MPB	Pedra-Matriz	94,45	11,18
13	Convencional	Centro de Cana	83,68 ^c	11,51 ^d

^a TCH: tonelada de colmos por hectare;

^b TPH: tonelada de pol por hectare;

^c Estimado pela fórmula do TCH_e;

^d TBrixH: tonelada de Brix por hectare.

A comparação dos sistemas MPB (G1) versus Convencional (G2) ficou prejudicada, devido ao fato dos genótipos pertencentes a ambos os sistemas de multiplicações não serem os mesmos, repetindo apenas a série de hibridação 2012. Outro ponto de divergência entre os dois sistemas de muda foi a forma de avaliação; no G2, o bloco 13 teve apenas uma repetição, sendo o valor de açúcares determinado pelo Brix% de campo, diferente do que foi realizado para o G1, quando a determinação dos açúcares foi realizada em análise nos laboratórios. Assim, o que fica evidenciado são os números de blocos avaliados em cada um dos sistemas de multiplicação e a variação obtida pela exploração das interações genótipos x ambientes.

As diferenças entre as produtividades dos locais são explicadas pelas classificações pedológicas e dos ambientes de produção (Prado, 2013), além do número de dias de ciclo no 1º corte, conforme a Tabela 5. O bloco 13 foi avaliado com ciclo de 294 dias devido a necessidade de obter esses dados dos genótipos para a utilização no momento da seleção massal, realizada com idade média de 10 meses, a fim de se evitar o risco de tombamento, o que dificultaria o caminhar no momento da seleção.

Nos ensaios regionais (G1), as colheitas dos ensaios foram realizadas no inverno (meio de safra), assim o ambiente de produção é classificado da seguinte forma: B2 para Alta Mogiana, Guaíra e São Martinho variando as texturas de argila. O ambiente B, da Guaíra é um solo que retém mais umidade quando comparado com os demais da mesma classificação e, no mesmo período de desenvolvimento dos ensaios, houve um volume de chuvas maior na região da Usina Guaíra, 1.623 mm, que na São Martinho, 1.291 mm (Ciiagro, 2018).

As análises de variância individual, dos 4 ensaios regionais, no ciclo de cana planta estão apresentadas nas Tabelas A1, A2 e A3, no apêndice. Apenas na Usina Alta Mogiana os efeitos de genótipos e série não foram significativos ($P < 0,05$) para os atributos TCH e TFibraH. As maiores médias ($P < 0,05$) foram observadas na Usina Guaíra, em função das elevadas produtividades, aumentando os valores de TCH, TPH e TFibraH.

Os efeitos mais significativos da análise de variância conjunta dos 4 ensaios regionais foram de locais (Tabela 6), devido principalmente aos valores muito altos do experimento em Guaíra, ocasionado pela falta de padronização do método de colheita, este sendo feito com corte e pesagem manual da cana crua, havendo uma menor perda de colmos no momento da pesagem, quando comparado com o corte mecanizado, além do número de dias do ciclo do ensaio ter sido o maior.

Tabela 6. Resumo da análise de variância conjunta dos 4 experimentos regionais, no ciclo de cana planta.

FONTES DE VARIAÇÃO	GL	QM ^a TCH	F ^b TCH	QM ^a TPH	F ^b TPH	QM ^a TFibraH	F ^b TFibraH
Local	3	84719,33	799,86**	3577,72	1537,81**	640,63	367,28**
Blocos dentro de local	8	357,76	3,38**	3,93	1,69**	2,90	1,6ns
Testemunhas versus Clones	1	2540,23	23,98**	153,45	65,53**	5,29	3,04ns
Entre testemunhas	2	609,09	5,75**	5,30	2,28**	9,16	5,25**
Séries dos clones	2	372,98	3,52**	223,70	96,15**	31,20	17,88**
Clones dentro de séries	19	1273,40	12,03**	25,99	11,17**	9,15	5,25**
Interação local versus genótipos	72	358,51	3,38**	9,14	3,93**	5,63	3,23**
Resíduo	192	105,92		2,33		1,74	
CV		8,64%		10,56%		9,85%	
DMS (teste t 5%)		8,29		1,23		2,63	

^a QM e ^b F = quadrado médio e estatística F da análise de variância; * $p < 0,05$; ** $p < 0,01$; ns $> 0,05$ e as médias estão na tabela 6.

No atributo TFibraH, não houve efeito significativo entre blocos dentro de local e testemunhas versus clones. Na média dos 4 ensaios, as médias ajustadas (Tabela 7) de todos os clones foi 13,32 t e das testemunhas foi 13,69 t.

Tabela 7. Médias de TCH, TPH e TFibraH ajustadas para igualdade dos blocos na análise conjunta do Ensaio Regional em 4 locais (12 blocos) e ganho dos melhores clones, no ciclo de cana planta.

MÉDIA AJUSTADA	TCH	TPH	TFibraH
todos os clones	118,48	13,85	13,32
clones série 2009	117,58	14,75	12,87
clones série 2010	116,75	15,02	13,27
clones série 2012	121,10	11,79	14,20
testemunhas (Média Geral)	127,04	16,37	13,69
testemunha IAC91-1099	130,08	15,80	14,34
testemunha IACSP95-5000	132,12	17,10	14,16
testemunha IACSP97-4039	118,89	16,21	12,57
melhor clone série 2009	120,64 (IAC09-2010)	17,53 (IAC09-2015)	14,83 (IAC09-2015)
melhor clone série 2010	119,02 (IAC10-2175)	17,08 (IAC10-2069)	14,11 (IAC10-2026)
melhor clone série 2012	128,05 (IAC12-2181)	13,97 (IAC12-2181)	15,64 (IAC12-2165)
1º melhor clone geral	128,05 (IAC12-2181)	17,53 (IAC09-2015)	15,64 (IAC12-2165)
2º melhor clone geral	121,92 (IAC12-2196)	17,08 (IAC10-2069)	15,35 (IAC12-2196)
3º melhor clone geral	120,64 (IAC09-2010)	16,91 (IAC10-2175)	14,83 (IAC09-2015)
4º melhor clone geral	120,19 (IAC09-2037)	15,40 (IAC09-2037)	14,52 (IAC12-2159)
5º melhor clone geral	120,02 (IAC09-2011)	15,33 (IAC10-2148)	14,46 (IAC12-2181)
Ganho melhor clone 2009 sobre MG*	120,64 - 127,04 = <0	17,53 - 16,37 = 1,16	14,83 - 13,69 = 1,14
Ganho melhor clone 2010 sobre MG*	119,02 - 127,04 = <0	17,08 - 16,37 = 0,91	14,11 - 13,69 = 0,42
Ganho melhor clone 2012 sobre MG*	128,05 - 127,04 = 1,01	13,97 - 16,37 = <0	15,64 - 13,69 = 1,95

*MG: média geral.

O coeficiente de variação (CV) está dentro dos padrões aceitáveis pelo Programa Cana-IAC, que entende como ideal os intervalos de até 10%, para ensaios avaliados pelo método de corte e pesagem manual (Usina Guaíra), e de 10% a 15% para corte e pesagem mecanizados (Demais usinas). Percin et al. (2004) sugerem que para os atributos ou características que são influenciadas pelo estande (altura, diâmetro e perfilamento) de campo, por exemplo, TCH, TPH e TFibraH, os ensaios devem apresentar CV até 10%, com tolerância de mais 2%.

Na análise conjunta dos 4 locais, ajustada para a igualdade dos blocos (Tabela

6), os ganhos de TCH nas três séries em relação às médias gerais (MG) das três testemunhas foram nulos ou muito baixos, havendo apenas um pequeno ganho na série 2012, com o melhor clone geral sendo o IAC12-2181, verificando um incremento de 1,01 t em relação à média geral das testemunhas, porém, não superando as melhores testemunhas que foram a IACSP95-5000 e a IAC91-1099.

Para as estimativas de TPH foram observados ganhos em relação a média geral das testemunhas de 1,16 t na série 2009, com o clone IAC09-2015, superando inclusive a melhor testemunha (IACSP95-5000), e de 0,91 t na série 2010, com o clone IAC10-2069, ficando bem próximo a melhor testemunha. Para os clones da série 2012 foi verificada redução de TPH em relação aos padrões. Provavelmente isso ocorreu por se tratar de clones oriundos de dois genitores específicos, os quais são fontes de genes para os caracteres fibra e números de colmos por metro, no entanto não sendo padrões para teor de açúcar. Assim, suas progênies geralmente não apresentam competitividade em tonelada de pol por hectare (TPH).

Na estimativa de TFibraH, 2 genótipos da série 2012 apresentaram melhor média quando comparados com os demais clones e com as testemunhas. O melhor clone no atributo TFibraH foi o IAC12-2165, com ganhos de 1,95 t em relação a média geral das testemunhas. Além do resultado apresentado, este clone foi o mais completo nos atributos agrônômicos, como o porte ereto, fechamento e perfilhamento. O segundo melhor clone foi o IAC12-2196, que obteve ganhos de 1,66 t em relação a média geral das testemunhas. Por fim, o terceiro colocado no atributo TFibraH foi o clone IAC09-2015, com incremento de 1,14 t em relação a média geral das testemunhas e, também, foi ele que obteve a melhor média como clone geral, superando a melhor testemunha no atributo TPH.

O quarto e quinto melhor clone geral também foram da série de hibridação 2012, mostrando que as escolhas dos genitores foram bem-sucedidas, tendo assim dos 5 clones desta série, 4 nas cinco primeiras posições, superando inclusive as testemunhas. O clone que teve o menor valor em todos os atributos avaliados, sendo o pior desempenho da série 2012 e geral, foi o IAC12-2197. Isso se deu em função do baixo valor de produtividade, pois esse clone não apresentou bom desempenho em 3 dos 4 locais avaliados, com prejuízo no atributo altura, insuficiente para boa produção de colmos por hectare e, assim, derrubando os atributos dependentes (TPH,

TPH e TFibraH).

5.2 Ciclo de cana soca

O segundo corte dos ensaios Regionais foi realizado em 2018, com média de 13 meses de idade, atendendo a estratégia de Manejo de colheita do Terceiro Eixo, aplicada nos ensaios do Programa Cana-IAC.

As análises de variância individual dos 4 ensaios regionais no ciclo de cana soca estão apresentadas nas Tabelas A1 (TCH), A2 (TPH) e A3 (TFibraH), no apêndice. Para o atributo TFibraH, apenas o efeito de série não foi significativo ($P > 0,05$) na Usina São Martinho. Novamente as maiores produtividades foram observadas nos ensaios da Usina Guaira, reforçando a caracterização do ambiente de produção, segundo Prado (2013). Com isso, foi verificado aumento nos valores de TCH, TPH e TFibraH em relação aos demais ensaios. Os coeficientes de variação ficaram dentro dos intervalos desejáveis (Perecin et al., 2004), tendo como destaque positivo o menor CV para o atributo TCH do ensaio da Usina Alta Mogiana, campo esse muito uniforme quanto ao desenvolvimento dos blocos e, destaque negativo para o CV do atributo TPH do ensaio da Usina Da Pedra. Fato evidenciado pela baixa correlação dos valores de $POL\%_{cana}$ dos blocos, gerando um alto CV (17,45%). Perecin et al. (2004) relataram que ensaios devem mostrar CV na faixa de 5% (tolerância de 2%) para atributos ou características que não são influenciadas pelo estande de campo (exemplo PC, Fibra).

Considerando a análise conjunta dos 4 ensaios regionais, no ciclo de cana soca, os efeitos mais significativos da análise de variância foram de locais (Tabela 8), devido aos baixos valores de produtividade no ensaio da Usina Da Pedra (média geral de 49,20 t/ha – Tabela A1), ambiente de produção desfavorável, com média de TCH₅ (média dos cinco primeiros cortes) de 65 t/ha, classificado como E2, com teores de argila entre 16-25%, segundo Prado (2013).

As diferenças entre testemunhas e clones, bloco dentro de local e séries dos clones não foram significativas ($P > 0,05$) para os atributos TCH, TPH e TFibraH, respectivamente. O atributo TCH das médias ajustadas (Tabela 8) de todos os clones (76,25 t) e das testemunhas (75,94 t), não tiveram diferença significativa. Com relação

a TFibraH, as séries não tiveram diferença significativa entre si, ficando com médias de 9,04 t (série 2009), 8,98 t (série 2010) e 8,85 t (série 2012). O coeficiente de variação para TPH ficou fora do intervalo aceitável (10-12%), em função dos valores do POL%_{cana} e das baixas produtividades ocorridas no ensaio da Usina Da Pedra.

Tabela 8. Resumo da análise de variância conjunta dos 4 experimentos regionais, no ciclo de cana soca.

FONTES DE VARIÇÃO	GL	QM ^a TCH	F ^b TCH	QM ^a TPH	F ^b TPH	QM ^a TFibraH	F ^b TFibraH
Local	3	41566,16	747,47**	1416,77	538,69**	441,07	455,40**
Blocos dentro de local	8	125,14	2,25**	2,87	1,09ns	2,96	3,06**
Testemunhas versus Clones	1	46,51	0,84ns	23,17	8,81**	7,10	7,33**
Entre testemunhas	2	374,97	6,74**	8,38	3,18**	3,60	3,72**
Séries dos clones	2	887,06	15,95**	170,80	64,94**	0,67	0,69ns
Clones dentro de séries	19	572,91	10,30**	17,89	6,80**	6,39	6,60**
Interação local versus genótipos	72	250,25	4,50**	6,98	2,66*	3,26	3,36**
Resíduo	192	55,61		2,63		0,97	
CV		9,80%		14,66%		11,05%	
DMS (teste t 5%)		19,98		3,69		2,14	

^aQM e ^bF = quadrado médio e estatística F da análise de variância; *p<0,05; **p<0,01; ns>0,05 e as médias estão na Tabela 8.

Na análise conjunta dos 4 locais (Tabela 9) foi verificado que houve ganhos de TCH nas três séries de hibridação em relação às médias gerais, sendo o ganho maior na série 2009, com o melhor clone geral sendo o IAC09-2036, verificando um incremento de 14,23 t em relação a média das testemunhas, superando, também, a melhor testemunha que foi a IACSP95-5000. Também foi a série que teve 3, dos 5 melhores clones gerais, sendo todos superiores as testemunhas. O segundo maior ganho foi na série 2010, com incremento de 11,64 t em relação a média das testemunhas e tendo 2 clones, entre os 5 melhores clones geral, na 3^a e 4^a posição.

Tabela 9. Médias de TCH, TPH e TFibraH ajustadas para igualdade dos blocos na análise conjunta do Ensaio Regional em 4 locais (12 blocos) e ganho dos melhores clones, no ciclo de cana soca.

MÉDIA AJUSTADA	TCH	TPH	TFibraH
todos os clones	76,25	10,65	8,97
clones série 2009	78,66	11,77	9,04
clones série 2010	76,28	11,31	8,98
clones série 2012	71,89	8,88	8,85
testemunhas (Média Geral)	75,94	11,90	8,64
testemunha IAC91-1099	76,25	11,84	8,62
testemunha IACSP95-5000	79,93	12,07	9,08
testemunha IACSP97-4039	71,64	11,80	8,24
melhor clone série 2009	90,17 (IAC09-2036)	14,24 (IAC09-2036)	10,18 (IAC09-2036)
melhor clone série 2010	87,58 (IAC10-2069)	13,05 (IAC10-2069)	9,81 (IAC10-2119)
melhor clone série 2012	79,39 (IAC12-2159)	10,34 (IAC12-2181)	9,33 (IAC12-2159)
1º melhor clone geral	90,17 (IAC09-2036)	14,24 (IAC09-2036)	10,18 (IAC09-2036)
2º melhor clone geral	88,58 (IAC09-2010)	13,05 (IAC10-2069)	10,05 (IAC09-2010)
3º melhor clone geral	87,58 (IAC10-2069)	13,02 (IAC09-2010)	9,86 (IAC09-2015)
4º melhor clone geral	82,57 (IAC10-2119)	12,52 (IAC09-2015)	9,81 (IAC10-2119)
5º melhor clone geral	81,89 (IAC09-2015)	12,14 (IAC10-2175)	9,68 (IAC10-2069)
Ganho melhor clone 2009 sobre MG*	90,17 - 75,94 = 14,23	14,24 - 11,90 = 2,34	10,18 - 8,64 = 1,54
Ganho melhor clone 2010 sobre MG*	87,58 - 75,94 = 11,64	13,05 - 11,90 = 1,15	9,81 - 8,64 = 1,17
Ganho melhor clone 2012 sobre MG*	79,39 - 75,94 = 3,45	10,34 - 11,90 = <0	9,33 - 8,64 = 0,69

*MG: média geral.

Para as estimativas de TPH foram observados ganhos em relação a média geral das testemunhas de 2,34 t na série 2009, com o melhor clone da série e geral sendo o IAC09-2036, e de 1,15 t na série 2010, com o clone IAC10-2069 sendo o melhor da série e segundo melhor geral; ambas as séries superaram inclusive a melhor testemunha, nos desempenhos dos cinco primeiros clones geral. Para os clones da série 2012 foi verificada redução de TPH em relação às médias dos padrões, confirmando o desempenho esperado em relação as escolhas dos genitores.

Na estimativa de TFibraH, houve ganhos em relação a média das testemunhas com o maior incremento da série 2009 (1,54 t), sendo o melhor clone da série e geral,

o IAC09-2036 (10,18 t), superando a melhor testemunha. Os três primeiros clones geral são da série 2009, o que favoreceu o incremento da série e, o quarto e quinto colocado são da série 2010, que teve incremento de 1,17 t. A série 2012, teve incremento de 0,69 t, mesmo sendo clones com destaque em Fibra, quando estimada o TFibraH, a produtividade do 2º corte, na média dos locais, são os piores desempenhos dos genótipos estudados.

5.3 Média de 2 cortes

A análise de variância conjunta dos 4 ensaios regionais, na média dos 2 cortes (Tabela 10), o efeito de bloco dentro de local não foi significativo para todos os atributos avaliados, reforçando a uniformidade dos ensaios em cada local. No caso de TFibraH, não houve diferença ($P>0,05$) entre a média ajustada de todos os clones e a média geral das testemunhas (Tabela 10). Os coeficientes de variação corroboram com Perecin et al. (2004) e, os valores que ficaram fora do intervalo aceitável foram do atributo TPH, em função dos valores do 2º corte obtidos no ensaio da Usina Da Pedra.

Tabela 10. Resumo da análise de variância conjunta dos 4 experimentos regionais, na média de 2 cortes.

FONTES DE VARIÇÃO	GL	QM ^a TCH	F ^b TCH	QM ^a TPH	F ^b TPH	QM ^a TFibraH	F ^b TFibraH
Local	3	117799,24	1251,21**	4297,05	1523,47**	953,93	649,70**
Blocos dentro de local	8	90,81	0,96ns	3,70	1,31ns	1,80	1,22ns
Testemunhas versus Clones	1	1050,85	11,16**	179,64	63,69**	0,07	0,04ns
Entre testemunhas	2	1068,05	11,34**	19,04	6,75**	11,05	7,52**
Séries dos clones	2	166,62	1,77**	385,57	136,70**	11,39	7,75**
Clones dentro de séries	19	1310,70	13,92**	34,53	12,24**	14,13	9,62**
Interação local versus genótipos	72	324,33	3,44**	8,64	3,06**	4,50	3,06**
Resíduo	192	94,15		2,82		1,47	
CV		9,93%		13,13%		10,86%	
DMS (teste t 5%)		5,85		1,01		0,73	

^a QM e ^b F = quadrado médio e estatística F da análise de variância; * $p<0,05$; ** $p<0,01$; ns $>0,05$ e as médias estão na Tabela 10.

Na análise conjunta dos 4 locais, ajustada para a igualdade dos blocos, na média de 2 cortes (Tabela 11), houve ganhos de TCH nas três séries de hibridação em relação às médias gerais das testemunhas, sendo o maior incremento na série 2010 (6,35 t), com o clone IAC10-2069 sendo o melhor clone geral (107,8 t), e, também, foi o melhor clone geral no atributo TPH (15,05 t) e o quarto melhor clone no atributo TFibraH (11,90 t), superando sempre a melhor testemunha (IACSP95-5000).

Na série 2009, o incremento foi de 5,55 t, com o clone destaque da série o IAC09-2015 (107 t) e sendo o segundo melhor clone geral no atributo TCH e TPH e sendo o primeiro em TFibraH (12,34 t), sempre superando a melhor testemunha. Foi a série que teve 3 dos 5 melhores clones no atributo TCH. Já na série 2012, o incremento em TCH foi menor (2,85 t), sendo o melhor clone da série e o quarto melhor clone geral o IAC12-2159 (104,3 t).

Tabela 11. Médias de TCH, TPH e TFibraH ajustadas para igualdade dos blocos na análise conjunta do Ensaio Regional em 4 locais (12 blocos) e ganho dos melhores clones, na média de 2 cortes.

MÉDIA AJUSTADA	TCH	TPH	TFibraH
todos os clones	97,15	12,25	11,16
clones série 2009	98,12	13,26	10,99
clones série 2010	96,50	13,16	11,13
clones série 2012	96,46	10,33	11,53
testemunhas (Média Geral)	101,45	14,14	11,17
testemunha IAC91-1099	103,1	13,83	11,48
testemunha IACSP95-5000	106,00	14,59	11,62
testemunha IACSP97-4039	95,26	14,01	10,40
melhor clone série 2009	107,00 (IAC09-2015)	15,02 (IAC09-2015)	12,34 (IAC09-2015)
melhor clone série 2010	107,8 (IAC10-2069)	15,05 (IAC10-2069)	11,90 (IAC10-2069)
melhor clone série 2012	104,3 (IAC12-2159)	12,16 (IAC12-2181)	12,16 (IAC12-2196)
1º melhor clone geral	107,8 (IAC10-2069)	15,05 (IAC10-2069)	12,34 (IAC09-2015)
2º melhor clone geral	107,00 (IAC09-2015)	15,02 (IAC09-2015)	12,16 (IAC12-2196)
3º melhor clone geral	104,6 (IAC09-2010)	14,63 (IAC09-2036)	11,93 (IAC12-2159)
4º melhor clone geral	104,3 (IAC12-2159)	14,53 (IAC10-2175)	11,90 (IAC10-2069)
5º melhor clone geral	103,00 (IAC09-2036)	13,88 (IAC09-2010)	11,88 (IAC10-2119)
Ganho melhor clone 2009 sobre MG*	107,00 - 101,45 = 5,55	15,02 - 14,14 = 0,88	12,34 - 11,17 = 1,17
Ganho melhor clone 2010 sobre MG*	107,8 - 101,45 = 6,35	15,05 - 14,14 = 0,91	11,90 - 11,17 = 0,73
Ganho melhor clone 2012 sobre MG*	104,3 - 101,45 = 2,85	12,16 - 14,14 = <0	12,16 - 11,17 = 0,99

*MG: média geral.

Para as estimativas de TPH foram observados pequenos incrementos em relação a média geral das testemunhas, sendo de 0,88 t na série 2009, com o melhor clone da série e segundo geral sendo o IAC09-2015 (15,02 t) e de 0,91 t na série 2010, com o clone IAC10-2069 (15,05 t), sendo o melhor clone da série e geral, e ambos superaram, inclusive, a melhor testemunha. Já na série 2012 foi verificada redução de TPH em relação as médias dos padrões, confirmando o desempenho esperado em relação as escolhas dos genitores.

Na estimativa de TFibraH, os ganhos em relação a média das testemunhas são pequenos. O maior incremento foi da série 2009 (1,17 t), sendo o melhor clone da série e geral, o IAC09-2015 (12,34 t), superando a melhor testemunha. Também, foi o clone que apresentou excelente performance nos atributos de TCH (Tabela A1) e TPH (Tabela A2), ficando em segundo lugar geral em ambos os atributos. Na série 2010, teve incremento de 0,73 t, sendo o melhor clone da série e quarto geral, o IAC10-2069. Suas performances nos demais atributos são de primeiro colocado, se mostrando um genótipo promissor. A série 2012, teve incremento de 0,99 t, sendo o clone IAC12-2196 (12,16 t), o melhor clone da série e o segundo geral. Foi a série, juntamente com a série 2010, que teve 2, entre os 5 melhores clone geral.

6 CONCLUSÕES

A utilização do sistema Mudanças Pré-Brotadas, possibilitou aumento de 1.340% no número de metros lineares para avaliação dos genótipos na Fase Regional, quando comparada com a Fase III convencional.

No ciclo de cana planta dos Ensaio Regionais não houve incremento para o atributo TCH nas séries 2009 e 2010, e pequeno ganho na série 2012. Com destaques para os clones IAC09-2015 e IAC10-2069, no atributo TPH. Para TFibraH, a série 2012 foi a que apresentou maior ganho, destaque para o clone IAC12-2165.

No ciclo de cana soca, a série 2009 foi a que apresentou os maiores incrementos, para todos os atributos e o destaque individual geral foi o clone IAC09-2036. Para TPH, o destaque geral da série 2010 foi o clone IAC10-2069.

Para a média conjunta dos 2 cortes, a série 2010 foi a que apresentou maiores incrementos nos atributos TCH e TPH, perdendo para a séries 2009 e 2012, respectivamente, em ganhos de TFibraH.

No atributo TPH, na série 2012 houve redução em relação as testemunhas em todos os cortes e na média, reforçando as características dos genitores.

Os clones com melhores performances, na média de cortes, em rendimento por área foram o IAC09-2015 e IAC10-2069, genótipos promissores para atender o cenário atual da canavicultura brasileira.

REFERÊNCIAS

- Arantes MT (2012) **Potencial produtivo de cultivares de cana-de-açúcar sob os manejos irrigado e sequeiro**. 67 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Unesp, Botucatu.
- Bressiani JA (2001) **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 159 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Esalq/USP, Piracicaba.
- Ciiagro – Centro integrado de informações agrometeorológicas. (2018) **Informações agrometeorológicas**. Disponível em: <<http://www.ciiagro.sp.gov.br/>>. Acesso em: 22 set. 2018.
- Conab – Companhia Nacional de Abastecimento (2018) Acompanhamento da safra brasileira: cana-de-açúcar. 2º levantamento. Brasília: Conab, 76 p.
- Consecana – Conselho dos Produtores de Cana de Açúcar, Açúcar e Etanol do Estado de São Paulo (1998) **Regulamento dos negócios de compra e venda de cana-de-açúcar no Estado de São Paulo**: manual de instruções. Piracicaba: Consecana, 16 p.
- Daniels J, Roach, BT (1987) Taxonomy and Evolution of sugarcane. In.: Heinz DJ (Ed.) Sugarcane improvement through breeding. Amsterdam: Elsevier, p. 7-84.
- Jadoski CJ, Toppa EVB, Julianetti A, Hulshof T, Ono EO, Rodrigues JD (2010) Fisiologia do desenvolvimento do estágio vegetativo da cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum* L.). **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia** 3:169-175.
- Landell MGA, Bressiani JA (2010) Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In.: Dinardo-Miranda LL, Vasconcelos ACM, Landell MGA (Eds.) **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, p. 101-155.
- Landell MGA, Campana MP, Figueiredo P, Xavier MA, Anjos IA, Dinardo-Miranda LL, Scarpari MS, Garcia JC, Bidóia MAP, Silva DN, Mendonça JR, Kantack RAD, Campos MF, Brancalhão SR, Petri RH, Miguel PEM (2012). **Sistema de multiplicação de cana-de-açúcar com mudas pré-brotadas (MPB), oriundas de gemas individualizadas**. Campinas: Instituto Agrônomo, 16 p. (IAC, Documentos 109).
- Landell MGA, Silva MA (2004) As estratégias de seleção da cana em desenvolvimento no Brasil. **Revista Visão Agrícola** 1:18-23.
- Matsuoka S, Garcia AAFG, Arizono, H (1999) Melhoramento de cana-de-açúcar. In.: Borém A (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora da UFV, p. 205-252.
- Matsuoka S, Garcia AAFG, Arizono, H (2005) Melhoramento da cana-de-açúcar. In.: Borém A (Eds.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora da UFV, p. 225-274.

Oliveira RA (2007) **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 145 f. Tese (Doutorado em Ciências) – UFPR, Curitiba.

Ometo JC (1982) **Bioclimatologia vegetal**. São Paulo: Ceres, 425 p.

Perecin D, Marques DG, Landell MGA (2004) Selo de qualidade para ensaios de melhoramento de cana-de-açúcar. In: REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA. **Anais...** Uberlândia: SBB, 2004. p. 83.

Prado H (2013) Legenda prática de solos para ambientes de produção das plantas. In.: Prado H (Eds.) **Pedologia fácil: aplicações em solos tropicais**. 4. ed. Piracicaba: Hélio do Prado, p. 103-126.

Rodrigues JD (1995) **Fisiologia da cana-de-açúcar**. Botucatu: Instituto de Biociência, 101 p. (Apostila).

SAS Institute Inc. (2008) **SAS/STAT® 9.2 User's Guide**. Cary, NC: SAS Institute Inc.

Xavier, MA, Landell, MGA, Campana MP, Aferrri G, Perecin D (2016) Produtividade de cana-de-açúcar em fases iniciais de seleção de programa de melhoramento genético utilizando métodos de multiplicação por mudas pré-brotas. In: CONGRESSO NACIONAL DA SOCIEDADE DOS TÉCNICOS AÇUCAREIROS E ALCOOLEIROS DO BRASIL-STAB. **Anais...** Ribeirão Preto: STAB, 2016. p. 234-237.

APÊNDICE

Tabela A1. Resumo das médias e das análises de variância para o atributo TCH (toneladas de Colmos por hectare), em quatro experimentos Regionais, colheitas cana planta 2017 e cana soca 2018 com média de 357 dias após plantio (cp) ou média de 405 após corte (cs).

Série/Genótipo/nGen	AltaMog 341 dias – CP	Guaira 371 dias – CP	Pedra_M 387 dias – CP	SMartinho 330 dias – CP	AltaMog 407 dias – CS	Guaira 405 dias – CS	Pedra_M 406 dias – CS	SMartinho 401 dias – CS	Conjunta Média
2009/clone 2010/1	121,29 a-b	171,62 b-f	99,31 c-f	90,28 f-i	97,99 b-c	113,54 a-d	65,32 a-b	77,52 a-d	104,61 a-c
2009/clone 2011/2	105,56 b-c	173,15 b-e	108,80 b-c	92,59 f-i	82,25 g-j	116,09 a-c	41,91 i-m	61,19 e-g	97,69 d-h
2009/clone 2013/3	112,27 a-c	167,01 c-i	100,00 c-e	91,20 g-i	65,91 o-p	118,89 a-c	56,08 b-e	69,26 b-f	97,57 d-h
2009/clone 2015/4	114,12 a-c	177,48 b-c	124,54 a	112,27 a-d	89,13 e-f	118,42 a-c	42,89 h-m	77,13 a-d	107,00 a
2009/clone 2028/5	121,99 a-b	140,54 j-k	78,94 h-i	94,21 e-i	71,82 m-n	90,35 g-i	48,40 d-k	61,78 e-g	88,50 j-k
2009/clone 2036/6	100,46 c	167,01 c-i	95,39 c-g	100,46 b-g	100,94 b	111,46 a-e	63,95 a-c	84,41 a	103,01 a-b
2009/clone 2037/7	118,52 a-c	169,20 c-h	98,15 c-g	94,91 e-i	81,66 h-k	112,75 a-d	52,73 d-h	62,57 e-g	98,81 c-g
2009/clone 2043/8	107,13 b-c	154,43 g-j	84,72 f-i	79,40 h-j	77,33 k-l	107,31 a-g	51,75 d-i	62,57 e-g	90,58 i-k
2009/clone 2050/9	113,66 a-c	158,74 d-i	97,22 c-g	96,30 e-h	82,25 g-j	100,93 c-h	40,34 j-m	73,20 a-e	95,33 e-i
2010/clone 2069/10	122,22 a-b	169,66 c-g	107,87 b-c	112,73 a-d	111,96 a	111,71 a-e	48,80 d-j	77,92 a-d	107,86 a
2010/clone 2116/11	118,75 a-c	153,82 h-j	98,38 c-f	101,16 b-g	64,34 p	97,17 d-h	53,52 d-g	60,21 f-g	93,42 g-j
2010/clone 2119/12	113,29 a-c	173,59 b-d	83,60 g-i	103,01 b-g	86,38 f-h	109,16 a-f	68,47 a	66,31 d-g	100,47 b-e
2010/clone 2143/13	119,91 a-c	151,65 i-j	72,22 i	80,33 h-j	78,71 j-l	95,80 d-h	45,84 f-m	55,88 g-h	87,54 k
2010/clone 2148/14	111,57 a-c	157,99 e-i	98,92 c-g	95,60 e-h	81,85 h-k	94,46 e-i	38,57 k-m	64,74 e-g	92,84 h-k
2010/clone 2175/15	129,91 a	169,41 c-g	74,65 i	102,08 b-g	95,23 c-d	102,10 b-h	57,46 b-d	69,26 b-f	100,01 c-f
2010/clone 2181/14	119,68 a-c	171,01 b-f	86,11 e-i	96,53 c-h	91,69 d-e	93,26 f-i	39,35 j-m	68,67 c-f	95,79 e-i
2010/clone 2217/14	120,37 a-c	152,28 i-j	90,46 d-h	78,01 i-j	81,26 i-k	104,28 a-h	54,31 c-g	72,60 a-e	94,19 f-j
2012/clone 2159/15	105,33 b-c	202,52 a	95,63 c-g	113,66 a-c	86,77 f-g	121,28 a	46,83 e-l	62,77 e-g	104,35 a-c
2012/clone 2165/16	115,97 a-c	185,77 b	127,55 a	114,35 a-b	78,71 j-l	109,51 a-f	36,10 m	54,31 g-h	102,77 a-d
2012/clone 2181/17	120,84 a-b	186,40 b	98,03 c-g	106,94 a-f	81,66 h-k	111,07 a-f	37,78 l-m	79,49 a-c	102,77 a-d
2012/clone 2196/18	121,99 a-b	173,57 b-d	101,16 c-d	90,97 f-i	75,36 l-m	96,48 d-h	45,06 g-m	47,61 h	94,03 g-j
2012/clone 2197/19	109,40 b-c	128,51 a	51,25 j	72,22 j	75,36 l-m	77,15 i	55,29 b-f	59,28 f-h	78,55 l
TESTE/IAC911099/20	103,94 b-c	202,68 a	101,39 c-d	112,27 a-d	119,30 j	104,91 a-h	39,55 j-m	81,26 a-b	103,16 a-d
TESTE/IACSP955000/21	121,16 a-b	175,90 b-c	121,53 a-b	109,95 a-e	84,80 f-i	119,68 a-b	46,24 e-l	69,06 b-f	106,04 a-b
TESTE/IACSP974039/22	118,29 a-c	160,25 d-i	108,10 b-c	88,89 g-j	78,90 j-l	76,60 i	49,39 d-j	81,66 a	95,26 e-i
TESTE/RB867515/23	112,96 a-c	156,81 f-i	104,18 c-d	-	69,85 n-o	87,47 h-i	53,52 d-g	-	97,46 d-h
TESTE/CTC 20/24	-	-	-	123,15 a	-	-	-	80,88 a-c	102,01 a-d
Media Geral	115,41 B	167,34 A	96,43 C	98,21 C	82,75 B	103,92 A	49,20 D	68,52 C	97,72
Coef. Var. (%)	10,53	5,63	9,28	10,68	3,54	10,54	12,44	10,97	9,93
QM(Genótipos)	147,74	827,26*	816,16*	488,84*	340,61*	461,11*	228,75*	278,43*	1175,37*
QM (Série)	203,15	767,13*	1120,68*	587,70*	243,33*	584,00*	208,96*	721,48*	166,62*
QM (Local)	-	-	-	-	-	-	-	-	117799,24*
QM(Gen*Local)	-	-	-	-	-	-	-	-	324,33*
QM(Estágio)	-	-	-	-	-	-	-	-	291818,13*
QM(gen*Estagio)	-	-	-	-	-	-	-	-	550,95*
QM(Residuo)	147,82	88,86	80,14	110,00	8,59	119,91	37,46	56,48	94,15
Média Série 2009	112,78 A	164,35 B	98,56 B	94,62 B	83,25 B	109,97 A	51,49 A	69,96 B	98,12 A-B
Média Série 2010	119,46 A	162,43 B	88,90 C	96,18 B	86,43 A	100,99 B	50,79 A-B	66,95 B	96,50 B
Média Série 2012	114,70 A	175,35 A	94,72 B-C	99,63 B	79,57 C	103,10 A-B	44,19 C	60,68 C	96,46 B
Média Testemunha	114,09 A	173,91 A	108,80 A	108,57 A	78,21 C	97,16 B	47,17 B-C	78,21 A	101,46 A
Melhor 2009 (nGen)	121,99 (5)	177,48 (4)	124,54 (4)	112,27 (4)	100,94 (6)	118,89 (3)	65,32 (1)	84,41 (6)	107,00 (4)
Melhor 2010 (nGen)	122,22 (10)	173,59 (12)	107,87 (10)	117,73 (10)	111,96 (10)	111,71 (10)	68,47 (12)	77,92 (10)	107,86 (10)
Melhor 2012 (nGen)	121,99 (18)	202,52 (15)	127,55 (16)	114,35 (16)	86,77 (15)	121,28 (15)	55,29 (19)	79,49 (17)	104,35 (15)
Melhor test (nGen)	121,16 (21)	202,68 (20)	121,53 (21)	112,27 (20)	84,80 (21)	119,68 (21)	53,52 (23)	81,66 (22)	106,04 (21)

Médias Geral e em colunas, com mesma letra ($p > 0,05$), teste t(LSD); * ($p < 0,05$), teste F.

Tabela A2. Resumo das médias e das análises de variância para o atributo TPH (toneladas de Pol por hectare), em quatro experimentos Regionais, colheitas cana planta 2017 e cana soca 2018 com média de 357 dias após plantio (cp) ou média de 405 após corte (cs).

Série/Genótipo/nGen	AltaMog 341 dias – CP	Guaira 371 dias – CP	Pedra_M 387 dias – CP	SMartinho 330 dias – CP	AltaMog 407 dias – CS	Guaira 405 dias – CS	Pedra_M 406 dias – CS	SMartinho 401 dias – CS	Conjunta Média
2009/ clone 2010/1	12,79 a-e	25,32 b-f	12,22 c-g	8,65 f-j	12,98 a-c	18,74 a-c	7,37 a-d	12,98 a-f	13,88 b-e
2009/ clone 2011/2	11,19 b-f	23,92 d-h	13,36 b-c	7,12 j-k	9,66 e-i	18,17 a-d	5,95 c-g	10,30 f-i	12,46 h-j
2009/ clone 2013/3	12,64 b-f	22,10 g-h	10,44 f-h	8,75 e-j	7,67 k	16,94 b-e	6,88 a-e	11,76 c-h	12,15 i-k
2009/ clone 2015/4	12,17 b-f	28,87 a	16,62 a	12,44 b	11,38 c-e	20,22 a-b	5,12 d-h	13,36 a-e	15,02 a
2009/ clone 2028/5	13,75 a-c	21,80 h	10,42 f-h	10,34 c-f	15,74 e-h	15,59 c-e	6,28 c-g	11,24 d-i	12,39 h-j
2009/ clone 2036/6	12,09 b-f	24,36 b-h	12,33 c-f	11,32 b-c	13,33 a-b	19,53 a-b	9,07 a	15,02 a-b	14,63 a-b
2009/ clone 2037/7	12,74 a-c	27,01 a-c	12,44 c-f	9,40 d-i	9,35 g-k	19,50 a-b	6,59 b-f	10,83 e-i	13,48 d-g
2009/ clone 2043/8	11,69 b-f	24,96 b-g	11,58 c-g	8,10 h-j	10,19 e-g	18,85 a-c	5,84 d-g	10,73 e-i	12,74 f-j
2009/ clone 2050/9	11,89 b-f	24,09 c-h	12,25 c-g	9,83 c-h	10,63 e-g	15,15 d-e	4,52 f-h	12,14 c-h	12,56 f-j
2010/ clone 2069/10	13,24 a-d	28,97 a	14,72 a-b	11,31 b-c	14,74 a	18,66 a-c	5,59 d-g	13,19 a-e	15,05 a
2010/ clone 2116/11	12,54 b-f	22,48 f-h	12,27 c-f	10,54 c-e	7,71 k	14,81 d-e	5,40 d-g	10,04 g-i	11,97 j-k
2010/ clone 2119/12	12,06 b-f	26,81 a-d	9,08 h-i	10,08 c-g	11,07 e-g	16,91 b-e	8,79 a-b	10,83 e-i	13,20 e-h
2010/ clone 2143/13	14,31 a-b	23,99 d-h	9,08 h-i	8,76 e-j	10,26 e-g	16,96 b-e	5,95 c-g	9,99 g-i	12,41 h-j
2010/ clone 2148/14	12,75 a-e	23,96 d-h	13,29 b-d	11,26 b-c	11,18 d-f	15,86 c-e	4,46 f-h	11,57 c-h	13,04 e-i
2010/ clone 2175/15	16,02 a	28,66 a	10,52 f-h	12,46 b	12,88 b-d	15,60 c-e	8,24 a-c	11,83 c-h	14,53 a-c
2010/ clone 2181/14	13,16 a-e	24,12 c-h	10,86 e-h	9,06 e-i	11,25 c-f	15,70 c-e	5,02 e-h	11,62 c-h	12,60 f-j
2010/ clone 2217/14	11,86 b-f	24,04 d-h	11,29 d-g	7,02 j-k	10,30 e-g	15,75 c-e	7,01 a-e	12,68 b-g	12,49 g-j
2012/ clone 2159/15	9,88 e-f	24,18 c-h	7,58 i	7,94 i-j	9,97 e-h	15,90 c-e	5,48 d-g	9,57 h-i	11,31 k-l
2012/ clone 2165/16	9,96 d-f	22,97 e-h	11,27 d-g	8,43 g-j	7,78 j-k	13,58 e-f	4,43 f-h	8,67 i-j	10,89 l
2012/ clone 2181/17	13,63 a-c	25,72 b-e	7,80 i	8,75 e-j	9,53 f-j	15,64 c-e	4,11 g-h	12,08 c-h	12,16 i-k
2012/ clone 2196/18	9,85 e-f	16,67 i	10,20 g-h	5,85 k-l	8,31 h-k	10,64 f-g	2,99 h	6,29 j	8,85 m
2012/ clone 2197/19	9,33 f	15,58 i	5,10 j	5,00 l	7,89 i-k	9,60 g	6,55 b-f	8,57 i-j	8,45 m
TESTE/IAC911099/20	10,71 c-f	29,22 a	13,08 b-d	10,27 c-f	10,51 e-g	17,96 a-d	5,24 d-h	13,65 a-d	13,83 b-e
TESTE/IACSP955000/21	12,80 a-e	28,67 a	15,86 a	11,08 b-d	10,05 e-h	20,42 a	5,65 d-g	12,14 c-h	14,59 a-b
TESTE/IACSP974039/22	13,71 a-c	27,22 a-b	14,91 a-b	8,99 e-i	10,81 e-g	13,99 e-f	6,67 b-f	15,73 a	14,01 b-e
TESTE/RB867515/23	13,42 a-c	24,92 b-g	12,88 b-e	-	8,33 h-k	14,77 d-e	7,08 a-e	-	13,57 c-f
TESTE/CTC 20/24	-	-	-	14,52 a	-	-	-	14,14 a-c	14,33 a-d
Média Geral	12,31 B	24,64 A	11,59 C	9,51 D	10,29 B	16,36 A	6,01 C	11,57 B	12,79
Coef. Var. (%)	16,44	7,24	10,82	11,63	10,49	12,94	23,30	14,73	13,13
QM(Genótipos)	7,02*	33,49*	20,22*	13,38*	9,92*	21,18*	6,14*	12,96*	64,73*
QM (Série)	23,35*	102,76*	84,42*	40,92*	20,10*	81,31*	10,59*	56,25*	385,57*
QM (Local)	-	-	-	-	-	-	-	-	4297,05*
QM(Gen*Local)	-	-	-	-	-	-	-	-	8,63
QM(Estágio)	-	-	-	-	-	-	-	-	1862,31
QM(gen*Estágio)	-	-	-	-	-	-	-	-	9,45
QM(Resíduo)	4,10	3,18	1,57	1,22	1,16	4,49	1,96	2,90	2,82
Média Série 2009	12,33 A	24,71 B	12,41 B	9,55 B	10,55 B	18,08 A	6,40 A	12,04 B	13,25 B
Média Série 2010	13,24 A	25,38 B	11,39 C	10,06 B	11,17 A	16,28 B	6,30 A	11,47 B	13,16 B
Média Série 2012	10,53 B	21,02 C	8,39 D	7,19 C	8,69 C	13,07 C	4,71 B	9,03 C	10,32 C
Média Testemunha	12,66 A	27,51 A	14,18 A	11,21 A	9,92 B	16,79 A-B	6,12 A	13,92 A	14,05 A
Melhor 2009 (nGen)	13,75 (5)	28,87 (4)	13,36 (2)	12,44 (4)	13,33 (6)	20,22 (4)	7,37 (1)	15,02 (6)	15,02 (4)
Melhor 2010 (nGen)	16,02 (15)	28,97 (10)	14,72 (10)	11,31 (10)	14,74 (10)	18,66 (10)	8,79 (12)	13,19 (10)	15,05 (10)
Melhor 2012 (nGen)	13,63 (17)	25,72 (17)	11,27 (16)	8,75 (17)	9,97 (15)	15,90 (15)	6,55 (19)	12,08 (17)	12,16 (17)
Melhor test (nGen)	13,71 (22)	29,22 (20)	15,86 (21)	14,52 (24)	10,81 (22)	20,42 (21)	7,08 (23)	15,73 (22)	14,59 (21)

Médias Geral e em colunas, com mesma letra ($p > 0,05$), teste t(LSD); * ($p < 0,05$), teste F.

Tabela A3. Resumo das médias e das análises de variância para o atributo TFibraH (toneladas de Fibra por hectare), em quatro experimentos Regionais, colheitas cana planta 2017 e cana soca 2018 com média de 357 dias após plantio (cp) ou média de 405 após corte (cs).

Série/Genótipo/nGen	AltaMog 341 dias – CP	Guaíra 371 dias – CP	Pedra_M 387 dias – CP	SMartinho 330 dias – CP	AltaMog 407 dias – CS	Guaíra 405 dias – CS	Pedra_M 406 dias – CS	SMartinho 401 dias – CS	Conjunta Média
2009/clon 2010/1	12,16 a-d	16,91 f-k	12,25 d-g	9,83 g-k	11,24 a-b	12,02 a-f	7,74 a-b	9,18 a-f	11,42 c-f
2009/clon 2011/2	11,07 d	16,24 i-k	12,32 c-f	10,30 f-k	9,51 e-j	12,43 a-d	5,11 g-k	7,09 i-j	10,51 h-l
2009/clon 2013/3	12,90 a-d	16,46 h-k	11,92 d-g	9,79 h-k	7,56 l-m	12,51 a-d	6,45 b-g	8,09 d-j	10,71 f-k
2009/clon 2015/4	12,72 a-d	18,51 c-g	15,85 a-b	12,26 a-f	10,66 b-e	13,29 a-c	5,47 f-k	10,00 a-b	12,34 a
2009/clon 2028/5	14,64 a-b	14,00 l	10,15 f-h	10,55 f-k	8,20 k-m	10,23 f-h	5,88 e-i	7,62 f-j	10,16 k-l
2009/clon 2036/6	11,38 c-d	17,37 f-j	12,11 d-g	10,99 d-j	10,75 b-d	11,92 a-g	7,41 a-c	10,65 a	11,57 b-e
2009/clon 2037/7	13,23 a-d	18,79 b-f	12,70 c-e	11,35 c-i	10,00 c-g	13,60 a-b	6,51 b-f	7,90 e-i	11,76 a-d
2009/clon 2043/8	11,15 c-d	16,66 g-k	7,51 i	9,17 j-k	8,55 h-l	11,67 b-g	6,17 c-h	7,73 e-j	10,15 k-l
2009/clon 2050/9	11,91 b-d	16,23 i-k	11,45 e-h	10,37 f-k	8,46 i-m	11,05 d-g	4,35 k	8,42 b-i	10,28 j-l
2010/clon 2069/10	12,92 a-d	17,00 f-k	13,09 c-e	13,42 a-b	12,15 a	11,98 a-f	5,40 f-k	9,20 a-f	11,90 a-c
2010/clon 2116/11	12,77 a-d	15,88 j-l	12,66 c-e	10,68 e-k	7,30 m	11,46 c-g	6,67 a-f	7,44 g-j	10,61 g-k
2010/clon 2119/12	12,50 a-d	19,65 a-e	10,84 e-h	12,84 a-d	9,89 c-g	12,67 a-d	7,95 a	8,73 b-h	11,88 a-c
2010/clon 2143/13	13,17 a-d	16,48 h-k	9,31 h-i	8,95 j-k	9,26 f-k	11,39 c-g	6,21 d-h	7,31 h-j	10,26 j-l
2010/clon 2148/14	12,60 a-d	17,91 e-i	12,59 c-e	10,63 f-k	9,85 c-g	10,30 e-h	4,42 k	7,30 h-j	10,70 f-k
2010/clon 2175/15	14,3 a-b	18,15 d-h	9,93 g-h	11,82 a-h	10,56 b-e	11,50 b-g	6,23 c-h	8,71 b-i	11,40 c-f
2010/clon 2181/14	13,17 a-d	17,82 e-i	11,03 e-h	11,35 c-i	10,97 a-c	10,67 d-g	4,94 h-k	8,98 b-g	11,12 d-i
2010/clon 2217/14	13,90 a-c	16,39 h-k	12,14 d-g	8,85 k	10,42 b-f	12,14 a-e	7,04 a-e	8,21 c-j	11,14 d-h
2012/clon 2159/15	10,75 d	20,84 a	12,94 c-e	13,56 a-b	9,75 c-h	13,93 a	5,83 e-j	7,80 e-j	11,93 a-c
2012/clon 2165/16	12,19 a-d	19,83 a-d	16,80 a	13,75 a	9,29 f-k	12,20 a-e	4,41 k	6,60 j	11,88 a-c
2012/clon 2181/17	12,23 a-d	20,43 a-b	12,46 c-f	12,74 a-e	9,75 c-h	12,45 a-d	4,78 i-k	9,78 a-c	11,82 a-d
2012/clon 2196/18	14,83 a	20,31 a-c	14,63 a-c	11,61 b-h	9,65 d-i	12,42 a-d	6,41 b-g	7,42 g-j	12,16 a-b
2012/clon 2197/19	12,36 a-d	15,16 k-l	7,13 i	9,50 i-k	9,25 f-k	10,03 f-h	7,32 a-d	8,01 d-j	9,85 l
TESTE/IAC911099/20	11,43 c-d	20,93 a	12,99 c-e	12,03 a-f	8,39 j-m	11,60 b-g	4,66 j-k	9,82 a-c	11,48 b-e
TESTE/IACSP955000/21	12,96 a-d	17,54 f-j	14,25 b-d	11,88 a-g	9,66 d-i	12,70 a-d	5,63 f-k	8,33 c-i	11,62 a-e
TESTE/IACSP974039/22	12,32 a-d	15,69 j-l	12,92 c-e	9,35 j-k	8,84 g-k	8,51 h	6,04 e-i	9,55 a-d	10,40 i-l
TESTE/RB867515/23	12,39 a-d	16,60 h-k	12,68 c-e	-	7,32 m	9,86 g-h	6,72 a-f	-	10,93 e-j
TESTE/CTC 20/24	-	-	-	13,36 a-c	-	-	-	9,23 a-e	11,32 c-g
Média Geral	12,61 B	17,61 A	12,10 C	11,19 D	9,51 B	11,71 A	5,99 C	8,43 B	11,16
Coef. Var. (%)	13,46	6,57	11,82	11,25	7,87	10,93	13,87	11,77	10,86
QM(Genótipos)	3,24	10,19*	14,04*	6,84*	4,38*	4,58*	3,27*	3,19*	12,90*
QM (Série)	4,60	20,80*	11,52*	10,54*	2,63*	2,94	0,80	1,76	11,39*
QM (Local)	-	-	-	-	-	-	-	-	953,92*
QM(Gen*Local)	-	-	-	-	-	-	-	-	4,50*
QM(Estágio)	-	-	-	-	-	-	-	-	3148,75*
QM(gen*Estágio)	-	-	-	-	-	-	-	-	7,61*
QM(Resíduo)	2,88	1,34	2,05	1,58	0,56	1,64	0,69	0,98	2,15
Média Série 2009	12,35 A	16,80 C	11,81 B	10,51 C	9,43 B	12,08 A	6,12 A	8,52 B	10,99 A
Média Série 2010	13,16 A	17,41 B-C	11,45 B	11,07 B-C	10,05 A	11,51 A-B	6,11 A	8,24 B	11,13 A
Média Série 2012	12,47 A	19,31 A	12,79 A	12,23 A	9,54 B	12,21 A	5,75 A	7,92 B	11,53 A
Média Testemunha	12,27 A	17,69 B	13,21 A	11,66 A-B	8,55 C	10,67 B	5,76 A	9,25 A	11,17 A
Melhor 2009 (nGen)	14,64 (5)	18,79 (7)	15,85 (4)	12,26 (4)	11,24 (1)	13,60 (7)	7,74 (1)	10,65 (6)	12,34 (4)
Melhor 2010 (nGen)	14,30 (15)	19,65 (12)	13,09 (10)	13,42 (10)	12,15 (10)	12,67 (12)	7,95 (12)	9,20 (10)	11,90 (10)
Melhor 2012 (nGen)	14,83 (18)	20,84 (15)	16,80 (16)	13,75 (16)	9,75 (15-17)	13,93 (15)	7,32 (19)	9,78 (17)	12,16 (18)
Melhor test (nGen)	12,96 (21)	20,93 (20)	14,25 (21)	13,36 (24)	9,66 (21)	12,70 (21)	6,72 (23)	9,82 (20)	11,62 (21)

Médias Geral e em colunas, com mesma letra ($p > 0,05$), teste t(LSD); * ($p < 0,05$), teste F.