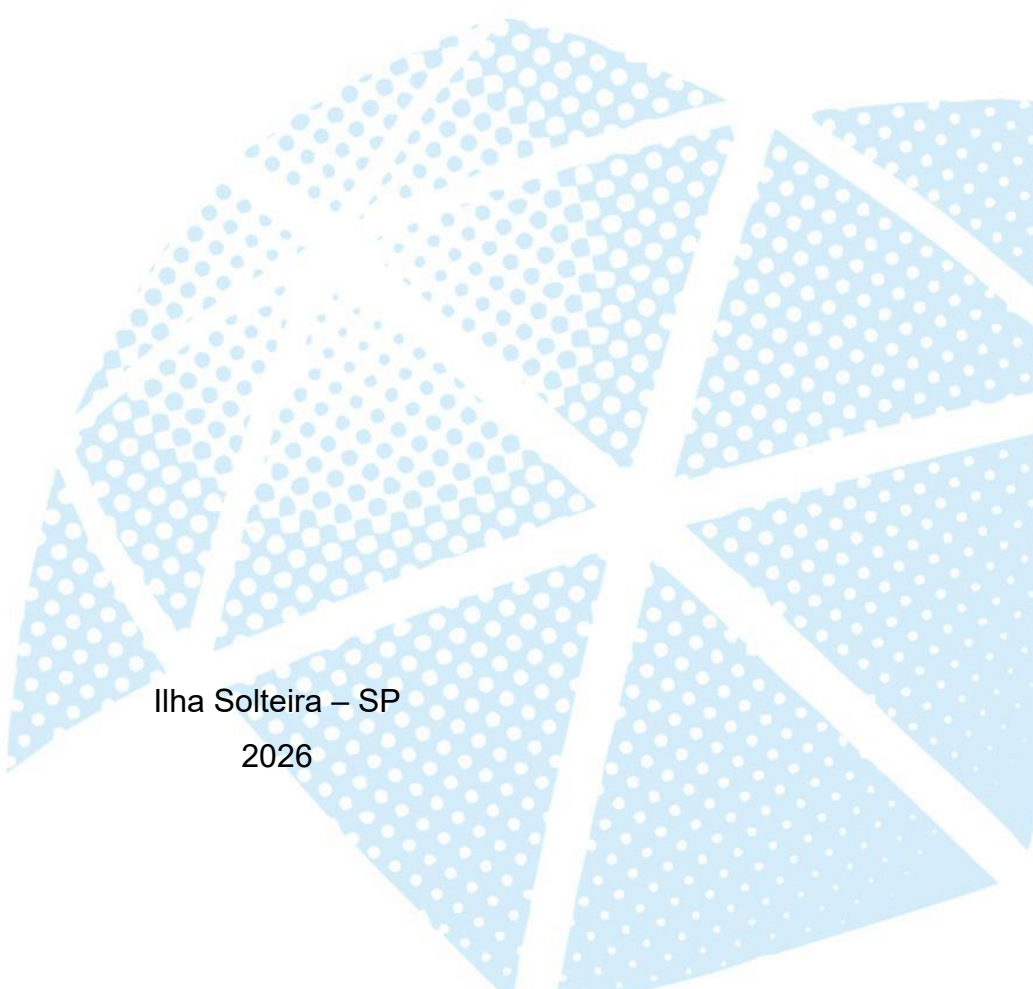


**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

PRISCILA SANTOS DIAS CASADO

**PREDIÇÃO, SELEÇÃO E VALIDAÇÃO DE COMPOSTOS MULTIGENOTÍPICOS
EM CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE**

Ilha Solteira – SP
2026



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

PRISCILA SANTOS DIAS CASADO

**PREDIÇÃO, SELEÇÃO E VALIDAÇÃO DE COMPOSTO MULTIGENOTÍPICO EM
CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE**

Tese Apresentada à Universidade Estadual Paulista (UNESP) – “Júlio de Mesquita Filho” – Campus de Ilha Solteira, para obtenção do título de Doutora em Agronomia.

Área de Concentração: Sistemas de Produção.

Orientador: Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan.

Ilha Solteira – SP

2026

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

C335p Casado, Priscila Santos Dias.
Predição, seleção e validação de compostos multigenotípicos em cana-de-açúcar de maturação precoce / Priscila Santos Dias Casado. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2026
98 f. : il.

Tese (Doutorado em Engenharia Agrônômica) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira. Área de conhecimento: Sistemas de Produção, 2026

Orientador: Bruno Ettore Pavan

Inclui bibliografia

1. Autocompetição e alocompetição. 2. Herdabilidade realizada. 3. Interações genotípicas. 4. Saccharum spp.

IMPACTO POTENCIAL DESTA PESQUISA

Este estudo apresenta um impacto científico significativo ao avançar na compreensão das interações genotípicas em sistemas de cultivo de cana-de-açúcar, contribuindo para a integração de princípios ecológicos à produção agrícola. Sob uma perspectiva técnica e inovadora, a pesquisa propõe e aplica um modelo preditivo para a seleção de compostos multigenotípicos, permitindo a identificação de combinações superiores com base em evidências quantitativas, o que representa um avanço substancial em relação aos sistemas monoclonais convencionais. Do ponto de vista econômico, os resultados indicam o potencial de aumentar a produtividade sem um aumento proporcional no uso de insumos, elevando a eficiência de produção e reduzindo potencialmente os custos operacionais. Socialmente, a adoção dessa abordagem pode fortalecer o setor sucroenergético, contribuindo para a geração de renda e para a sustentabilidade dos sistemas agrícolas. A pesquisa possui forte relevância local, regional e nacional, dada a importância da cana-de-açúcar no Brasil, ao mesmo tempo em que se alinha a conceitos reconhecidos internacionalmente, o que sustenta sua aplicabilidade global. Em termos de sustentabilidade ambiental, o uso de sistemas multigenotípicos mais eficientes pode reduzir a necessidade de expansão da área agrícola e melhorar a eficiência no uso de recursos naturais. Adicionalmente, este trabalho contribui para o desenvolvimento do conhecimento científico e tecnológico, com aplicações potenciais em programas de melhoramento genético e sistemas de produção comercial, além de fomentar a formação técnica e acadêmica. De modo geral, a pesquisa aborda um tema estratégico com impacto multidimensional, integrando inovação, sustentabilidade e produtividade nos sistemas agrícolas modernos.

POTENTIAL IMPACT OF THIS RESEARCH

This study makes a significant scientific impact by advancing the understanding of genotypic interactions in sugarcane cropping systems, thereby contributing to the integration of ecological principles into agricultural production. From a technical and innovative perspective, the research proposes and applies a predictive model for selecting multigenotypic compositions, enabling the identification of superior combinations based on quantitative evidence—a substantial advancement over conventional monoclonal systems. Economically, the results indicate the potential to increase productivity without a proportional rise in input usage, thereby enhancing production efficiency and potentially lowering operating costs. Socially, adopting this approach could strengthen the sugar-energy sector, contributing to income generation and the sustainability of agricultural systems. The research holds strong local, regional, and national relevance—given the importance of sugarcane in Brazil—while also aligning with internationally recognized concepts, which supports its global applicability. Regarding environmental sustainability, the use of more efficient multigenotypic systems can reduce the need for agricultural land expansion and improve natural resource use efficiency. Additionally, this work contributes to the advancement of scientific and technological knowledge, with potential applications in genetic improvement programs and commercial production systems, while also fostering technical and academic training. Overall, the research addresses a strategic topic with a multidimensional impact, integrating innovation, sustainability, and productivity within modern agricultural systems.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: PREDIÇÃO, SELEÇÃO E VALIDAÇÃO DE COMPOSTOS MULTIGENOTÍPICOS EM CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE

AUTORA: PRISCILA SANTOS DIAS CASADO

ORIENTADOR: BRUNO ETTORE PAVAN

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Doutora em Agronomia, especialidade: Sistemas de Produção pela Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **BRUNO ETTORE PAVAN**
Data: 15/07/2026 17:51:54-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. BRUNO ETTORE PAVAN (Participação Presencial)

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-Economia / UNESP / Câmpus de Ilha Solteira - FEIS

Documento assinado digitalmente
 **GABRIEL MADOGGIO FAVARA**
Data: 15/07/2026 19:51:20-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. GABRIEL MADOGGIO FAVARA (Participação Presencial)

Departamento de Fitossanidade, Engenharia Rural e Solos / UNESP / Câmpus de Ilha Solteira - FEIS

Documento assinado digitalmente
 **DILERMANDO PERECIN**
Data: 16/07/2026 09:46:08-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN (Participação Virtual)

Departamento de Produção Vegetal / FCAV/UNESP Jaboticabal

Documento assinado digitalmente
 **FREDERICO LUIZ SIANSI**
Data: 18/07/2026 10:55:13-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Dr. FREDERICO LUIZ SIANSI (Participação Virtual)

Departamento de Desenvolvimento Agrônomo / Usina São Martinho, Unidade Pradópolis/SP

Documento assinado digitalmente
 **RODRIGO GAZAFFI**
Data: 18/07/2026 17:02:43-0300
Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

Prof. Dr. RODRIGO GAZAFFI (Participação Virtual)

Departamento de Biotecnologia e Produção Vegetal e Animal / Universidade Federal de São Carlos - UFSCar

Ilha Solteira, 14 de julho de 2026.

Dedicatória

À memória do meu pai.

Meu maior incentivador.

O homem que me ensinou que eu podia ir sempre além — mas sem jamais tirar os
pés do chão.

Foi ele quem plantou em mim a coragem de sonhar alto e, ao mesmo tempo, a
responsabilidade de construir cada passo com esforço, caráter e verdade.
Quando eu duvidei, foi a voz dele que ecoou dentro de mim dizendo que eu era
capaz.

Quando o caminho ficou difícil, foi o exemplo dele que me manteve firme.

Ele não está aqui para ver este dia, mas está em cada conquista que carrego.
Na disciplina que me sustentou.
Na força que me levantou.
Na humildade que me guia.

Pai, esta tese carrega meu nome, seu sobrenome e os seus
ensinamentos.
Se hoje estou aqui é porque um dia você acreditou antes mesmo que eu soubesse
que seria possível.

Com amor, honra e eterna gratidão.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, em primeiro lugar, ao Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan, pela orientação criteriosa, pela confiança depositada em meu trabalho e pelas contribuições científicas essenciais ao longo de toda esta trajetória. Sua condução foi determinante para a construção deste estudo e para o meu amadurecimento acadêmico.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), pela excelência acadêmica e pela infraestrutura disponibilizada, que tornaram possível a realização deste doutorado.

À Usina Vale do Paraná, pela cessão da área experimental para o plantio e pelo suporte na realização das análises laboratoriais, fundamentais para a viabilização e execução desta pesquisa.

Aos membros da banca examinadora, pela disponibilidade e pelas valiosas contribuições, que vão enriquecer e fortalecer este trabalho.

A todos os docentes, colegas e colaboradores que, direta ou indiretamente, contribuíram para o desenvolvimento desta pesquisa, seja pelo suporte técnico, pelas discussões construtivas ou pela convivência ao longo desta jornada.

A Deus, pela sustentação nos momentos de fragilidade, pela serenidade nas decisões e pela força silenciosa que me permitiu seguir, mesmo diante dos desafios.

À minha família, meu alicerce e minha maior fonte de força.

Ao meu marido, Rafael, que permanece ao meu lado em todos os momentos — que acredita quando eu hesito, sustenta meus sonhos nos dias difíceis e caminha comigo em cada uma das minhas “loucuras”. Sua presença constante foi essencial para que este percurso se tornasse possível.

À minha filha, Beatrice, que resignificou o meu olhar sobre a vida e me ensinou, diariamente, o verdadeiro sentido de amor, força e propósito. Foi por você — e com você — que encontrei razões para ir além, mesmo quando os limites pareciam intransponíveis.

À minha mãe, presença constante e apoio incondicional, cuja força, cuidado e amor sustentaram meus passos nos momentos mais desafiadores. Sua presença foi, e continua sendo, fundamental em cada conquista da minha vida.

E, de forma profundamente especial, ao meu pai, Carlos Alberto Casado (*in memoriam*).

A todos, minha mais sincera e profunda gratidão.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

“Na vida, nada deve ser temido, apenas compreendido.”
(Nothing in life is to be feared, it is only to be understood.)

— **Marie Curie**

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo avaliar, prever e validar o desempenho produtivo de sistemas multigenotípicos de cana-de-açúcar de maturação precoce, considerando o impacto das interações competitivas intergenotípicas sobre os componentes de produtividade e qualidade tecnológica. No primeiro capítulo, foram analisadas as diferenças entre as formas de autocompetição (monocultivo) e alocompetição (competição de multigenotípicos), além da dinâmica competitiva específica entre genótipos vizinhos ao longo de três safras. Foi constatado significância estatística para as interações competitivas, evidenciando que as variáveis toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH) são altamente sensíveis às combinações multigenotípicas, enquanto atributos tecnológicos, como açúcar total recuperável (ATR) e teor de fibra, não são influenciados pela competição. No segundo capítulo, foi aplicada uma abordagem preditiva, fundamentada na Patente BR102024020180-9, para estimar a produção de compostos multigenotípicos e selecionar combinações genotípicas superiores. Os resultados demonstraram que a produtividade não é determinada exclusivamente pelo potencial individual dos genótipos, mas pela complementaridade das interações estabelecidas, sendo identificadas as cinco melhores combinações ($\overline{CG2,3}$, $\overline{CG2,8}$, $\overline{CG3,8}$, $\overline{CG3,5}$ e $\overline{CG1,3}$) com incrementos médios preditos de 6,66% (TCH) e 7,72% (TAH) em relação ao monocultivo. No terceiro capítulo, foi efetuada a validação experimental das combinações genotípicas realizadas, confirmando a alta acurácia do modelo preditivo. Foi registrada uma Herdabilidade Realizada $H_{real\%}$ de 50,76% para TCH e 61,72% para TAH, em ganhos de seleção realizados $GS_r/GS_r\%$ de 5,26 t ha⁻¹ (4,23%) e 0,56 t ha⁻¹ (3,71%), respectivamente, com a correta classificação das combinações genotípicas de Alta Performance. Em conclusão, a utilização estratégica de sistemas multigenotípicos, aliada à predição e validação de interações genotípicas benéficas, representa uma abordagem inovadora e eficaz para maximizar o progresso genético e a estabilidade produtiva, com potencial aplicação imediata no manejo varietal do setor sucroenergético.

Palavras-chave: autocompetição e alocompetição; herdabilidade realizada; interações genotípicas; *Saccharum* spp.

ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate, predict, and validate the productive performance of early-cycle sugarcane multi-genotypic systems, considering the impact of intergenotypic competitive interactions on yield components and technological quality. In the first chapter, the differences between autocompetition (monoculture) and alocompetition (multi-genotypic competition) were analyzed, alongside the specific competitive dynamics between neighboring genotypes across three crop cycles. Statistical significance was detected for competitive interactions, demonstrating that the variables tons of cane per hectare (TCH) and tons of sugar per hectare (TAH) are highly sensitive to multi-genotypic combinations, whereas technological attributes, such as total recoverable sugar (TRS) and fiber content, are not influenced by competition. In the second chapter, a predictive approach, based on Patent BR102024020180-9, was applied to estimate the performance of specific combinations and select superior multi-genotypic compositions. The results demonstrated that yield is not solely determined by the individual potential of the genotypes, but rather by the complementarity of the established interactions, identifying the top five combinations ($\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG3,8}$, $\widehat{CG3,5}$ and $\widehat{CG1,3}$) with predicted mean increments of 6.66% for TCH and 7.72% for TAH compared to monoculture. In the third chapter, the experimental validation of the established genotypic combinations was performed, confirming the high accuracy of the predictive model. A Realized Heritability $H_{real\%}$ of 50.76% for TCH and 61.72% for TAH was recorded, resulting in realized selection gains $GS_r/GS_{r\%}$ of 5.26 t ha⁻¹ (4.23%) and 0.56 t ha⁻¹ (3.71%), respectively, with the correct classification of high-performance genotypic combinations. In conclusion, the strategic use of multi-genotypic systems, coupled with the prediction and validation of beneficial genotypic interactions, represents an innovative and effective approach to maximize genetic progress and yield stability, with immediate potential application for varietal management in the sugar-energy sector.

Keywords: autocompetition and alocompetition; Realized heritability; genotypic interactions; *Saccharum* spp.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Tipo de solo e ambiente de produção da área experimental, Suzanápolis – SP.....	30
Figura 2 – Precipitação pluviométrica e temperaturas máxima, média e mínima, registradas durante a condução do experimento na área experimental, em Suzanápolis, São Paulo, Brasil.....	31
Figura 3 – Esquema experimental para testes de competição entre genótipos de plantas, sem casualização e repetição. Fonte: Perecin <i>et al.</i> (1997).	32
Figura 4 – Tipo de solo e ambiente de produção da área experimental de validação, Suzanápolis – SP.	80

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Análises de variância conjunta e específica para variáveis de produtividade (TCH, TAH, ATR e Fibra) obtidos na avaliação de competição entre os genótipos de cana-de-açúcar na cana planta (2023), primeira soca (2024) e segunda soca (2025), em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.	36
Tabela 2 – Médias para produtividade para tonelada de cana por hectare (TCH, t ha ⁻¹), tonelada de açúcar por hectare (TAH, t ha ⁻¹), açúcar total recuperável (ATR, kg t ⁻¹) e Fibra (%) por hectare nos genótipos de cana-de-açúcar, na cana planta – primeira colheita (2023), cana primeira soca – segunda colheita (2024) e cana segunda soca – terceira colheita (2025), em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.	37
Tabela 3. Desdobramento das médias da produção tonelada de cana por hectare (TCH, t ha ⁻¹) dos genótipos de cana-de-açúcar (Coluna) sobre a influência de competição dos diferentes vizinhos (N) na cana planta, primeira soca e segunda soca, em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.	39
Tabela 4. Desdobramento das médias da produção de tonelada de açúcar por hectare (TAH, t ha ⁻¹) de genótipos de cana-de-açúcar (Coluna) sobre a influência de competição dos diferentes vizinhos (N) na cana planta, primeira soca e segunda soca em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.	42
Tabela 5 – Quadrados médios da análise de variância conjunta para toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH), considerando os efeitos de capacidade geral (CGC I e II) e específica (CEC) de combinação e suas interações com as colheitas.	62
Tabela 6 – Classificação das combinações genotípicas em porcentagem de diferença em relação a autocompetição para toneladas de cana por hectare (TCH) na média das três safras.	64
Tabela 7 – Classificação das combinações genotípicas em porcentagem de diferença em relação a autocompetição para toneladas de açúcar por hectare (TAH) na média das três safras.	66
Tabela 8 – Descrição dos 24 tratamentos utilizados para a validação da predição de sistemas multigenotípicos de cana-de-açúcar e suas respectivas classificações	

originais para Toneladas de Cana e de Açúcar por hectare (TCH e TAH) entre genótipos puros e compostos.	81
Tabela 9 – Resumo da análise de variância, parâmetros genéticos e estimativas de ganho de seleção para as variáveis Toneladas de colmos por colmos e açúcar por hectare (TCH e TAH) avaliadas em sistema de parcelas subdividida. Suzanápolis – SP.	86
Tabela 10. Médias de produtividade de colmos em toneladas de colmos por hectare (TCH, t ha ⁻¹) e média de produtividade de açúcar em toneladas de açúcar por hectare (TAH, t ha ⁻¹) 24 tratamentos de cana-de-açúcar avaliados em duas safras de colheita. Suzanápolis – SP.	88
Tabela 11 – Parâmetros genéticos e estimativas de ganho de seleção para TCH e TAH.	90

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO GERAL	16
1.1	OBJETIVOS	21
1.1.1	Objetivo geral.....	21
1.1.2	Objetivos específico	21
	REFERÊNCIAS	23
2.	CAPÍTULO 1. PLANTIOS MULTIGENOTÍPICOS FAVORECEM A PRODUTIVIDADE DE CANA DE AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE?	26
2.1	INTRODUÇÃO	28
2.2	MATERIAL E MÉTODOS	29
2.2.1	Localização e descrição da área experimental	29
2.2.2	Avaliações e análises estatísticas.....	32
2.3	RESULTADOS	34
2.4	DISCUSSÃO	42
2.5	CONCLUSÃO	48
	REFERÊNCIAS	50
3.	CAPÍTULO 2. APLICAÇÃO DO MÉTODO PARA PREDIÇÃO E SELEÇÃO DE COMPOSTOS MULTIGENOTÍPICOS EM CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE.....	54
3.1	INTRODUÇÃO	56
3.2	METODOLOGIA.....	57
3.2.1	Área experimental e delineamento	57
3.2.2	Análise estatística	57
3.3	RESULTADOS	61
3.4	DISCUSSÃO	66
3.5	CONCLUSÃO	72
	REFERÊNCIAS	73
4.	CAPÍTULO 3. VALIDAÇÃO DA PREDIÇÃO E SELEÇÃO DE COMPOSTOS MULTIGENOTÍPICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE.....	76
4.1	INTRODUÇÃO	78
4.2	MATERIAL E MÉTODOS	79
4.2.1	Localização e caracterização da área experimental.....	79

4.2.2	Tratamentos, critérios de escolha e delineamento experimental	80
4.2.3	Variáveis avaliadas	82
4.2.4	Análises estatísticas e parâmetros de eficiência seletiva	82
4.3	RESULTADOS	85
4.4	DISCUSSÃO	90
4.5	CONCLUSÃO	96
	REFERÊNCIAS	97

1. INTRODUÇÃO GERAL

A cana-de-açúcar, descrita por Linneu em 1753 como *Saccharum* spp., possui registros históricos que remontam a milênios, com indícios de cultivo que podem datar de 20.000 a.C. em escrituras hindus (D'Agostini *et al.*, [s.d.]). No Brasil, a cultura foi introduzida em 1502 por Martim Afonso de Souza, se consolidando como a primeira atividade agrícola do país devido à adaptação ao solo e ao clima tropical (D'Agostini *et al.*, [s.d.]).

Desde o período colonial, o Brasil se posicionou como grande produtor de cana-de-açúcar, que culminou na criação do Programa Nacional do Álcool (Proálcool) em 1975, que completou 50 anos em 2025 consolidando sua tecnologia no país em produção de biocombustíveis (EMBRAPA, 2025).

A cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) se estabelece como um dos pilares estratégicos da economia global, desempenhando papel central na segurança energética e na redução das emissões de gases de efeito estufa (Moore; Botha, 2014). O aquecimento global e o aumento da demanda de produção exigem abordagens integradas, como a agricultura de baixo carbono, que une estratégias agronômicas e ecológicas para aumentar a adaptabilidade das culturas (Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025).

No Brasil, a importância do setor sucroenergético é destacada pela produção de matéria-prima destinada ao suprimento das cadeias de açúcar e etanol, sendo as variáveis de Toneladas de Cana por Hectare (TCH) e Toneladas de Açúcar por Hectare (TAH) os principais indicadores de eficiência produtiva (Silva *et al.*, 2008).

O Brasil mantém a liderança global, apresentando na safra 2024/2025 uma produção de 679,68 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, resultando em 44 milhões de toneladas de açúcar e 37,3 bilhões de litros de etanol (UNICADATA, 2025). Além do açúcar e do etanol, a cadeia produtiva se modernizou com o aproveitamento de resíduos, como o bagaço para cogeração de 21 TWh de energia elétrica e a biodigestão da vinhaça para produção de biometano e fertilizantes, reforçando o compromisso com a sustentabilidade e a Indústria 4.0 (UNICADATA, 2025; EMBRAPA, 2025).

O sucesso do setor sucroenergético é baseado no manejo varietal monoclonal, na qual, são recomendados o cultivo de genótipos individuais em amplas extensões territoriais (Landell; Bressiani, 2008). Embora essa abordagem tenha facilitado a

sistematização do plantio e a padronização dos processos industriais, a homogeneidade genética em campo impõe limitações ao sistema produtivo. A vulnerabilidade a estresses ambientais é acentuada pela restrição hídrica e por temperaturas elevadas, que, ao ultrapassarem a faixa ótima de 25 a 35 °C, comprometem significativamente os processos fisiológicos e bioquímicos das plantas (Pérez-Clemente *et al.*, 2013; Siansi, 2024).

A recomendação varietal baseada exclusivamente no desempenho individual dos genótipos pode não refletir o real potencial produtivo em condições de campo (Landell; Bressiani, 2008). Isso ocorre porque, em ambiente comercial, as plantas estabelecem interações constantes com indivíduos vizinhos, demonstrando relações de competição ou complementaridade que influenciam a eficiência no uso de recursos (Donnelly *et al.*, 2016; Wu, 2019).

Ignorar os efeitos genotípicos indiretos sobre a influência do conjunto de genes de um indivíduo no fenótipo de seus vizinhos, pode levar a mudanças indesejáveis na média da população de melhoramento e atrasar o progresso genético (Ferreira *et al.*, 2024). O conhecimento sobre a competição intergenotípicas na cana-de-açúcar ainda é limitado, sendo o manejo tradicional monoclonal baseado na premissa de que o desempenho de um genótipo em estande puro é o único determinante de seu sucesso (Romão *et al.*, 2023).

A busca por estratégias que maximizem a produtividade de genótipos de maturação precoce se torna prioritária. Tais genótipos são essenciais para o planejamento agroindustrial, permitindo o início da safra com elevados teores de sacarose. Portanto, a transição de uma realidade do sistema monoclonal para sistemas que explorem a diversidade genética funcional surge como uma ruptura necessária para o avanço do melhoramento genético e da estabilidade produtiva da cultura. Contudo, sua performance está condicionada à compatibilidade competitiva entre os genótipos envolvidos (Pavan *et al.*, 2021). Wuest *et al.* (2023), descreve que parâmetros genéticos indicam que propriedades complexas de comunidades podem ter bases moleculares simples, por exemplo, em *Arabidopsis* sp., no qual a diversidade alélica ocorre em um único loco, ligado à fisiologia radicular e pH do solo é capaz de impulsionar o *overyielding*.

O melhoramento de plantas é a ciência fundamental para viabilizar esses avanços, estabelecendo hipóteses validadas pelo método científico. Como afirmam Borém, Miranda e Fritsche-Neto (2021), o sucesso de um programa de melhoramento

reside na integração entre o conhecimento genético, agrônomo e o estatístico; não havendo um único caminho para o sucesso o que abre espaço para abordagens inovadoras como a predição de compostos multigenotípicos e seleção de mixes de cultivares altamente produtivos.

A produtividade de um determinado genótipo é dinâmica e pode ser significativamente alterado pela presença de vizinhos geneticamente distintos (Donnelly *et al.*, 2016 e Wu, 2019). Essas interações entre os genótipos não são aleatórias, elas podem assumir caráter complementar, modulando a eficiência no uso de recursos ambientais como água, luz e nutrientes, o que reflete diretamente no crescimento vegetativo e no rendimento final do sistema (Donnelly *et al.*, 2016 e Wu, 2019). O aumento da variação genética intraespecífica em sistemas produtivos não apenas estabiliza a composição botânica ao longo do tempo, mas também reduz a intensidade da competição interespecífica, promovendo a estabilidade sistêmica especialmente sob condições de estresse (Wolff *et al.*, 2024).

O conceito que justifica a adoção de sistemas multigenotípicos é o *Overyielding*, descrevendo a situação em que uma mistura de genótipos apresenta desempenho superior à média de seus componentes quando cultivados em sistemas puros (Loreau; Hector, 2001; Tilman *et al.*, 2001). Tal ganho produtivo é frequentemente atribuído a dois mecanismos ecológicos principais: a complementaridade de ambiente e a facilitação. Enquanto a complementaridade ocorre quando diferentes genótipos utilizam os recursos de formas distintas, a facilitação ocorre quando a presença de um indivíduo altera o ambiente de maneira benéfica para o seu vizinho (Callaway, 1995; Hooper *et al.*, 2005).

A importância dessas interações depende fundamentalmente da compatibilidade genotípica e das complexas interações entre o genótipo e o ambiente (Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025; Cope; Newton, 2025). Conforme destacado classicamente por Donald (1963) e Harper (1977), a competição intragenotípica e intergenotípica é determinante nos sistemas produtivos (Blanc *et al.*, 2021; Wuest *et al.*, 2023), sendo atualmente modelada por meio de efeitos genotípicos indiretos, que descrevem como o conjunto completo de informações genéticas de um indivíduo influencia o fenótipo de seus vizinhos (Ferreira *et al.*, 2024).

Em sistemas agrícolas, nem todas as combinações resultam em sinergia; genótipos com alta competitividade, classificados como agressivos, podem suprimir vizinhos sensíveis, o que altera o ranqueamento dos materiais e pode resultar em

perdas de produtividade na composição botânica (Ferreira *et al.*, 2024; Blanc *et al.*, 2021).

Portanto, a diversidade por si só não é um critério suficiente para a modelagem de compostos eficientes, sendo necessária a aplicação de metodologias que equilibrem a capacidade competitiva e a complementaridade de nichos para evitar a supressão de genótipos menos agressivos (Blanc *et al.*, 2021; Wolff *et al.*, 2024).

A quantificação da competitividade e a identificação de genótipos com maior capacidade de cooperação constituem etapas fundamentais para o desenvolvimento de estratégias de manejo varietal baseadas em misturas de genótipos (Perecin *et al.*, 1997; Pavan *et al.*, 2021).

Além do aumento na produtividade, a diversidade genética em campo atua como um mecanismo de nivelamento, fundamentado na Teoria do Seguro Biológico. Segundo Hooper *et al.* (2005) e Tilman *et al.* (2006), sistemas geneticamente diversos tendem a ser mais estáveis frente a condições ambientais e estresses bióticos, pois a probabilidade de que ao menos um dos componentes da mistura seja resistente a uma determinada adversidade é maior.

Em culturas perenes como a cana-de-açúcar, essa característica é importante, uma vez que a estabilidade de produção ao longo das safras é um dos principais requisitos para a viabilidade econômica do canavial (Dias; Inman-Bamber, 2020).

O melhoramento genético tem descartado essas interações, tratando a competição como um erro experimental a ser minimizado em vez de um componente genético a ser explorado (Pavan *et al.*, 2012). A ideia de Fasoula e Fasoula (2010) reforça que a seleção baseada apenas no desempenho individual em condições de baixa competição é falha em identificar genótipos que expressam seu potencial máximo em sistemas de alta densidade e interação com outros genótipos.

Assim, a análise das interações genotípicas surge como um novo conceito para a seleção de compostos multigenotípicos superiores, visando superar as limitações do modelo monoclonal tradicional. Estudos com modelagem funcional-estrutural de plantas demonstram que dimensões foliares e capacidade de perfilhamento são as principais características do desempenho em misturas, superando a influência da altura da planta ou captação de luz (Blanc *et al.*, 2021).

Apesar dos resultados dos sistemas multigenotípicos, a transição para a escala comercial na cultura da cana-de-açúcar enfrenta um obstáculo metodológico significativo: a dificuldade de predição do desempenho de misturas benéficas (Romão

et al., 2023). O número de combinações possíveis entre genótipos cresce de forma quadrática além dos genótipos puros, tornando inviável a testagem empírica de todos os compostos em ensaios de campo convencionais. Historicamente, a recomendação baseada no comportamento individual dos genótipos tem se mostrado insuficiente, pois o fenótipo de um material em estande puro não é um preditor fidedigno de sua performance quando submetido à interação competitiva ou complementar com outros genótipos (Fasoula; Fasoula, 2010; Martins *et al.*, 2014; Kopp *et al.*, 2023).

Para superar essa limitação, se torna necessário o uso de abordagens quantitativas capazes de decompor e modelar os efeitos da competição entre os genótipos e suas respectivas interações. A literatura no melhoramento genético indica que a eficiência da seleção em condições de competição é diretamente influenciada pelo modelo estatístico empregado e pela capacidade de isolar os efeitos de vizinhança (Scarpinati *et al.*, 2009).

Ao ressignificar a competição de uma “fonte de erro” a um “componente genético explorável”, é possível identificar a capacidade geral de competição (CGC) e a capacidade específica de competição (CEC), permitindo selecionar genótipos com alta capacidade de produção e com sinergia funcional com seus vizinhos (Pavan *et al.*, 2012; Pavan *et al.*, 2021).

Modelos preditivos que consideram as interações intergenotípicas permitem classificar e selecionar compostos com elevado potencial agrônomo antes mesmo de sua instalação em larga escala (Martins *et al.*, 2014; Pavan *et al.*, 2019). A modelagem permite transformar a complexidade das interações biológicas em uma ferramenta de predição, identificando o conceito de *overyielding*, onde a mistura supera o melhor genótipo puro (Tilman *et al.*, 2001; Weiner, 2017).

Diante das interações biológicas, um modelo que permita a identificação de efeitos de vizinhança e capacidades de competição é fundamental para proceder com a seleção de compostos de cultivares promissores. Uma alternativa para viabilizar essa seleção é utilizar a metodologia fundamentada na Patente BR102024020180-9 (Pavan *et al.*, 2026), que propõe uma estrutura quantitativa para a predição e escolha de compostos multigenotípicos superiores. A posteriori, todas as predições precisam ser validadas experimentalmente, garantindo que as estimativas de estabilidade e produtividade sejam consistentes frente à variação ambiental (Allard; Bradshaw, 1964; Annicchiarico, 2002).

A integração entre genótipos, modelagem estrutural e melhoramento permite consolidar sistemas produtivos que não apenas maximizam o rendimento, mas asseguram a adaptabilidade agroecológica frente às incertezas climáticas (Blanc *et al.*, 2021; Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025; Wolff *et al.*, 2024). A integração entre a estatística e a validação em condições reais de cultivo permite consolidar sistemas produtivos mais eficientes e acurados, atribuindo um modelo genético explorável para a sustentabilidade e o aumento da eficiência do setor sucroenergético.

1.1 OBJETIVOS

1.1.1 Objetivo geral

O objetivo geral desta tese foi estabelecer uma metodologia de avaliação para a predição de compostos multigenotípicos e selecionar combinações de genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce, visando o incremento da produtividade e a estabilidade do sistema produtivo por meio da exploração da diversidade genética funcional.

1.1.2 Objetivos específico

Para alcançar o objetivo geral, a tese foi dividida nos seguintes objetivos específicos:

- a) Mensurar, ao longo de três safras produtivas, a influência da autocompetição e alocompetição e a competição intergenotípica específica nos diferentes genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce (Capítulo 1);
- b) Aplicar o “Método para predição e seleção de compostos multigenotípicos” em cana-de-açúcar maturação precoce (Capítulo 2);
- c) Verificar a consistência e confiabilidade dos resultados dos compostos previamente selecionados, avaliando sua resposta produtiva em condições reais de cultivo, contribuindo para a consolidação de sistemas de cultivo multigenotípicos baseados na Patente BR102024020180-9 (Capítulo 3).

Diante do exposto, a presente tese se fundamenta na hipótese de que a competição entre genótipos de cana-de-açúcar pode ser explorada como uma

ferramenta produtiva e estratégica, permitindo ganhos de produtividade superiores aos obtidos pela seleção varietal baseada no desempenho individual dos genótipos.

Para desenvolver o estudo, foi estruturado em três capítulos que percorrem desde a influência da competição intergenotípica até a validação da predição de compostos multigenotípicos.

No Capítulo 1, intitulado “Plantios multigenotípicos favorecem a produtividade de cana de açúcar de maturação precoce?”, foi quantificado a competitividade de oito genótipos precoces sob delineamento de parcelas subdivididas, visando identificar o potencial de incremento produtivo via alocompetição e competição específica ao longo das safras de colheita.

O Capítulo 2, intitulado “Aplicação do método para predição e seleção de compostos multigenotípicos em cana-de-açúcar de maturação precoce”, detalha o desenvolvimento de métodos quantitativos para a predição e seleção de compostos, utilizando a média das diferenças percentuais em relação à autocompetição para identificar as melhores combinações genotípicas.

No Capítulo 3, intitulado “Validação da predição e seleção de compostos multigenotípicos de maturação precoce em cana-de-açúcar”, os métodos preditivos foram submetidos ao rigor da validação experimental em campo. Por meio dos parâmetros de genética quantitativa — como estimativas de herdabilidade, correlação entre produção realizada e estimada, além da acurácia seletiva — validando a abordagem proposta.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding¹. **Crop Science**, [S.L.], v. 4, n. 5, p. 503-508, set. 1964. Wiley. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183x000400050021x>.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions**: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. Rome: FAO, 2002. 115 p. (FAO Plant Production and Protection Paper, 174).
- BLANC, E. *et al.* Functional–Structural Plant Modeling Highlights How Diversity in Leaf Dimensions and Tillering Capability Could Promote the Efficiency of Wheat Cultivar Mixtures. *Frontiers In Plant Science*, [S.L.], v. 12, p. 1-15, 29 set. 2021. **Frontiers Media SA**. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2021.734056>. Acesso em: 27 mar. 2026.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.
- KOPP, E. *et al.* Ecological principles to guide the development of crop variety mixtures. **Journal Of Plant Ecology**, Zurich, Switzerland, v. 16, n. 6, p. 1-15, 16 maio 2023. Oxford University Press (OUP). <http://dx.doi.org/10.1093/jpe/rtad017>.
- CALLAWAY, R. M. Positive interactions among plants. **The Botanical Review**, Missoula, v. 61, n. 4, p. 306-349, out. 1995. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/bf02912621>. Acesso em: 10 abr. 2026.
- COPE, J. E.; NEWTON, A. C. Performance of elite and heritage germplasm in barley genotype mixtures: effects on yield and disease under diverse management scenarios. **Agronomy for Sustainable Development**, [s. l.], v. 45, n. 52, ago. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13593-025-01049-8>.
- D'AGOSTINI, S. *et al.* A cana-de-açúcar permeando pelo centro de memória do instituto biológico. **Revista Páginas do Instituto Biológico**, São Paulo, [s.d.]. Disponível em: https://biologico.agricultura.sp.gov.br/uploads/docs/pag/v5_1/dagostini.html. Acesso em: 27 mar. 2026.
- DIAS, H. B.; INMAN-BAMBER, G. Sugarcane: Contribution of Process-Based Models for Understanding and Mitigating Impacts of Climate Variability and Change on Production. In: AHMED, M. (ed.). **Systems Modeling**. Singapore: Springer, 2020. p. [página inicial-final]. DOI: https://doi.org/10.1007/978-981-15-4728-7_8.
- DONNELLY, L. *et al.* Above-and below-ground biomass partitioning and fine root morphology in juvenile Sitka spruce clones in monoclonal and polyclonal mixtures. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 373, p. 17-25, 2016. DOI: 10.1016/j.foreco.2016.04.029.
- EMBRAPA – EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Ageitec**: cana-de-açúcar. Brasília, DF: Embrapa, 2025. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/cana-de-acucar>. Acesso em: 27 mar. 2026.

FASOULA, D. A.; FASOULA, V. A. Competitive ability and plant breeding. **Plant breeding reviews**, p. 89-138, 2010.

FERREIRA, F. M. *et al.* Competition effects can mislead selection in eucalypt breeding trials. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 561, 121892, 2024. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378112724002044>. Acesso em: 12 fev. 2026.

HOOVER, D. U. *et al.* Effects of biodiversity on ecosystem functioning: a consensus of current knowledge. **Ecological Monographs**, [S.L.], v. 75, n. 1, p. 3-35, fev. 2005. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1890/04-0922>. Acesso em: 27 mar. 2026.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. (ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. p. 101-155.

LOREAU, M.; HECTOR, A. Partitioning selection and complementarity in biodiversity experiments. **Nature**, [s. l.], v. 412, n. 6842, p. 72-76, 2001. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35083573>. Acesso em: 07 fev. 2026.

MARTINS, G. S. *et al.* Performance of Eucalyptus Clones in auto and allocompetition. **Silvae Genetica**, [s. l.], v. 63, n. 1-6, p. 9-14, 2014. DOI: 10.1515/sg-2014-0002.

MOORE, P. H.; BOTHA, F. C. **Sugarcane**: physiology, biochemistry and functional biology. [S. l.]: John Wiley & Sons, 2014. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=S0ROAgAAQBAJ>. Acesso em: 07 fev. 2026.

PAVAN, B. E. *et al.* Evaluation of competition effect in Eucalyptus progeny tests. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 22, n. 3, p. 433-443, 27 set. 2012. Universidade Federal de Santa Maria. <http://dx.doi.org/10.5902/198050986612>.

PAVAN, B. E. *et al.* Competitive ability among Eucalyptus spp. commercial clones in Mato Grosso do Sul state. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 494, p. 119297, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119297>.

PAVAN, B. E. *et al.* **Método para predição e seleção de compostos multigenotípicos para culturas agrícolas e florestais**. 7 abr. 2026. Disponível em: <https://busca.inpi.gov.br/pePl/servlet/ImagemDocumentoPdfController?CodDiretoria=200&NumeroID=b78341255e95f43eaf1bb8a20b18d66e7f4f5a220a4c2a123d874b3f356ef1b7&certificado=undefined&numeroProcesso=&ipasDoc=undefined&codPedido=1752590>. Acesso em: 15 mai. 2026.

PERECIN, D. *et al.* Um delineamento para avaliações de auto e alocompetição em plantas. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 15, p. 195-205, 1997.

PÉREZ-CLEMENTE, R. M. *et al.* Biotechnological approaches to study plant responses to stress. **BioMed Research International**, [s. l.], p. 1-10, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1155/2013/654120>.

PIETRUSIŃSKA-RADZIO, A. *et al.* The Role of Plant Genetic Resources and Grain Variety Mixtures in Building Sustainable Agriculture in the Context of Climate Change.

Sustainability, Blonie, Poland, v. 17, n. 21, p. 9737, 31 out. 2025. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/su17219737>.

ROMÃO, K. D. C. S. *et al.* Multi-site comparison of clonal arrangements for tropical and subtropical hybrids of Eucalyptus. **Industrial Crops and Products**, [s. l.], v. 197, p. 116536, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116536>.

SIANSI, F. L. **Emissão de CO₂ do solo e indicadores de produtividade e suas relações com características espectrais da cana-de-açúcar sob diferentes épocas de plantio**. 2024. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2024. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/8e28b4a5-8e07-4745-b615-be994d489b36/content>. Acesso em: 20 fev. 2026.

SCARPINATI, E. A. *et al.* Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de Eucalyptus spp. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 4, p. 769-776, ago. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622009000400020>.

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

SILVA, S. D. A. *et al.* Variedades de cana-de-açúcar recomendadas para o Rio Grande do Sul. In: SILVA, S. D. A. *et al.* (ed.). **Sistema de produção da cana-de-açúcar para o Rio Grande do Sul**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2016. p. 113-131. (Sistemas de Produção, 23).

TILMAN, D. *et al.* Diversity and productivity in a long-term grassland experiment. **Science**, [s. l.], v. 294, n. 5543, p. 843-845, 2001. Disponível em: <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.1060391>. Acesso em: 09 mar. 2026.

UNICADATA. **Observatório da Cana e Bioenergia**. 2025. Disponível em: <https://unicadata.com.br/>. Acesso em: 8 out. 2025.

WEINER, J. Applying plant ecological knowledge to increase agricultural productivity. **Journal of Ecology**, Frederiksberg, v. 105, n. 4, p. 865-870, 19 jun. 2017. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1111/1365-2745.12792>.

WOLFF, B. *et al.* Impact of intraspecific genetic variation on interspecific competition: a theoretical case study of forage binary mixtures. **Frontiers in Plant Science**, Lusignan, v. 15, p. 1-17, 30 set. 2024. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2024.1356506>.

WU, H. X. Benefits and risks of using clones in forestry – a review. **Scandinavian Journal of Forest Research**, [s. l.], v. 34, n. 5, p. 352–359, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1080/02827581.2018.1487579>.

WUEST, S. E. *et al.* Single-gene resolution of diversity-driven overyielding in plant genotype mixtures. **Nature Communications**, [S.L.], v. 14, n. 1, p. 1-11, 8 jun. 2023. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s41467-023-39130-z>.

2. CAPÍTULO 1. PLANTIOS MULTIGENOTÍPICOS FAVORECEM A PRODUTIVIDADE DE CANA DE AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE?

RESUMO

A busca por fontes de energia renováveis e sustentáveis tem impulsionado pesquisas na cultura da cana-de-açúcar, contribuindo para a redução das emissões de CO₂ e apoiando processos de descarbonização em setores como transporte e indústria. Nesse contexto, a diversificação de sistemas produtivos por meio de plantios multiclonais tem sido considerada uma estratégia promissora para aumentar a adaptabilidade, promover maior estabilidade agrônômica e favorecer elevados níveis de produtividade. Sob essa perspectiva, o presente estudo objetivou estimar a influência da competição multigenotípica em genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce na cana-planta e duas socas, visando verificar a possibilidade de plantios com combinações genotípicas que maximizem a produtividade e promovam a sustentabilidade de sistemas de cultivo. Para tanto foi avaliado a competitividade de oito genótipos precoces de *Saccharum* spp. em delineamento experimental de parcelas subdivididas, conduzido no município de Suzanápolis, região noroeste do estado de São Paulo, Brasil, com o objetivo de identificar combinações genotípicas promissoras para sistemas de plantio multigenotípicos. Foram analisadas as variáveis toneladas de cana por hectare (TCH), toneladas de açúcar por hectare (TAH), açúcar total recuperável (ATR) e teor de fibra em três safras. Os resultados evidenciaram elevada variabilidade genética entre os genótipos e demonstraram que a competição intergenotípica resultou em desempenho produtivo superior em relação à autocompetição. Em média, as combinações intergenotípicas apresentaram incrementos de 5,8 t ha⁻¹ em TCH e 0,52 t ha⁻¹ em TAH, indicando que interações positivas entre genótipos podem ser exploradas para aumentar a eficiência produtiva do sistema. Esses resultados reforçam o potencial das misturas clonais como estratégia para otimizar o uso de recursos e melhorar o desempenho agrônômico da cultura. Entretanto, considerando que a intensidade e os efeitos da competição podem variar entre as safras, ainda permanece o desafio de aprimorar a predição do desempenho de compostos multigenotípicos ao longo de diferentes safras de cultivo, fortalecendo a confiabilidade das recomendações e contribuindo para o desenvolvimento de sistemas produtivos seguros.

Palavras-chave: autocompetição; alocompetição; delineamento competitivo.

ABSTRACT

The search for renewable and sustainable energy sources has driven research in sugarcane cultivation, contributing to the reduction of CO₂ emissions and supporting decarbonization processes in sectors such as transportation and industry. In this context, the diversification of production systems through multiclonal planting has been considered a promising strategy to increase adaptability, promote greater agronomic stability, and favor high productivity levels. From this perspective, the present study aimed to estimate the influence of multigenotypic competition on early-maturing sugarcane genotypes in the plant cane and two ratoon crops, aiming to verify the possibility of plantings with genotypic combinations that maximize productivity and promote the sustainability of cultivation systems. For this purpose, the competitiveness of eight early *Saccharum* spp. genotypes was evaluated in a split-plot experimental design, conducted in the municipality of Suzanápolis, in the northwestern region of the state of São Paulo, Brazil, with the objective of identifying promising genotypic combinations for multigenotypic planting systems. The analyzed variables were tons of cane per hectare (TCH), tons of sugar per hectare (TSH), total recoverable sugar (TRS), and fiber content across three harvests. The results evidenced high genetic variability among the genotypes and demonstrated that intergenotypic competition resulted in superior productive performance compared to self-competition. On average, intergenotypic combinations showed increments of 5.8 t ha⁻¹ in TCH and 0.52 t ha⁻¹ in TSH, indicating that positive interactions between genotypes can be exploited to increase the productive efficiency of the system. These results reinforce the potential of clonal mixtures as a strategy to optimize resource use and improve the agronomic performance of the crop. However, considering that the intensity and effects of competition may vary between harvests, the challenge remains to improve the performance prediction of multigenotypic composites across different cultivation cycles, strengthening the reliability of recommendations and contributing to the development of secure production systems.

Keywords: self-competition; allocompetition; competition design.

2.1 INTRODUÇÃO

A biomassa da cana-de-açúcar representa uma opção promissora na transição energética global, correspondendo a 16,7% da matriz energética brasileira em 2025 (Empresa de Pesquisa Energética – EPE, 2025). Além disso, o país se destaca pela possibilidade de expandir a agricultura de energia sem competir com a produção de alimentos (Goldemberg et. al., 2008). O etanol de cana-de-açúcar é uma das alternativas mais eficazes para diminuir as emissões de gases de efeito estufa geradas pela queima de combustíveis fósseis (Goldemberg *et al.*, 2008), visto que libera menos dióxido de carbono em sua queima comparado à gasolina (Fumagali e Montenegro, 2024).

O etanol desempenha um papel fundamental na redução das emissões de carbono em diversos setores: na indústria química e petroquímica, como matéria-prima renovável; na aviação, como base para combustíveis sustentáveis (SAFs); e no transporte marítimo, como biocombustível avançado (Biobunker), substituindo combustíveis fósseis de alta emissão de CO₂ (Bastos, 2007; Aguiar *et al.*, 2023). A substituição de combustíveis fósseis e a implementação de ações efetivas para uma transição energética justa estiveram no centro da pauta da 30ª Conferência das Nações Unidas sobre Mudança do Clima (COP 30), realizada em Belém-PA, em novembro de 2025, por viabilizar a contribuição efetiva para o atingimento das metas de descarbonização do Brasil.

Além de mitigar os efeitos das emissões de CO₂, que visam reduzir as mudanças climáticas, é fundamental considerar as alterações que podem impactar a produção de culturas agrícolas, uma vez que a vulnerabilidade das monoculturas e os riscos associados às mudanças climáticas ressaltam a necessidade de diversificação nas práticas agrícolas para garantir a sustentabilidade. Nesse contexto, Pavan *et al.* (2021) sugerem misturar genótipos no mesmo talhão para reduzir esses riscos. Essa diversificação otimiza o uso de recursos e aumenta a competitividade das plantas (Donnelly *et al.*, 2016).

Por meio de sistemas de cultivo geneticamente diversificados, é possível alcançar um equilíbrio entre alta produtividade e a minimização de riscos (Wu, 2019). No entanto, a necessidade de reduzir riscos e aumentar a segurança do cultivo exige uma revisão dos métodos tradicionais de plantio; nesse sentido, para implementar plantios multiclonais, é essencial realizar ensaios que simulem talhões comerciais, a

fim de identificar as combinações mais eficazes (Romão *et al.*, 2023). De acordo com Romão (2023), os plantios multiclonais, devido à sua maior variabilidade genética, não apenas aumentam o rendimento, como também oferecem maior resiliência ao proteger os cultivos contra os fatores abióticos e bióticos, em contraste, plantios monoclonais tendem a ser mais suscetíveis a esses desafios.

Para atender às novas demandas do mercado, as estratégias de melhoramento da cana-de-açúcar são frequentemente revisadas com o objetivo de aprimorar características agronômicas. Essa revisão contínua não apenas gera maior demanda, mas também requer a reavaliação dos paradigmas de pesquisa (Morini *et al.*, 2017; Oliveira *et al.*, 2021). Dentro desta perspectiva de ruptura com os modelos tradicionais, a implementação de plantios multiclonais torna-se fundamental, uma vez que a criação de combinações vantajosas é essencial para alcançar maiores ganhos de produtividade.

Além disso, a quantificação da influência da competitividade entre genótipos é crucial para o desenvolvimento de estratégias de manejo eficazes. Para viabilizar essa abordagem, Pavan *et al.* (2021) propuseram modelos de análise de variância que permitem decompor a variância fenotípica, possibilitando a estimação precisa dos efeitos genotípicos e das interações genotípicas com a competição. Essa análise permite identificar genótipos com influência competitiva e combinações genotípicas que maximizam a produtividade, transformando a competição em um componente genético explorável.

Indagando sobre o estudo de competição multigenotípica, objetivou estimar a influência da competição multigenotípica em genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce na cana planta e duas socas, visando verificar a possibilidade de plantios com combinações genotípicas que maximizem a produtividade e promovam a sustentabilidade de sistemas de cultivo.

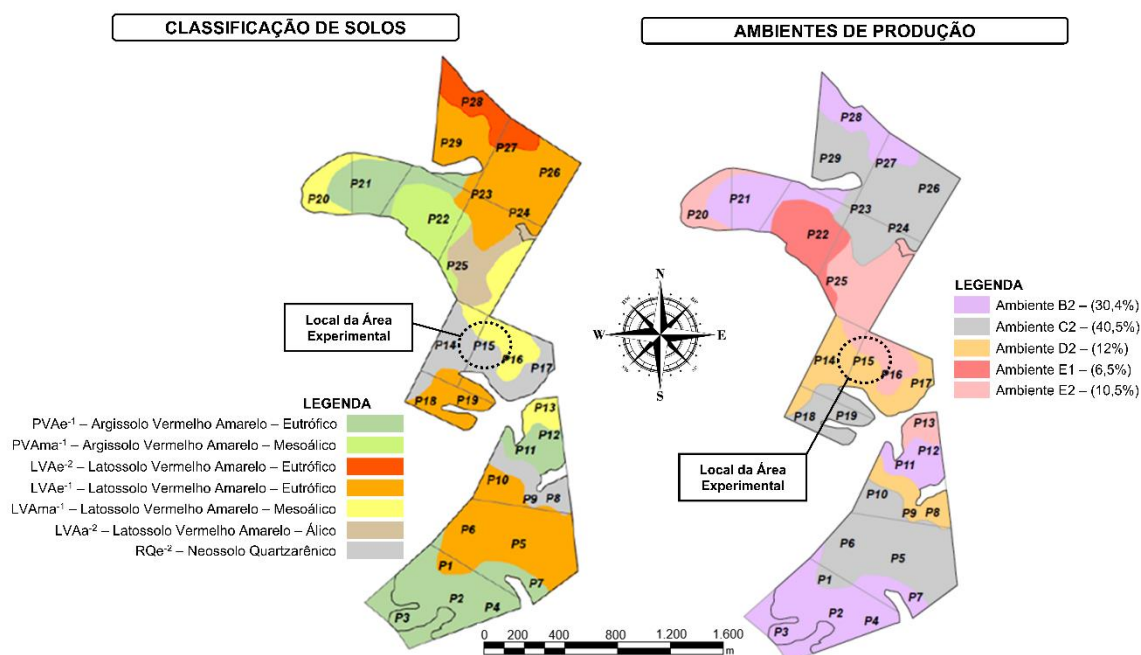
2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 Localização e descrição da área experimental

O experimento foi implantado em maio de 2022, em uma área localizada no município de Suzanápolis, no noroeste do estado de São Paulo – Brasil. A área é situada na seguinte coordenada geográfica: latitude -20° 41' 40,59'', longitude -50° 99'

20,43", com altitude de 408 metros acima do nível do mar, sendo anteriormente cultivada com pastagem. O solo da área agrícola (Figura 1) é um Neossolo Quartzarênico típico de textura arenosa (7 a 15% de argila) – (RQe-2) com ambiente D2 (12%), de acordo com a metodologia de Raij *et al.* (2001).

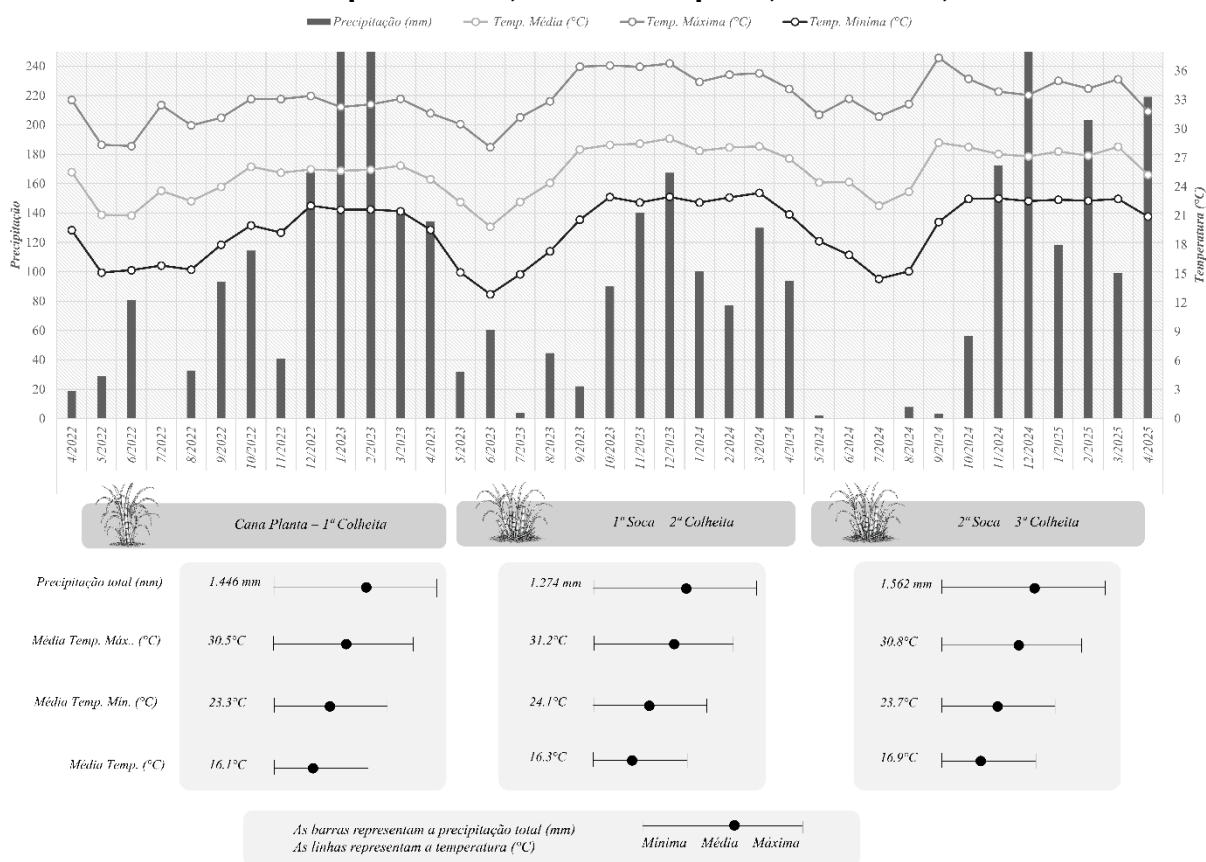
Figura 1 – Tipo de solo e ambiente de produção da área experimental, Suzanópolis – SP.



Fonte: Elaborada pela autora.

O clima da região é classificado como Aw, segundo a escala de Köppen (1936), e conforme a adaptação proposta por Peel *et al.* (2007). Esse tipo climático é caracterizado como tropical úmido, apresentando uma estação chuvosa no verão e um período seco durante o inverno, a pluviosidade e temperaturas ocorridas durante o curso do experimento estão apresentados na Figura 2.

Figura 2 – Precipitação pluviométrica e temperaturas máxima, média e mínima, registradas durante a condução do experimento na área experimental, em Suzanápolis, São Paulo, Brasil.



Fonte: Elaborada pela autora.

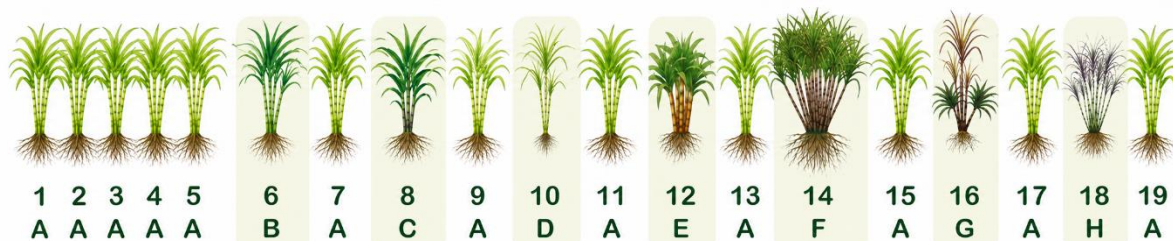
O experimento foi estabelecido de acordo com o esquema experimental de competição de Perecin *et al.* (1997) que está baseado no delineamento de parcelas subdivididas, permitindo a avaliação do desempenho de diferentes genótipos e os efeitos na influência da capacidade de competição, intragenotípica e intergenotípica.

Considerando a competição entre oito genótipos (A, B, C, D, E, F, G e H), o número de linhas (*NR*) é calculado por parcela com a seguinte equação $NR = \{[(n - 1) \times 2] + 5\}$; onde *n* se refere ao número de genótipos, representados na Figura 3.

As sete fileiras de genótipo “A”: 5, 7, 9, 11, 13, 15 e 17 são consideradas como vizinhos (onde se mensura a produção sobre alo competição geral), as três linhas dos genótipos “A”: 2, 3 e 4, das quais são analisados os efeitos da competição intragenotípica (onde se mensura a característica sob auto competição) e as linhas dos demais genótipos 6, 8, 10, 12, 14, 16 e 18 se referem à capacidade de produção dos demais genótipos quando estão sujeitos a competição intergenotípica (onde se

mensura o efeito a alocompetição específica). Nesse caso, as linhas 1 e 19 de cada parcela devem ser consideradas bordaduras.

Figura 3 – Esquema experimental para testes de competição entre genótipos de plantas, sem casualização e repetição. Fonte: Perecin *et al.* (1997).



Fonte: Elaborada pela autora.

O experimento possui oito tratamentos de genótipos com época de maturação precoce de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), provenientes de diferentes programas de melhoramento genético especializados no desenvolvimento de genótipos para o setor sucroenergético, contendo três repetições por tratamento, onde cada linha constou de cinco metros lineares. O espaçamento utilizado entre as linhas foi de 1,5 metros, na qual cada genótipo tem 95 metros lineares plantados, totalizando a área experimental de 0,4 hectares (ha).

2.2.2 Avaliações e análises estatísticas

As variáveis analisadas constaram do índice de tonelada de cana por hectare (TCH), obtido por meio da expressão: $TCH = \{[N_p \times M_p \times (10000/Esp)] / 1000\}$, sendo que N_p é o número de perfilhos por metro; M_p é a massa do perfilho e Esp é o espaçamento entre as linhas de plantio. Para a tonelada de açúcar por hectare (TAH), o indicador representa a quantidade de açúcar, em toneladas, que pode ser calculada através da expressão: $TAH = (ATR/1000) * TCH$, sendo TCH é as toneladas de cana por hectare; ATR é o açúcar total recuperável. Para a variável açúcar total recuperável (ATR) refere-se a soma total de açúcares, na qual é aproveitado no processo industrial para a produção de álcool e açúcar, a Fibra da cana-de-açúcar foi incluída na análise como uma variável de interesse, dada sua importância estrutural e fisiológica para a planta, esses cálculos dos teores de ATR e Fibra seguiu a metodologia descrita por Fernandes (2003).

De posse do conjunto de dados, realizou a organização e obtenção de médias de subparcelas em auto e alocompetição. A partir dos dados já organizados se efetuou as análises estatísticas utilizando as abordagens descritas por Perecin *et al.* (1997) para avaliação da influência da competição geral nos genótipos (Abordagem 1 – AB1) e específica entre os genótipos (Abordagem 2 – AB2). AB1 remete a avaliação do comportamento de um determinado genótipo sofrendo dois efeitos competicionais distintos, sendo o primeiro a autocompetição e, o segundo, a alocompetição; já na AB2 remete a avaliação do comportamento de um determinado genótipo sofrendo a competição de outro genótipo específico. No presente experimento, informações sobre a influência da capacidade de competição foram obtidas a partir da média de três linhas, enquanto a competição intergenotípica foi avaliada com base na média de 11 linhas, considerando o seguinte modelo estatístico fixo para ambas as abordagens:

$$y_{ijzk} = \mu + b_j + v_i + h_z + v_i h_z + e_{izj} + c_k + v_i c_k + c_k h_z + v_i h_z c_k + e_{ijzk}$$

Onde:

y_{ijzk} é o fenótipo observado do *i*-ésimo vizinho (parcela) no *j*-ésimo bloco na *z*-ésima colheita do *k*-ésimo tipo de competição (subparcela);

μ é a média geral do experimento;

b_j é o efeito do *j*-ésimo bloco;

v_i é o efeito do *i*-ésimo vizinho;

h_z é o efeito na *z*-ésima colheita;

$v_i h_z$ é o efeito da interação do *i*-ésimo vizinho com a *z*-ésima da colheita;

e_{izj} é o efeito erro 'a' (σ_{ea}^2), c_k é o efeito do *k*-ésimo tipo competitivo na AB1 (intra ou inter genotípica) e efeito do genótipo na AB2;

$v_i c_k$ é o efeito da interação do *i*-ésimo vizinho com o tipo competição na AB1 e com o genótipo na AB2;

$c_k h_z$ é o efeito da interação do *k*-ésimo tipo competitivo na AB1 e com o genótipo na AB2;

$v_i h_z c_k$ é o efeito da interação do *i*-ésimo vizinho com a *z*-ésima colheita e com *k*-ésimo tipo competitivo na AB1 (intra ou inter genotípica) e do genótipo na AB2;

e_{ijzk} é o erro experimental associado à observação do *i*-ésimo vizinho (parcela) no *j*-ésimo bloco da *k*-ésima subparcela do erro b (σ_{eb}^2).

Para verificar a significância dos componentes quadráticos v_i , h_z e $v_i h_z$ foi aplicado teste F adotando o σ_{ea}^2 , para os demais componentes foram testados com o σ_{eb}^2 , quando significativa as interações procederam-se com desdobramentos das médias para comparações. As médias de vizinhos, colheitas, competição ou genótipos assim como seus desdobramentos das interações, foram analisadas estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade. Para a Abordagem 1 (AB1) foram submetidas ao teste de Student-Newman-Keuls (SNK) para a comparação em pares utilizando o software SAS (SAS Institute, 2009); para a Abordagem 2 (AB2) foram submetidas ao teste de Scott-Knott para o agrupamento de médias utilizando o software GENES (Cruz, 2013).

2.3 RESULTADOS

A análise de variância AB1 mostrou efeitos significativos ($p < 0,001$) para a fonte de variação vizinhos (V) nas variáveis TCH e TAH, evidenciando diferenças no potencial produtivo entre os genótipos (Tabela 2). Para a fonte de variação colheita (H) foram observados efeitos significativos ($p < 0,05$) para todas as variáveis analisadas, indicando que o desempenho agrônomo é influenciado pelas condições específicas de cada safra. A interação V x H apresentou efeito significativo para TCH ($p < 0,001$) e TAH ($p < 0,05$), demonstrando que os resultados dos genótipos variaram ao longo das safras, o que indicou que o desempenho dos genótipos é dependente do ambiente temporal.

A fonte de variação Comp.1 (C) foi significativa para TCH ($p < 0,001$) e TAH ($p < 0,01$), evidenciando que os modos de competição influenciaram diretamente o desempenho produtivo. Por outro lado, as interações V x C e H x C não apresentaram efeitos significativos para as variáveis avaliadas, o que indicou que o tipo de competição é independente do ambiente temporal e dos genótipos (Tabela 2).

Os coeficientes de variação ambiental (CV_a) variaram de 5,67% a 8,53% para TCH, TAH, ATR e Fibra, indicando nível moderado de influência ambiental e boa precisão experimental. Os coeficientes de variação genética (CV_g) apresentaram valores entre 7,28% e 8,53% para TCH e TAH, evidenciando variabilidade genética relevante e potencial para diferenciação de genótipos quanto ao desempenho produtivo. Por outro lado, para ATR e Fibra, os valores de CV_g foram baixos (Tabela 2), sugerindo menor contribuição genética para a variação fenotípica dessas

características, possivelmente devido a maior estabilidade ou maior influência ambiental relativa.

A abordagem 2 (AB2) permite uma avaliação mais detalhada das interações competitivas entre genótipos (Tabela 2). Para a fonte de variação vizinhos (V) foram observados efeitos significativos ($p < 0,01$) para TCH e TAH, evidenciando que o impacto de um genótipo sobre o desempenho dos demais varia conforme o competidor, caracterizando diferenças na competição intergenotípica.

Para a fonte de variação colheita (H), todas as variáveis analisadas apresentaram efeitos significativos ($p < 0,001$), reforçando que, como esperado para a cana-de-açúcar, as condições de cada safra influenciaram diretamente as características avaliadas ao longo do ciclo da cultura. De forma consistente, a interação V x H foi significativa para TCH e TAH ($p < 0,001$) e para ATR ($p < 0,01$), demonstrando que os efeitos competitivos entre genótipos não são constantes ao longo do tempo. A fonte de variação cult.² (C) apresentou efeito significativo para TCH, TAH e ATR ($p < 0,001$ e $p < 0,01$), indicando variabilidade entre genótipos quanto à sua capacidade de sofrer a competição. As interações V x C foram significativas para TCH e TAH ($p < 0,001$), reforçando que os efeitos competitivos são específicos para cada combinação genotípica. Adicionalmente, a interação H x C foi significativa para TCH, TAH e ATR ($p < 0,001$), evidenciando que o desempenho dos genótipos sob competição varia entre as safras. Por fim, a interação tripla V x C x H apresentou significância para TCH e TAH ($p < 0,001$), indicando interações entre genótipos e a alta dependência dessas relações em função do ambiente (Tabela 2).

Na abordagem 2 (AB2), o coeficiente de variação ambiental entre parcelas (CV_a) foi de 9,51% para TCH, 11,98% para TAH; 9,06% para ATR e 11,85% para Fibra, refletindo maior sensibilidade dessa abordagem às variações ambientais e, principalmente, às interações entre genótipos. Esse comportamento está associado à estrutura analítica da AB2, que incorpora o desdobramento dos efeitos competitivos, obtendo de forma mais detalhada a variabilidade decorrente das interações intergenotípicas. Por sua vez, os valores de coeficiente de variação genético (CV_g) para TCH (2,09%), TAH (2,02%) e Fibra (0,45%) indicaram uma redistribuição da variabilidade genética entre os componentes de interação, característica esperada em modelos que decompõem os efeitos genotípicos em níveis mais específicos. Ainda assim, as variáveis TCH e TAH mantiveram maior capacidade de diferenciação entre

genótipos, evidenciando sua maior suscetibilidade às interações competitivas, em contraste com ATR e Fibra.

Tabela 1 – Análises de variância conjunta e específica para variáveis de produtividade (TCH, TAH, ATR e Fibra) obtidos na avaliação de competição entre os genótipos de cana-de-açúcar na cana planta (2023), primeira soca (2024) e segunda soca (2025), em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.

FV	Quadrados médios - Abordagem 1					Quadrados médios - Abordagem 2				
	GL	TCH	TAH	ATR	Fibra	GL	TCH	TAH	ATR	Fibra
Vizinhos (V)	7	613,47***	13,82***	58,58 ^{ns}	1,11 ^{ns}	7	553,8***	12,48***	287,2 ^{ns}	2,08 ^{ns}
Colheita (H)	2	72700***	839,18***	3103***	2,47*	2	287919***	3413,87***	10435***	22,97***
VxH	14	318,16*	8,37***	78,64 ^{ns}	0,87 ^{ns}	14	489***	8,35***	181,4**	1,55 ^{ns}
Erro a	46	135,3	2,31	54,51	0,64	46	133,05	3,47	138,2	2,33
Comp. ¹ /Cult. ² (C)	1	1195,3***	9,88**	79,43 ^{ns}	0,05 ^{ns}	7	531,73***	9,30***	245,6**	1,46 ^{ns}
VxC	7	111,63 ^{ns}	2,06 ^{ns}	15,92 ^{ns}	0,49 ^{ns}	49	320,67***	6,18***	82,1 ^{ns}	1,48 ^{ns}
HxC	2	91,37 ^{ns}	8,37 ^{ns}	9,60 ^{ns}	0,29 ^{ns}	14	684,5***	14,73***	271,1***	1,19 ^{ns}
VxHxC	14	41,81 ^{ns}	0,73 ^{ns}	21,76 ^{ns}	0,15 ^{ns}	98	44,90***	9,32***	86,3 ^{ns}	1,39 ^{ns}
Erro b	48	61,35	1,20	32,19	0,29	336	69,65	2,19	79,33 ^{ns}	1,22
CV _a (%)		9,49	9,64	5,67	6,26		9,51	11,98	9,06	11,85
CV _b (%)		6,38	6,95	4,35	4,18		6,88	9,52	6,86	8,56
CV _g (%)		7,28	8,53	0,63	2,19		2,09	2,02	1,17	0,45
CV _c (%)		5,60	3,81	1,07	0,00		1,99	2,28	1,11	0,00
Médias		122,63	15,77	130,2	12,78		121,26	15,55	129,74	12,88

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: ***significativo a 0,001; **significativo a 0,01; *significativo a 0,05 pelo teste F; ¹competição (abordagem 1); ²cultivar (abordagem 2); GL: Grau de liberdade; CV_a %: coeficiente de variação ambiental entre parcelas; CV_b %: coeficiente de variação ambiental entre subparcelas; CV_g %: coeficiente de variação genético; CV_c %: coeficiente de variação da competição.

Com base na análise de médias foi observado que as variáveis TCH e TAH apresentaram maior desempenho sob competição intergenotípica, com acréscimos médios de 5,76 t ha⁻¹ (%) e 0,52 t ha⁻¹ (%), respectivamente, em comparação à condição intragenotípica (Tabela 3). Por outro lado, não foram observadas diferenças significativas para ATR e Fibra, cujas variações foram mínimas, com incremento de 1,49 kg t⁻¹ para ATR e redução de 0,04% para Fibra. Assim, os efeitos da competição entre genótipos são dependentes da variável avaliada, sendo mais expressivos para variáveis diretamente associadas à produtividade.

Entre os genótipos avaliados, o G5 se destacou, apresentando os maiores valores médios para TCH (133,83 t ha⁻¹) e TAH (17,51 t ha⁻¹), diferindo estatisticamente dos demais grupos (Tabela 3). Para ATR e Fibra, embora não tenham sido observadas diferenças significativas entre os genótipos, o G5 apresentou valor elevado para ATR (132,84 kg t⁻¹), se posicionando entre os de melhor desempenho para esse atributo, enquanto apresentou desempenho intermediário para Fibra (12,73%). Em contraste, o G2 apresentou os menores valores médios para TCH, TAH

e ATR, com reduções de aproximadamente 16%, 13% e 1%, respectivamente, em relação ao G5, enquanto o teor de Fibra foi ligeiramente superior (+ 0,39%).

Tabela 2 – Médias para produtividade para tonelada de cana por hectare (TCH, t ha⁻¹), tonelada de açúcar por hectare (TAH, t ha⁻¹), açúcar total recuperável (ATR, kg t⁻¹) e Fibra (%) por hectare nos genótipos de cana-de-açúcar, na cana planta – primeira colheita (2023), cana primeira soca – segunda colheita (2024) e cana segunda soca – terceira colheita (2025), em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.

Genótipos	Análise Média - Abordagem 1							
	TCH		TAH		ATR		Fibra	
1	122,50	BC	15,49	BC	128,58	A	12,69	AB
2	115,70	C	15,04	C	130,95	A	12,78	AB
3	122,45	BC	15,33	BC	127,62	A	12,80	AB
4	121,39	BC	15,56	BC	128,95	A	12,88	AB
5	133,83	A	17,51	A	132,84	A	12,73	AB
6	127,98	A	16,58	AB	131,36	A	13,04	A
7	119,67	BC	15,63	BC	131,79	A	12,27	B
8	117,52	C	15,01	C	129,47	A	13,08	A
Intra	119,75	B	15,51	B	129,45	A	12,80	A
Inter	125,51	A	16,03	A	130,94	A	12,76	A

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: As médias seguidas pelas mesmas letras nas colunas pertencem ao mesmo grupo com base no teste de Student-Newman-Keuls (SNK) a 5% de probabilidade.

A partir da análise de médias foi realizado o desdobramento das médias para as variáveis TCH e TAH, detalhando os efeitos das interações competitivas entre combinações específicas de genótipos (Tabela 4). Para a colheita da cana-planta (2023), na variável TCH, foram identificadas combinações genotípicas com desempenho superior, evidenciando efeitos positivos da competição intergenotípica, independentemente da posição de vizinhança. As combinações que apresentaram os maiores valores de produtividade foram: $\widehat{CG4,5}$ (198 t ha⁻¹), $\widehat{CG6,5}$ (180 t ha⁻¹) e $\widehat{CG4,6}$ (187 t ha⁻¹). Adicionalmente, G5 e G6 também apresentaram elevado desempenho em condição de autocompetição, com médias de 177 t ha⁻¹ e 182 t ha⁻¹, respectivamente, demonstrando alto potencial produtivo individual associado à capacidade de resposta positiva em combinações intergenotípicas. Em particular, o G5 apresentou desempenho consistente em diferentes combinações, contribuindo para o incremento de produtividade independentemente da composição. Por outro lado, foram observadas combinações com efeitos negativos sobre a produtividade, evidenciando que nem todas as interações entre genótipos resultam em ganhos produtivos. As combinações, $\widehat{CG8,1}$, $\widehat{CG8,4}$, $\widehat{CG2,7}$, $\widehat{CG3,4}$, $\widehat{CG4,3}$ a apresentaram redução na produtividade, com valores variando entre 133 e 140 t ha⁻¹. Em alguns casos, como

nas interações envolvendo o $\widehat{CG6,2}$, $\widehat{CG6,7}$, também foram observadas reduções expressivas, com médias de 114 t ha⁻¹ e 134 t ha⁻¹, respectivamente.

Para a colheita da primeira soca (2024), na variável TCH, foram identificadas combinações genotípicas com elevado desempenho sob competição intergenotípica, se destacando $\widehat{CG3,6}$ (165 t ha⁻¹), $\widehat{CG8,4}$ (157 t ha⁻¹), $\widehat{CG4,7}$ (151 t ha⁻¹), $\widehat{CG5,3}$ (145 t ha⁻¹) (Tabela 4). Esses resultados evidenciaram que determinadas combinações mantêm ou ampliam o desempenho produtivo sob competição, reforçando o potencial para explorar efeitos positivos em sistemas multigenotípicos.

Em condição de autocompetição, o *G5* apresentou desempenho superior pela segunda safra consecutiva, com média de 146 t ha⁻¹, confirmando sua estabilidade produtiva. No entanto, assim como observado na cana-planta, seu desempenho pode ser ampliado quando associado a combinações específicas, indicando elevada responsividade às combinações intergenotípicas.

Um aspecto relevante observado em 2024 foi a alteração no padrão de resposta de determinados genótipos em relação à safra anterior. O *G6*, que apresentou redução de produtividade em combinação com *G2* na cana-planta, exibiu incremento produtivo nesta safra (142 t ha⁻¹), enquanto apresentou desempenho inferior em combinação com *G1* (112 t ha⁻¹). Essa inversão de comportamento sugeriu forte influência das condições ambientais sobre as interações competitivas.

Tabela 3. Desdobramento das médias da produção tonelada de cana por hectare (TCH, t ha⁻¹) dos genótipos de cana-de-açúcar (Coluna) sobre a influência de competição dos diferentes vizinhos (N) na cana planta, primeira soca e segunda soca, em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.

Genótipos	Desdobramento para TCH - (2023)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N1	164 Aa	157 Aa	182 Aa	153 Ba	174 Aa	155 Ba	164 Aa	133 Ba
N2	143 Ba	145 Ba	151 Ba	146 Ba	169 Aa	164 Aa	158 Aa	163 Aa
N3	159 Aa	146 Ba	154 Ba	140 Ba	160 Aa	161 Aa	159 Aa	147 Ba
N4	137 Ba	145 Ba	140 Ba	167 Aa	157 Aa	163 Aa	166 Aa	140 Ba
N5	153 Ba	146 Ba	168 Aa	198 Aa	177 Aa	180 Aa	144 Ba	162 Aa
N6	156 Ba	114 Ba	153 Ba	187 Aa	143 Ba	182 Aa	134 B	149 Ba
N7	153 Ba	140 Ba	148 Ba	163 Aa	170 Aa	149 Ba	159 Aa	157 Aa
N8	144 Ba	141 Ba	179 Aa	138 Ba	161 Aa	174 Aa	155 Ba	157 Aa
Genótipos	Desdobramento para TCH - (2024)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N1	136 Aa	127 Aa	121 Ab	135 Aa	123 Ab	128 Aa	114 Ab	112 Aa
N2	99 Ab	120 Aa	140 Aa	121 Aa	120 Ab	129 Aa	130 Aa	122 Ab
N3	131 Aa	136 Aa	130 Aa	117 Aa	145 Aa	124 Aa	154 Aa	132 Aa
N4	136 Aa	109 Aa	123 Aa	110 Ab	127 Aa	135 Aa	134 Aa	157 Aa
N5	144 Aa	127 Aa	142 Aa	137 Ab	146 Aa	134 Ab	127 Aa	144 Aa
N6	112 Ab	142 Aa	165 Aa	134 Ab	128 Aa	123 Ab	133 Aa	138 Aa
N7	109 Ab	119 Aa	130 Aa	151 Aa	136 Aa	126 Aa	138 Aa	126 Aa
N8	135 Aa	137 Aa	116 Ab	131 Aa	121 Ab	118 Ab	120 Aa	130 Aa
Genótipos	Desdobramento para TCH - (2025)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N1	91 Aa	74 Bb	84 Ab	89 Aa	80 Ab	70 Cb	81 Ab	101 Aa
N2	91 Aa	71 Ba	83 Aa	71 Ba	75 Aa	80 Ba	83 Aa	81 Ba
N3	79 Bb	83 Ab	71 Bb	85 Ab	86 Ab	99 Aa	83 Ab	77 Bb
N4	76 Bb	85 Aa	80 Aa	74 Bb	81 Aa	64 Cb	90 Aa	76 Bb
N5	70 Bb	91 Aa	77 Aa	79 Aa	67 Bb	62 Cb	84 Aa	88 Aa
N6	89 Aa	82 Aa	58 Bb	67 Bb	80 Aa	77 Ba	76 Aa	77 Ba
N7	88 Aa	71 Bb	73 Bb	81 Aa	84 Aa	78 Ba	84 Aa	62 Bb
N8	60 Cb	92 Aa	82 Aa	73 Bb	78 Ab	75 Ab	90 Aa	70 Bb

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: Os genótipos com a mesmas letras maiúsculas e os vizinhos com as mesmas letras minúsculas pertencem ao mesmo grupo com base no teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

Por outro lado, algumas combinações apresentaram desempenho inferior, como $\widehat{CG1,2}$ (99 t ha⁻¹), $\widehat{CG2,4}$ (109 t ha⁻¹), $\widehat{CG1,7}$ (109 t ha⁻¹) evidenciando efeitos negativos entre genótipos. Nesses casos, os mesmos materiais apresentaram melhor desempenho em condição de autocompetição, com incrementos de 23%, 5% e 20%, respectivamente, indicando que a competição intergenotípica pode ser desfavorável para determinadas combinações.

Na colheita da segunda soca (2025), foi observado uma mudança no padrão produtivo dos genótipos. O G5, que havia se destacado nas safras anteriores (cana-planta e primeira soca), apresentou redução expressiva de produtividade sob condição de competição intragenotípica, com decréscimo de aproximadamente 59% em relação aos anos anteriores. Ainda assim, manteve influência positiva em

determinadas combinações intergenotípicas, indicando que seu desempenho é fortemente dependente da interação com outros genótipos.

No que se refere à competição intergenotípica se destacaram as combinações: $\overline{CG8,1}$ (101 t ha⁻¹), $\overline{CG6,3}$ (99 t ha⁻¹), $\overline{CG2,8}$ (92 t ha⁻¹) as quais apresentaram incrementos de 20%, 25% e 23%, respectivamente, em comparação às médias sob competição intragenotípica. Isso reforçou que, mesmo em condições de menor produtividade geral, determinadas combinações entre genótipos continuam promovendo ganhos produtivos relevantes em relação ao cultivo monoclonal. Por outro lado, algumas combinações apresentaram reduções expressivas de produtividade em função da competição intergenotípica, como $\overline{CG1,8}$, $\overline{CG3,6}$, $\overline{CG6,5}$, $\overline{CG8,7}$ com decréscimos de 25%, 22%, 14% e 19%, respectivamente, quando comparados ao desempenho intragenotípico.

A considerar as três safras avaliadas (2023, 2024 e 2025) ficou evidente que a produtividade da cana-de-açúcar não depende exclusivamente do desempenho individual dos genótipos, mas também da natureza das interações entre eles, as quais podem resultar em efeitos positivos ou negativos. A identificação de combinações estáveis e responsivas ao longo dos anos constitui, portanto, um fator-chave para maximizar a produtividade em condições de cultivo multigenotípicos.

Para a colheita da cana-planta (2023), a variável TAH evidenciou que determinadas combinações genotípicas apresentaram respostas positivas quanto à capacidade de competição, independentemente de exercerem ou sofrerem interferência competitiva (Tabela 5). Se destacaram as combinações $\overline{CG4,5}$, $\overline{CG4,6}$, $\overline{CG6,5}$, com médias de 26,5 t ha⁻¹, 24,3 t ha⁻¹ e 21,9 t ha⁻¹, respectivamente, indicando elevada eficiência na conversão de biomassa em açúcar sob interação intergenotípica.

Em condição de competição intragenotípica, o G6 apresentou desempenho superior, com média de 24,7 t ha⁻¹, evidenciando elevado potencial produtivo individual. No entanto, assim como observado para TCH, a associação com genótipos específicos pode potencializar ainda mais o desempenho produtivo, reforçando a importância de selecionar combinações positivas entre genótipos. Em contrapartida, algumas combinações apresentaram desempenho inferior, evidenciando efeitos negativos da competição intergenotípica. As combinações $\overline{CG8,1}$, $\overline{CG4,3}$, $\overline{CG1,2}$ apresentaram médias de 15,4 t ha⁻¹, 16,0 t ha⁻¹ e 16,9 t ha⁻¹, respectivamente,

correspondendo a reduções de 21%, 17% e 9% em relação ao desempenho intragenotípico, o que reforça que a combinação entre determinados genótipos compromete a eficiência produtiva.

Para a colheita da primeira soca (2024), a variável TAH evidenciou variação no desempenho das combinações genotípicas sob competição intergenotípica (Tabela 5); destacaram-se as combinações: $\widehat{CG8,4}$ (21,1 t ha⁻¹), $\widehat{CG3,6}$ (20,5 t ha⁻¹), $\widehat{CG5,3}$ (19,3 t ha⁻¹) as quais apresentaram os maiores valores de produtividade de açúcar por hectare, indicando elevada eficiência dessas interações sob condições de cultivo nas safras avaliadas. Em condição de competição intragenotípica, o G5 manteve elevado desempenho produtivo, com média de 18,7 t ha⁻¹, confirmando o padrão observado na cana-planta. Esse comportamento reforça sua estabilidade produtiva e indicou que, além de apresentar bom desempenho individual, esse genótipo possui a capacidade de responder positivamente à combinação com parceiros específicos, potencializando a produção de açúcar. Se destaca ainda que, mesmo sob condições de restrição hídrica observadas nas safras (Figura 2), o G5 manteve produtividade acima da média, evidenciando sua capacidade adaptativa a condições ambientais limitantes.

Por outro lado, algumas combinações apresentaram desempenho inferior, como $\widehat{CG1,2}$ (13,3 t ha⁻¹), $\widehat{CG1,7}$ (13,3 t ha⁻¹), $\widehat{CG1,6}$ (14,2 t ha⁻¹) evidenciando efeitos negativos da interação entre esses genótipos. Nessas situações, as reduções de produtividade em relação à condição intragenotípica atingiram 18%, 23% e 13%, respectivamente, indicando que determinadas associações podem comprometer a eficiência produtiva.

Na colheita da segunda soca (2025), a variável TAH apresentou redução geral nos níveis de produtividade quando comparada as safras anteriores, evidenciando o efeito cumulativo das condições ambientais e do avanço do ciclo da cultura sobre a produção de açúcar (Tabela 5). Ainda assim, determinadas combinações genotípicas mantiveram desempenho superior sob competição intergenotípica. Se destacou a combinação $\widehat{CG1,2}$, com média de 14 t ha⁻¹, seguida por um conjunto de combinações com médias próximas a 13 t ha⁻¹, incluindo $\widehat{CG1,6}$, $\widehat{CG2,5}$, $\widehat{CG5,7}$, $\widehat{CG6,3}$, $\widehat{CG7,4}$, $\widehat{CG7,8}$, $\widehat{CG8,1}$. Assim, mesmo sob redução global da produtividade, algumas combinações entre genótipos permanecem vantajosas na manutenção da produção de açúcar. Como esperado, foram observadas combinações com desempenho inferior, como $\widehat{CG3,6}$, com média de 8 t ha⁻¹, além das interações $\widehat{CG1,8}$, $\widehat{CG6,1}$, $\widehat{CG6,4}$,

$\overline{CG6,5}$, $\overline{CG8,7}$ com médias próximas a 9 t ha⁻¹. Nessas condições, as reduções em relação à competição intragenotípica variaram entre 10% e 18%, evidenciando efeitos negativos específicos entre determinados genótipos. Adicionalmente, foi observado que a combinação do G2 e G8 apresentaram reduções expressivas sob condição intragenotípica, com decréscimos de aproximadamente 25% em relação ao desempenho médio em monocultivo, indicando maior suscetibilidade ao efeito de autocompetição ao longo das safras produtivas.

Tabela 4. Desdobramento das médias da produção de tonelada de açúcar por hectare (TAH, t ha⁻¹) de genótipos de cana-de-açúcar (Coluna) sobre a influência de competição dos diferentes vizinhos (N) na cana planta, primeira soca e segunda soca em Suzanópolis, São Paulo, Brasil.

Genótipos	Desdobramento para TAH - (2023)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N1	19 Ba	20,6 Aa	21,6 Aa	20,3 Aa	20,3 Aa	18,7 Ba	18,8 Ba	15,4 Ba
N2	16,9 Ba	18,2 Ba	18 Ba	18,8 Ba	21,3 Aa	19,7 Aa	18,9 Ba	20,1 Aa
N3	18,1 Ba	17,4 Ba	17,4 Ba	16 Ba	19 Ba	19,5 Ba	20,3 Aa	17,5 Ba
N4	17,8 Ba	18,9 Ba	17 Ba	21,3 Aa	19 Ba	21,7 Aa	21,1 Aa	16,9 Ba
N5	18,9 Ba	18,5 Ba	21,5 Aa	26,5 Aa	23,1 Aa	21,9 Aa	18,2 Ba	21,5 Aa
N6	18,6 Ba	15,2 Ba	17,1 Ba	24,3 Aa	20 Aa	24,7 Aa	16,3 Ba	19,4 Ba
N7	19,6 Aa	17,9 Ba	16,9 Ba	20,9 Aa	19,9 Aa	19,8 Aa	20,4 Aa	20,9 Aa
N8	17,5 Ba	16,9 Ba	21,1 Aa	17,1 Ba	19,3 Ba	20,2 Aa	17,7 Ba	20 Aa
Genótipos	Desdobramento para TAH - (2024)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N1	17,6 Aa	16,4 Aa	15,2 Ab	17,6 Aa	16,2 Aa	15,9 Aa	14,4 Aa	14,1 Aa
N2	13,3 Aa	14,8 Aa	18,6 Aa	15,8 Aa	14,4 Ab	17,8 Aa	17,1 Aa	15,8 Aa
N3	17,5 Aa	16,6 Aa	17,2 Aa	14,8 Aa	19,3 Aa	15,4 Aa	18,3 Aa	17,8 Aa
N4	16,7 Aa	14 Ab	15,1 Aa	14,6 Ab	17 Aa	17,6 Aa	15,9 Ab	21,1 Aa
N5	17,8 Aa	14,7 Aa	18,2 Aa	17,7 Ab	18,7 Aa	17,4 Ab	16,7 Aa	18,3 Aa
N6	14,2 Ab	17,5 Aa	20,5 Aa	17 Ab	15,9 Aa	15,2 Ab	17,5 Aa	17,6 Aa
N7	13,7 Ab	14 Aa	16,8 Aa	18,5 Aa	16,4 Aa	16,5 Aa	17,9 Aa	15,7 Ab
N8	18 Aa	18,2 Aa	14,1 Ab	16,8 Aa	16,4 Aa	14,1 Ab	14,4 Aa	16,8 Aa
Genótipos	Desdobramento para TAH - (2025)							
	1	2	3	4	5	6	7	8
N1	12 Aa	11 Ba	11 Aa	12 Aa	11 Aa	09 Ca	10 Aa	13 Aa
N2	14 Aa	09 Bb	11 Ab	10 Ab	11 Ab	11 Bb	12 Ab	11 Bb
N3	11 Ba	11 Ba	09 Aa	11 Aa	12 Aa	13 Aa	11 Aa	10 Ba
N4	11 Bb	12 Aa	11 Aa	10 Ab	12 Aa	09 Cb	13 Aa	10 Bb
N5	11 Bb	13 Aa	10 Ab	11 Aa	10 Ab	09 Cb	12 Aa	12 Aa
N6	13 Aa	11 Aa	08 Ab	09 Ab	12 Aa	10 Ba	10 Aa	11 Aa
N7	12 Aa	11 Ba	10 Aa	10 Aa	13 Aa	11 Ba	12 Aa	09 Ba
N8	09 Bb	12 Aa	10 Ab	10 Ab	11 Aa	10 Bb	13 Aa	09 Bb

Fonte: Elaborada pela autora.

Os genótipos com a mesmas letras maiúsculas e os vizinhos com as mesmas letras minúsculas pertencem ao mesmo grupo ($P < 0,10$) com base no teste de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

2.4 DISCUSSÃO

A análise de variância indicou que os genótipos possuem capacidades distintas de produção tanto para TCH quanto TAH, reforçando que mesmo cultivares

comerciais possuem capacidades produtivas diferentes conforme o ambiente de plantio (Tabela 2).

Estudos demonstram elevado potencial produtivo de genótipos de cana-de-açúcar de maturação precoce no Brasil, no qual Moraes *et al.* (2017) identificou que genótipos de Alta Performance precoce apresentam capacidades produtivas entre 96,6 t ha⁻¹ e 123,4 t ha⁻¹. A produtividade corrobora com dados observados por Silva *et al.* (2016), os quais indica produtividades médias variando entre 93,16 t ha⁻¹ e 103,32 t ha⁻¹, ao longo de 22 colheitas acumuladas em nove locais distintos.

A significância para fonte de variação colheita (H) confirmou forte influência das condições ambientais sobre a produtividade. Esse comportamento está diretamente associado à variabilidade climática entre os anos experimentais (Figura 2), com destaque para o segundo ano de condução do experimento, que foi caracterizado por déficit hídrico de aproximadamente 428 mm e temperaturas máximas médias superiores a 37 °C, resultando em maior restrição ao desenvolvimento das plantas. A literatura indica que a faixa ótima de crescimento da cana-de-açúcar situa-se entre 25 e 35 °C, sendo que temperaturas acima de 35 – 37 °C reduzem significativamente o crescimento devido às limitações fisiológicas (Moore; Botha, 2014).

Assim, a associação entre restrição hídrica e temperaturas elevadas intensifica o estresse abiótico, comprometendo processos fisiológicos, bioquímicos e moleculares das plantas, conforme descrito por Siansi (2024), Lenka *et al.* (2011) e Pérez-Clemente *et al.* (2013), condições que contribuem para explicar a redução da produtividade e a variabilidade no desempenho dos genótipos. Além disso, reduções de produtividade ao longo das safras de colheita são amplamente reportadas na cultura da cana-de-açúcar, especialmente em função do esgotamento fisiológico das soqueiras e da intensificação de estresses abióticos (Silva *et al.*, 2008; Dias *et al.*, 2019; Dias e Inman-Bamber, 2020), o que corrobora com os resultados observados neste estudo, particularmente na segunda soca (2025).

O efeito significativo observado para TCH e TAH considerando a fonte de variação comp.¹ (C) indicou que o efeito da competição interfere na produtividade da cana-de-açúcar. Estudos com misturas varietais demonstraram que a combinação de genótipos pode promover ganhos produtivos por meio de mecanismos como complementaridade de recursos e facilitação entre plantas (Kiær *et al.*, 2009; Brooker *et al.*, 2015).

Esse comportamento não é exclusivo da cana-de-açúcar e tem sido amplamente documentado em outras culturas agrícolas. Em cereais como trigo e arroz, misturas varietais têm demonstrado aumento de produtividade e estabilidade devido à complementaridade funcional entre genótipos (Kiær *et al.*, 2009). De modo geral, os resultados reforçaram que a resposta diferencial dos genótipos sob interação intergenotípica é um fenômeno consistente e explorável em diferentes sistemas agrícolas.

A análise de variância pela abordagem 2 (AB2) apresentou efeito significativo de vizinhos (V) para TCH e TAH, enquanto não houve significância para ATR e Fibra, indicando que o efeito do vizinho na produção do cultivar adjacente influenciaram predominantemente os componentes quantitativos da produtividade, sem alterar de forma consistente a composição tecnológica da matéria-prima. Esse resultado sugere que a escolha de genótipos vizinhos exerce papel determinante na produção de biomassa e açúcar por hectare, mas com menor impacto sobre características tecnológicas.

As variáveis TCH e TAH são amplamente reconhecidas como os principais indicadores de desempenho no sistema sucroenergético, por representarem diretamente a produção de matéria-prima e de açúcar por unidade de área (Silva *et al.*, 2008; Moore; Botha, 2014). Nesse contexto, os resultados obtidos reforçam que, em sistemas multigenotípicos, a seleção de combinações de genótipos que promovam interações favoráveis é fundamental para maximizar a produtividade agrícola e industrial.

A interação V x H significativa para TCH, TAH e ATR, demonstrou que a resposta dos genótipos não depende apenas da combinação entre os cultivares, mas também das condições ambientais em que estão inseridos, reforçando a complexidade de sistemas multigenotípicos. Além disso, a significância para fonte de variação cultivar [cult.² (C)] os confirmou que os genótipos diferem quanto à sua capacidade produtiva. Assim, a escolha de cultivares produtivos é determinante para o desempenho do sistema multigenotípico, uma vez que combinações entre genótipos ruins podem até resultar em efeitos complementares positivos, porém resultando em baixa capacidade de produção. Além disso, o resultado da interação H x C reforçou que a resposta dos genótipos às condições ambientais varia conforme sua combinação genética, o que reforça a necessidade de avaliações em múltiplas safras produtivas para identificação de combinações mais estáveis.

De modo semelhante, a interação V x C significativa para TCH e TAH atestou que o efeito de vizinhança é dependente dos genótipos envolvidos, ou seja, determinados genótipos podem exercer efeitos positivos ou negativos sobre seus diferentes vizinhos. A interação tripla V x H x C significativa para características quantitativas evidenciou que o desempenho produtivo em sistemas multigenotípicos envolve de um sistema complexo de interações entre genótipo, vizinhança e ambiente. Esses resultados indicam que a adoção de plantios em sistemas multigenotípicos deve considerar não apenas o potencial produtivo individual, mas também a combinação favorável entre os genótipos e sua estabilidade ao longo das safras de cultivo.

O conjunto dos resultados das análises de variância (AB1 e AB2, Tabela 2) com o desdobramento das médias (Tabelas 3, 4 e 5) confirma que as combinações intergenotípicas exercem papel determinante na produtividade da cana-de-açúcar, especialmente para TCH e TAH. Os efeitos significativos observados para vizinhos (V), Cult.² (C) e suas interações na AB2 são corroborados pelos incrementos produtivos identificados em combinações específicas ao longo das safras avaliadas, evidenciando que determinados pares genotípicos promovem ganhos consistentes de produtividade.

No decorrer das safras foi observado que, embora tenha ocorrido uma redução geral de produtividade nos ciclos mais avançados, conforme esperado para a cultura da cana-de-açúcar (Dias *et al.*, 2019; Dias; Inman-Bamber, 2020), as combinações intergenotípicas mantiveram, em diversos casos, desempenho superior ao cultivo monoclonal. Esse comportamento indicou que sistemas multigenotípicos podem contribuir para mitigar os efeitos da queda produtiva ao longo das safras, promovendo maior estabilidade produtiva.

Adicionalmente, estudos em sistemas florestais, também considerados culturas energéticas, demonstraram que o aumento da competição intergenotípica pode intensificar a expressão da variabilidade genética, como observado por Scarpinati *et al.* (2009), sugerindo que o delineamento experimental e o nível de interação entre genótipos podem influenciar diretamente a estimativa desses parâmetros. Dessa forma, a avaliação da variabilidade genética em condições de interação entre genótipos se torna fundamental para a seleção de genótipos adaptados a sistemas multigenotípicos.

Esse padrão sugere que a convivência entre genótipos distintos promove interações complementares no uso de recursos, como luz, água e nutrientes, resultando em maior eficiência produtiva do sistema. Nesse contexto, os resultados podem ser interpretados utilizando o conceito de *overyielding*, no qual sistemas compostos por múltiplos genótipos apresentam produtividade superior à média dos monocultivos. Esse efeito é frequentemente atribuído a mecanismos de complementaridade e facilitação entre indivíduos geneticamente distintos, que aumentam a eficiência na utilização dos recursos disponíveis (Loreau; Hector, 2001; Tilman *et al.*, 2001). No presente estudo, o incremento observado para TCH e TAH sob competição intergenotípica sugere a ocorrência desse fenômeno, ainda que sem alterações significativas nas características tecnológicas da matéria-prima. Em cana-de-açúcar, essa abordagem ainda é pouco explorada, mas os resultados do presente estudo indicaram que a alocompetição pode ser uma estratégia relevante para incremento produtivo.

Do ponto de vista aplicado, é demonstrado que os incrementos médios observados para TCH (5,8 t ha⁻¹) e TAH (0,52 t ha⁻¹) foram obtidos sem a necessidade de insumos adicionais, evidenciando uma alternativa agronomicamente eficiente e economicamente viável. Em contraste, estudos como Schultz *et al.* (2012), Mendonça (2024) e Rosa (2021) demonstram que aumentos de produtividade frequentemente dependem da aplicação de insumos ou tecnologias complementares, como inoculantes microbianos e fertilização específica, o que implica maior custo de produção.

Assim, os resultados indicaram que a adoção de sistemas multigenotípicos pode representar uma estratégia sustentável para aumento da produtividade, baseada na exploração das interações entre genótipos. Esse enfoque reforça a importância de considerar não apenas o desempenho individual dos genótipos, mas também sua resposta de acordo com as interações de cooperação, o que tem implicações diretas tanto para o manejo agrônomo quanto para programas de melhoramento genético voltados a sistemas mais adaptáveis e eficientes.

A competição entre genótipos de cana-de-açúcar demonstrou ser uma estratégia potencialmente eficiente para incremento da produtividade, desde que baseada na seleção criteriosa das combinações genotípicas (Tabelas 4 e 5). É observado que associações específicas, particularmente aquelas envolvendo os genótipos 5 e 6, promoveram incrementos expressivos tanto em TCH quanto em TAH,

evidenciando que o desempenho em sistemas multigenotípicos é fortemente dependente dos genótipos adjacentes conforme citado anteriormente. Esses resultados corroboram com Pavan *et al.* (2021) que destacaram que os efeitos da competição são altamente dependentes da interação genótipo x genótipo, podendo resultar em respostas positivas ou negativas conforme a combinação avaliada. De forma complementar, Vianna (2000) e Hettasch *et al.* (2002) relataram que genótipos com maior aptidão competitiva tendem a apresentar efeitos positivos sobre seus vizinhos, enquanto valores próximos à média indicam ausência de efeito diferencial.

Os resultados evidenciaram que a produtividade em sistemas multigenotípicos não é função apenas do desempenho individual dos genótipos, mas da qualidade das interações entre eles. Nesse contexto, é observado que a resposta dos genótipos à competição não é uniforme, sendo possível identificar tanto materiais com elevado desempenho sob autocompetição quanto pares específicos que expressam superioridade sob alocompetição. Esse padrão indica a presença de interações específicas entre genótipos, nas quais determinadas combinações apresentam maiores ganhos produtivos. Por outro lado, foram identificadas combinações com efeitos inibitórios sobre a produtividade, reforçando que a competição pode também resultar em interações de perda. De acordo com Martins *et al.* (2014) e Pavan *et al.* (2014), genótipos com menor habilidade competitiva ou baixa compatibilidade podem apresentar redução de desempenho quando cultivados em sistemas, o que evidencia a necessidade de seleção de combinações favoráveis para sistemas multigenotípicos.

Adicionalmente, existe estudo que indicou que o desempenho competitivo pode variar conforme o papel do genótipo no sistema, sendo que, materiais eficientes como vizinhos nem sempre apresentam o mesmo desempenho como competidores diretos (Martins *et al.*, 2014). Esse comportamento reforça a capacidade de diferentes respostas dos genótipos às condições de convivência e às pressões competitivas impostas pelo ambiente e pelos seus vizinhos (Scarpinati *et al.*, 2009). Nesse sentido, a identificação de combinações favoráveis se torna um componente central para o sucesso de plantios multiclonais, uma vez que a complementaridade entre genótipos pode maximizar o uso de recursos e aumentar a produtividade sem a necessidade de insumos adicionais. Por outro lado, combinações inadequadas podem comprometer o desempenho do sistema, evidenciando que a adoção dessa estratégia deve ser acompanhada de critérios técnicos robustos.

De forma geral, os resultados indicaram que o uso de compostos multigenotípicos não implica, a priori, em perdas produtivas, podendo, ao contrário, promover incrementos significativos quando combinações compatíveis são utilizadas. Esse padrão, consistente para TCH e TAH, reforça o potencial da alocompetição como ferramenta agrônômica, ao mesmo tempo em que evidencia a necessidade de aprofundamento nos estudos de combinação entre genótipos para otimização desses sistemas. Dessa forma, o uso de compostos multigenotípicos pode ser considerado agronomicamente e comercialmente vantajoso quando seu desempenho resulta em produtividade igual ou superior à observada em plantios monoclonais. Evidências na literatura indicam que a utilização de misturas genotípicas pode superar sistemas homogêneos em diferentes culturas, como soja (Bisognin *et al.*, 1995), aveia (Helland; Holland, 2001) e feijão (Mastrantonio *et al.*, 2004), demonstrando que a diversificação genética pode contribuir para maior estabilidade e eficiência produtiva.

Assim, a adoção de compostos multigenotípicos deve ser baseada em critérios técnicos que considerem não apenas o desempenho individual dos genótipos, mas também suas interações em diferentes condições de cultivo. A incorporação dessas informações em programas de melhoramento possibilita a seleção de combinações mais eficientes, ampliando o potencial produtivo e a sustentabilidade dos sistemas agrícolas.

2.5 CONCLUSÃO

- A alocompetição geral tende a resultar maiores produtividades de colmos e açúcar por hectare ao longo das safras;
- Os genótipos de cana-de-açúcar diferem nas capacidades de exercer ou sofrer a competição, e existem interações entre os genótipos de forma a ser possível de seleção de combinações promissoras;
- Sistemas multigenotípicos apresentam potencial para aumentar a estabilidade produtiva e oferecer maior capacidade adaptativa em diferentes condições ambientais;
- As interações intergenotípicas podem ser exploradas de maneira estratégica para aumentar a produtividade da cana-de-açúcar. A identificação de combinações que promovam efeitos positivos de vizinhança é um fator-chave

para o sucesso de sistemas multigenotípicos, contribuindo para maior eficiência produtiva e adaptação às variações ambientais.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. B. *et al.* **Opinião – Transição energética no transporte marítimo**. 2023. Disponível em: <https://repositorio.fgv.br/631151f4-752a-4ce8-ad88-7f944549773c>. Acesso em: 16 jan. 2026.
- BASTOS, V. D. Etanol, álcoolquímica e biorrefinaria. **BNDES Setorial**, Rio de Janeiro, n. 25, p. 5-38, mar. 2007. Disponível em: <http://web.bndes.gov.br/bib/jspui/handle/1408/2527>. Acesso em: 16 jan. 2026.
- BISOGNIN, D. A. *et al.* Competição intergenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 7, p. 947-955, jul. 1995. Disponível em: <https://seer.sct.embrapa.br/article/4382/1668>. Acesso em: 16 jan. 2026.
- BROOKER, R. W. *et al.* Improving intercropping: a synthesis of research in agronomy, plant physiology and ecology. **New Phytologist**, [s. l.], v. 206, n. 1, p. 107–117, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.13132>.
- DIAS, H. B.; INMAN-BAMBER, G. Sugarcane: Contribution of Process-Based Models for Understanding and Mitigating Impacts of Climate Variability and Change on Production. In: AHMED, M. (ed.). **Systems Modeling**. Singapore: Springer, 2020. p. [página inicial-final]. DOI: https://doi.org/10.1007/978-981-15-4728-7_8.
- DIAS, H. B.; SENTELHAS, P. C. Dimensioning the Impact of Irrigation on Sugarcane Yield in Brazil. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 21, p. 29–37, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12355-018-0619-x>.
- DONNELLY, L. *et al.* Above-and below-ground biomass partitioning and fine root morphology in juvenile Sitka spruce clones in monoclonal and polyclonal mixtures. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 373, p. 17-25, 2016. DOI: [10.1016/j.foreco.2016.04.029](https://doi.org/10.1016/j.foreco.2016.04.029).
- EPE – EMPRESA DE PESQUISA ENERGÉTICA. **Balanço Energético Nacional 2025**: Ano base 2024. Rio de Janeiro: EPE, 2024. Disponível em: https://www.epe.gov.br/sites-pt/publicacoes-dados-abertos/publicacoes/PublicacoesArquivos/publicacao-885/topico-767/BEN_Síntese_2025_PT.pdf. Acesso em: 16 jan. 2026.
- FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Piracicaba: Stab, 2003. v. 1.
- FUMAGALI, J. G. N.; MONTENEGRO, R. L. Os efeitos do combustível verde sobre a gasolina: uma análise para o brasil. In: ENCONTRO NACIONAL DE ECONOMIA INDUSTRIAL E DA INOVAÇÃO, 8., 2024. **Anais [...]**. [S. l.]: Enei, 2024. 16 p. DOI: [10.29327/viii-enei.923543](https://doi.org/10.29327/viii-enei.923543).
- GOLDEMBERG, J. *et al.* **Bioenergia no estado de São Paulo**: situação atual, perspectivas, barreiras e propostas. São Paulo: Imprensa Oficial do Estado de São Paulo, 2008.

HELLAND, S. J.; HOLLAND, J. B. Blend response and stability and cultivar blending ability in oat. **Crop Science**, [s. l.], v. 41, n. 6, p. 1689-1696, 2001. DOI: 10.2135/cropsci2001.1689.

HETTASCH, M. H. *et al.* **Tree breeding course manual**. Pretoria: Environmentek, CSIR, 2002.

KEULS, M. The use of the "studentized range" in connection with an analysis of variance. **Euphytica**, v. 1, n. 2, p. 112-122, 1952.

KIÆR, L. P. *et al.* Grain yield increase in cereal variety mixtures: a meta-analysis of field trials. **Field Crops Research**, [s. l.], v. 114, n. 3, p. 361-373, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2009.09.006>.

LENKA, S. K. *et al.* Comparative analysis of drought-responsive transcriptome in Indica rice genotypes with contrasting drought tolerance. **Plant Biotechnology Journal**, [s. l.], v. 9, p. 315-327, 2011.

LOREAU, M.; HECTOR, A. Partitioning selection and complementarity in biodiversity experiments. **Nature**, [s. l.], v. 412, n. 6842, p. 72-76, 2001. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35083573>. Acesso em: 07 fev. 2026.

MARTINS, G. S. *et al.* Performance of Eucalyptus Clones in auto and allocompetition. **Silvae Genetica**, [s. l.], v. 63, n. 1-6, p. 9-14, 2014. DOI: 10.1515/sg-2014-0002.

MASTRANTONIO, J. J. S. *et al.* Interferência em misturas de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 2, p. 373-377, abr. 2004. DOI: 10.1590/S0103-84782004000200006.

MENDONÇA, C. W. V. **Efeito de bioestimuladores de crescimento e métodos de aplicação no desenvolvimento da cana-de-açúcar**. 2024. 28 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2024. Disponível em: <https://repositorio.ufpb.br/jspui/bitstream/123456789/32402/1/CWVM12112024%20%20MA1300.pdf>. Acesso em: 20 fev. 2026.

MOORE, P. H.; BOTHA, F. C. **Sugarcane: physiology, biochemistry and functional biology**. [S. l.]: John Wiley & Sons, 2014. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=S0ROAgAAQBAJ>. Acesso em: 07 fev. 2026.

MORAIS, K. P. *et al.* Produtividade de colmos em clones de cana-de-açúcar. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 64, n. 3, p. 291-297, maio/jun. 2017.

MORINI, M. S. C. *et al.* Cultura de cana-de-açúcar no Brasil: manejo, impactos econômicos, sociais e ambientais. In: FONTANETTI, C. S.; BUENO, O. C. (org.). **Cana-de-açúcar e seus impactos: uma visão acadêmica**. Bauru: Canal 6, 2017. p. 31-50.

NEWMAN, D. N. The distribution of range in samples from a normal population, expressed in terms of an independent estimate of standard deviation. **Biometrika**, v. 31, n. 1/2, p. 20-30, 1939.

OLIVEIRA, R. A. *et al.* **50 anos de Variedades RB de Cana-de-Açúcar**: 30 anos de RIDESA. Curitiba: UFPR: RIDESA, 2021.

PAVAN, B. E. *et al.* Early selection in open-pollinated Eucalyptus families based on competition covariates. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 6, p. 483-492, jun. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2014000600010>.

PAVAN, B. E. *et al.* Competitive ability among Eucalyptus spp. commercial clones in Mato Grosso do Sul state. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 494, p. 119297, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119297>.

PEEL, M. C. *et al.* Updated world map of the Köppen-Geiger climate classification. **Hydrology and Earth System Sciences**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 1633-1644, 2007. DOI: <https://doi.org/10.5194/hess-11-1633>.

PERECIN, D. *et al.* Um delineamento para avaliações de auto e alocompetição em plantas. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 15, p. 195-205, 1997.

PÉREZ-CLEMENTE, R. M. *et al.* Biotechnological approaches to study plant responses to stress. **BioMed Research International**, [s. l.], p. 1-10, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1155/2013/654120>.

RAIJ, B. *et al.* **Análise Química para Avaliação da Fertilidade de Solos Tropicais**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2001.

ROMÃO, K. D. C. S. *et al.* Multi-site comparison of clonal arrangements for tropical and subtropical hybrids of Eucalyptus. **Industrial Crops and Products**, [s. l.], v. 197, p. 116536, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116536>.

ROSA, P. A. L. **Nutrição e desempenho agrônomo da cana-de-açúcar inoculada com bactérias promotoras de crescimento associado à redução da adubação fosfatada**. 2021. 206 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2021. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/4047cdb1-5035-4066-8d39-05f35f38b2bf/content>.

SAS INSTITUTE. **The SAS System**, release 9.2. Cary, NC: SAS Institute Inc., 2009.

SCARPINATI, E. A. *et al.* Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de Eucalyptus spp. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 4, p. 769-776, ago. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622009000400020>.

SCHULTZ, N. *et al.* Avaliação agrônomo de variedades de cana-de-açúcar inoculadas com bactérias diazotróficas e adubadas com nitrogênio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 2, p. 261-268, fev. 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-204x2012000200015>.

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

SIANSI, F. L. **Emissão de CO₂ do solo e indicadores de produtividade e suas relações com características espectrais da cana-de-açúcar sob diferentes épocas de plantio**. 2024. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2024. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/8e28b4a5-8e07-4745-b615-be994d489b36/content>. Acesso em: 20 fev. 2026.

SILVA, M. D. A. *et al.* Yield components as indicators of drought tolerance of sugarcane. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 6, p. 620-627, nov./dez. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-90162008000600008>.

SILVA, S. D. A. *et al.* Variedades de cana-de-açúcar recomendadas para o Rio Grande do Sul. In: SILVA, S. D. A. *et al.* (ed.). **Sistema de produção da cana-de-açúcar para o Rio Grande do Sul**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2016. p. 113-131. (Sistemas de Produção, 23).

TILMAN, D. *et al.* Diversity and productivity in a long-term grassland experiment. **Science**, [s. l.], v. 294, n. 5543, p. 843-845, 2001. Disponível em: <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.1060391>. Acesso em: 09 mar. 2026.

VIANNA, J. M. S. The parametric restrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 4, p. 877-881, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-47572000000400029>.

WU, H. X. Benefits and risks of using clones in forestry – a review. **Scandinavian Journal of Forest Research**, [s. l.], v. 34, n. 5, p. 352–359, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1080/02827581.2018.1487579>.

3. CAPÍTULO 2. APLICAÇÃO DO MÉTODO PARA PREDIÇÃO E SELEÇÃO DE COMPOSTOS MULTIGENOTÍPICOS EM CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE.

RESUMO

A utilização de sistemas de plantios multigenotípicos tem sido proposta como estratégia para aumento da eficiência e da estabilidade produtiva; no entanto, sua adoção ainda é limitada pela dificuldade em predizer combinações superiores. Este capítulo teve como objetivo utilizar metodologia capaz de predizer e selecionar compostos multigenotípicos na cultura de cana-de-açúcar de maturação precoce afim de recomendar combinações genotípicas favoráveis com base em três safras produtivas. A metodologia foi fundamentada na análise de competição e predição de combinações por meio de critérios quantitativos, utilizando como parâmetro a média das diferenças percentuais em relação à autocompetição ($\bar{\Delta}$ %). Foram avaliadas as variáveis toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH) ao longo de três safras produtivas. Os resultados evidenciaram ampla variabilidade no desempenho dos compostos, com identificação de combinações superiores que apresentaram ganhos em relação ao monocultivo dos genótipos. Foi observado que o desempenho produtivo não está diretamente associado ao rendimento individual, sendo influenciado pelas interações intergenotípicas. Genótipos com menor desempenho isolado apresentaram incrementos quando associados a parceiros compatíveis, enquanto combinações inadequadas resultaram em perdas produtivas. A produtividade acumulada indicou maior estabilidade dos compostos superiores ao longo das safras. A abordagem preditiva demonstrou potencial na identificação de combinações mais eficientes, contribuindo para o planejamento de sistemas multigenotípicos, sendo que as cinco melhores combinações ($\overline{CG2,3}$, $\overline{CG2,8}$, $\overline{CG3,8}$, $\overline{CG3,5}$ e $\overline{CG1,3}$) apresentaram incrementos médios preditos de 6,66% para TCH e 7,72% para TAH em relação ao monocultivo.

Palavras-chave: efeitos genéticos indiretos, interação multigenotípica, modelagem funcional-estrutural, *overyielding*.

ABSTRACT

The use of multigenotypic planting systems has been proposed as a strategy to increase efficiency and productive stability; however, its adoption is still limited by the difficulty in predicting superior combinations. This chapter aimed to use a methodology capable of predicting and selecting multigenotypic composites in early-maturing sugarcane crops in order to recommend favorable genotypic combinations based on three harvest seasons. The methodology was based on competition analysis and the prediction of combinations through quantitative criteria, using the average of percentage differences in relation to self-competition as a parameter. The variables tons of cane per hectare (TCH) and tons of sugar per hectare (TSH) were evaluated over three productive harvests. The results evidenced wide variability in the performance of the composites, identifying superior combinations that showed gains compared to the monoculture of the genotypes. It was observed that productive performance is not directly associated with individual yield, being influenced by intergenotypic interactions. Genotypes with lower isolated performance showed increments when associated with compatible partners, while inadequate combinations resulted in productive losses. Accumulated productivity indicated greater stability of the superior composites throughout the harvests. The predictive approach demonstrated potential in identifying more efficient combinations, contributing to the planning of multigenotypic systems, with the top five combinations ($\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG3,8}$, $\widehat{CG3,5}$ e $\widehat{CG1,3}$) showing predicted mean increments of 6.66% for TCH and 7.72% for TAH compared to monoculture.

Keywords: indirect genetic effects, multigenotypic interaction, functional-structural modeling, *overyielding*.

3.1 INTRODUÇÃO

Na cultura da cana-de-açúcar, o manejo varietal é baseado em sistemas monoclonais, os quais têm se mostrado eficientes e amplamente adotados no setor sucroenergético. No entanto, a análise das interações entre genótipos tem se destacado como um fator determinante na definição do desempenho produtivo. Em diferentes culturas, a diversidade genética em campo tem sido associada ao aumento da eficiência no uso de recursos e à maior estabilidade produtiva, fenômeno frequentemente descrito como *overyielding* (Tilman *et al.*, 2001; Hooper *et al.*, 2005; Loreau; Hector, 2001). Estudos recentes demonstram que esse ganho produtivo em conjunto tem bases biológicas e moleculares fundamentadas na fisiologia radicular, que favorece a partilha eficiente do espaço físico do solo e de recursos hídricos (Wuest *et al.*, 2023).

A exploração de sistemas multigenotípicos na cana-de-açúcar ainda é limitada, evidenciando a necessidade de abordagens que permitam prever, de forma consistente, o desempenho de combinações genotípicas. A eficiência desses sistemas depende diretamente das interações entre os genótipos envolvidos, podendo resultar em efeitos competitivos ou complementares, determinados pelas características genéticas dos genótipos e pelas condições ambientais (Donald, 1963; Harper, 1977; Weiner, 1990).

A literatura moderna destaca que ignorar os Efeitos Genotípicos Indiretos (IGEs) — a influência dos genes de um indivíduo sobre o fenótipo de seus vizinhos — pode induzir a erros na classificação de clones e atrasar significativamente o progresso genético (Ferreira *et al.*, 2024). Assim, a eficiência de sistemas multigenotípicos depende de metodologias que equilibrem a capacidade competitiva e a complementaridade de nichos para evitar a supressão mútua de genótipos (Blanc *et al.*, 2021; Wolff *et al.*, 2024).

Nesse cenário, pesquisas utilizando modelagem funcional-estrutural revelam que a diversidade em dimensões foliares e na capacidade de perfilhamento possui maior influência no desempenho de misturas do que características isoladas como a altura da planta (Blanc *et al.*, 2021). Além disso, o aumento da variação genética intragenotípica promove a estabilidade sistêmica ao reduzir a intensidade da competição intergenotípica e criar uma heterogeneidade espacial (Wolff *et al.*, 2024). Esse mecanismo, amparado pela Teoria do Seguro Biológico, garante maior

longevidade produtiva às soqueiras frente a oscilações climáticas, sendo um pilar da agricultura sustentável (Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025).

A performance de misturas genotípicas é, todavia, altamente dinâmica e dependente da interação Genótipo x Ambiente x Manejo, o que exige abordagens quantitativas capazes de identificar combinações adaptáveis a diferentes disponibilidades de nutrientes e densidades de plantio (Cope; Newton, 2025).

Partindo da hipótese de que a exploração explícita das interações intergenotípicas permite identificar compostos superiores, este capítulo objetiva aplicar o método fundamentado na Patente BR102024020180-9 (Pavan, *et al.*, 2026) para prever e selecionar combinações genotípicas de cana-de-açúcar de maturação precoce superiores em relação à autocompetição.

3.2 METODOLOGIA

3.2.1 Área experimental e delineamento

O experimento utilizado neste capítulo corresponde ao mesmo ensaio descrito no Capítulo 1, conduzido no município de Suzanópolis, SP, em condições edafoclimáticas previamente caracterizadas (Figura 1).

Em termos gerais, o estudo foi implantado em área de Neossolo Quartzarênico de textura arenosa, sob clima Aw (tropical úmido), conforme classificação de Köppen (1936) adaptada por Peel *et al.* (2007), com variações pluviométricas e térmicas ao longo das safras produtivas já apresentadas anteriormente.

3.2.2 Análise estatística

A análise estatística adotada neste capítulo teve como objetivo prever e selecionar combinações genotípicas superiores, considerando as interações intergenotípicas entre genótipos de cana-de-açúcar. Os dados utilizados foram provenientes do experimento conduzido conforme o delineamento proposto por Perecin *et al.* (1997), cujas condições experimentais, bem como a obtenção das variáveis TCH e TAH, que se encontram descritas no Capítulo 1.

A partir dos dados brutos foi efetuada análise de variância considerando delineamento em blocos casualizados em parcelas subdivididas, adotou-se para esta análise inicial adaptação das análises de Perecin *et al.* (1997), em que cada coluna

de plantio contou com 19 linhas que são consideradas as parcelas, corresponde ao genótipo que exerce a competição, como subparcelas identificasse a linhas que estão em auto competição, as linhas que estão em alocompetição, onde se efetuam as médias das linhas nestas situações, e as linhas dos demais genótipos que são os que sofrem a competição do genótipo da parcela. Assim é possível de avaliar a auto, alocompetição e competição específica simultaneamente.

Após a análise preliminar, foi realizado a análise dialélica com base no modelo de Geraldi e Miranda Filho (1988). Nesse modelo, as capacidades gerais de competição (CGC's) estão associadas respectivamente ao desempenho médio dos genótipos exercendo a competição em seu vizinhos, ou seja, quanto o genótipo em questão interfere na produção média dos demais genótipos, e na sua produção média sofrendo a competição dos demais genótipos do estudo, refletindo sua habilidade em tolerar a competição, de forma que cada genótipo possuirá duas CGC's (CGC1 de exercer a competição e CGC2 de tolerar a competição), enquanto a capacidade específica de competição (CEC) se refere ao desempenho particular de cada combinação entre pares de genótipos, sendo que cada par de genótipos possuirá duas CEC's (CEC do genótipo A exercendo a competição em B e o inverso). Essas estimativas permitem decompor os efeitos das interações e quantificar o comportamento dos genótipos em diferentes cenários de competição.

O modelo estatístico para análise é apresentado a seguir:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g_j + s_{ij} + a_z + \frac{1}{2}(d_1 + d_2)a_z + g_ia_z + g_ja_z + S_{ij}a_z + \bar{\epsilon}_{ijz}$$

Onde:

Y_{ij} : é a média *i-ésimo* genótipos sofrendo a competição do *j-ésimo* genótipos;

μ : é a média geral do experimento competitivo;

d_1 e d_2 : contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de exercer a competição do *i-ésimo* genótipo;

g_j : efeito da capacidade geral de tolerar a competição do *j-ésimo* genótipo;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de competição do *j-ésimo* genótipo tolerando a competição do *i-ésimo* genótipo;

a_z : efeito da *z-ésima* safra *z*;

$\frac{1}{2}(d_1 + d_2)a_z$: efeito da interação entre os contrastes dos grupos e a *z-ésima* safra;

$g_i a_z$: efeito da interação entre a capacidade geral de exercer a competição *i-ésimo* genótipo e a *z-ésima* safra;

$g_j a_z$: efeito da interação entre a capacidade geral de tolerar a competição do *j-ésimo* genótipo e a *z-ésima* safra;

$S_{ij} a_z$: efeito da interação entre do *j-ésimo* genótipo tolerando a competição do *i-ésimo* genótipo e *z-ésima* safra; e

$\bar{\varepsilon}_{ijz}$: erro experimental médio;

O modelo adotado permite simultaneamente avaliar a análise dialélica média, por ano safra e conjunta, permitindo o pesquisador adotar critérios de seleção conforme a conveniência dos resultados das análises.

Todas as análises de variância e dialélicas para TCH e TAH foram realizadas no software GENES (Cruz, 2013), sendo estimadas as médias de cada par de genótipos considerando as duas situações possíveis: cada genótipo exercendo e/ou sofrendo competição em relação ao seu par.

De posse das CGC's e CEC's de todos genótipos e combinações foi aplicada a metodologia fundamentada na Patente BR102024020180-9 atuando como uma ponte entre a análise genética clássica e a recomendação agrônômica prática. O método foi desenvolvido para solucionar um obstáculo logístico central no melhoramento: o crescimento quadrático das combinações possíveis entre genótipos, o que torna inviável a testagem empírica de todos os compostos em campo.

Em vez de depender apenas de testes de tentativa e erro, a abordagem patenteada processa as estimativas de Capacidade Geral de Competição (CGC) — que reflete o vigor médio e a tolerância de um material — e de Capacidade Específica de Competição (CEC) — que captura o sinergismo único entre pares específicos. A lógica do método consiste em modelar como esses componentes se comportam quando os genótipos compartilham o mesmo espaço físico em proporções equivalentes (50/50), permitindo identificar fenômenos de complementaridade e facilitação.

O diferencial dessa tecnologia é a sua capacidade de isolar o Efeito Genotípico Indireto (IGE), transformando a competição, anteriormente tratada como ruído

experimental, em um componente genético explorável. Assim, a patente fornece um suporte quantitativo que classifica as combinações por seu potencial de *Overyielding*, garantindo que apenas os pares com harmonia arquitetural e sinergia biológica sejam selecionados para o plantio em escala comercial.

A partir das estimativas obtidas, realizou a predição do desempenho produtivo dos compostos multigenotípicos, considerando combinações entre pares de genótipos com participação equivalente (C50) de cada componente, em que foi predito o TCH e TAH médio dos compostos, considerando a média dos valores observados nas diferentes safras produtivas, bem como a diferença da produtividade acumulada ao longo das safras em relação a autocompetição. Para cada combinação genotípica, foram estimadas as produtividades TCH e TAH em cada safra produtiva (cana-planta, 1ª soca e 2ª soca), bem como a diferença percentual ($\text{Dif. } \bar{x} \text{ Auto } (\%)$) para cada safra produtiva.

A diferença percentual, expressa como $\text{Dif. } \bar{x} \text{ Auto } (\%)$, foi calculada para cada safra com base na comparação entre o desempenho do composto e a média dos genótipos em cultivo isolado, conforme a seguinte expressão:

$$\text{Dif. } \bar{x} \text{ Auto } (\%) = \frac{\text{TCH do combinação } \widehat{GX, Y} - \text{Média auto}(X; Y)}{\text{Média auto}(X; Y)} * 100$$

A partir dessas estimativas, foi obtida a média das diferenças percentuais ao longo das safras avaliadas, utilizada como critério para ordenamento dos compostos. O ranking foi estabelecido com base nessa média, de forma que valores superiores indicam combinações com desempenho produtivo acima do esperado em relação à autocompetição.

Essas informações permitiram uma avaliação integrada do desempenho dos compostos, considerando tanto o ganho relativo quanto a consistência produtiva ao longo do tempo, sendo que para critério de seleção adotou-se combinações que superaram em 2,5% para TCH e 3,6% para TAH médios a autocompetição o que corresponde três vezes o desvio padrão da média.

Complementarmente, com o intuito de isolar um grupo de 'Alta Performance' com elevado potencial de exploração comercial, foi aplicado um critério de refinamento adicional. Para este grupo de elite, foram selecionados apenas os compostos que apresentaram incremento médio superior a 5% simultaneamente para TCH e TAH,

além de manterem a estabilidade produtiva caracterizada por um desempenho sempre positivo (ganho real) em relação à autocompetição em cada uma das três safras avaliadas individualmente. Esse rigor adicional visa garantir que a recomendação técnica se concentre em materiais com sinergia e baixo risco de oscilação negativa.

3.3 RESULTADOS

A análise dialélica conjunta para as variáveis de produtividade revelou que a fonte de variação “Grupo” apresentou efeito significativo ($p < 0,001$) para Toneladas de Cana por Hectare (TCH) e significativo ($p < 0,05$) para Toneladas de Açúcar por Hectare (TAH) (Tabela 6). Esse resultado indica a existência de contrastes entre o desempenho médio dos monocultivos e dos sistemas multigenotípicos, em que $d1$ positivo e $d2$ negativo para ambos os casos indicando superioridade da produção em alocompetição quando comparado em autocompetição.

A fonte de variação “safra” também demonstrou efeitos significativos para ambas as variáveis, sendo $p < 0,001$ para TCH e $p < 0,05$ para TAH, evidenciando que o desempenho produtivo foi influenciado pelas condições ambientais e fisiológicas de cada safra (Tabela 6).

As capacidades gerais de combinação (C.G.C. I e II) e capacidade específica (C.E.C.), não foram significativas, indicando que os genótipos não possuem uma capacidade de exercer ou tolerar a competição de forma linear, mas sim que interagem com as safras pois as suas interações com as colheitas, apresentaram significância estatística ($p < 0,001$) para ambas as variáveis (Tabela 6). Esses resultados evidenciam a presença de variabilidade genética para os efeitos aditivos e não aditivos, e indicam que a resposta das capacidades de combinação não apresentou estabilidade frente às variações temporais avaliadas, havendo influência da interação com o ambiente (safra). As médias gerais observadas no experimento foram de $121,10 \text{ t ha}^{-1}$ para TCH e $15,56 \text{ t ha}^{-1}$ para TAH.

Tabela 5 – Quadrados médios da análise de variância conjunta para toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de açúcar por hectare (TAH), considerando os efeitos de capacidade geral (CGC I e II) e específica (CEC) de combinação e suas interações com as colheitas.

FV	Quadrados médios		
	GL	TCH	TAH
Trat	79	366,88 ^{ns}	7,32 ^{ns}
Grupo	1	1118,23 ^{***}	7,96 [*]
C.G.C. I	7	723,61 ^{ns}	15,66 ^{ns}
C.G.C. II	7	607,89 ^{ns}	16,54 ^{ns}
C.E.C.	64	289,76 ^{ns}	5,39 ^{ns}
Grupo x Safra	2	56,28 ^{ns}	0,66 ^{ns}
Trat x Colheita	158	420,22 ^{***}	8,65 ^{***}
Colheita	2	485,73 ^{**}	5,49 [*]
CGC I x Colheita	14	498,30 ^{***}	10,31 ^{***}
CGC II x Colheita	14	696,11 ^{***}	12,23 ^{***}
CEC x colheita	128	380,47 ^{***}	8,12 ^{***}
Erro	426	80,37	1,29
Média		121,1 ± 1,002	15,56 ± 0,187
D1		2,78 ± 2,24	0,23 ± 0,194
D2		-2,78 ± 2,24	-0,23 ± 0,194

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: ***significativo a 0,001; **significativo a 0,01; *significativo a 0,05 pelo teste F.

Ao considerar a classificação combinações genotípicas, estabelecido com base na média das diferenças percentuais ($\bar{\Delta}\%$), se destacou como superiores os compostos $\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG4,7}$, $\widehat{CG3,8}$ com valores de 8,07%, 7,77%, 7,34%, 7,01% e 6,26%, respectivamente (Tabela 7). Esses resultados indicam que tais combinações apresentaram desempenho produtivo superior ao esperado em relação ao cultivo isolado dos genótipos, evidenciando a ocorrência de interações intergenotípicas favoráveis.

A análise da produtividade individual revelou que a maior produção média entre os genótipos puros foi a do G5, que atingiu 130,01 t ha⁻¹, seguido pelo G1, com 120,29 t ha⁻¹. Ao confrontar esses valores com a média geral do experimento (121,10 t ha⁻¹), verificou-se que apenas o G5 superou o desempenho médio de forma isolada, o que sinaliza que a adoção de sistemas multigenotípicos é uma estratégia promissora para elevar o patamar produtivo geral em relação à maioria dos monocultivos.

Embora nenhuma combinação predita tenha ultrapassado a produtividade absoluta do G5, que permaneceu isolado no topo do ranking, um total de 18 combinações multigenotípicas empataram ou superaram o desempenho do segundo melhor genótipo puro (G1), evidenciando a competitividade das misturas. Com a única exceção da combinação $\widehat{CG1,5}$, que registrou uma diferença média negativa de -0,20%, todos os demais compostos apresentaram desempenho acima da média de

autocompetição para TCH. Esse resultado reforça que a diversificação genotípica tende a ser vantajosa para a produção de biomassa ao longo das safras.

A análise temporal indicou que o ganho de produtividade não foi constante para todos os materiais. Algumas associações apresentaram inconsistência temporal, com resultados negativos em determinados safras que foram compensados por ganhos em outros. A combinação $\widehat{CG1,2}$, por exemplo, obteve ganho na cana-planta (4,84%), mas registrou perda na primeira soca (-3,64%), recuperando-se na segunda soca (1,94%). Outro caso notório foi o da combinação $\widehat{CG4,6}$, que apresentou fortes ganhos nos dois primeiros anos (9,53% e 10,19%), mas sofreu um decréscimo expressivo de -7,01% na terceira safra. Já o composto $\widehat{CG5,7}$ iniciou o ciclo com desempenho negativo (-1,40%) e apresentou incremento progressivo nos anos subsequentes.

Ao aplicar o critério de seleção para o grupo de elite (ganho > 2,5% sobre a autocompetição), destacaram-se as cinco combinações superiores: $\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG4,7}$, $\widehat{CG3,8}$. Este grupo geraria um ganho médio acumulado de 26,21 t ha⁻¹ adicionais ao longo das três safras. Em termos de consistência, as combinações $\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG4,7}$, $\widehat{CG3,8}$ mostraram-se as mais robustas, mantendo incrementos acima do critério de 2,5% em todas as safras avaliadas, enquanto a combinação $\widehat{CG3,6}$ consolidou sua performance a partir da segunda safra.

Tabela 6 – Classificação das combinações genotípicas em porcentagem de diferença em relação a autocompetição para toneladas de cana por hectare (TCH) na média das três safras.

Comb. Gen.	Class.	($\bar{\Delta}$ %)	TCH M.	Cana Planta		1° Soca		2° Soca		P. Acum.
				TCH	Dif.	TCH	Dif.	TCH	Dif.	
<u>CG3,6</u>	1	8,07	125,42	159,62	1,35	137,48	15,45	79,16	7,42	29,26
<u>CG2,3</u>	2	7,77	121,03	148,44	2,97	131,63	11,16	83,01	9,17	26,71
<u>CG2,8</u>	3	7,34	119,89	150,31	5,50	125,00	5,56	84,37	10,95	24,46
<u>CG4,7</u>	4	7,01	125,66	158,70	7,83	135,13	9,50	83,14	3,71	28,35
<u>CG3,8</u>	5	6,26	120,98	157,78	6,36	125,08	5,10	80,07	7,31	22,26
<u>CG3,5</u>	6	5,98	128,47	165,43	0,96	138,20	11,25	81,79	5,74	21,83
<u>CG1,3</u>	7	5,97	124,47	162,61	8,99	129,15	4,85	81,66	4,06	24,21
<u>CG3,7</u>	8	5,52	122,84	153,78	1,79	136,47	10,38	78,28	4,40	20,36
<u>CG4,6</u>	9	4,24	124,19	168,24	9,53	130,97	10,19	73,34	-7,01	24,24
<u>CG4,5</u>	10	4,12	128,23	171,68	7,33	130,93	5,59	82,08	-0,54	19,45
<u>CG2,6</u>	11	4,11	119,90	148,73	-1,91	129,88	8,34	81,10	5,89	12,78
<u>CG6,8</u>	12	4,03	122,04	162,24	4,13	126,51	5,02	77,38	2,96	15,33
<u>CG3,4</u>	13	3,76	117,60	145,86	-0,19	124,04	5,65	82,90	5,83	11,56
<u>CG4,8</u>	14	3,76	119,08	145,32	0,60	133,51	12,40	78,42	-1,73	16,08
<u>CG1,4</u>	15	3,31	121,63	149,42	2,83	132,17	7,51	83,31	-0,42	13,81
<u>CG5,8</u>	16	3,02	125,53	164,26	1,30	130,37	3,78	81,95	3,98	10,33
<u>CG2,4</u>	17	1,81	115,64	146,65	4,56	118,60	0,35	81,65	0,53	7,53
<u>CG2,5</u>	18	1,79	122,87	160,09	1,34	125,14	0,10	83,38	3,92	5,54
<u>CG5,6</u>	19	1,61	125,40	169,28	4,39	131,44	4,63	75,49	-4,21	10,35
<u>CG2,7</u>	20	1,37	117,55	149,38	2,88	124,48	0,04	78,79	1,18	5,30
<u>CG1,6</u>	21	1,26	121,78	160,20	2,26	125,48	0,69	79,66	0,82	5,14
<u>CG7,8</u>	22	1,23	118,75	155,06	3,79	124,54	-0,39	76,66	0,28	5,61
<u>CG1,2</u>	23	1,05	117,55	150,26	4,84	119,45	-3,64	82,95	1,94	4,54
<u>CG5,7</u>	24	0,99	125,40	162,58	-1,40	132,10	1,42	81,51	2,95	2,01
<u>CG6,7</u>	25	0,72	119,88	153,02	-3,48	129,50	3,52	77,12	2,11	0,86
<u>CG1,8</u>	26	0,37	117,62	146,74	-0,52	125,45	0,72	80,67	0,92	0,89
<u>CG1,7</u>	27	0,25	120,27	157,44	4,80	121,59	-5,87	81,77	1,82	1,90
<u>CG1,5</u>	28	-0,20	125,82	165,28	1,39	133,61	2,96	78,57	-4,96	2,36
G5	-	0,00	130,01	177,66	0,00	130,84	0,00	81,54	0,00	0,00
G1	-	0,00	120,29	148,35	0,00	128,71	0,00	83,80	0,00	0,00
G7	-	0,00	119,52	152,12	0,00	129,65	0,00	76,80	0,00	0,00
G4	-	0,00	114,31	142,25	0,00	117,17	0,00	83,52	0,00	0,00
G6	-	0,00	119,91	164,96	0,00	120,55	0,00	74,24	0,00	0,00
G8	-	0,00	114,38	146,66	0,00	120,39	0,00	76,08	0,00	0,00
G2	-	0,00	112,14	138,27	0,00	119,20	0,00	78,93	0,00	0,00
G3	-	0,00	113,60	150,04	0,00	117,63	0,00	73,15	0,00	0,00
Médias Anos	-	-	121,10	155,80	-	127,56	-	79,95	-	-

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: Comb. Gen.: combinação genotípica; ($\bar{\Delta}$ %): média das diferentes em porcentagem da produção da combinação em relação a autocompetição; TCH M: toneladas de cana ha⁻¹ médio nas três safras; Dif: diferença de produção em porcentagem em relação a autocompetição; P. Acum: diferença da produção acumulada nas três safras em TCH.

Para a variável de produção de açúcar, o G5 manteve a hegemonia individual com $16,91 \text{ t ha}^{-1}$, sendo o único cultivar puro a superar a média geral de $15,56 \text{ t ha}^{-1}$. Verificou-se que oito associações multigenóticas superaram a produtividade do segundo melhor genótipo puro (G7, com $16,05 \text{ t ha}^{-1}$), com destaque para o composto $\widehat{CG4,5}$, que atingiu $16,85 \text{ t ha}^{-1}$, aproximando-se do rendimento do líder isolado (Tabela 8).

Diferente do observado para TCH, o sistema de açúcar mostrou-se mais sensível a combinações inadequadas. Cinco associações apresentaram desempenho médio inferior à autocompetição: $\widehat{CG1,5}$, $\widehat{CG2,7}$, $\widehat{CG1,6}$, $\widehat{CG6,7}$, $\widehat{CG1,7}$ com perdas que variaram de -0,01% a -3,19%. Este cenário evidencia que a seleção aleatória de genótipos para sistemas multigenóticos pode comprometer a eficiência industrial, resultando em quedas de rendimento que ultrapassam a margem de erro individual.

A inconsistência temporal também foi observada na produção de açúcar. O composto $\widehat{CG3,6}$, apesar de ocupar a terceira posição no ranking geral, iniciou o ciclo com perda na cana-planta (-0,93%), mas apresentou uma recuperação excepcional na primeira soca (19,40%) e segunda soca (7,25%). Outro exemplo de oscilação foi a combinação $\widehat{CG4,8}$, que embora tenha tido ganhos nos anos iniciais, apresentou perda de -1,90% na última safra. A combinação $\widehat{CG2,5}$ também demonstrou instabilidade, com um primeiro ano positivo, seguido de queda na primeira soca (-5,39%) e forte recuperação na segunda (7,39%).

Seguindo o critério de elite para TAH (ganho > 3,6% sobre a autocompetição), as cinco melhores combinações foram $\widehat{CG3,8}$, $\widehat{CG3,5}$, $\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG1,3}$, $\widehat{CG2,8}$. O ganho médio acumulado desse grupo representaria um incremento de $3,93 \text{ t ha}^{-1}$ de açúcar em relação ao sistema de monocultivo ao final das três safras. Quanto à consistência anual, as combinações $\widehat{CG3,8}$, $\widehat{CG1,3}$, $\widehat{CG2,8}$ foram as únicas do grupo de elite a manter ganhos superiores ao critério de 3,6% em todas as safras avaliadas, enquanto $\widehat{CG3,5}$, $\widehat{CG3,6}$ apresentaram maior sensibilidade na safra inicial, consolidando sua superioridade produtiva nos anos de soca.

Tabela 7 – Classificação das combinações genotípicas em porcentagem de diferença em relação a autocompetição para toneladas de açúcar por hectare (TAH) na média das três safras.

Comb. Gen.	Clas.	Δ (%)	TAH M.	Cana Planta		1° Soca		2° Soca		P. Acum.
				TAH	Dif.)	TAH	Dif.	TAH	Dif.	
<u>CG3,8</u>	1	9,18	15,10	18,77	8,70	15,93	14,87	10,60	3,96	4,42
<u>CG3,5</u>	2	8,92	16,45	20,29	2,77	17,91	18,78	11,17	5,21	4,51
<u>CG3,6</u>	3	8,57	15,71	19,04	-0,93	17,12	19,40	10,97	7,25	3,94
<u>CG1,3</u>	4	8,17	15,63	18,94	6,81	16,63	11,39	11,31	6,30	3,90
<u>CG2,8</u>	5	6,48	15,35	18,49	5,37	16,17	6,22	11,40	7,86	2,90
<u>CG2,3</u>	6	5,84	15,26	17,77	1,27	16,85	10,68	11,16	5,59	2,65
<u>CG3,7</u>	7	5,53	15,51	18,61	0,72	17,21	12,36	10,71	3,51	2,64
<u>CG5,8</u>	8	5,39	16,35	20,73	2,38	16,84	9,30	11,48	4,49	2,58
<u>CG4,5</u>	9	5,07	16,85	21,85	7,34	17,04	5,04	11,65	2,84	2,79
<u>CG3,4</u>	10	4,72	14,79	17,38	-0,02	15,62	6,44	11,36	7,75	1,88
<u>CG4,8</u>	11	4,47	15,30	17,97	0,46	17,24	14,86	10,71	-1,90	2,44
<u>CG6,8</u>	12	4,11	15,60	20,16	2,23	15,69	6,92	10,94	3,18	1,88
<u>CG4,7</u>	13	3,53	16,12	20,17	5,63	16,84	2,33	11,36	2,63	1,83
<u>CG4,6</u>	14	3,23	16,17	21,75	9,68	16,63	7,38	10,14	-7,36	2,59
<u>CG2,6</u>	15	3,20	15,60	18,75	-3,80	16,70	6,37	11,34	7,03	1,15
<u>CG1,4</u>	16	2,90	15,72	18,83	2,62	16,84	4,80	11,50	1,26	1,45
<u>CG1,2</u>	17	2,31	15,34	18,48	2,60	15,61	-4,12	11,94	8,44	0,85
<u>CG2,4</u>	18	1,84	15,12	18,63	5,49	15,34	-4,34	11,39	4,36	0,85
<u>CG7,8</u>	19	1,37	15,31	19,33	1,87	15,59	-0,37	11,00	2,59	0,59
<u>CG5,7</u>	20	1,28	16,33	20,27	-2,12	16,93	2,81	11,79	3,15	0,42
<u>CG2,5</u>	21	1,04	15,86	20,24	1,11	15,55	-5,39	11,79	7,39	0,26
<u>CG1,8</u>	22	0,43	14,87	17,56	-3,68	16,09	5,46	10,96	-0,50	0,18
<u>CG5,6</u>	23	0,36	16,41	21,76	-1,95	16,69	5,09	10,79	-2,06	0,20
<u>CG1,5</u>	24	-0,01	16,17	20,03	-3,24	17,19	4,35	11,30	-1,14	-0,03
<u>CG2,7</u>	25	-0,23	15,27	18,75	-0,04	15,93	-4,49	11,13	3,84	-0,30
<u>CG1,6</u>	26	-0,48	15,50	19,49	-3,43	15,80	0,41	11,22	1,59	-0,43
<u>CG6,7</u>	27	-1,00	15,68	19,54	-6,62	16,78	4,03	10,71	-0,41	-0,66
<u>CG1,7</u>	28	-3,19	15,26	19,18	-1,35	15,60	-6,65	10,99	-1,57	-1,47
G5	-	0,00	16,91	22,72	0,00	16,62	0,00	11,40	0,00	0,00
G7	-	0,00	16,05	20,19	0,00	17,10	0,00	10,87	0,00	0,00
G6	-	0,00	15,82	21,67	0,00	15,15	0,00	10,63	0,00	0,00
G1	-	0,00	15,49	18,69	0,00	16,32	0,00	11,46	0,00	0,00
G4	-	0,00	15,03	18,00	0,00	15,82	0,00	11,26	0,00	0,00
G2	-	0,00	14,71	17,32	0,00	16,25	0,00	10,56	0,00	0,00
G8	-	0,00	14,18	17,77	0,00	14,20	0,00	10,57	0,00	0,00
G3	-	0,00	13,37	16,77	0,00	13,53	0,00	9,82	0,00	0,00
Médias Anos	-	-	15,56	19,33	-	16,26	-	11,10	-	-

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: Comb. Gen.: combinação genotípica; (Δ %): média das diferentes em porcentagem da produção da combinação em relação a autocompetição; TCH M: toneladas de açúcar ha⁻¹ médio nas três safras; Dif: diferença de produção em porcentagem em relação a autocompetição; P. Acum: diferença da produção acumulada nas três safras em TAH.

3.4 DISCUSSÃO

A significância observada para a fonte de variação “Grupo” na Tabela 6 constitui um dos resultados mais consistentes deste capítulo, pois confirma que a produtividade em sistemas multigenotípicos é baseada por mecanismos de complementaridade

funcional que superam o potencial do manejo monoclonal. Esse fenômeno, caracterizado como *overyielding*, ocorre quando o desempenho das combinações supera a média de seus componentes puros, o que demonstra a aplicação do método da Patente BR102024020180-9 (Pavan *et al.*, 2026) como uma ferramenta de eficiência produtiva. Conforme discutido por Loreau e Hector (2001) e Tilman *et al.* (2001), esse ganho produtivo é fruto de interações positivas que permitem a identificação de combinações superiores sem a necessidade de acréscimo proporcional no uso de insumos.

O efeito significativo da “Saфра” reflete a variabilidade ambiental e o esgotamento fisiológico natural das soqueiras ao longo das safras produtivas, comportamento amplamente reportado na literatura de cana-de-açúcar por Silva *et al.* (2008) e Dias *et al.* (2019). No entanto, é fundamental destacar que, embora a produtividade geral tenha caído na segunda safra, os genótipos puros sofreram uma redução de aproximadamente 5,8% a mais do que as combinações de Alta Performance. Esse dado sugere que os sistemas multigenotípicos promovem uma estabilidade sistêmica e heterogeneidade espacial que permite a manutenção da produtividade mesmo sob estresse. Esse mecanismo é amparado pela Teoria do Seguro Biológico, na qual a diversidade genética atua como um nivelador, onde um genótipo compatível ocupa as lacunas de recursos deixadas por outro, garantindo a sobrevivência e o crescimento do sistema como um todo, conforme corroborado por Wolff *et al.* (2024) e Pietrusińska-Radzio *et al.* (2025).

Em contraste com a ideia de estabilidade temporal absoluta, a alta significância observada para as interações entre as capacidades geral (CGC) e específica de competição (CEC) com as safras (Tabela 6) comprova a existência de variabilidade genética nessas capacidades, mas evidencia que elas flutuam conforme as safras. Essa instabilidade temporal corrobora a necessidade de avaliações em múltiplas safras, uma diretriz fundamental no melhoramento de cana-de-açúcar para garantir a seleção de genótipos com performance estável frente ao esgotamento fisiológico das soqueiras e às variações climáticas (Silva *et al.*, 2008; Dias *et al.*, 2019; Salinas-Ruiz *et al.*, 2022).

A significância das interações dessas capacidades com as colheitas (CGC x Safra e CEC x Safra) evidencia que o comportamento competitivo e sinérgico dos genótipos é dinâmico e modulado pelo ambiente de cada safra. Essa dinâmica reforça que a identificação de combinações genotípicas de Alta Performance, com ganhos

superiores a 7% para TCH e TAH (conforme detalhado nas Tabelas 7 e 8), depende fundamentalmente das interações fenotípicas perante as variações ambientais. Conforme defendido por Ferreira *et al.* (2024), ignorar esses Efeitos Genotípicos Indiretos (IGEs) — que representam a influência dos genes de um indivíduo sobre o fenótipo de seus vizinhos — pode levar a erros graves de seleção, uma vez que genótipos individualmente agressivos podem suprimir vizinhos e reduzir a eficiência produtiva de todo o conjunto em safras específicas. Portanto, os dados da Tabela 6 validam que o “Grupo” multigenotípico é estatisticamente superior, desde que a seleção seja orientada por modelos preditivos que compreendam essa interação genótipo-ambiente, buscando minimizar a sobreposição de nichos e maximizar a sinergia entre os componentes.

Os resultados obtidos para a produção de toneladas de cana por hectare (TCH) quanto para toneladas de açúcar por hectare (TAH), revelam que a produtividade em sistemas multigenotípicos é amparada por mecanismos de complementaridade funcional que supera o potencial monoclonal. A identificação de um grupo de Alta Performance $\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG4,7}$, $\widehat{CG3,8}$ com um incremento médio de 7,08% evidência a ocorrência de *overyielding*. Onde o desempenho das combinações supera a média de seus genótipos puros, não é uma exclusividade da cana-de-açúcar, tendo sido descrita em diversas culturas como soja (Bisognin *et al.*, 1995), aveia (Helland; Holland, 2001) e feijão (Mastrantonio *et al.*, 2004). O fato do modelo baseado na Patente BR102024020180-9 (Pavan *et al.*, 2026) ter permitido discriminar as melhores combinações e permitido a seleção reforça importância de adoção de modelos eficientes na seleção de compostos multigenotípicos, assim permitindo que a diversificação genética seja uma ferramenta de eficiência produtiva e baixo custo.

O comportamento do genótipo 5 embora tenha sido o melhor genótipo em produtividade monoclonal ($130,01 \text{ t ha}^{-1}$), ele não predominou nas combinações de Alta Performance. Esse resultado contrasta das observações de Candido *et al.* (2009), na qual a divergência reside na escala experimental: Candido, utilizou parcelas de cinco linhas de 8 metros espaçadas de 1,5 metros entre linhas, onde as três linhas centrais permanecem em autocompetição exclusiva, mascarando os efeitos de vizinhança. Em contrapartida, o delineamento de Perecin *et al.* (1997) adotado nesta tese prioriza a interação direta e o contato físico máximo entre genótipos vizinhos.

Para maximizar os plantios multigenotípicos o desempenho do plantio depende da forma que os genótipos interagem entre si e não podem ser previstos por análises individuais (Pavan, *et al.*, 2021). Essa interação é o que permite a expressão dos Efeitos Genotípicos Indiretos (IGEs), que representam a influência dos genes de um indivíduo sobre o fenótipo de seu vizinho. Segundo Ferreira *et al.* (2024), negligenciar os IGEs compromete a assertividade das combinações, pois genótipos individualmente agressivos, como o 5, podem suprimir vizinhos e reduzir a produtividade de todo conjunto. No setor sucroenergético, essa proximidade extrema torna-se tecnicamente viável através de novas tecnologias, como sistemas de plantio mecanizado de precisão e o uso de sementes sintéticas desenvolvidas pelo Centro de Tecnologia Canavieira (CTC, 2026).

A superioridade produtiva de combinações multigenotípicas é baseada na harmonia arquitetural e na complementaridade de nichos. Enquanto genótipos excessivamente semelhantes sofrem supressão mútua por competirem pelos mesmos recursos de luz e nutrientes, a combinação genotípica de cultivares eleva a produtividade e a estabilidade ao permitir que processos de facilitação superem a competição (Huang *et al.*, 2024). Para garantir essa interação e a adaptabilidade frente a estresses, é essencial selecionar genótipos diversos que otimizem o uso do ambiente (Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025).

Assim, o sistema atinge alta eficiência quando a diversidade funcional minimiza a sobreposição de nichos, superando as limitações dos monocultivos. Utilizando modelagem funcional-estrutural, demonstraram que a diversidade em dimensões foliares e capacidade de perfilhamento são os principais motores da eficiência em misturas, superando a influência da altura da planta isolada (Blanc *et al.*, 2021). Porém é necessário maiores estudos fisiológicos e moleculares para compreender como a interação entre genótipos de cana-de-açúcar ocorre, e assim podendo estabelecer modelos de seleção que já identifiquem genótipos promissores para plantios multigenotípicos antes de mesmo da testagem final em modelos específicos para tal. Uma abordagem desta maneira permitiria testar genótipos em modelos multigenotípicos com tendência a se adaptarem ao sistema de plantio podendo potencializar ainda mais os ganhos obtidos.

As combinações de Alta Performance identificadas, como exemplo $\widehat{CG3,6}$, podem demonstrar uma distribuição eficiente do Índice de Área Foliar (LAI), de acordo

com a meta-análise global de Huang *et al.* (2024), promove um aumento médio de 7,2% no LAI e 8,5% na taxa fotossintética coletiva em comparação aos monocultivos. Enquanto um genótipo pode apresentar emissão de perfilhos mais rápido, o outro pode sustentar o crescimento foliar por mais tempo, evitando o autossombreamento excessivo e a regressão de perfilhos, fator crítico para a manutenção do estande em socas, conforme discutido por Blanc *et al.* (2021) utilizando modelagem funcional-estrutural.

Genótipos que foram inconsistentes ou negativos em determinados anos, como exemplo $\widehat{CG4,6}$, podem ter sofrido de uma “incompatibilidade temporal”, conforme descrito por Cope e Newton (2025), as vantagens das misturas variam significativamente dependendo das condições ambientais e do manejo adotado em cada safra, devendo proceder com as seleções além da produtividade e porcentagem média a estabilidade de produção da combinação ao longo das safras. O comportamento ecológico de um genótipo pode se tornar agressivo demais sob condições de estresse hídrico, exercendo Efeitos Genotípicos Indiretos (IGEs) negativos que suprimem o parceiro vizinho. De acordo com Ferreira *et al.* (2024) a competição pode induzir erros de seleção e perdas de produtividade em arranjos multigenotípicos.

Ao analisar o potencial de incremento por variável, foi observado que as cinco melhores combinações para a produção de açúcar (TAH) — compostas por $\widehat{CG3,8}$, $\widehat{CG3,5}$, $\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG1,3}$ e $\widehat{CG2,8}$ — apresentaram um incremento médio de 8,26% em relação ao monocultivo. Para a produtividade de colmos (TCH), o grupo de Alta Performance ($\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG2,3}$, $\widehat{CG2,8}$, $\widehat{CG4,7}$ e $\widehat{CG3,8}$) alcançou média de 7,29%. É relevante destacar que três dessas combinações ($\widehat{CG3,6}$, $\widehat{CG2,8}$ e $\widehat{CG3,8}$) são coincidentes em ambas classificações, demonstrando sinergia tanto para volume de biomassa quanto para acúmulo de sacarose. Individualmente, a combinação $\widehat{CG3,8}$ se destacou com o maior ganho para TAH (9,18%), mantendo um incremento estável de 6,26% para TCH, o que reforça a eficiência do modelo preditivo em identificar materiais com Alta Performance industrial. De acordo com Wu *et al.* (2024), a base biológica para o alto teor de açúcar envolve a regulação de genes ligados à fixação de carbono e ao metabolismo de amido e sacarose, que fornecem energia para o crescimento e acúmulo de matéria seca, tais genes podem ter sua expressividade afetada de forma diferenciada conforme o vizinho.

Os genótipos, ao detectarem um vizinho geneticamente distinto e não supressor, alteram sua partilha de biomassa como estratégia de alocação de recursos. Conforme observado por Ferreira *et al.* (2024), a interação entre plantas pode ser mediada pela capacidade de reconhecimento de parentesco e pela disponibilidade de nutrientes no solo. Sob pressão de competição, o genótipo pode priorizar mais em materiais de reserva (sacarose) para garantir a sobrevivência e a rebrota nas próximas safras, um mecanismo de compensação em que a diferença na resposta ao estresse estabiliza a produção. Wuest *et al.* (2023) identificaram que variações em genes específicos (como o *AtSUC8* - *Arabidopsis thaliana* L.) ligados à fisiologia radicular podem impulsionar o rendimento coletivo através de uma exploração mais eficiente do perfil do solo.

O modelo patenteado visa identificar esses pares que maximizam a exploração de recursos edáficos e aéreos, demonstrando uma cooperação biológica em ganhos de produtividade industrial, corroborando com o estudo de Huang *et al.* (2024) sobre o aumento global da eficiência no uso de recursos em misturas de cultivares.

A predição demonstrou que os genótipos puros sofreram uma redução de produtividade da primeira para a segunda safra de aproximadamente 5,8% a mais do que as combinações de Alta Performance, demonstrando a manutenção da estabilidade produtiva, trazendo implicações diretas para a viabilidade econômica das usinas. Segundo Wolff *et al.* (2024), o aumento da variação genética intragenotípica promove a estabilidade sistêmica ao criar uma heterogeneidade espacial nas combinações.

Genótipos que sofreriam falhas em um monocultivo encontram, na combinação, lacunas de recursos deixadas por vizinhos compatíveis, garantindo a sobrevivência e o crescimento do sistema como um todo. Corroborando com Pietrusińska-Radzio *et al.* (2025), essa diversificação é uma modelagem para a agricultura sustentável frente às incertezas climáticas, transformando o que antes era tratado como erro experimental — a competição — em um componente genético explorável para a longevidade do canavial.

Por fim, as discussões realizadas reforçam que as vantagens das combinações são dependentes da interação Genótipo x Ambiente x Manejo. Como descrito por Cope e Newton (2025), a performance dos genótipos pode variar conforme a disponibilidade de recursos e o estresse ambiental de cada safra. No entanto, a estabilidade das combinações de Alta Performance em manter ganhos recorrentes ao

longo de três safras sugere que o uso de sistemas multigenotípicos como uma inovação técnica necessária para elevar a eficiência do setor sucroenergético. Sendo que as melhores combinações genótípicas têm que possuir simultaneamente superioridade em relação aos genótipos em autocompetição e estabilidade da superioridade ao longo das safras para ambas as características.

3.5 CONCLUSÃO

- Foi possível prever a produção de compostos multigenotípicos em cana-de-açúcar de maturação precoce, e a abordagem metodológica permitiu discriminar com precisão as combinações promissoras das não promissoras;
- O rendimento em sistemas multigenotípicos depende das interações entre genótipos, e não apenas do potencial isolado, permitindo elevar os ganhos até de cultivares inferiores. Identificar essas combinações ideais é essencial para o planejamento do sistema, exigindo validação em maior escala experimental.
- Dentre as combinações que superaram os critérios de superioridade (incremento > 5% e desempenho sempre positivo) para ambas as características, se destacou cinco melhores combinações de Alta Performance: $\overline{CG2,3}$, $\overline{CG2,8}$, $\overline{CG3,8}$, $\overline{CG3,5}$, $\overline{CG1,3}$. Essa performance resultou em uma produtividade acumulada adicional de 23,89 t ha⁻¹ de colmos e 3,68 t ha⁻¹ de açúcar ao final de três safras, consolidando-as como as opções mais estáveis e produtivas do sistema multigenotípico.

REFERÊNCIAS

- BISOGNIN, D. A. *et al.* Competição intergenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 7, p. 947-955, jul. 1995. Disponível em: <https://seer.sct.embrapa.br/article/4382/1668>. Acesso em: 16 jan. 2026.
- BLANC, E. *et al.* Functional–Structural Plant Modeling Highlights How Diversity in Leaf Dimensions and Tillering Capability Could Promote the Efficiency of Wheat Cultivar Mixtures. *Frontiers In Plant Science*, [S.L.], v. 12, p. 1-15, 29 set. 2021. **Frontiers Media SA**. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2021.734056>. Acesso em: 27 mar. 2026.
- CALLAWAY, R. M. Positive interactions among plants. **The Botanical Review**, Missoula, v. 61, n. 4, p. 306-349, out. 1995. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/bf02912621>. Acesso em: 10 abr. 2026.
- CANDIDO, L. S. *et al.* Análise de vizinhança na avaliação de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.L.], v. 44, n. 10, p. 1304-1311, out. 2009. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-204x2009001000014>.
- COPE, J. E.; NEWTON, A. C. Performance of elite and heritage germplasm in barley genotype mixtures: effects on yield and disease under diverse management scenarios. **Agronomy for Sustainable Development**, [s. l.], v. 45, n. 52, ago. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13593-025-01049-8>.
- Cruz, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- CTC – CENTRO DE TECNOLOGIA CANAVIEIRA. **Projeto Semente Sintética**. Piracicaba: CTC, 2026. Disponível em: <https://ctc.com.br/pesquisa-e-inovacao/projeto-sementes/>. Acesso em: 13 maio 2026.
- DIAS, H. B.; SENTELHAS, P. C. Dimensioning the Impact of Irrigation on Sugarcane Yield in Brazil. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 21, p. 29–37, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12355-018-0619-x>.
- DONALD, C. M. *et al.* Competition Among Crop and Pasture Plants. **Advances In Agronomy**, [S.L.], p. 1-118, 1963. Elsevier. [http://dx.doi.org/10.1016/s0065-2113\(08\)60397-1](http://dx.doi.org/10.1016/s0065-2113(08)60397-1).
- FASOULA, D. A.; FASOULA, V. A. Competitive ability and plant breeding. **Plant breeding reviews**, p. 89-138, 2010.
- FERNANDES, A. C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. Piracicaba: Stab, 2003. v. 1.
- FERREIRA, F. M. *et al.* Competition effects can mislead selection in eucalypt breeding trials. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 561, 121892, 2024. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378112724002044>. Acesso em: 12 fev. 2026.

GERALDI, I. O.; MIRANDA-FILHO, J. B. de. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Piracicaba, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

HARPER, J. L. **Population Biology of Plants**. London: Academic Press, 1977.

HELLAND, S. J.; HOLLAND, J. B. Blend response and stability and cultivar blending ability in oat. **Crop Science**, [s. l.], v. 41, n. 6, p. 1689-1696, 2001. DOI: 10.2135/cropsci2001.1689.

HOOVER, D. U. *et al.* Effects of biodiversity on ecosystem functioning: a consensus of current knowledge. **Ecological Monographs**, [S.L.], v. 75, n. 1, p. 3-35, fev. 2005. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1890/04-0922>. Acesso em: 27 mar. 2026.

HUANG, T. *et al.* Cultivar mixtures increase crop yields and temporal yield stability globally: A meta-analysis. **Agronomy for Sustainable Development**, [s. l.], v. 44, n. 3, p. 28, abr. 2024. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13593-024-00964-6>.

LOREAU, M.; HECTOR, A. Partitioning selection and complementarity in biodiversity experiments. **Nature**, [s. l.], v. 412, n. 6842, p. 72-76, 2001. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35083573>. Acesso em: 07 fev. 2026.

MASTRANTONIO, J. J. S. *et al.* Interferência em misturas de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 2, p. 373-377, abr. 2004. DOI: 10.1590/S0103-84782004000200006.

PAVAN, B. E. *et al.* Competitive ability among Eucalyptus spp. commercial clones in Mato Grosso do Sul state. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 494, p. 119297, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119297>.

PAVAN, B. E. *et al.* **Método para predição e seleção de compostos multigenotípicos para culturas agrícolas e florestais**. 7 abr. 2026. Disponível em: <https://busca.inpi.gov.br/pePl/servlet/ImagemDocumentoPdfController?CodDiretoria=200&NumeroID=b78341255e95f43eaf1bb8a20b18d66e7f4f5a220a4c2a123d874b3f356ef1b7&certificado=undefined&numeroProcesso=&ipasDoc=undefined&codPedido=1752590>. Acesso em: 15 mai. 2026.

PEEL, M. C. *et al.* Updated world map of the Köppen-Geiger climate classification. **Hydrology and Earth System Sciences**, [s. l.], v. 11, n. 5, p. 1633-1644, 2007. DOI: <https://doi.org/10.5194/hess-11-1633>.

PERECIN, D. *et al.* Um delineamento para avaliações de auto e alocompetição em plantas. **Revista de Matemática e Estatística**, São Paulo, v. 15, p. 195-200, 1997.

PIETRUSIŃSKA-RADZIO, A. *et al.* The Role of Plant Genetic Resources and Grain Variety Mixtures in Building Sustainable Agriculture in the Context of Climate Change. **Sustainability**, Blonie, Poland, v. 17, n. 21, p. 9737, 31 out. 2025. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/su17219737>.

ROMÃO, K. D. C. S. *et al.* Multi-site comparison of clonal arrangements for tropical and subtropical hybrids of Eucalyptus. **Industrial Crops and Products**, [s. l.], v. 197, p. 116536, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116536>.

SCARPINATI, E. A. *et al.* Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de *Eucalyptus* spp. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 4, p. 769-776, ago. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622009000400020>.

SALINAS-RUÍZ, J. *et al.* Selection and Fitting of Mixed Models in Sugarcane Yield Trials. **Agriculture**, Veracruz, v. 12, n. 3, p. 416, 16 mar. 2022. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/agriculture12030416>.

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

SILVA, M. D. A. *et al.* Yield components as indicators of drought tolerance of sugarcane. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 6, p. 620-627, nov./dez. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-90162008000600008>.

TILMAN, D. *et al.* Diversity and productivity in a long-term grassland experiment. **Science**, [s. l.], v. 294, n. 5543, p. 843-845, 2001. Disponível em: <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.1060391>. Acesso em: 09 mar. 2026.

WEINER, J. Asymmetric competition in plant populations. **Trends in Ecology & Evolution**, [s. l.], v. 5, n. 11, p. 360–364, 1990.

WOLFF, B. *et al.* Impact of intraspecific genetic variation on interspecific competition: a theoretical case study of forage binary mixtures. **Frontiers in Plant Science**, Lusignan, v. 15, p. 1-17, 30 set. 2024. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2024.1356506>.

WU, Q. *et al.* Theory to practice: a success in breeding sugarcane variety YZ08–1609 known as the King of Sugar. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 15, p. 1413108, maio 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1413108>.

WUEST, S. E. *et al.* Single-gene resolution of diversity-driven *overyielding* in plant genotype mixtures. **Nature Communications**, [S.L.], v. 14, n. 1, p. 1-11, 8 jun. 2023. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1038/s41467-023-39130-z>.

4. CAPÍTULO 3. VALIDAÇÃO DA PREDIÇÃO E SELEÇÃO DE COMPOSTOS MULTIGENOTÍPICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR DE MATURAÇÃO PRECOCE.

RESUMO

Para que modelos preditivos baseados em interações genotípicas possam ser incorporados de forma confiável ao manejo varietal, é fundamental que sua capacidade seletiva seja validada em condições reais de cultivo. O presente capítulo teve como objetivo validar a seleção por modelo preditivo e indicar combinações promissoras para plantios multigenotípicos em cana-de-açúcar de maturação precoce. O experimento foi conduzido em Suzanópolis-SP, utilizando o sistema de espaçamento duplo alternado (1,5 x 0,9 m), e contou com 24 tratamentos, englobando monocultivos e combinações multigenotípicos de Alta, Intermediária e Baixa Performance. Os resultados da análise de variância revelaram efeitos altamente significativos para tratamentos e safras. A eficiência da modelagem (Patente BR102024020180-9) foi confirmada pela obtenção de uma Herdabilidade Realizada (H_{real}) de 50,76% para a produtividade de colmos (TCH) e 61,72% para a de açúcar (TAH). Esses índices demonstram que a superioridade predita foi efetivamente transferida para o campo, resultando em ganhos de seleção realizado $GS_r/GS_{r\%}$ de 5,26 t ha⁻¹ em TCH (4,23%) e 0,56 t ha⁻¹ em TAH (3,71%). A classificação confirmou a alta acurácia do método ao posicionar as combinações de “Alta Performance” no topo da classificação, enquanto os de “Baixa Performance” ocuparam as últimas posições. A validação corrobora a eficácia do método como ferramenta de predição, demonstrando que a dinâmica intergenotípica é um componente explorável e capaz de elevar a eficiência e a sustentabilidade do setor sucroenergético.

Palavras-chave: ganhos de seleção realizado; herdabilidade realizada; interações genotípicas; modelos preditivos.

ABSTRACT

For predictive models based on genotypic interactions to be reliably incorporated into varietal management, it is essential that their selective capacity be validated under actual crop conditions. This chapter aimed to validate predictive model-based selection and identify promising combinations for multi-genotypic plantings in early-cycle sugarcane. The experiment was conducted in Suzanápolis-SP, Brazil, using an alternating dual-row spacing system (1.5 x 0.9 m), and comprised 24 treatments, encompassing monocultures and multi-genotypic compositions of high, medium, and low performance. The results from the analysis of variance revealed highly significant effects for both treatments and crop cycles. The efficiency of the modeling approach (Patent BR102024020180-9) was confirmed by achieving a Realized Heritability (H_{real}) of 50.76% for stalk yield (TCH) and 61.72% for sugar yield (TAH). These indices prove that the predicted superiority was effectively transferred to the field, resulting in realized selection gains $GS_r/GS_{r\%}$ of 5.26 t ha⁻¹ for TCH (4.23%) and 0.56 t ha⁻¹ for TAH (3.71%). The classification confirmed the high accuracy of the method by positioning the 'High Performance' compositions at the top of the ranking, while the 'Low Performance' ones occupied the lowest positions. This validation corroborates the efficacy of the method as a predictive tool, demonstrating that intergenotypic dynamics constitute an exploitable genetic component capable of increasing the efficiency and sustainability of the sugar-energy sector.

Keywords: realized selection gain, realized heritability, genotypic interactions, predictive models.

4.1 INTRODUÇÃO

A competição interfere nas capacidades produtivas de diferentes culturas e genótipos (Bianchi *et al.*, 2006; Pavan *et al.*, 2021), sendo a cana-de-açúcar uma cultura altamente responsiva a essa competição (Mendes, 2015; Ferreira *et al.*, 2024). Estas interações intergenotípicas ocorrem de forma positiva ou negativa, capazes de alterar o desempenho morfofisiológico e a produtividade das plantas, reforçando a necessidade de métodos estatísticos que identifiquem e selecionem as combinações de genótipos superiores (Wandscheer *et al.*, 2013; Ferreira *et al.*, 2024).

O processo seletivo moderno no melhoramento vegetal é precedido pelo desenvolvimento e validação de modelos estatísticos (Resende, 2008), fundamental para lidar com genótipos competitivos e interações ambientais. As estimativas e previsões geradas por esses modelos são validadas em diversas culturas — incluindo soja, milho, eucalipto e a própria cana-de-açúcar — permitindo que as abordagens com maior poder preditivo sejam adotadas (Almeida *et al.*, 2022; Ferreira *et al.*, 2024). Assim, metodologias de seleção devem ser validadas quanto à sua acurácia seletiva, garantindo que os ganhos genéticos observados em ensaios experimentais sejam efetivamente convertidos em produtividade e estabilidade no campo.

A modelagem estatística no melhoramento vegetal permite o desenvolvimento de abordagens capazes de reduzir o ruído ambiental e representar de forma mais precisa a variabilidade genética. Ferreira *et al.* (2024) demonstraram que a exclusão dos efeitos genéticos indiretos (IGEs) — relacionados à influência genética que um indivíduo exerce sobre seus vizinhos — compromete a classificação de combinações genotípicas e reduz a eficiência da seleção precoce, induzindo a erros na escolha de combinações de Alta Performance.

Para que modelos preditivos baseados em compostos varietais sejam incorporados à recomendação agrônômica comercial, é fundamental validar sua capacidade de seleção em condições reais de cultivo. A assertividade de abordagens preditivas depende da consistência de suas estimativas frente à variação ambiental e experimental, uma vez que o desempenho fenotípico de genótipos e combinações pode ser alterado em função da interação com o ambiente (Allard; Bradshaw, 1964; Annicchiarico, 2002).

Os resultados obtidos nos capítulos anteriores desta tese demonstraram que as interações entre genótipos de cana-de-açúcar exercem influência significativa sobre o

rendimento agrícola em sistemas multigenotípicos, evidenciando que determinadas combinações promovem incrementos consistentes de produtividade em relação ao cultivo intragenotípico e que a aplicação de uma abordagem preditiva baseada nessas interações permite classificar e selecionar compostos com elevado potencial agrônomo (Martins *et al.*, 2014; Scarpinati *et al.*, 2009; Pavan *et al.*, 2019).

A verificação da assertividade dessa classificação é tecnicamente validada pela herdabilidade realizada, parâmetro que permite distinguir quanto da variabilidade observada é puramente genética, atuando como um filtro contra o ruído ambiental que poderia distorcer a classificação das combinações genotípicas (Mendes, 2015; Bessalho Filho *et al.*, 2007).

Nesse contexto, a herdabilidade realizada atua como a ferramenta de confirmação da eficiência seletiva obtida via análise de variância, permitindo aferir se o modelo capturou a real resposta biológica (Resende *et al.*, 1995; Mendes, 2015).

Em relação ao efetivo ganho de produção, esse parâmetro representa a segurança estatística de que o diferencial de seleção observado resultará em progresso genético real, assegurando incrementos em Toneladas de Cana por Hectare (TCH) e estabilidade produtiva em escala comercial, minimizando o risco de recomendação de “falsos positivos” (Resende *et al.*, 1995; Ferreira *et al.*, 2024). A validação experimental de compostos previamente selecionados constitui, assim, a etapa essencial para confirmar a aplicabilidade prática da metodologia proposta como alternativa viável ao manejo varietal convencional.

Diante do exposto, o presente capítulo teve como objetivo validar o desempenho de compostos multigenotípicos da cana-de-açúcar de maturação precoce, previamente selecionados por abordagem preditiva baseada na Patente BR102024020180-9 (Pavan *et al.*, 2026), avaliando sua resposta produtiva e parâmetros genéticos em condições de cultivo, a fim de verificar a consistência do modelo e consolidar sistemas de manejo varietal mais eficientes.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

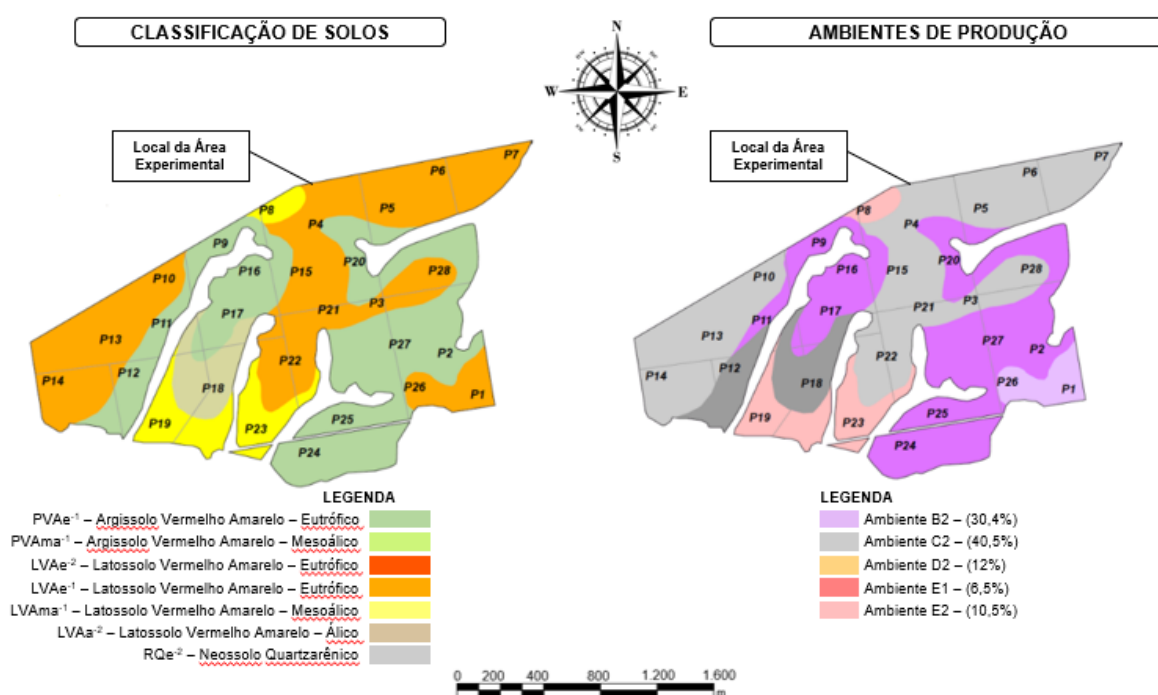
4.2.1 Localização e caracterização da área experimental

O ensaio de validação foi implantado em março de 2024, no município de Suzanápolis, região noroeste do estado de São Paulo, Brasil (latitude 20°39'18,22" S; longitude 51°07'11,76" W; altitude de 408 m). O clima regional, conforme a

classificação de Köppen (1936), é o Aw (tropical úmido), apresentando sazonalidade definida com invernos secos e verões chuvosos.

A área, anteriormente ocupada por pastagem, apresenta solo classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo Eutrófico típico (LVAe-1), de textura média (15 a 25% de argila), enquadrado no ambiente de produção C2 (Figura 3).

Figura 4 – Tipo de solo e ambiente de produção da área experimental de validação, Suzanópolis – SP.



Fonte: Elaborada pela autora.

4.2.2 Tratamentos, critérios de escolha e delineamento experimental

Para validar a assertividade da abordagem preditiva desenvolvida no Capítulo 2, foram avaliados 24 tratamentos, constituídos por oito genótipos de maturação precoce (1 a 8) e 16 combinações genotípicas do composto de 50% de cada genótipo. As combinações foram escolhidas de acordo com performance na predição e seleção via “Modelos de predição e seleção de compostos multigenotípicos para culturas agrícolas e florestais” (Pavan *et. al.*, 2026); de forma a representar todos os extratos de produtividade estimada e com a maior diversidade possível em cada extrato, fundamentada na classificação da primeira safra (safra cana planta ano 2023 para toneladas de açúcar por ha).

Os tratamentos foram agrupados nos seguintes grupos funcionais:

- A) Monocultivos: Os oito genótipos puros (1 a 8), utilizados como testemunhas e linha de base para o cálculo dos ganhos realizados.
- B) Combinações “Melhores” (Alta Performance): Combinações com as maiores estimativas de complementaridade funcional previstas pela patente.
- C) Combinações Intermediários: Materiais com capacidade de combinação moderada.
- D) Combinações “Piores” (Baixa Performance): Incluídos para testar a capacidade discriminatória do modelo. A presença deste grupo visa provar que a produtividade em sistemas multigenotípicos não é um fenômeno aleatório, mas dependente da especificidade da interação genótipo x genótipo e concomitantemente a assertividade da seleção.

Tabela 8 – Descrição dos 24 tratamentos utilizados para a validação da predição de sistemas multigenotípicos de cana-de-açúcar e suas respectivas classificações originais para Toneladas de Cana e de Açúcar por hectare (TCH e TAH) entre genótipos puros e compostos.

Grupos de Tratamentos	Combinação Genotípica	Tratamentos	TCH	TAH
Monocultivos – Puros ('P')	G1	1	2°	4°
	G2	2	7°	6°
	G3	3	8°	8°
	G4	4	4°	5°
	G5	5	1°	1°
	G6	6	5°	3°
	G7	7	3°	2°
	G8	8	6°	7°
Combinações – Alta Performance ('AP')	$\widehat{CG4,6}$	9	1°	1°
	$\widehat{CG4,5}$	10	3°	3°
	$\widehat{CG3,8}$	11	4°	2°
	$\widehat{CG4,7}$	12	2°	5°
	$\widehat{CG1,3}$	13	5°	4°
Combinações Intermediárias ('I')	$\widehat{CG6,8}$	14	7°	8°
	$\widehat{CG2,8}$	15	6°	6°
	$\widehat{CG3,5}$	16	7°	7°
	$\widehat{CG1,4}$	17	12°	9°
	$\widehat{CG7,8}$	18	9°	11°
	$\widehat{CG1,2}$	19	10°	10°
Combinações – Baixa Performance ('BP')	$\widehat{CG3,4}$	20	11°	12°
	$\widehat{CG2,6}$	21	14°	14°
	$\widehat{CG1,8}$	22	16°	13°
	$\widehat{CG6,7}$	23	15°	16°
	$\widehat{CG5,7}$	24	13°	15°

Fonte: Elaborada pela autora.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. Visando simular as condições reais de operação do setor sucroenergético, as parcelas foram instaladas em sistema de espaçamento duplo alternado (1,5 x 0,9 m), resultando em um espaçamento médio de 1,2 m. Cada parcela foi composta por três pares de linhas de 30 metros de comprimento, possuindo uma área total de 216 m² e uma área útil de 108 m².

4.2.3 Variáveis avaliadas

As avaliações foram planejadas para as safras de cana-planta (2025) e primeira soca (2026). As variáveis analisadas foram:

- A) Toneladas de Cana por Hectare (TCH): Estimada a partir do número de perfilhos por metro e da massa média dos colmos.
- B) Toneladas de Açúcar por Hectare (TAH): Calculada pela relação entre o TCH e ATR.

4.2.4 Análises estatísticas e parâmetros de eficiência seletiva

Inicialmente de posse dos dados procedeu-se com análise de variância em esquema fatorial de parcelas subdivididas, em que a parcela foi ano e as subparcelas os tratamentos descritos acima. Foi adotado o modelo estatístico fixo, no qual tanto o efeito de anos quanto o efeito de tratamentos (genótipos e combinações multigenóticas) foram considerados efeitos fixos. Identificada a significância entre os tratamentos foram efetuados os agrupamentos de médias pelo método de Scott-knott a 5% de probabilidade. Todas as análises estatísticas foram realizadas pelo programa GENES (Cruz, 2013).

Posteriormente, para a validação da Patente BR102024020180-9, o procedimento consistiu na comparação direta entre os valores preditos no Capítulo 2 e os valores observados no campo. Para quantificar a fidelidade genética e a assertividade do sistema, foram calculados os seguintes parâmetros:

- a) Diferencial de Seleção (*DSp*): Representa a superioridade média dos compostos multigenóticos selecionados em relação à média dos

monocultivos (testemunhas), nos dois primeiros anos de cultivo no experimento preditivo, dado por:

$$DS_p = \frac{1}{5} \sum \left[\bar{x}_{CG(x;y)} - \frac{(\bar{x}_{Gx} + \bar{x}_{Gy})}{2} \right]$$

Onde:

DS_p : Diferencial de seleção predito;

$\bar{x}_{CG(x;y)}$: Média da combinação genotípica;

$\bar{x}_{Gx}$: Média do genótipo “x” – monocultivo no experimento preditivo;

$\bar{x}_{Gy}$: Média do genótipo “y” – monocultivo no experimento preditivo;

- b) Ganho de Seleção da Predição em t ha⁻¹: Esse parâmetro expressa o incremento relativo de produtividade proporcionado pela combinação multigenotípica.

$$GS_{Est} = DS_p * h_{est}^2$$

Onde:

GS_{Est} : Ganho de seleção estimado no experimento preditivo; e

h_{est}^2 : Herdabilidade no sentido amplo estimada no experimento preditivo.

- c) Ganho de Seleção da Predição em Porcentagem ($GS_{est\%}$): Esse parâmetro expressa o incremento relativo de produtividade proporcionado pelo arranjo multigenotípico.

$$GS_{est\%} = \left(\frac{GS_{est}}{MG_{1c}} \right) * 100$$

Onde:

$GS_{\%}$: ganho de seleção em porcentagem obtido no experimento preditivo;

MG_{1c} : média geral do experimento preditivo.

- d) Ganho de Seleção Realizado (GS_r) em t ha⁻¹: Este parâmetro mensura o avanço fenotípico efetivo observado no ensaio de validação após a aplicação da pressão de seleção. Ele representa a superioridade real das combinações do grupo de “Alta Performance” em relação à média fenotípica da população original (monocultivos):

$$GS_r = \frac{1}{5} \sum \left[\bar{x}_{CG(x;y)} - \left(\frac{\bar{x}_{Gx} + \bar{x}_{Gy}}{2} \right) \right]$$

Onde:

GS_r : ganho de seleção realizado;

$\bar{x}_{CG(x;y)}$: Média da combinação genotípica no experimento de validação;

$\bar{x}_{Gx}$: Média do genótipo “x” – monocultivo no experimento de validação;

$\bar{x}_{Gy}$: Média do genótipo “y” – monocultivo no experimento de validação;

- e) Ganho de Seleção Realizado (GS_r) em porcentagem: Expressa o avanço fenotípico real em termos relativos, permitindo a comparação da eficiência seletiva entre diferentes variáveis produtivas (TCH e TAH):

$$GS_{r\%} = \left(\frac{GS_r}{MG_{2s}} \right) * 100$$

Onde:

$GS_{r\%}$: ganho de seleção realizado em porcentagem;

GS_{real} : ganho de seleção realizado;

MG_{2c} : média geral do experimento de validação.

- f) Herdabilidade Realizada (H_{real}): Utilizada para verificar a proporção do ganho predito que foi efetivamente transferida para o sistema de campo:

$$H_{real} = \left(\frac{GS_r}{DS_p} \right) * 100$$

Onde:

GS_r : ganho de seleção realizado;

DS_p : diferencial de seleção predito.

As análises de variância (ANOVA) e os agrupamentos de médias pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$) foram realizados no software GENES (Cruz, 2013).

4.3 RESULTADOS

Os resultados da análise de variância revelaram diferença significativa ($p < 0,01$) para os anos de colheita, tanto para TCH ($QM = 40.763,95$) quanto para TAH ($QM = 933,45$), demonstrando que as condições climáticas e fisiológicas variaram consideravelmente entre as safras, influenciando diretamente a produtividade de colmos e de açúcar.

Os tratamentos alocados nas subparcelas também apresentaram diferenças significativas ($p < 0,01$) para ambas as variáveis, descrevendo a existência de diferenças genótípicas nas combinações avaliadas. Além disso, a interação entre anos e tratamentos ($P \times S$) foi significativa ($p < 0,01$) para TCH e TAH, demonstrando que o desempenho produtivo dos genótipos não foi consistente ao longo das duas safras.

Os Coeficientes de Variação ($CV\%$) das subparcelas foram baixos (5,97% para TCH e 6,18% para TAH), indicando alta precisão experimental e confiabilidade dos dados. As estimativas de herdabilidade da média dos genótipos (h^2_{ms}) foram elevadas, sendo 78,09% para TCH e 62,02% para TAH. Esses valores, associados aos componentes quadráticos (σ_g) de 156,54 para TCH e 3,14 para TAH, indicam que a variação fenotípica observada é predominantemente de natureza genética.

A razão entre os coeficientes de variação genotípica e ambiental ($CV_r(\%)$) foi de 1,78 para TCH e 2,02 para TAH. No melhoramento genético, valores de $CV_r(\%)$ superiores a 1,0 indicam uma situação extremamente favorável para a seleção, onde a variação genética supera a ambiental. Esse cenário é reforçado pelo coeficiente de variação genotípica ($CV_g(\%)$), que foi de 10,64% para TCH e 12,53% para TAH, confirmando a expressiva variabilidade a ser explorada.

Considerando a produtividade média geral, que foi de 117,56 t ha⁻¹ para TCH e 14,15 t ha⁻¹ para TAH, as estimativas de ganho direto (GS_d) com as combinações alcançaram 16,52 t ha⁻¹ e 3,53 t ha⁻¹, respectivamente. A Tabela 9 demonstra um cenário experimental de alta precisão, com controle genético sobre os caracteres de produtividade, viabilizando ganhos significativos por meio das combinações genótípicas.

Tabela 9 – Resumo da análise de variância, parâmetros genéticos e estimativas de ganho de seleção para as variáveis Toneladas de colmos por colmos e açúcar por hectare (TCH e TAH) avaliadas em sistema de parcelas subdividida. Suzanópolis – SP.

Fonte de Variação	GL	QM	
		TCH	TAH
Blocos	2	29,99	1,74
Parcela (Anos)	1	40763,95**	933,45**
Erro a	2	9,06	0,8
Subparcela (Trat.)	23	988,66**	19,63**
Interação (P x S)	23	740,72**	14,75**
Erro b	92	49,4	0,76
CV Subparcela (%)	-	5,97	6,18
σ_g^2		156,54	3,14
σ_e^2		49,40	0,76
σ_f^2		164,78 ¹	3,27 ¹
h_{ms}^2		78,09%	62,02%
$CV_g(\%)$		10,64%	12,53%
$CV_e(\%)$		5,98%	6,19%
$CV_r(\%)$		1,78 ¹	2,02 ¹
GS_d		16,52 ²	3,53 ²
Média Geral	-	117,56	14,15

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: ** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; σ_g^2 : Componente quadrático genotípico; σ_e^2 : Componente quadrático residual; σ_f^2 : Componente quadrático fenotípico; h_{ms}^2 : Herdabilidade da média de genótipos; $CV_g(\%)$: Coeficiente de variação genotípica; $CV_e(\%)$: Coeficiente de variação residual; $CV_r(\%)$: Razão entre coeficientes de variação; (CV_g/CV_e); GS_d : Ganho de seleção direto; TCH: Toneladas de cana por hectare (t ha⁻¹); TAH: Toneladas de açúcar por hectare (t ha⁻¹).

As médias de produtividade de colmos (TCH) e de açúcar (TAH) obtidas para os 24 tratamentos avaliados nas duas safras de colheita estão apresentadas na Tabela 11. Em relação à produtividade de colmos, o genótipo puro G2 'P' liderou a classificação com uma média de 140,11 t ha⁻¹, seguido pelas combinações multigenotípicas de Alta Performance $\widehat{CG4,6}$ 'AP' (135,15 t ha⁻¹) e $\widehat{CG1,3}$ 'AP' (134,01 t ha⁻¹). Para a produtividade de açúcar, foi observado uma tendência semelhante, com o genótipo puro G2 'P' apresentando 17,83 t ha⁻¹, seguido pela combinação $\widehat{CG4,6}$ 'AP' com 16,43 t ha⁻¹. Contudo, que apesar da liderança em termos de médias, o monocultivo G2 'P' demonstrou elevada instabilidade temporal; este genótipo registrou a maior produtividade isolada na cana-planta (185,54 t ha⁻¹), mas sofreu a alta redução na primeira soca, recuando para 94,68 t ha⁻¹, enquanto as combinações multigenotípicas de Alta Performance demonstraram maior estabilidade de produção entre as safras.

Um dos desdobramentos mais relevantes da análise estatística foi o declínio da média geral da população entre as safras, decrescendo de 134,39 t ha⁻¹ (Cana-Planta) para 100,74 t ha⁻¹ (1ª Soca), um comportamento esperado devido ao efeito de

desestabilização fisiológica da safra e do envelhecimento do sistema radicular, no qual o genótipo puro *G2* 'P' demonstra a vulnerabilidade associada à homogeneidade genética do monocultivo. Apesar de registrar a maior produtividade inicial na primeira safra (185,54 t ha⁻¹), este genótipo sofreu a redução mais severa na 1ª soca (94,68 t ha⁻¹).

As combinações genóticas de Alta Performance ('AP') demonstraram acentuada estabilidade entre as safras. A combinação multigenotípica $\widehat{CG4,6}$ 'AP' se sobressaiu ao ter uma produção de 110,52 t ha⁻¹ na segunda safra (1ª soca), mesmo sob o estresse de rebrota da soca.

O desempenho das combinações multigenotípicas de Baixa Performance ('BP'), sendo a $\widehat{CG6,7}$ 'BP', que exibiu os piores índices TCH = 89,36 t ha⁻¹ e TAH = 10,10 t ha⁻¹ — constata que o benefício da diversidade genética não ocorre de forma aleatória.

A Tabela 10 corrobora para adoção de combinações multigenotípicas de Alta Performance como uma estratégia agrônômica assegurando a sustentabilidade econômica do canavial ao longo das safras, enquanto monocultivos exibem maior instabilidade produtiva.

Tabela 10. Médias de produtividade de colmos em toneladas de colmos por hectare (TCH, t ha⁻¹) e média de produtividade de açúcar em toneladas de açúcar por hectare (TAH, t ha⁻¹) 24 tratamentos de cana-de-açúcar avaliados em duas safras de colheita. Suzanópolis – SP.

Classificação	TCH				TAH			
	Tratamento	Cana Planta 2025	1º Soca 2026	$\bar{x}$	Tratamento	Cana Planta 2025	1º Soca 2026	$\bar{x}$
1	G2 'P'	185,54 A a	94,68 C b	140,11 A	$\widehat{G2}$ 'P'	24,75 A a	10,92 C b	17,83 A
2	$\widehat{CG4,6}$ 'AP'	159,77 B a	110,52 A b	135,15 A	$\widehat{CG4,6}$ 'AP'	20,20 B a	12,65 A b	16,43 B
3	$\widehat{CG1,3}$ 'AP'	168,84 B a	99,18 B b	134,01 A	$\widehat{CG1,3}$ 'AP'	20,71 B a	11,05 C b	15,88 B
4	G1 'P'	160,01 B a	101,02 B b	130,52 A	$\widehat{G1}$ 'P'	20,04 B a	11,54 C b	15,79 B
5	$\widehat{CG4,5}$ 'AP'	142,28 C a	110,63 A b	126,45 B	$\widehat{CG3,8}$ 'AP'	17,98 C a	13,53 A b	15,75 B
6	G7 'P'	141,85 C a	106,82 A b	124,34 B	$\widehat{CG4,7}$ 'AP'	18,99 C a	11,71 B b	15,35 C
7	$\widehat{CG4,7}$ 'AP'	147,79 C a	100,60 B b	124,19 B	$\widehat{G8}$ 'P'	18,01 C a	11,92 B b	14,97 C
8	G3 'P'	132,84 D a	115,41 A b	124,13 B	$\widehat{CG7,8}$ 'I'	19,10 C a	10,68 C b	14,89 C
9	$\widehat{CG3,8}$ 'AP'	136,39 D a	109,51 A b	122,95 B	$\widehat{G3}$ 'P'	16,77 D a	12,93 A b	14,85 C
10	G8 'P'	144,32 C a	100,52 B b	122,42 B	$\widehat{CG4,5}$ 'AP'	16,93 D a	12,60 A b	14,76 C
11	$\widehat{CG3,5}$ 'I'	125,69 E a	117,54 A a	121,62 B	$\widehat{G6}$ 'P'	17,92 C a	11,23 C b	14,57 C
12	$\widehat{CG7,8}$ 'I'	149,03 C a	92,02 C b	120,52 B	$\widehat{G4}$ 'P'	15,98 D a	13,07 A b	14,53 C
13	G4 'P'	135,87 D a	103,60 A b	119,74 B	$\widehat{G7}$ 'P'	16,90 D a	11,71 B b	14,31 C
14	$\widehat{CG2,8}$ 'I'	138,22 D a	100,46 B b	119,34 B	$\widehat{G5}$ 'P'	16,54 D a	12,01 B b	14,28 C
15	$\widehat{CG6,8}$ 'I'	136,20 D a	98,77 B b	117,48 B	$\widehat{CG3,5}$ 'I'	15,28 E a	13,28 A b	14,28 C
16	G6 'P'	145,17 C a	89,30 C b	117,23 B	$\widehat{CG2,8}$ 'I'	16,80 D a	11,46 C b	14,13 C
17	G5 'P'	124,15 E a	108,21 A b	116,18 B	$\widehat{CG6,8}$ 'I'	17,02 D a	10,93 C b	13,97 C
18	$\widehat{CG1,4}$ 'I'	120,74 E a	95,49 C b	108,11 C	$\widehat{CG1,4}$ 'I'	16,07 D a	10,98 C b	13,53 C
19	$\widehat{CG1,8}$ 'BP'	110,96 F a	100,88 B a	105,92 C	$\widehat{CG5,7}$ 'BP'	13,13 F a	11,94 B a	12,53 D
20	$\widehat{CG5,7}$ 'BP'	110,03 F a	101,24 B a	105,63 C	$\widehat{CG1,8}$ 'BP'	12,89 F a	11,72 B a	12,30 D
21	$\widehat{CG3,4}$ 'BP'	112,59 F a	89,63 C b	101,11 C	$\widehat{CG3,4}$ 'BP'	13,93 F a	10,12 C b	12,03 D
22	$\widehat{CG1,2}$ 'I'	101,92 G a	94,32 C a	98,12 D	$\widehat{CG1,2}$ 'I'	13,05 F a	10,77 C b	11,91 D
23	$\widehat{CG2,6}$ 'BP'	101,62 G a	92,38 C a	97,00 D	$\widehat{CG2,6}$ 'BP'	11,19 G a	10,17 C a	10,68 E
24	$\widehat{CG6,7}$ 'BP'	93,61 G a	85,10 C a	89,36 E	$\widehat{CG6,7}$ 'BP'	10,58 G a	9,62 C a	10,10 E
Médias		134,39	100,74	117,56	Médias	16,70	11,61	14,15

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: Médias seguidas por mesmas letras maiúsculas nas colunas e minúsculas nas linhas entre safras não diferem entre si pelo agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) a 5% de probabilidade.

A validação metodológica de todo o processo de seleção e modelagem discutido anteriormente, é apresentado na Tabela 11 os parâmetros genéticos e os ganhos de seleção, estimados e realizados, para as variáveis TCH e TAH.

O diferencial de seleção (DS) para a variável TCH foi $10,36 \text{ t ha}^{-1}$ indicando uma capacidade produtivo significativamente maior em relação à base de comparação. Para a TAH, o DS de $0,91 \text{ t ha}^{-1}$ sustenta a margem seletiva favorável para o incremento da concentração de sacarose por hectare.

Um dos desdobramentos mais relevantes da análise estatística foi de a combinação genotípica ter se mostrado ainda mais eficiente na prática do que o previsto pela modelagem inicial. Para a TCH, o ganho estimado ($GS_{Est}/GS_{est\%}$) era de $3,57 \text{ t ha}^{-1}$ (2,53%), ao passo que o ganho realizado ($GS_r/GS_{r\%}$) alcançou $5,26 \text{ t ha}^{-1}$ (4,23%).

Tendência semelhante foi observada para a TAH, cujo ganho estimado ($GS_{Est}/GS_{est\%}$) de apenas $0,26 \text{ t ha}^{-1}$ (1,75%) foi superado pelo ganho realizado de ($GS_r/GS_{r\%}$) $0,56 \text{ t ha}^{-1}$ (3,71%).

As estimativas de herdabilidade realizada (H_{real}) foram de 50,76% para TCH e 61,72% para TAH, valores considerados de moderada a alta para caracteres poligênicos no melhoramento vegetal.

Esses índices indicam predominância do componente genético na superioridade fenotípica observada, assegurando a estabilidade de transmissão dos caracteres ao longo das safras. O maior valor da H_{real} para TAH (61,72%) reforça que o acúmulo de açúcar possui controle genético consistente e menor sensibilidade ambiental em comparação à TCH.

A comparação entre a média geral dos genótipos ($MG_{1c} = 141,07 \text{ t ha}^{-1}$) e a média do monocultivo ($MG_{2c} = 124,33 \text{ t ha}^{-1}$) para TCH demonstra relevante implicação na produtividade de colmos.

A relação $MG_{1c} > MG_{2c}$ evidencia que monocultivo sub explora o potencial produtivo do material genético, enquanto combinações multigenotípicas ampliam o ganho produtivo, validando o ganho realizado ($GS_r/GS_{r\%}$) de $5,26 \text{ t ha}^{-1}$ (4,23%) como indicativo da eficácia da metodologia de combinação multigenotípica.

A concordância entre os parâmetros demonstra a alta assertividade dos modelos estatísticos aplicados. O ganho realizado (GS_r) por safra e os valores de herdabilidade realizada (H_{real}) superiores a 50% corroboram a confiabilidade da

classificação dos genótipos e combinações genotípicas, reduzindo o risco de “falsos positivos” e sustentando a estabilidade dos ganhos genéticos em escala comercial.

Tabela 11 – Parâmetros genéticos e estimativas de ganho de seleção para TCH e TAH.

Parâmetro	TCH (t ha ⁻¹)	TAH (t ha ⁻¹)
MG_{1c}	141,07	15,14
DS	10,36	0,91
$GS_{Est}/GS_{est\%}$	3,57 (2,53 %)	0,26 (1,75 %)
MG_{2c}	124,33	15,14
$GS_r/GS_{r\%}$	5,26 (4,23 %)	0,56 (3,71 %)
$H_{real\%}$	50,76	61,72

Fonte: Elaborada pela autora.

Nota: MG_{1c} : Média geral dos genótipos em duas safras em t ha⁻¹; DS : Diferencial de seleção efetivo; GS_{Est} : Ganho de seleção estimado em t ha⁻¹; $GS_{est\%}$: Ganho de seleção em porcentagem; MG_{2c} : Média geral do grupo selecionado (monocultivo) em t ha⁻¹; GS_r : Ganho de seleção realizado; $GS_{r\%}$: ganho de seleção realizado em porcentagem; $H_{real\%}$: Herdabilidade realizada em porcentagem.

4.4 DISCUSSÃO

A identificação de diferenças significativas ($p < 0,01$) para o efeito de tratamentos confirma a existência de variabilidade genética, requisito fundamental para obter ganhos na seleção (Yadav *et al.*, 2020; Sandhu *et al.*, 2022). A significância da interação Parcela x Subparcela (Ano x Tratamento) revela que os fatores climáticos e fisiológicos entre as safras alteraram o desempenho relativo das combinações genotípicas, o que exige a avaliação em múltiplas safras para garantir a recomendação de genótipos estáveis (Salinas-Ruíz *et al.*, 2022; Ferreira *et al.*, 2024).

Os Coeficientes de Variação ($CV\%$) de 5,97% para TCH e 6,18% para TAH demonstram uma excelente precisão experimental. De acordo com Pavan *et al.* (2019), baixos coeficientes de variação indicam controle sobre os fatores ambientais e alta confiabilidade nos dados. Estes valores são consideravelmente inferiores aos descritos por Bessalok Filho *et al.* (2007) (12,29% a 23,26%) e Cursi *et al.* (2020) (acima de 10% para TCH), demonstrando que o ruído ambiental foi minimizado no ensaio.

As estimativas de herdabilidade da média de genótipos (h^2_{ms}) de 78,09% para TCH e 62,02% para TAH podem ser consideradas altas. Sendo a herdabilidade a proporção da variação fenotípica atribuível à genética, valores acima de 50% facilitam a predição de valores genéticos e tornam a seleção eficaz (Yadav *et al.*, 2020; Bessalok Filho *et al.*, 2007). O valor obtido para TCH supera estimativas

comuns na literatura, que frequentemente são inferiores a 40% devido à complexidade poligênica do genótipo (Yadav *et al.*, 2020; Sandhu *et al.*, 2022).

O coeficiente de variação relativo (CV_r) atingiu 1,78 para TCH e 2,02 para TAH. Na genética biométrica, valores superiores a 1,0 indicam que a variação genética disponível supera a ambiental, configurando uma situação extremamente favorável para a seleção segura de genótipos superiores (Cursi *et al.*, 2020). Esse indicador corrobora a robustez do modelo estatístico aplicado, permitindo discriminar com precisão as combinações genotípicas mais produtivas.

As estimativas de ganho direto de 16,52 t ha⁻¹ (TCH) e 3,53 t ha⁻¹ (TAH), apresentadas na Tabela 10, representam o desempenho genético esperado e podem ser visualizadas pela comparação entre as combinações de Alta Performance e a média dos genótipos puros. Para a produtividade de colmos, esse ganho é exemplificado ao confrontar a combinação de Alta Performance $\widehat{CG4,6}$ (135,15 t ha⁻¹) com a média dos genótipos *G4* 'P' e *G5* 'P' (117,96 t ha⁻¹), o que resulta em um incremento real de 17,19 t ha⁻¹. Da mesma maneira, o ganho de 3,53 t ha⁻¹ reflete a seleção de genótipos de Alta Performance relação às médias dos genótipos puros. O ganho é otimizado quando a herdabilidade e a intensidade de seleção são elevadas, permitindo que a média da população melhore consistentemente a cada safra (Yadav *et al.*, 2020; Sandhu *et al.*, 2022). Os valores obtidos sugerem que a seleção baseada nestes parâmetros resultará em incrementos reais e expressivos de produtividade de colmos e açúcar (Cursi *et al.*, 2020).

A classificação nas médias de produtividade de colmos e de açúcar foi observada no genótipo puro *G2* 'P', com 140,11 t ha⁻¹ e 17,83 t ha⁻¹, respectivamente. No entanto, o desempenho das combinações multigenotípicas de Alta Performance ('AP'), com destaque para o tratamento $\widehat{CG4,6}$ 'AP', sendo 135,15 t ha⁻¹ para TCH e 16,43 t ha⁻¹ para TAH, reflete a eficácia da complementaridade de ambiente e uma maior estabilidade produtiva em comparação ao monocultivo. Embora o *G2* 'P' tenha atingido as maiores produtividades, sua oscilação entre as safras demonstra que o vigor individual em monocultivo, apesar de elevado, está sujeito a uma maior instabilidade sistêmica frente ao estresse entre as safras, na qual é atenuada pela diversidade genética. Esse fenômeno ocorre porque plantas em combinações multigenotípicas bem planejadas otimizam a interceptação de luz e a partição de

fotoassimilados de forma mais equilibrada do que indivíduos que competem estritamente pelo mesmo nicho ecológico (Pavan *et al.*, 2019; Wolff *et al.*, 2024).

O tratamento *G2* 'P' demonstra o risco ligado à uniformidade genética, apresentando um declínio de 185,54 t ha⁻¹ na cana-planta para 94,68 t ha⁻¹ na 1ª soca. Essa redução confirma que genótipos puros sofrem de forma com a competição intragenotípica, na qual indivíduos com a mesma exigência fisiológica esgotam os recursos do meio de forma simultânea (Resende *et al.*, 2016; Pavan *et al.*, 2019). Além disso, o cultivo continuado de genótipos puros pode acelerar a perda de vigor fisiológico após as safras, comprometendo a longevidade da rebrota (Pavan *et al.*, 2019), uma vez que a ausência de diversidade reduz as adversidades do talhão frente às variações ambientais (Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025).

Em contrapartida, a estabilidade das combinações genotípicas de Alta Performance 'AP', que mantiveram produções mais altas na 1ª soca (como o $\widehat{CG4,6}$ 'AP', com 110,52 t ha⁻¹), demonstra o chamado efeito de compensação. Em combinações multigenotípicas, a falha ou o menor vigor momentâneo de um componente pode ser compensado pelo crescimento do genótipo vizinho, que possui ritmos de desenvolvimento e arquiteturas de dossel diferentes (Takaragawa, 2016; Pavan *et al.*, 2019). Essa interação positiva cria barreiras ecológicas no campo que dificultam a propagação de estresses bióticos e abióticos, mantendo a média produtiva estável ao longo das safras (Takaragawa, 2016; Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025).

Por outro lado, os resultados negativos observados nos compostos de Baixa Performance, como o tratamento $\widehat{CG6,7}$ 'BP', provam que a diversidade *per se* não é um critério suficiente para o sucesso do canavial (Wolff *et al.*, 2024). A ocorrência de interações negativas e competição agressiva por recursos escassos, luz, água e nutrientes, se manifesta se os genótipos das combinações não forem selecionados via modelos preditivos assertivos (Pavan *et al.*, 2019). Isso reforça a necessidade de regras de montagem baseadas em características morfofisiológicas complementares, evitando que um genótipo suprima o outro sem gerar ganho real para o sistema (Pavan *et al.*, 2019; Wolff *et al.*, 2024).

Quando confronta a classificação original, do experimento preditivo com atual, fica evidenciado a capacidade do modelo de predição de compostos multigenotípicos em identificar corretamente as combinações genotípicas superiores, haja visto que as cinco primeiras combinações genotípicas no experimento de validação são justamente

as cinco Alta Performance identificadas pelo modelo preditivo para TCH. E das cinco primeiras para TAH no experimento de validação quatro são de Alta Performance, assim o nível de assertividade foi de no mínimo de 80%. Vale ressaltar que nenhuma combinação de Baixa Performance chegou perto de estar entre o grupo de elite.

O mesmo não ocorreu para Genótipos puros, sendo que os melhores genótipos puros no experimento preditivo não o foram no teste de validação, com destaque negativo para *G5* que sai da primeira colocação entre os puros para o ultimo, e o *G2* que estava entre últimos foi para primeira posição, logo houve uma intensa troca na classificação de genótipos puros entre os dois experimentos e mesmo não ocorreu entre as combinações, além de evidenciar a força preditiva do modelo, também sugere que compostos multigenotípicos sofrem menos com interação genótipo por ambiente de uma maneira geral, não somente entre as safras.

A Tabela 10 valida que o manejo varietal por meio de compostos multigenotípicos de Alta Performance ('AP') surge como a estratégia mais sustentável para a cultura da cana-de-açúcar (Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025). Ao converter a competição em estabilidade e incremento real de produção, essas combinações multigenotípicas superam as limitações do manejo monogenotípico tradicional e garantem a viabilidade econômica do sistema em safras sucessivas de colheita (Pavan *et al.*, 2019; Pietrusińska-Radzio *et al.*, 2025).

A concordância dos parâmetros expressos na Tabela 11 consolida a validação técnica de todo o processo de seleção, apresentando os parâmetros genéticos e os ganhos (estimados e realizados) obtidos. O diferencial de seleção (DS) refletiu com precisão a superioridade do bloco selecionado. Para a variável TCH, o DS de 10,36 t ha⁻¹ indica que as combinações genotípicas promissoras exibem um potencial produtivo destacado em relação à base de comparação. Para a TAH, o DS de 0,91 t ha⁻¹ confirma a existência de margem seletiva favorável para o incremento simultâneo da concentração de sacarose por hectare (Resende *et al.*, 1995; Yadav *et al.*, 2020).

Um dos desdobramentos mais relevantes da análise consiste no fato de a seleção ter se mostrado ainda mais eficiente na prática do que o previsto pela modelagem matemática inicial. Para a TCH, o ganho estimado ($GS_{Est}/GS_{est\%}$) era de 3,57 t ha⁻¹ (2,53%), ao passo que o ganho realizado ($GS_r/GS_{r\%}$) alcançou 5,26 t ha⁻¹ (4,23%). Essa tendência foi semelhante observada para a TAH, cujo ganho predito de apenas 0,26 t ha⁻¹ (1,75%) foi superado pelo ganho realizado de 0,56 t ha⁻¹ (3,71%). O fato de o GS_r superar o GS_{Est} em ambas as variáveis

sugere que interações genotípicas sugere a ocorrência de interações genotípicas não lineares favoráveis e sinergismo — capitalizados nos compostos multigenotípicos de Alta Performance — potencializaram a expressão fenotípica além das expectativas estatísticas normais (Pavan *et al.*, 2019; Ferreira *et al.*, 2024).

Esse fenômeno expressa que as estimativas baseadas na análise de variância (ANOVA) e nos seus componentes derivados foram assertivas e conservadoras, capturando com precisão a resposta biológica real sob condições de competição comercial (Cursi *et al.*, 2020).

As estimativas de herdabilidade realizada (H_{real}) foram de 50,76% para TCH e 61,72% para TAH, estimando de forma robusta e prática a proporção do diferencial fenotípico que é de natureza estritamente genética (Resende *et al.*, 1995). Valores acima de 50% são classificados como de moderada a alta magnitude no melhoramento vegetal, conferindo alta fidedignidade e estabilidade a classificação das combinações genotípicas.

A superioridade do índice para a produtividade de açúcar (TAH = 61,72%) confirma que caracteres de natureza metabólica tendem a apresentar um controle genético mais rígido e menor vulnerabilidade ao ruído ambiental quando comparados a caracteres de biomassa (Yadav *et al.*, 2020).

A comparação entre a média geral dos genótipos (MG_{1c} = 141,07 t ha⁻¹) e a média do grupo de monocultivos (MG_{2c} = 124,33 t ha⁻¹) para TCH, evidencia que, embora genótipos isolados como o G2 'P' possam apresentar alto desempenho, o sistema tradicional de monocultivo, em sua totalidade, é pouco explorado o potencial produtivo da área. O ganho de seleção realizado (GS_r) de 5,26 t ha⁻¹ valida que a estratégia de diversificação multigenotípica eleva a produtividade do canavial, oferecendo uma produção estável, comparada ao monocultivo. Genótipos com elevado vigor inicial em monocultivos frequentemente não sustentam o potencial produtivo inicial sob condições de competição ao longo das safras de colheita (Pavan *et al.*, 2019).

Desse modo, o forte alinhamento entre as estimativas teóricas e os resultados de campo atesta que a modelagem biométrica baseada em parâmetros realizados constitui uma ferramenta de precisão para o programa de melhoramento (Resende *et al.*, 1995).

A importância da herdabilidade realizada superior a 50% minimiza o risco de seleção de “falsos positivos” protegendo o setor produtivo contra combinações

multigenotípicas incapazes de sustentar seu desempenho em escala industrial (Cursi *et al.*, 2020).

4.5 CONCLUSÃO

- A produtividade da cana-de-açúcar é influenciada pela dinâmica das combinações multigenotípicas, validando a transição do manejo monoclonal para o uso de combinações multigenotípicos.
- O modelo fundamentado na Patente BR102024020180-9 obteve alta eficiência de transferência biológica, registrando Herdabilidade Realizada (H_{real}) de 50,76% para TCH e 61,72% para TAH.
- A aplicação prática do modelo gerou incrementos produtivos reais de 5,26 t ha⁻¹ em TCH (4,23%) e 0,56 t ha⁻¹ em TAH (3,71%).
- O método apresentou alta acurácia discriminatória ao posicionar as combinações multigenotípicas de “Alta Performance” no topo da classificação e os de “Baixa Performance” na base, provando que os ganhos dependem da sinergia planejada e não de misturas aleatórias.
- A validação transforma o efeito de vizinhança de combinações multigenotípicas em um modelo genético-estatístico controlável e aplicável para aumentar a eficiência e a sustentabilidade do setor sucroenergético.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding1. **Crop Science**, [S.L.], v. 4, n. 5, p. 503-508, set. 1964. Wiley. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183x000400050021x>. Acesso em: 27 mar. 2026.
- ALMEIDA, P. *et al.* Genetic parameters and gains with the selection of fig tree genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 44, p. 1-8, 29 jun. 2022. Universidade Estadual de Maringá. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v44i1.55796>.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interactions**: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. Rome: FAO, 2002. 115 p. (FAO Plant Production and Protection Paper, 174).
- BESPALHOK FILHO, J. C. *et al.* Seleção de clones de cana-de-açúcar na fase T2 usando modelos mistos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4., 2007, São Lourenço. **Anais...** Lavras: UFLA: SBMP, 2007. 4 p. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/312882>. Acesso em: 12 fev. 2026.
- BIANCHI, M. A. *et al.* Partição da competição por recursos do solo e radiação solar entre cultivares de soja e genótipos concorrentes. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 24, n. 4, p. 629-639, dez. 2006. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-83582006000400003>.
- CURSI, D. E. *et al.* Comparison of different selection methods in the seedling stage of sugarcane breeding. **Agronomy Journal**, Madison, v. 112, n. 6, p. 4879-4897, nov. 2020. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1002/agj2.20431>. Acesso em: 12 fev. 2026.
- Cruz, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.
- DIAS, H. B.; INMAN-BAMBER, G. Sugarcane: Contribution of Process-Based Models for Understanding and Mitigating Impacts of Climate Variability and Change on Production. In: AHMED, M. (ed.). **Systems Modeling**. Singapore: Springer, 2020. p. DOI: https://doi.org/10.1007/978-981-15-4728-7_8.
- DIAS, H. B.; SENTELHAS, P. C. Dimensioning the Impact of Irrigation on Sugarcane Yield in Brazil. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 21, p. 29–37, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12355-018-0619-x>.
- FERREIRA, F. M. *et al.* Competition effects can mislead selection in eucalypt breeding trials. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 561, 121892, 2024. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378112724002044>. Acesso em: 12 fev. 2026.

HOOPER, D. U. *et al.* Effects of biodiversity on ecosystem functioning: a consensus of current knowledge. **Ecological Monographs**, [S.L.], v. 75, n. 1, p. 3-35, fev. 2005. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1890/04-0922>. Acesso em: 27 mar. 2026.

KIÆR, L. P. *et al.* Grain yield increase in cereal variety mixtures: a meta-analysis of field trials. **Field Crops Research**, [s. l.], v. 114, n. 3, p. 361-373, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2009.09.006>.

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. (ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. p. 101-155.

LOREAU, M.; HECTOR, A. Partitioning selection and complementarity in biodiversity experiments. **Nature**, [s. l.], v. 412, n. 6842, p. 72-76, 2001. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35083573>. Acesso em: 07 fev. 2026.

MARTINS, G. S. *et al.* Performance of Eucalyptus Clones in auto and allocompetition. **Silvae Genetica**, [s. l.], v. 63, n. 1-6, p. 9-14, 2014. DOI: 10.1515/sg-2014-0002.

MENDES, C. A. **Construção de um modelo de seleção genômica ampla para cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) no contexto do programa de melhoramento da RIDESA – Goiás**. 2015. 79 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.

PAVAN, B. E. *et al.* Evaluation of competition effect in Eucalyptus progeny tests. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 22, n. 3, p. 433-443, 27 set. 2012. Universidade Federal de Santa Maria. <http://dx.doi.org/10.5902/198050986612>.

PAVAN, B. E. *et al.* Intra-and intergenotypic competition among commercial eucalyptus clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 19, n. 2, p. 176-184, jul. 2019. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2a25>.

PAVAN, B. E. *et al.* Competitive ability among Eucalyptus spp. commercial clones in Mato Grosso do Sul state. **Forest Ecology and Management**, [s. l.], v. 494, p. 119297, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119297>.

PAVAN, B. E. *et al.* **Método para predição e seleção de compostos multigenotípicos para culturas agrícolas e florestais**. 7 abr. 2026. Disponível em: <https://busca.inpi.gov.br/pePI/servlet/ImagemDocumentoPdfController?CodDiretoria=200&NumeroID=b78341255e95f43eaf1bb8a20b18d66e7f4f5a220a4c2a123d874b3f356ef1b7&certificado=undefined&numeroProcesso=&ipasDoc=undefined&codPedido=1752590>. Acesso em: 15 mai. 2026.

PIETRUSIŃSKA-RADZIO, A. *et al.* The Role of Plant Genetic Resources and Grain Variety Mixtures in Building Sustainable Agriculture in the Context of Climate Change. **Sustainability**, Blonie, Poland, v. 17, n. 21, p. 9737, 31 out. 2025. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/su17219737>.

RESENDE, M. D. V. de; STURION, J. A.; MENDES, S. **Genética e melhoramento da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.)**. Colombo: EMBRAPA-CNPQ, 1995. 33 p. (EMBRAPA - CNPQ. Documentos, 25). Disponível em:

<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/290763/1/Doc25.pdf>. Acesso em: 15 mai. 2026.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. 362 p.

RESENDE, R. T. *et al.* Intra-genotypic competition of Eucalyptus clones generated by environmental heterogeneity can optimize productivity in forest stands. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 380, p. 50-58, nov. 2016. Elsevier BV. <http://dx.doi.org/10.1016/j.foreco.2016.08.041>.

SALINAS-RUIZ, J. *et al.* Selection and Fitting of Mixed Models in Sugarcane Yield Trials. **Agriculture**, Basel, v. 12, n. 3, p. 416, 16 mar. 2022. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/agriculture12030416>.

SANDHU, K. S. *et al.* Integrated Approach in Genomic Selection to Accelerate Genetic Gain in Sugarcane. **Plants**, Basel, v. 11, n. 16, p. 2139, 17 ago. 2022. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/plants11162139>.

SCARPINATI, E. A. *et al.* Influência do modelo de análise estatística e da forma das parcelas experimentais na seleção de clones de Eucalyptus spp. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, n. 4, p. 769-776, ago. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-67622009000400020>.

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

SILVA, M. D. A. *et al.* Yield components as indicators of drought tolerance of sugarcane. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 65, n. 6, p. 620-627, nov./dez. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-90162008000600008>.

TAKARAGAWA, H. *et al.* Crop diversity in sugarcane: effect of mixed cultivars on the growth and yield of sugarcane. In: **Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technol.** 2016. p. 1006-1012.

TILMAN, D. *et al.* Diversity and productivity in a long-term grassland experiment. **Science**, [s. l.], v. 294, n. 5543, p. 843-845, 2001. Disponível em: <https://www.science.org/doi/abs/10.1126/science.1060391>. Acesso em: 09 mar. 2026.

WANDSCHEER, A. C. D. *et al.* Competitive ability of corn in coexistence with goosegrass. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 31, n. 2, p. 281-289, jun. 2013. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0100-83582013000200005>.

WOLFF, B. *et al.* Impact of intraspecific genetic variation on interspecific competition: a theoretical case study of forage binary mixtures. **Frontiers in Plant Science**, Lusignan, v. 15, p. 1-17, 30 set. 2024. Frontiers Media SA. <http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2024.1356506>.

YADAV, S. *et al.* Accelerating Genetic Gain in Sugarcane Breeding Using Genomic Selection. **Agronomy**, Basel, v. 10, n. 4, p. 585, 19 abr. 2020. MDPI AG. <http://dx.doi.org/10.3390/agronomy10040585>.