

UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS - UFAL
CAMPUS DE ENGENHARIAS E CIÊNCIAS AGRÁRIAS - CECA
CURSO DE AGRONOMIA

WEDJA BARBOSA FERREIRA

INTERAÇÕES ALÉLICAS NA CULTURA DA CANA-DE-AÇÚCAR

Rio Largo, AL

2025

WEDJA BARBOSA FERREIRA

INTERAÇÕES ALÉLICAS NA CULTURA DA CANA-DE-AÇÚCAR

Trabalho de Conclusão de Curso (TCC) apresentado ao Curso de Agronomia da Universidade Federal de Alagoas, como requisito parcial à obtenção do título de Bacharelado em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. João Messias dos Santos
Coorientador Prof. Dr. Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa

Rio Largo, AL

2025

Catálogo na Fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Campus de Engenharias e Ciências Agrárias
Bibliotecário Responsável: Erisson Rodrigues de Santana - CRB4 – 1512

F383i Ferreira, Wedja Barbosa.

Interações Alélicas na cultura da cana-de-açúcar. / Wedja Barbosa Ferreira. – 2025.

42 f.: il.

Orientador: João Messias dos Santos.

Coorientador: Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa.

Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia) – Graduação em Agronomia, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas. Rio Largo, 2025.

Inclui bibliografia

1. *Sacharum* spp. 2. Efeitos aditivos. 3. Delineamento aumentado. 4. Heterose. 5. Efeitos não aditivos. I. Título.


CDU: 633.61

Folha de Aprovação

WEDJA BARBOSA FERREIRA


INTERAÇÕES ALÉLICAS NA CULTURA DA CANA-DE-AÇÚCAR

Trabalho de Conclusão de Curso (TCC) submetido à banca examinadora do curso de Agronomia da Universidade Federal de Alagoas e aprovada em 10 de novembro de 2025.


Documento assinado digitalmente
 JOAO MESSIAS DOS SANTOS
Data: 19/11/2025 17:41:53-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Orientador: Prof. Dr. João Messias dos Santos
(Universidade Federal de Alagoas)

Banca examinadora:

Documento assinado digitalmente
 CARLOS ASSIS DINIZ
Data: 20/11/2025 20:02:17-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Examinador Dr. Carlos Assis Diniz
Campus de Engenharias e Ciências Agrárias — CECA

Documento assinado digitalmente
 PAULO PEDRO DA SILVA
Data: 20/11/2025 21:09:54-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Examinador Dr. Paulo Pedro da Silva
Campus de Engenharias e Ciências Agrárias — CECA

AGRADECIMENTOS

Primeiramente eu quero agradecer ao meu Deus, pelo dom da vida.

Aos meus pais, Maria Valdevez Barbosa da Silva e Erivaldo Ferreira dos Santos, pelo apoio incondicional e incentivo constante aos meus estudos, fundamentais em toda a minha trajetória. À minha família, que sempre me transmitiu força e motivação para seguir em busca do conhecimento, e em especial ao meu irmão Edvaldo Barbosa, pela presença e apoio nos momentos em que mais precisei.

À Universidade Federal de Alagoas – UFAL e ao Campus de Engenharias e Ciências Agrárias – CECA pelo apoio e incentivo à educação. Aos professores do Curso de Agronomia.

Ao meu orientador, Prof. Dr. João Messias, pela participação direta neste trabalho que foram fundamentais para o desenvolvimento deste estudo. Sob sua condução, aprendi a importância de explorar o universo acadêmico de forma ampla, buscando conhecimentos que vão além do que é ensinado em sala de aula.

Ao Professor Dr. Geraldo Veríssimo, expresse minha sincera gratidão pela oportunidade de atuar como monitora da disciplina Experimentação Agropecuária no curso de Zootecnia. Agradeço a orientação constante ao longo da minha trajetória acadêmica.

Ao Professor Arthur Tavares, agradeço a oportunidade de aprendizado no Laboratório Lanesa, que foi fundamental para desenvolver as minhas habilidades. Nesse espaço, tive a oportunidade de amadurecer academicamente e pessoalmente, aprendendo com erros e desafios, desenvolvendo senso crítico e defendendo meus ideais com mais responsabilidade. O laboratório também foi essencial para que eu conhecesse o universo da tecnologia e da agricultura de precisão.

Aos meus colegas do curso de Agronomia e amigos, Kemely Athyla, Gustavo, Laysa Mirelly, Micaelly e Márcia.

À equipe que esteve presente no levantamento dos dados, Luiz Quintela, Micaely e o Eng. Paulo Pedro que liderou a equipe.

A todos aqueles que, mesmo não mencionados, de uma forma ou outra, contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito obrigada!

RESUMO

O presente estudo tem como objetivo investigar a predominância dos efeitos alélicos, bem como estimar a heterose e o ganho de seleção do cruzamento genético da cana-de-açúcar oriundos da Serra do Ouro. A população base deste estudo foi obtida a partir do cruzamento entre os genótipos RB041443 e RB9629. As sementes obtidas a partir do cruzamento foram enviadas ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias (CECA), vinculado à Universidade Federal de Alagoas (UFAL). O experimento de campo foi conduzido na unidade experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA), situada no Campus de Engenharias e Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (PMGCA/CECA/UFAL) na cidade de Rio Largo – AL. O delineamento utilizado foi de blocos aumentados com 10 blocos, cada testemunha foi alocada em 1 parcela por bloco. Dentro de cada bloco havia 10 indivíduos e 2 testemunhas distribuídas aleatoriamente, totalizando 120 parcelas. A parcela experimental foi composta por covas espaçadas de 1,5 metros entre si. Foram avaliados os caracteres: número de perfilhos por parcelas (NFP), diâmetro médio do colmo (DMC, mm), teor de sólidos solúveis brix (°Brix), altura do colmo (AC, m), número de entrenós por parcelas (NEP) e peso de colmos por parcela (PCP, kg). As análises estatísticas foram conduzidas via ANOVA, estimativa de variâncias, herdabilidade, coeficientes de variação e parâmetros de seleção, complementadas pelo cálculo de heterose e razão de potência. Os resultados indicaram variabilidade genética entre os indivíduos, com significância para quatro caracteres, exceto número de perfilhos e peso de colmos, que sofreram maior influência ambiental. As altas herdabilidades observadas para diâmetro do colmo, Brix, altura e número de entrenós sugerem controle genético considerável, reforçando a possibilidade de progresso seletivo. O diâmetro do colmo destacou-se pela predominância de variância genética sobre a ambiental, enquanto caracteres como número de perfilhos e peso de colmos apresentaram baixa razão CV_g/CV_e , evidenciando alta influência ambiental. As estimativas de heterose revelaram que as seis características apresentaram valores negativos, indicando efeito de endogamia o que sugere predominância de superdominância para os caracteres número de perfilhos por touceiras (NPT, -8,60), diâmetro médio do colmo (DMC, -4,25), teor de sólidos solúveis (°Brix, -2,96) e peso de colmo por parcelas (PCP, -2,16). Para os caracteres número de entrenós (NEP, -0,09) e altura do colmo (AC, -0,35) apresentaram dominância parcial. Conclui-se que o cruzamento RB041443 × RB9629 apresenta variabilidade suficiente para exploração em ciclos subsequentes de seleção e que a compreensão das interações alélicas contribui para estratégias mais eficientes no melhoramento genético da cana-de-açúcar. Conclui-se que os resultados indicaram variabilidade genética para os seis caracteres, embora o cruzamento RB041443 x RB9629 apresentou heterose negativa, indicando ausência de vigor híbrido e predominância de efeitos não aditivos desfavoráveis.

Palavras chaves: *Sacharum* spp, heterose, efeitos aditivos, efeitos não aditivos, delineamento aumentado

ABSTRACT

This study aims to investigate the predominance of allelic effects, as well as to estimate heterosis and selection gain from genetic crossing of sugarcane originating from Serra do Ouro. The base population for this study was obtained from crossing the genotypes RB041443 and RB9629. The seeds obtained from the crossbreeding were sent to the Sugarcane Genetic Improvement Program (PMGCA) of the Engineering and Agricultural Sciences Campus (CECA), linked to the Federal University of Alagoas (UFAL). The field experiment was conducted at the experimental unit of the Sugarcane Genetic Improvement Program (PMGCA), located on the Engineering and Agricultural Sciences Campus of the Federal University of Alagoas (PMGCA/CECA/UFAL) in the city of Rio Largo – AL. The experimental design used was augmented blocks with 10 blocks, each control was allocated to 1 plot per block. Within each block there were 10 individuals and 2 controls randomly distributed, totaling 120 plots. The experimental plot consisted of planting holes spaced 1.5 meters apart. The following characteristics were evaluated: number of tillers per plot (NFP), average stem diameter (DMC, mm), soluble solids content (°Brix), height The study evaluated the following characteristics: stem diameter (AC, m), number of internodes per plot (NEP), and stem weight per plot (PCP, kg). Statistical analyses were conducted using ANOVA, variance estimation, heritability, coefficients of variation, and selection parameters, complemented by heterosis and power ratio calculations. The results indicated genetic variability among individuals, with significance for four traits, except for the number of tillers and stem weight, which were more influenced by the environment. The high heritabilities observed for stem diameter, Brix, height, and number of internodes suggest considerable genetic control, reinforcing the possibility of selective progress. Stem diameter stood out due to the predominance of genetic variance over environmental variance, while traits such as the number of tillers and stem weight showed a low CVg/CVe ratio, evidencing a high environmental influence. Heterosis estimates revealed that all six traits presented negative values, indicating an inbreeding effect, which suggests a predominance of overdominance for the number of tillers per clump. (NPT, -8.60), average stem diameter (DMC, -4.25), soluble solids content (°Brix, -2.96), and stem weight per plot (PCP, -2.16). For the characters number of internodes (NEP, -0.09) and stem height (AC, -0.35), partial dominance was observed. It is concluded that the cross RB041443 × RB9629 presents sufficient variability for exploration in subsequent selection cycles and that understanding allelic interactions contributes to more efficient strategies in sugarcane genetic improvement. It is concluded that the results indicated genetic variability for the six characters, although the cross RB041443 x RB9629 presented negative heterosis, indicating an absence of hybrid vigor and a predominance of unfavorable non-additive effects.

Keywords: *Saccharum* spp, heterosis, additive effects, non-additive effects, augmented design

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	9
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	11
2.1 Importância social e econômica da cana-de-açúcar	11
2.2 Melhoramento genético da cana-de-açúcar.....	12
2.3 Programas de melhoramento	12
2.4 Interações alélicas na cana-de-açúcar.....	14
2.4.1 Caracteres qualitativos e quantitativos	14
2.4.2 Interações alélicas	15
2.4.3 Importância para o melhoramento.....	16
2.4.4 Seleção recorrente e vigor híbrido.....	17
2.4.5 Estatística e delineamento	20
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 Cruzamento genético.....	23
3.2 Obtenção das plântulas.....	24
3.4 Campo experimental	24
3.5 Caracteres avaliados.....	25
3.6 Análises dos dados	26
3.7 Heterose.....	28
3.7.1 Razão de potência.....	28
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
4.1 Estimação de parâmetros descritivos	30
4.2 Análise de variância (ANOVA)	31
4.3 Parâmetros genéticos.....	33
4.4 Heterose e Razão de potência.....	36
5 CONCLUSÕES.....	39
6 REFERÊNCIAS	40

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar destaca-se como uma das culturas agrícolas mais cultivadas no mundo e no Brasil, figurando como um dos pilares tanto da matriz energética quanto da economia nacional. Essa cultura apresenta elevada eficiência fotossintética e notável adaptação a diferentes condições ambientais. Gasques e Filho (2020) ressaltam que, além de impulsionar o Produto Interno Bruto (PIB) do país e gerar emprego e renda, é fundamental para uma ampla gama de tecnologias. Após a extração do açúcar e álcool, produtos essenciais para a população, o bagaço da cana-de-açúcar gera subprodutos, como energia elétrica, torta de filtro, melação, fuligem, cinzas e cimento, entre outros (SOUZA et al., 2025). Silva et al. (2021) afirmam que, no contexto da economia global, esses subprodutos assumem papel central para o desenvolvimento sustentável e para a preservação ambiental.

Historicamente, a busca por maior eficiência produtiva levou, já na década de 1970, à criação do projeto Planalsucar no Brasil. Entretanto, em razão da extinção do IAA e, conseqüentemente do Plano Nacional de Melhoramento de Cana-de-açúcar (Planalsucar) ocorrida em 1990 o Planalsucar transferiu todas suas tecnologias e recursos humanos para a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), atualmente responsável pelo desenvolvimento das variedades da sigla RB, que representam 55% das variedades cultivadas no país (OLIVEIRA et. al, 2021).

Para a safra 2025/26, a produção nacional de cana-de-açúcar está estimada em 668,8 milhões de toneladas, representando redução de 1,2% em relação à safra anterior. A área colhida deverá alcançar 8,85 milhões de hectares, 1% superior à de 2024/25 (CONAB, 2025). Esse desempenho reflete, em grande parte, os avanços obtidos pelas ações de melhoramento genético da cultura.

A RIDESA/UFAL mantém um banco de germoplasma na Serra do Ouro, no município de Murici - AL. Para Barbosa *et al.* (2002) o local apresenta condições ideais para o florescimento dos genótipos, bem como para a realização das hibridações, que ocorrem anualmente para a produção de cariopses. Ao longo de mais de 50 anos o programa adotou como principal estratégia o método de seleção recorrente. Para Barbosa (2014) a seleção recorrente aplicada em Alagoas, especialmente a partir da cultivar RB72454, constitui-se em estratégia eficiente de melhoramento, pois envolve o uso sucessivo de clones superiores como genitores. Essa prática permite acumular alelos favoráveis ao longo das gerações e reduzir a frequência de alelos indesejáveis, favorecendo ganhos contínuos em características de interesse.

A variabilidade genotípica resulta da soma de efeitos aditivos e não aditivos, tradicionalmente denominados interações alélicas (HILL, 2010). Esses efeitos são determinados pela ação de heterozigotos sob a influência do ambiente para determinar várias características de uma planta, sendo elas qualitativas ou quantitativas.

No caso da cana-de-açúcar, várias características de importância econômica são de variação contínua e governados por muitos genes com pouco efeito para formar o fenótipo e diversos estudos têm buscado identificar a ação gênica predominante em cruzamentos de cana-de-açúcar (BASTOS *et al.*, 2003; PISAROGLO DE CARVALHO *et al.*, 2014; TOMAZ *et al.*, 2019). No entanto, ainda há carência de pesquisas que avaliem de forma sistemática a predominância dessas interações em cruzamentos biparentais. Diante dessa lacuna, o presente estudo tem como objetivo investigar a predominância dos efeitos alélicos, bem como estimar a heterose e o ganho de seleção do cruzamento genético da cana-de-açúcar oriundos da Serra do Ouro.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância social e econômica da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) figura entre as culturas agrícolas mais cultivadas no mundo, com o Brasil ocupando posição de destaque como maior produtor global. Sua elevada eficiência fotossintética, aliada à adaptação às condições edafoclimáticas, consolida sua importância nas regiões tropicais e subtropicais. O setor sucroenergético exerce papel determinante no desenvolvimento territorial e no avanço tecnológico da agricultura brasileira, ainda que tenha intensificado conflitos socioeconômicos e ambientais (GASQUES e FILHO, 2020). Nesse contexto, Ely e Lahr (2024) ressaltam o pioneirismo do Brasil na produção de etanol e açúcar, bem como subprodutos. Mubarak *et al.* (2024) destacam o uso das fibras do bagaço como adsorventes na remoção de poluentes, enquanto Souza *et al.* (2025) demonstram a viabilidade do reaproveitamento de fuligem e cinzas para a produção de nanomateriais, corretivos de solo e insumos tecnológicos.

A avaliação do desempenho da cana-de-açúcar exige indicadores de produtividade agrícola. Entre eles, destacam-se entre os principais, TCH (Toneladas de Cana por Hectare), que expressa o volume de biomassa colhida por área cultivada, ATR (Açúcar Total Recuperável), que representa a quantidade de sacarose extraível por tonelada de cana e a combinação dessas variáveis resulta no TAH (Toneladas de Açúcar por Hectare), variável que reflete diretamente a produtividade açucareira por unidade de área (AZZINI *et al.*, 1986; NOGUEIRA, 1962).

Para a safra 2025/26, a produção nacional de cana-de-açúcar está estimada em 668,8 milhões de toneladas, representando redução de 1,2% em relação à safra anterior. A área colhida deverá alcançar 8,85 milhões de hectares, 1% superior à de 2024/25. Contudo, a produtividade média recuou 2,1%, resultando em 75,6 toneladas por hectare (TCH), devido às condições climáticas adversas, com irregularidade hídrica e altas temperaturas. O Açúcar Total Recuperável (ATR) apresentou comportamento atípico em relação à produtividade, com redução simultânea de TCH e ATR, reflexo do estresse térmico e hídrico que limitou o acúmulo de sacarose. Ainda assim, o rendimento médio em toneladas de açúcar por hectare (TAH) manteve-se em torno de 9,5 a 10 t ha⁻¹, garantindo estabilidade relativa ao setor sucroenergético, mesmo diante das adversidades climáticas (CONAB, 2025).

2.2 Melhoramento genético da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) tem origem na região da Nova Guiné, onde foi domesticada há cerca de 8.000 anos a partir de espécies como *S. robustum* e *S. spontaneum*. Posteriormente, expandiu-se pelo Sudeste Asiático e pela Índia, locais em que se desenvolveram as primeiras técnicas de cristalização do açúcar, favorecendo sua difusão para a Europa e, mais tarde, para o Novo Mundo. O processo de “nobilização”, caracterizado pelo cruzamento de *S. officinarum* rica em sacarose, com *S. spontaneum* tolerante a estresses bióticos e abióticos foi decisivo para a formação das variedades modernas (LU *et al.*, 2024).

Os programas de melhoramento estão tentando evoluir de estratégias convencionais, baseadas em cruzamentos e seleção fenotípica que podem levar de 15 a 20 anos para a liberação de uma nova variedade, para metodologias integradas que incorporam biotecnologia e seleção genômica (OLIVEIRA, 2021). Entretanto, apesar desses avanços metodológicos, tais técnicas ainda não são aplicadas em escala no melhoramento da cana-de-açúcar devido à elevada complexidade de seu genoma, caracterizado por poliploidia, aneuploidia e mosaico cromossômico (BABU *et al.*, 2022). No Brasil, o histórico do melhoramento inclui desde a introdução de híbridos no início do século XX até a criação de programas cooperativos que ampliaram a base genética e possibilitaram o desenvolvimento de cultivares adaptadas a distintos ambientes de cultivo.

Atualmente, os objetivos centrais do melhoramento genético da cana concentram-se no aumento da produtividade de colmos e de açúcar, resistência a pragas, doenças e condições adversas, como seca e solos de baixa fertilidade (CURSI *et al.*, 2022). Além disso, ferramentas modernas, como marcadores moleculares, edição gênica e análises ômicas, têm sido incorporadas para acelerar os ganhos genéticos e ampliar a utilização da variabilidade disponível.

2.3 Programas de melhoramento

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil exercem papel estratégico ao desenvolver variedades adaptadas à diversidade de condições edafoclimáticas do país. De acordo com Carvalho e Furtado (2013) destacam-se três iniciativas centrais: o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC); o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) e a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), formada por dez universidades federais e responsável por cerca de 55% da área plantada de cana, com foco

em materiais com maior produtividade agroindustrial.

A RIDESA já lançou 95 cultivares desde 1990 que somados com a cultivares liberadas pelo PLANALSUCAR somam 114 variedades Repúblicas do Brasil (RB) (OLIVEIRA, 2021). Nesse contexto, a UFAL tem papel relevante na realização dos cruzamentos genéticos que possibilitam a geração de cultivares com destaque para as variedades RB92579, RB07818 e RB08791. A variedade RB92579 impactou os rendimentos dos canaviais alcançando mais de 40% da região nordeste e 10% nacional.

O desenvolvimento dessas variedades tem início na Estação de Florescimento e Cruzamento da Cana-de-Açúcar, localizada na Serra do Ouro, município de Murici – AL, cuja posição geográfica apresenta condições edafoclimáticas ideais para a floração da cultura (BARBOSA *et al.*, 2002). Essa estação abriga o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de variedades RB, que reúne genótipos provenientes de diversas origens internacionais. Para Oliveira (2021) o banco de germoplasma preserva características agronômicas que asseguram a manutenção da variabilidade genética da espécie. Em 2025, o BAG contabiliza cerca de 3.065 acessos, permitindo a realização de aproximadamente 3.000 cruzamentos genéticos anuais em atendimento às universidades vinculadas à RIDESA.

Os avanços obtidos têm gerado ganhos de produtividade em diferentes contextos. No Brasil, análises conduzidas pelo IAC indicaram progresso agronômico médio de cerca de 1 t ha⁻¹ ano⁻¹ para a produção do primeiro corte, com ganhos genéticos superiores a 1% ao ano, (PERECIN, 2009). De modo semelhante no estado de Alagoas, Barbosa (2014) constatou que, entre 1975 e 1992, os ganhos anuais em rendimento de açúcar foram de 80 kg ha⁻¹, passando para 140 kg ha⁻¹ no período de 1993 a 2010, com destaque para a cultivar RB92579. Em escala internacional, Zhou (2025) observou que ao longo de 95 anos de melhoramento na África do Sul, os ganhos genéticos em produtividade de colmos variaram de 0,03 a 0,48 t ha⁻¹ ano⁻¹, com aumentos de 12 a 20% no rendimento de cana e até 22% no rendimento de açúcar em comparação às variedades antigas, embora os ganhos em sacarose e pureza tenham sido pouco significativos.

Para os pesquisadores Vencovsky, Ramalho e Toledo (2012) a genética quantitativa permanece como base das decisões de melhoristas, sustentando o progresso genético e orientando a escolha das melhores populações e métodos de seleção. O domínio e a aplicação de parâmetros genéticos são, portanto, essenciais para compreender a herança de características agronômicas e garantir o sucesso dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar.

2.4 Interações alélicas na cana-de-açúcar

2.4.1 Caracteres qualitativos e quantitativos

No melhoramento genético de plantas, a distinção entre caracteres qualitativos e quantitativos é um ponto de partida essencial para compreender a base da variabilidade fenotípica. Os caracteres mendelianos são considerados caracteres qualitativos, geralmente controlados por poucos genes. Em contrapartida, os caracteres quantitativos são determinados pela ação conjunta de múltiplos genes de pequeno efeito e sofrem forte influência ambiental, apresentando distribuição contínua (MATHER, 1949).

Conforme apresentado por Semagn, Bjornstad e Xu (2010), a teoria mendeliana descreve a herança de caracteres qualitativos controlados por um único gene, cuja segregação segue proporções fixas e previsíveis. No entanto, os autores esclarecem que essa abordagem não se aplica aos caracteres quantitativos, os quais resultam da ação conjunta de múltiplos genes (QTLs) e da influência ambiental, formando uma distribuição contínua de fenótipos. Assim, enquanto Mendel demonstrou que a variação fenotípica pode ser explicada pela segregação de fatores hereditários discretos, estudos posteriores, como os de Nilsson-Ehle (1909) e East (1916), estenderam o modelo mendeliano ao proporem a hipótese dos múltiplos fatores, segundo a qual os efeitos de vários genes de pequeno impacto se acumulam para produzir variação contínua. Essa ampliação teórica deu origem à genética quantitativa moderna, que integra os princípios de Mendel com modelos estatísticos capazes de estimar efeitos aditivos, dominantes e epistáticos na expressão fenotípica.

O número e a magnitude dos QTLs detectados variam conforme o tipo e o tamanho da população utilizada, a acurácia da fenotipagem e as condições ambientais de avaliação, destacando que populações pequenas tendem a superestimar os efeitos dos QTLs, enquanto amostras mais amplas proporcionam estimativas mais realistas. Verificou-se ainda que a maioria dos QTLs apresenta efeitos aditivos reduzidos, indicando que os caracteres quantitativos geralmente são governados por diversos genes com pequena contribuição individual, mas efeito cumulativo significativo sobre o fenótipo (HOWARD; CARRIQUIRY; BEAVIS, 2014).

No caso da cana-de-açúcar os caracteres de importância econômica, como altura de colmo, toneladas de cana por hectare (TCH), teor de sólidos solúveis (Brix) e açúcares totais recuperáveis (ATR) são descritas em nível amostral por parâmetros estatísticos, constituindo-se no foco central da genética quantitativa (CASU *et al.*, 2005). Nos caracteres quantitativos a

análise estatística descritivas é essencial no melhoramento da cana-de-açúcar, pois fornece um diagnóstico inicial da variabilidade fenotípica (KUMAR *et al.*, 2018). Além disso, os caracteres quantitativos são de fundamental importância para estimação de parâmetros genéticos e o conhecimento da ação genica predominante no controle dos caracteres de interesse.

Os valores obtidos nessas mensurações são expressos em unidades de medida e quando atribuídos a um indivíduo, correspondem ao valor fenotípico. Esse valor pode ser decomposto pela equação $P = G + E + (GxE)$, em que P é o fenótipo, G o genótipo, E o desvio ambiental e (GxE) é a interação genótipo e ambiente. Para expressar o potencial transmissível, utiliza-se o conceito de valor genético, definido como o mérito genético do indivíduo e equivalente à média dos valores genéticos parentais (ROKA *et al.*, 2024).

A variação de um caráter é expressa pela variância fenotípica, que se decompõe em componentes genéticos e ambientais. O componente genético resulta da soma da variância aditiva (σ_a^2), dos desvios de dominância (σ_d^2), e das interações epistáticas (σ_i^2). A variância fenotípica pode ser subdividida em variância genética aditiva, variância genética não aditiva e variância ambiental. Isso porque fatores ambientais modulam a expressão genética, resultando na interação genótipo \times ambiente (LEAL, 2001).

2.4.2 Interações alélicas

A adoção de estratégias adequadas para desenvolver novas variedades de cana-de-açúcar em programas de melhoramento, dependem da compreensão dos mecanismos genéticos que reagem à expressão dos caracteres quantitativos. Nesse contexto, a análise da interação alélica permite identificar de que forma os alelos contribuem para a manifestação fenotípica. A pesquisa de Hill (2010) afirma que, em analogia ao que ocorre em caracteres qualitativos, a interação alélica de caracteres complexos pode interagir de forma aditiva e não aditiva. A diferença entre essas ações está na forma de suas expressões alélicas. Na ação aditiva, ambos os alelos são expressos, enquanto na ação não aditiva um alelo é expresso mais forte que o outro alelo, conhecidos como dominância, sobredominância.

O estudo conduzido por Falconer (1996) e Lynch (1998) relatam que, na interação aditiva, cada alelo exerce um efeito fenotípico específico que se soma aos demais, de modo que a média da progênie tende a se aproximar da média dos genitores. Essa condição favorece a herdabilidade, no sentido restrito, uma vez que indivíduos superiores transmitem sua superioridade média à descendência. Nessa perspectiva, segundo os autores, a maioria das

características complexas, por estarem fortemente sob influência de fatores ambientais, apresenta menor herdabilidade em comparação com aquelas controladas pela genética (NAJAFABADI; HESAMI; RAJCAN, 2023). Cabe ressaltar que, a herdabilidade não é apenas a propriedade um caráter e sim da população sob condições ambientais a qual ela foi exposta.

Por outro lado, na interação de dominância, a contribuição genética é considerada por loco e não por alelo. Nesse caso, a média da F1 pode coincidir com a de um dos pais, mas diverge da média aritmética parental, reduzindo a eficiência da seleção direta de indivíduos superiores, uma vez que o desempenho da progênie não necessariamente reflete o dos genitores (FALCONER, 1996). Já os efeitos de sobredominância ocorrem quando o heterozigoto supera ambos os genitores, resultando em médias da F1 superior à do melhor pai. As relações de dominância podem mudar com o ambiente convertendo dominância em variação genética aditiva ou vice-versa (SO; SIBOLIBANE; WEIS, 2022). Isso acontece porque, foi demonstrado por Ferreira *et al.* (2007) que as interações de dominância e sobredominância nem sempre favorece no sentido de aumentar o valor fenótipo.

Conforme na literatura de Yadav *et al.* (2021) a cana-de-açúcar tem uma longa história de baixa herdabilidade no sentido restrito. Nessa analogia, estudos têm relatado que a produtividade de toneladas de cana por hectare (TCH) é fortemente influenciada por efeitos genéticos não aditivos, refletindo-se em baixas estimativas de herdabilidade. Esse padrão foi evidenciado em diferentes épocas e regiões, conforme reportado por Jackson e McRae (2001) e Pisaroglo de Carvalho *et al.* (2014).

2.4.3 Importância para o melhoramento

O conhecimento da interação alélica é um aspecto central no melhoramento genético de plantas, pois possibilita compreender de que forma os genes influenciam as características de interesse agrônomo e como essa informação pode ser explorada em estratégias de melhoramento. Falconer (1996) argumenta que a distinção entre efeitos aditivos, dominantes e sobredominantes é essencial para prever a expressão fenotípica e o potencial de transmissão às gerações seguintes. Caracteres governados por efeitos aditivos são mais estáveis e passíveis de serem fixados pela seleção direta, enquanto aqueles influenciados por efeitos não aditivos favorecem a exploração do vigor híbrido.

O direcionamento das estratégias de melhoramento depende do tipo de ação gênica predominante. Em uma discussão realizada por Jackson (2005), destaca que os efeitos aditivos permitem ganhos consistentes via seleção recorrente, uma vez que indivíduos superiores

transmitem sua superioridade média à descendência. Por outro lado, quando dominância e sobredominância se sobressaem, o cruzamento entre genitores complementares e a avaliação da capacidade específica de combinação tornam-se fundamentais, permitindo maior aproveitamento da heterose (HOLLAND, 2007). A compreensão da ação gênica é determinante para a adoção de estratégias de melhoramento que visam a obtenção de maiores ganhos. De forma complementar, auxiliam os melhoristas na tomada de decisão quanto à escolha do método de melhoramento, além de prever o sucesso nos futuros ciclos de seleção.

Ao utilizar métodos como BLUP, observa-se que, nas etapas iniciais de seleção, muitas decisões se baseiam no desempenho total da parcela, o que pode mascarar os efeitos de dominância e de interação (OLIVEIRA *et al.*, 2013). Em estudos recentes com cana-energia, verificou-se que a herdabilidade de alguns caracteres de qualidade se mantém em níveis mais elevados nas fases intermediárias (T2 e T3), enquanto variáveis relacionadas à produtividade tendem a apresentar valores mais baixos em estágios avançados, indicando que, com a progressão do ciclo seletivo, os efeitos ambientais e não aditivos passam a exercer maior influência (FREITAS *et al.*, 2023).

2.4.4 Seleção recorrente e vigor híbrido

O melhoramento genético de plantas busca aumentar, ao longo das gerações, a frequência de alelos favoráveis associados a caracteres de interesse agrônomo, especialmente aqueles controlados por numerosos genes de pequeno efeito. Para alcançar esse objetivo, uma das estratégias mais utilizadas é a seleção recorrente (JACKSON, 2005). A seleção recorrente tem se mostrado uma estratégia eficiente no acúmulo progressivo de alelos favoráveis em populações de cana-de-açúcar, resultando em ganhos contínuos de produtividade e qualidade.

No Brasil, um exemplo marcante desse processo foi observado no trabalho desenvolvido por Barbosa (2014). O autor destaca que a seleção recorrente, baseada na cultivar RB72454, foi eficaz em promover ganhos significativos no rendimento de sacarose ao longo de duas gerações, com aumentos em relação às cultivares anteriores, evidenciando o potencial de melhorias contínuas no melhoramento genético da cana-de-açúcar em Alagoas. Nesse contexto a técnica utilizada por melhoristas tem como objetivo explorar tanto os efeitos não aditivos quanto aditivos para os caracteres de valor econômico (NEIMAN e LINKSVAYER, 2006). Além disso a seleção recorrente pode ser intrapopulacional quando visa melhorar uma população e interpopulacional quando visa melhorar duas populações, buscando explorar o vigor híbrido (HOWARD; CARRIQUIRY; BEAVIS, 2014).

A reprodução híbrida justifica-se, em grande parte, pela possibilidade de exploração sistemática da heterose, fenômeno que expressa a superioridade média dos híbridos em relação aos seus genitores (SCHULTHESS; ZHAO; REIF, 2017). A heterose do pai médio (*mid-parent heterosis*) corresponde à diferença entre o valor genético da progênie e a média dos valores genéticos dos pais (LYNCH, 1998).

O valor genético médio do híbrido F1 pode diferir da média genética das subpopulações parentais, e essa diferença é conhecida como heterose panmítica média (LAMKEY e EDWARDS, 1999). Esse tipo de heterose pode ocorrer por dois mecanismos principais: (a) dominância, quando as frequências alélicas diferem entre as populações e o F1 expressa combinações genótípicas não observadas nos pais; e (b) epistasia aditiva × aditiva, resultante de novas interações gênicas que surgem no híbrido. A parte da heterose panmítica devida à dominância pode ser interpretada como uma recuperação da perda causada pela endogamia, já que as subpopulações, por definição, apresentam algum grau de endogamia em relação à população original. A heterose panmítica pode ser positiva ou negativa. Quando assume valores negativos, o fenômeno é denominado depressão por endogamia, caracterizado pela redução do desempenho da progênie em relação aos pais (LYNCH, 1998; WASER e PRICE, 1994). Essa depressão está associada, sobretudo, à perda de interações epistáticas favoráveis entre alelos, conhecidas como incompatibilidades de Dobzhansky-Muller, que ocorrem quando combinações gênicas compatíveis nos pais deixam de ser preservadas no híbrido (WELCH, 2004).

A heterose não se manifesta de forma uniforme em todas as características de um híbrido e pode variar em intensidade, sinal e até mesmo em função do ambiente (KAEPPLER, 2011). Um mesmo indivíduo pode apresentar heterose positiva em rendimento e altura, mas não em outros caracteres, como ângulo radicular, e essa variação pode assumir valores diferentes entre os traços avaliados. Em alguns casos, cruzamentos interespecíficos ou intersubespecíficos resultam em maior vigor vegetativo acompanhado de redução na fertilidade, demonstrando que a heterose pode ter efeitos contrastantes (MELCHINGER, 1999; WILLIAMS, 1959).

A expressão heterótica também pode ocorrer em caracteres complexos que dependem da integração de múltiplos componentes, mesmo que cada componente isoladamente siga um modelo genético aditivo. Além disso, diferentes formas de mensuração têm sido empregadas, como a heterobeltiose (comparação com o melhor genitor) e a heterose comercial (comparação com uma variedade padrão), as quais podem ser úteis no desenvolvimento varietal, mas não traduzem diretamente o ganho genético em programas de seleção recorrente (FLINT-GARCIA *et al.*, 2009; SCHNABLE e SPRINGER, 2013).

Importante destacar que o sinal da heterose nem sempre indica vantagem adaptativa real, pois depende da forma de mensuração adotada. Por exemplo, um atraso na floração pode ser interpretado como heterose positiva para dias até a floração ou heterose negativa para velocidade de desenvolvimento (FALCONER, 1996). Dessa forma, a heterose deve ser compreendida como um fenômeno sistêmico, que pode englobar aumento de vigor, produtividade, fecundidade, resistência a estresses bióticos e abióticos, mas que ainda demanda maior investigação para aplicação prática em programas de melhoramento de culturas híbridas (SHULL, 1948).

No caso da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), espécie altamente poliplóide e alógama, a heterose tem sido amplamente explorada para o aumento da produtividade de colmos, do teor de sacarose e da adaptação a diferentes ambientes (BRESSIANI *et al.*, 2002; WEI e PHILLIP, 2017). A complexidade do genoma e o alto nível de heterozigosidade tornam o comportamento híbrido imprevisível, mas oferecem ampla variabilidade genética a ser explorada (HOGARTH, 1987; KIMBENG e COX, 2003). Estudo conduzido por Liu *et al.* (2025) realizado na China com populações derivadas de *Saccharum spontaneum*, foram avaliados caracteres agronômicos como altura de planta, diâmetro e peso de colmo, além do teor de sólidos solúveis. Os autores observaram expressão positiva de heterose, tanto em relação à média dos pais (MPH) quanto ao melhor dos pais (HPH), destacando aumentos de mais de 30% na altura das plantas e incrementos acima de 100% no peso de colmo, evidenciando o potencial desse recurso genético para o melhoramento da cana-de-açúcar.

Duanmeesuk *et al.* (2021) ao avaliarem 142 famílias biparentais em três locais da Tailândia, constataram alta herdabilidade em sentido amplo e efeitos heteróticos alto 10 a 35% para caracteres como número de colmos, diâmetro de colmo e teor de Brix. As famílias F99 e F102 destacaram-se com vigor híbrido positivo para rendimento de colmos e de Brix, sugerindo forte contribuição de efeitos de dominância na expressão fenotípica. De forma semelhante, Bharathi *et al.* (2020) observaram que a capacidade específica de combinação (SCA) superou a capacidade geral (GCA) na análise de 18 cruzamentos do tipo progênie \times testador, indicando predominância de ação gênica não aditiva. Os cruzamentos Co 7219 \times Co 775, Co C 671 \times Co 89003 e Co 98013 \times Co 89003 apresentaram heterose média entre 12% e 20% para espessura de colmo e HR Brix, evidenciando a possibilidade de ganho genético pela seleção precoce de híbridos com desempenho superior.

Resultados clássicos também corroboram o papel da heterose na cana. Verma (1990), Verma e Singh (2004) ao estudarem 24 cruzamentos entre oito progênies e três testadores, relataram heterose significativa (até 40%) para peso e diâmetro de colmo, além de altos valores

de heterobeltiose em cruzamentos como POJ 2878 × Co 775 e Q 68 × Co 775. Para os autores, o vigor híbrido foi governado principalmente por efeitos epistáticos e não aditivos, reforçando a necessidade de considerar simultaneamente o desempenho per se e os efeitos de combinação na escolha dos genitores.

Um outro ponto que podemos analisar nas culturas agrícolas é a razão de potência, método escrito por Mather e Jinks (2013). Esse parâmetro é eficaz para determinar a natureza e a direção da dominância e constitui um parâmetro importante para compreender o grau de dominância na herança de caracteres. Quando o valor obtido ultrapassa ± 1 , infere-se a ocorrência de sobredominância, valores situados entre -1 e $+1$ refletem dominância parcial, já o valor igual a $+1,0$ caracteriza dominância completa, enquanto o valor zero indica ausência de dominância, ou seja, efeito aditivo. Esse índice tem sido especialmente útil em programas de melhoramento de milho, nos quais auxilia na avaliação de populações e no direcionamento das estratégias de seleção (SINGH, 2020).

A razão de potência (*potence ratio*) tem sido amplamente empregada em diversas culturas agrícolas para interpretar a heterose e indicar a natureza da ação gênica envolvida. Em milho (*Zea mays*), estudos revelaram valores superiores a um para caracteres de rendimento, indicando sobredominância (SINGH, 2020). No trigo (*Triticum aestivum*), espécie predominantemente autógama, a razão de potência mostrou-se útil para distinguir a contribuição relativa da dominância e da sobredominância em caracteres de rendimento (GHALLAB *et al.*, 2025).

2.4.5 Estatística e delineamento

No contexto do melhoramento da cana-de-açúcar, compreender e aplicar parâmetros estatísticos é fundamental para estimar e orientar a tomada de decisão. Hoarau *et al.* (2022) ressaltam que, é importante que haja variabilidade genética entre os indivíduos, pois é considerada essencial para obter novos genótipos superiores. Segundo Jackson, Deomano e Wei (2022) a análise estatística permite distinguir os efeitos genéticos e ambientais, aumentando a confiabilidade das comparações entre os genótipos avaliados. Nesse contexto, a experimentação de campo constitui ferramenta essencial para testar hipóteses estatísticas e estimar parâmetros genéticos em caracteres fenotípicos de natureza quantitativa.

Entre os delineamentos mais empregados nas fases iniciais de avaliação destaca-se o delineamento em blocos aumentados (DBA), proposto por Federer e Raghavarao (1975). Conforme os autores, em programas de melhoramento da *Hawaiian Sugar Planters Association*

(HSPA), a escassez de material de propagação, o tamanho das parcelas e o elevado número de tratamentos impossibilitavam o uso de repetições. Para contornar essa limitação, desenvolveu-se tratamentos adicionais não repetidos, denominados aumentados. Nesse delineamento, há um conjunto de tratamentos comuns, repetidos b vezes, e outro de tratamentos regulares, avaliados apenas uma vez.

Para Peternelli *et al.* (2009) em estudo de simulação, compararam a eficiência de diferentes delineamentos sob restrição de recursos, avaliando o delineamento em blocos aumentados (DBA), o delineamento em blocos aumentados duplicados (DBAD) e o grupo de experimentos em blocos casualizados com tratamentos comuns (EBCTC). Os autores concluíram que o DBA apresentou maior eficiência na seleção de genótipos, especialmente em cenários de maior herdabilidade, sendo indicado quando há limitação de área experimental. Em contrapartida, o DBAD apresentou estimativas menos precisas de variância e herdabilidade. Confirmando as conclusões de Peternelli *et al.* (2009), Cyrilus Samson e Ouko (2014) ao analisarem novos tratamentos de cana-de-açúcar por meio do DBA e do delineamento em blocos casualizados (DBC), verificaram que o DBA foi 11,86 vezes mais eficiente que o DBC, mostrando-se especialmente indicado em contextos de grande número de genótipos não replicados, variabilidade interblocos e limitação de tratamentos.

Avaliações internacionais têm apresentado resultados consistentes no uso da análise de variância (ANOVA) para estimar componentes genéticos, herdabilidade e avanço genético em cana-de-açúcar. Os trabalhos de Negi *et al.* (2017), Kumar *et al.* (2018), Tabassum *et al.* (2019), Padmavathi *et al.* (2025) mostram esses resultados na literatura. Negi *et al.* (2017), ao avaliarem 117 clones de cana-de-açúcar em delineamento em blocos aumentados, verificaram alta herdabilidade e avanço genético para caracteres como peso e diâmetro de colmo. De modo semelhante, Kumar *et al.* (2018), em estudo com 15 clones precoces, destacaram a produtividade de açúcar como o único caráter que apresentou simultaneamente alta herdabilidade e elevado ganho genético. Em convergência, Tabassum *et al.* (2019) identificaram número de perfilhos, número de colmos, peso de colmo e produtividade de colmos e de açúcar como caracteres pouco influenciados pelo ambiente e com alta herdabilidade.

O estudo de Padmavathi *et al.* (2025) destacou a importância da análise multivariada para compreender a diversidade genética entre 130 clones de cana-de-açúcar. A aplicação de técnicas como análise de componentes principais (PCA) e análise de agrupamento permitiu identificar caracteres-chave associados à qualidade do caldo e à arquitetura da planta, como peso médio de colmo, número de colmos industrializáveis, Brix e teor de sacarose. A alta

herdabilidade observada, combinada a ganhos genéticos, confirma o potencial desses caracteres como critérios de seleção em programas de melhoramento.

Nas fases iniciais de melhoramento, especificamente de cana-de-açúcar, a estimativa de herdabilidade é considerada baixa para muitos pesquisadores, para caracteres de cana-de-açúcar. Isso se deve, no modo geral pelos baixos números de repetição nas fases experimentais, um manejo no experimento, parcelas perdidas etc. A estimativa da herdabilidade em sentido restrito relatada por Bressiani *et al.* (2002) em cana-soca é de 0,21, bem como observada por Hogarth (1971) de 0,23. Para o peso médio de colmo o valor reportado por Bressiani *et al.* (2002) em cana-soca é de (0,19) e descrito por Hogarth (1971) de 0,21.

Como os caracteres quantitativos são influenciados por muitos genes, torna-se impraticável conhecer o tipo de interação alélica de cada caractere individualmente. Dessa forma, o que se busca é identificar o tipo de interação gênica predominante em nível de caráter (FERREIRA *et al.*, 2007). Nesse contexto, os melhoristas utilizam parâmetros genéticos para compreender as ações dos genes em caráter quantitativo ou qualitativo, bem como determinar o grau de variabilidade e herdabilidade de características desejáveis para projetar um programa eficaz de melhoramento genético.

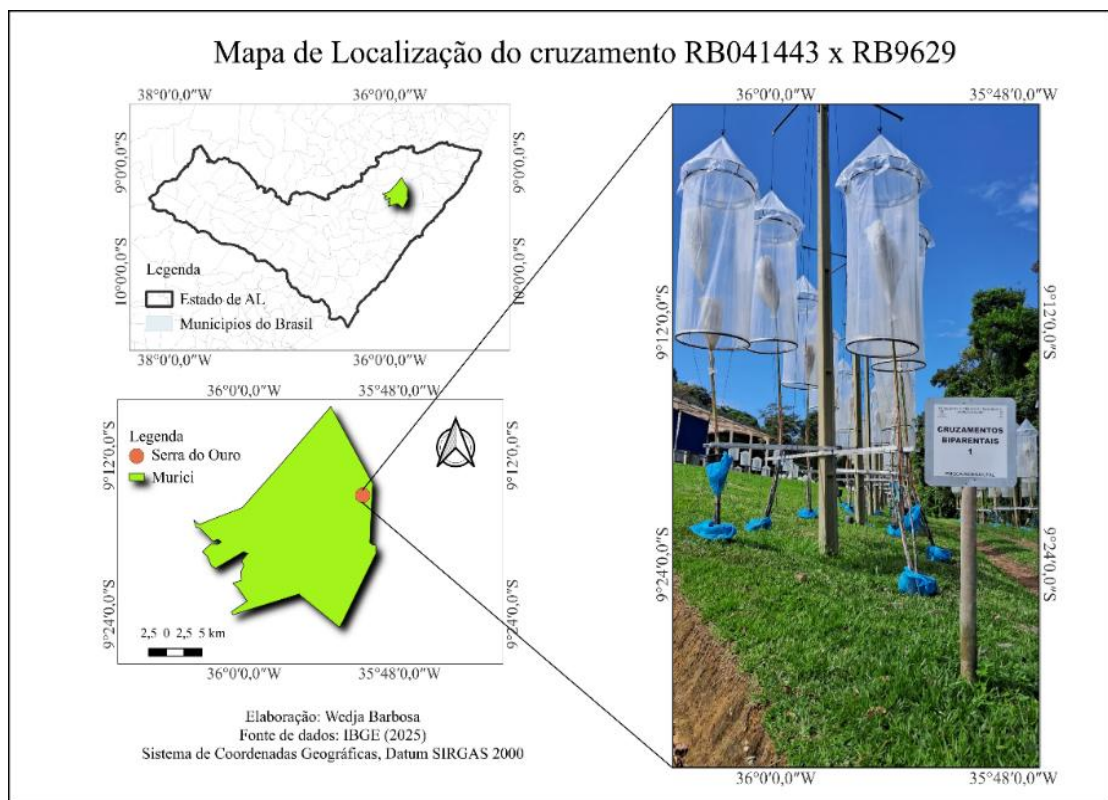
3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Cruzamento genético

A população base deste estudo foi obtida a partir do cruzamento entre os genótipos RB041443 e RB9629. A escolha desse cruzamento fundamentou-se nas características agrônomicas desejáveis apresentadas pelos genitores. A cultivar RB041443 destaca-se por sua alta produtividade, crescimento rápido e ereto. Apresenta intensidade de perfilhamento média, diâmetro de colmo médio. Por sua vez, o clone RB9629 encontra-se no banco de germoplasma da Estação Experimental Serra do Ouro e destaca-se pela sua capacidade Geral de Combinação.

O cruzamento genético foi realizado no ano de 2021, na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, situada no município de Murici – AL, sob responsabilidade da Universidade Federal de Alagoas (UFAL). A estação está localizada a uma latitude de 9°13'S e longitude 35°50'W, a 450 m de altitude e aproximadamente 35 km do litoral (Figura 1).

Figura 1 – Mapa de localização da área do cruzamento, localizado no banco de germoplasma Serra do Ouro, situado no município de Murici, AL.



Fonte: Autora (2025)

3.2 Obtenção das plântulas

As sementes obtidas a partir do cruzamento foram enviadas ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA do Campus de Engenharias e Ciências Agrárias (CECA), vinculado à Universidade Federal de Alagoas (UFAL). A germinação foi conduzida em bandejas plásticas preenchidas com substrato comercial Plantmax. Para facilitar a sementeira, as bandejas foram previamente irrigadas. Após a deposição das sementes, realizou-se irrigação, com o objetivo de assegurar o contato adequado entre as sementes e o substrato. As bandejas foram identificadas com etiquetas plásticas, contendo as informações do cruzamento e à data de sementeira. Em seguida, foram transferidas para casa de vegetação, onde permaneceram sob sistema de irrigação controlada.

Quando as plântulas (seedlings) atingiram aproximadamente 10 cm de altura, por volta de 30 dias após a sementeira, foi realizada a repicagem, transplantada para tubetes com 28 células, utilizando-se o mesmo substrato da fase de germinação. As plântulas permaneceram na casa de vegetação para o processo de aclimação, com aplicação de irrigação complementar. Decorridos entre dois e três meses, e com as plântulas já bem desenvolvidas, procedeu-se ao transplante definitivo para o campo experimental.

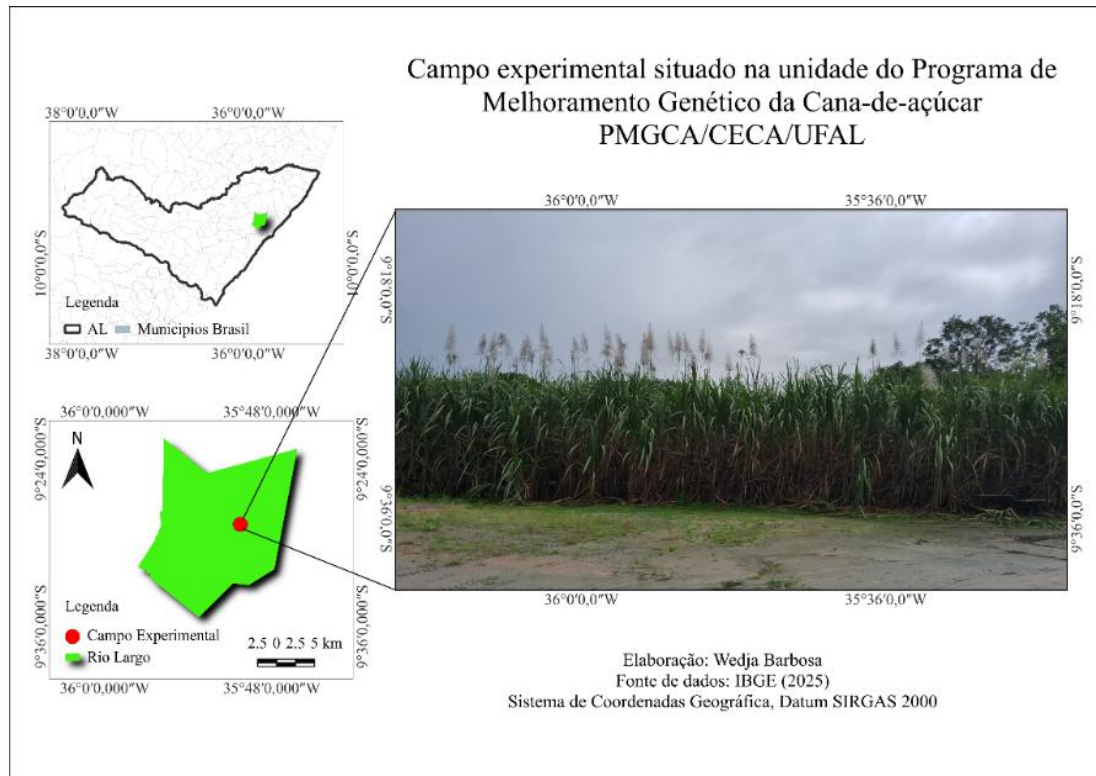
3.4 Campo experimental

O experimento de campo foi conduzido na unidade experimental do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA), situada no Campus de Engenharias e Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (PMGCA/CECA/UFAL) na cidade de Rio Largo – AL (Figura 2). A área é caracterizada por um solo do tipo Latossolo amarelo coeso Argissólico de textura média argilosa, localizada em uma topografia plana. O preparo do solo para a instalação do experimento seguiu os procedimentos convencionais adotados na cultura da cana-de-açúcar, incluindo aração e gradagem.

O delineamento utilizado foi de blocos aumentados com 10 blocos (FEDERER *et al.*, 1976). os dois parentais foram utilizados como testemunhas: P1 (RB041443) e P2 (RB9629) para permitir a captação dos efeitos ambientais e para permitir a estimação das interações alélicas, endogamia e ou vigor híbrido. Cada testemunha foi alocada em 1 parcela por bloco. Dentro de cada bloco havia 10 indivíduos e 2 testemunhas distribuídas aleatoriamente, totalizando 120 parcelas. A parcela experimental foi composta por covas espaçadas de 1,5 metros entre si. Durante a fase experimental foram realizadas capinas manuais periódicas para

manter as parcelas livres de plantas daninhas, garantindo condições uniformes de crescimento para os tratamentos. O experimento foi colhido e amostrado por biometria na fase T1.

Figura 2 – Campo experimental instalado na base de experimentação do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar (PMGCA), localizado na cidade de Rio Largo, AL.



Fonte: Autora (2025)

3.5 Caracteres avaliados

Os caracteres fenotípicos foram avaliados em cana planta (ano de 2023). Os caracteres avaliados foram mensurados conforme Marafon (2012):

- Teor de sólidos solúveis brix ($^{\circ}$ Brix), extraindo-se o caldo da região mediana do colmo em uma amostra de três colmos;
- Número de perfilhos por touceira (NPT), avaliado pela contagem do número total de colmos de cada parcela;
- Número de entrenós por parcela (NEP), avaliado pela contagem do primeiro entrenó visível a base da copa;
- Altura do colmo (AC, m), medido com uma trena de campo com cinco metros;

- e) Diâmetro médio do colmo (DMC, mm), medido com o auxílio de um paquímetro, sendo realizadas no terceiro internódio da base e em proporção mediana e
- f) Peso do colmo por parcela (PCP, kg), pesado com o auxílio de uma balança de 30 kg.

3.6 Análises dos dados

Após a amostragem dos dados à campo e tabulado no Excel, foi obtido as médias de cada parcelas por variável. O modelo estatístico utilizado no experimento foi:

$$y_{ij} = \mu + \beta_j + T_{i'} + T_{ji} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

- y_{ij} : é a resposta observada na parcela associada ao i -ésimo tratamento regular no j -ésimo bloco (repetição);
- μ : constante do modelo (média geral);
- β_j : efeito do j -ésimo bloco ($j=1,2, \dots, b$);
- $T_{i'}$: efeito do tratamento comum, $i' = 1, 2, \dots, t$;
- T_{ji} : efeito do tratamento regular i no bloco j , $i = t+1$ a $t+r$, onde r é o número de tratamentos regulares;
- ε_{ij} : erro aleatório associada ao i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco.

As variâncias fenotípicas (σ_f^2), genotípica (σ_g^2) e ambiental (σ^2) são obtidas a partir das tabelas de ANOVA, de acordo com o valor esperado do quadrado médio descrito por Federer *et al.* (1976):

- Variância ambiental:

$$\sigma^2 = QM_{Residuo}$$

- Variância fenotípica:

$$\sigma_f^2 = \frac{QMT_{Teste}}{r}$$

onde $r = 1$, pois só há uma repetição no experimento para os tratamentos. Assim, no delineamento em blocos aumentado:

$$\sigma_f^2 = QMT_{Teste}$$

- Variância genética:

$$\sigma_g^2 = \sigma_f^2 - \sigma_e^2$$

A herdabilidade no sentido amplo (h^2) é calculada pelo método proposto por Lush (1940):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

Os coeficientes de variação experimental (CVe), fenotípico (CVf) e genotípico (CVg) foram estimados seguindo o modelo proposto por Burton (1951):

- Coeficientes de variação experimental (CVe):

$$CVe = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{x}} \times 100$$

- Coeficientes de variação fenotípico (CVf):

$$CVf = \frac{\sqrt{\sigma_f^2}}{\bar{x}} \times 100$$

- Coeficientes de variação genótipo (CVg):

$$CVg = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{x}} \times 100$$

em que \bar{x} é a média geral da população

A razão do coeficiente de variação genotípico (CVg) e coeficiente de variação experimental (CVe):

$$b = \frac{CVg}{CVe}$$

- Valores > 1 a variabilidade genética é maior que a ambiental.
- Valores < 1 indicam maior influência ambiental.

As análises incluindo análise de variância (ANOVA), parâmetros genéticos foram estimados por meio do software R (R Core Team, 2024) usando o pacote ‘augmentedRCBD, versão 0.1.7’ (ARAVIND *et al.*, 2023).

O ganho esperado (Gs) foram calculados por meio da média populacional dos 102 indivíduos, categorizado por Johnson, Robinson e Comstock (1955):

$$Gs = ds * h^2$$

onde:

- G_s é o ganho considerado a média populacional
- h^2 é no sentido amplo
- ds foi calculado selecionando os melhores indivíduos de cada caráter acima de 75% considerando a média da população original que é expressa da seguinte forma:

$$ds = X_o - X_s$$

onde:

- X_o é a média populacional e X_s é a média da população selecionada considerando aproximadamente 77 indivíduos.

Posterior foi calculado a nova média esperada (X_n), considerando a fórmula:

$$X_n = X_o + G_s$$

Os cálculos foram realizados por meio do software Excel.

3.7 Heterose

As estimativas de heterose em relação ao pai médio (MPH) e ao melhor pai (BPH) foram determinadas manualmente por meio de planilhas eletrônicas no Microsoft Excel 2024, utilizando as equações propostas por (Mather; Jinks, 2013):

$$MBH = \frac{F1 - MP}{MP} * 100 \quad BH = \frac{F1 - BP}{BP} * 100$$

onde:

- MBH = heterose sobre o pai intermediário;
- BH = heterose sobre o melhor pai;
- $F1$ = valor médio do híbrido;
- MP = valor médio dos pais para o híbrido $(P1 + P2) / 2$;
- BP = valor médio do melhor pai.

3.7.1 Razão de potência

A razão de potência foi calculada de acordo com Smith (1952) para determinar a natureza da dominância e sua direção da seguinte forma:

$$H_{PR} = \frac{F1 - MP}{0,5 (P2 - P1)}$$

onde:

- H_{PR} = Razão de potência;
- $F1$ = média das progênes;
- $P1$ = valor médio do genitor inferior;
- $P2$ = valor médio do genitor superior;
- MP = valor dos genitores intermediários $(P2 + P1)/2$.

Dependendo do valor do grau de dominância, quatro situações são definidas (SMITH, 1952):

- Se $\delta = 1$, a dominância é chamada de completa;
- Se $\delta = 0$, há aditividade.
- Se $-1 < \delta < 1$, há dominância parcial.
- Se $\delta > \pm 1$, há superdominância.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Estimação de parâmetros descritivos

Foram estimados parâmetros estatísticos para avaliar a extensão da variabilidade do cruzamento RB041443 × RB9629, considerando os 102 genótipos e suas respectivas variáveis fenotípicas (Tabela 1). O objetivo foi decifrar a magnitude da variabilidade existente entre as progênies avaliadas de forma geral.

Tabela 1 – Análise descritiva: desvio padrão (s); mínimo (Min); máximo (Máx); amplitude (A); erro padrão da média s(m); coeficiente de variação (CV%). Variáveis: Número de perfilhos por touceira (NPT); diâmetro médio de colmos (DMC, mm), brix de colmos (°Brix), altura de colmos (AC, m), número de entrenós por parcelas (NEP) e peso de colmos (PCP, kg)

Caracteres	Parâmetros Estatísticos							
	Média	s	Mediana	Min	Máx	A	s(m)	CV (%)
NPP	10,59	3,83	10	2	19	17	0,35	36,17
DMC	23,32	3,74	23,40	10,21	33,62	23,41	0,34	16,03
°Brix	20,24	1,67	20,39	11,17	23,8	12,63	0,15	8,27
AC	2,54	0,53	2,56	0,97	3,56	2,59	0,05	20,87
NEP	22,39	3,74	22,94	13,33	30,89	17,56	0,34	16,70
PCP	13,01	7,11	12,39	0,91	32,02	31,11	0,65	54,64

Fonte: elaborado pela autora (2025)

Observa-se que na Tabela 1 para a variável número de perfilhos por parcela (NPT) apresentou média de 10,59 refletindo um desvio padrão de (s) de 3,8 indicando variação moderada entre os indivíduos. O número de perfilhos variou de 2 (Min) e 19 (Máx), mostrando uma amplitude de 17 colmos por touceira. O erro padrão s(m) de 0,35 mostrou uma boa precisão da média estimada. O coeficiente de variação CV (%) de 36,17% foi considerado alto, indicando heterogeneidade nesse caráter.

Para o caráter diâmetro médio do colmo (DMC, mm) apresentou média de 23,32 mm com desvio padrão (s) de 3,74 mm, indicando variação moderada para esse caráter entre os indivíduos. Os valores variaram de 10, 21 mm (Min) para 33,62 mm (Máx), o que indica uma amplitude de 23,41 mm. O erro padrão s(m) de 0,34 mm mostrou uma precisão da média, com o coeficiente de variação CV (%) 16,03% abaixo de 20% indicando boa precisão experimental para o caráter avaliado.

O caráter teor de sólidos solúveis (°Brix) a média foi de 20,24 com desvio padrão (s) de 1,67 °Brix, indicando boa uniformidade para esse caráter. O intervalo entre 11,17 °Brix (Min)

para 23,8 °Brix (Max) mostra uma amplitude (A) de 12,63 °Brix. O erro padrão s(m) foi de 0,15 °Brix indicando boa precisão da média. O coeficiente de variação CV (%) foi de 8,27% considerado baixo para esse caráter, reforçando boa precisão experimental.

A altura do colmo (AC) apresentou média de 2,54 e desvio-padrão (s) de 0,53 m apresentando boa variação nesse caráter. A amplitude foi de 2,59 m variando de 0,97 m (Min) para 3,56 m (Máx), indicando variação. O erro padrão s(m) de 0,05 m e apresenta boa precisão da média, com o coeficiente de variação CV (%) de 20,87% apresentando uma precisão experimental.

O número de entrenós por parcela (NEP) apresentou média de 22,39 e desvio padrão (s) de 0,53 m, apresentando boa variação entre os indivíduos. O número de entrenós variou de 13,33 (Min) para 30,89 (Máx) por indivíduo. O erro padrão de 0,34 mostra boa precisão da média com coeficiente de variação CV (%) de 16,70% indicando boa precisão experimental.

O peso de colmo por parcelas (PCP, kg) apresentou média de 13,01 kg com desvio-padrão de 7,11 kg mostrando alta variação entre os genótipos. Os valores foram de 0,91 kg (Min) e Máximo (Máx) de 32,02 kg apresentado amplitude de 31,11 kg. O erro-padrão s(m) de 0,65 mostra uma precisão moderada para o caráter avaliado. O coeficiente de variação (CV%) de 54,64% foi considerado alto, indicando heterogeneidade para esse caráter.

Esses resultados não estão de acordo com kumar et al. (2018) pois os autores encontraram diâmetro do colmo médio de aproximadamente 25,5 mm, com baixa variação experimental (<10%), evidenciando relativa uniformidade entre os clones avaliados. Já a altura das plantas na colheita variou de 2,57 m a 2,89 m, com média próxima de 2,75 m, demonstrando que para essa variável os resultados foram semelhantes.

4.2 Análise de variância (ANOVA)

A análise de variância realizada para os seis caracteres fenotípicos número de perfilhos por touceira (NPT), diâmetro médio de colmos (DMC, mm), Brix de colmos (°Brix), altura de colmos (AC, m), número de entrenós por parcelas (NEP) e peso de colmos por parcelas (PCP, kg), avaliados em 102 genótipos derivados do cruzamento RB041443 × RB9629, evidenciaram presença de variabilidade genética (Tabela 2). Os resultados obtidos, mostraram significância estatística ($p \leq 0,01$) para os caracteres diâmetro do colmo (DC), Brix de colmos (BC), altura do colmo (AC, m) e número de entrenós por colmo (NEC), tanto para os efeitos de tratamentos (eliminando e ignorando blocos) quanto para os efeitos de blocos (ignorando tratamentos).

Por outro lado, o número de perfilhos por touceira (NPT) e o peso de colmos por parcela (PCP, kg) não apresentaram significância, sugerindo maior influência ambiental sobre esses caracteres nesta fase inicial do ciclo. O quadrado médio referente aos tratamentos “regulares × comuns” revelou significância para todos os caracteres avaliados, exceto para o número de entrenós por colmo (NEP), evidenciando maior efeito ambiental nesse caráter.

Tabela 2 – Análise de variância para número de perfilhos por touceira (NPT), diâmetro médio dos colmos (DMC, mm), brix de colmos (°Brix), altura de colmos (AC, m), número de entrenós por touceira (NEP) e peso de colmos por parcelas (PCP, kg)

Fonte de Variação	G. L	Quadrado Médio					
		NPP	DMC	°Brix	AC	NEP	PCP
Tratamentos Ajustados							
Blocos (ignorando Tratamentos)	9	19,86 ^{ns}	6,86 ^{**}	5,64 ^{**}	0,39 ^{**}	30,84 ^{**}	46,65 ^{ns}
Tratamentos (eliminando blocos)	101	14,70 ^{ns}	15,75 ^{**}	2,77 ^{**}	0,29 ^{**}	13,57 ^{**}	52,97 ^{ns}
Comuns	1	2,45 ^{ns}	19,01 ^{**}	2,26 [*]	4,70 ^{**}	172,52 ^{**}	482,85 ^{**}
Resíduos	9	9,34	1,22	0,35	0,04	1,72	26,73
Blocos Ajustados							
Tratamentos (ignorando Blocos)	101	15,36 ^{ns}	16,31 ^{**}	3,21 ^{**}	0,32 ^{**}	15,80 ^{**}	54,91 ^{ns}
Regulares	99	14,05 ^{ns}	13,44 ^{**}	3,08 ^{**}	0,27 ^{**}	14,36 ^{**}	31,48 ^{ns}
Regulares vs. Comuns	1	157,08 ^{**}	297,81 ^{**}	17,03 ^{**}	1,24 ^{**}	1,11 ^{ns}	1946,70 ^{**}
Blocos (eliminando Tratamentos)	9	12,45 ^{ns}	0,53 ^{ns}	0,71 ^{ns}	0,03 ^{ns}	5,87 [*]	24,90 ^{ns}
Resíduos	9	9,34	1,22	0,35	0,04	1,72	26,73
^{ns} P > 0.05; [*] P ≤ 0.05; ^{**} P ≤ 0.01							
CV (%)		28,85	4,74	2,93	7,4	5,86	39,75
Médias ajustadas		10,14	22,7	20,09	2,5	22,36	11,42

Fonte: Elaborado pela autora 2025

Os coeficientes de variação experimental (CV%) apresentou baixo de 10% para diâmetro médio do colmo (DMC, mm), teor de solúveis brix (°Brix), altura do colmo (AC, m) e número de entrenós por parcela (NEP) indicando que ocorreram homogeneidade para esses caracteres. Embora, para número de perfilhos por touceira (NPT) e peso do colmo por parcelas (PCP, kg) apresentaram heterogeneidade para esses caracteres, com coeficiente de variação de 28,85% e 39,75% respectivamente.

Resultados semelhantes foram encontrados na literatura, como os trabalhos de Peternelli et al. (2009), Cyrillus Samson e Ouko (2014), Negi et al. (2017), Kumar et al. (2018), Tabassum

et al. (2019), Padmavathi et al. (2025). Os autores evidenciaram que o uso do delineamento foi considerado propício para análises com poucas repetições sob restrições de recurso. Embora, as estimativas para um cruzamento podem gerar perdas de informações genéticas equivocadas, uma vez que, para anova simples deste delineamento não tem como recuperar informações a nível de parcelas.

4.3 Parâmetros genéticos

A Tabela 3 apresenta os valores de variância fenotípica (V_f), genotípica (V_g) e ambiental (V_e), os coeficientes de variação genética (CV_g), fenotípica (CV_f) e ambiental (CV_e), a relação CV_g/CV_e , herdabilidade em sentido amplo (h^2), média populacional (X_o), média da população selecionada (X_s), média dos parentais (X_p), média parental (P1 e P2), ganho de seleção (G_s) e a média esperada (X_n).

Para o número de perfilhos por parcelas (NPP), observa-se que a variância ambiental (V_e) de 9,34 supera a variância genética (V_g) de 4,72, evidenciada também pela razão CV_g/CV_e com valor de 0,71. Essa predominância ambiental está associada à herdabilidade moderada (h^2) de 33,55%, indicando menor controle genético sobre o caráter. A média da população (10,14) encontra-se abaixo da média parental (13,15), e mesmo com o incremento obtido pelo diferencial de seleção (X_s) de 11,14, o ganho de seleção estimado (G_s) de 33,66 mostra que grande parte da variação é influenciada pelo ambiente.

Para o diâmetro médio do colmo (DMC), a variância genética (12,22) compõe quase toda a variância fenotípica (13,44), e a razão entre CV_g/CV_e de 3,16 confirma maior contribuição genética. Esse padrão é reforçado pela alta herdabilidade (90,92%). A média da população (22,70) é inferior à média parental (26,84), mas a seleção gerou incremento para 23,47. O ganho de seleção (70,26) indica possibilidade de avanço na população, considerando o forte controle genético do caráter.

No caso do teor de sólidos solúveis brix ($^{\circ}$ Brix), a variância genética (2,73) é superior à ambiental (0,35), e a relação CV_g/CV_e de 2,79 demonstra maior efeito dos componentes genéticos. A herdabilidade também é alta (88,59%). A média da população (20,09) aproxima-se das médias parentais, e os selecionados atingiram 20,35. O ganho de seleção (22,53) aponta potencial de resposta em ciclos subsequentes.

Tabela 3 - Parâmetros genéticos: Variância fenotípica (σ_f^2); Variância genotípica (σ_g^2); Variância residual (σ_e); coeficiente de variância genotípica (CV_g); coeficiente de variância fenotípica (CV_f); coeficiente de variância residual (CV_e); relação coeficiente de variação genética e coeficiente de variação residual (CV_g/CV_e); herdabilidade sentido amplo (h^2); média populacional (\bar{X}_o); média da população selecionada (\bar{X}_s); diferencial da seleção (ds); média dos parentais (\bar{X}_p); média do parental (P1); média do parental (P2); ganho de seleção (Gs); média esperada (Xn). Variáveis: número de perfilhos por touceira (NPT), diâmetro de médio de colmos (DMC, em mm), brix de colmos ($^{\circ}$ Brix), altura de colmos (AC, em m), número de entrenós por parcelas (NEP) e peso de colmos por parcelas (PCP, em kg).

Parâmetros	Caracteres					
	NPT	DMC	$^{\circ}$ Brix	AC	NEP	PCP
σ_f^2	14,05	13,44	3,08	1,24	14,36	31,48
σ_g^2	4,72	12,22	2,73	1,21	12,64	4,75
σ_e	9,34	1,22	0,35	0,04	1,72	26,73
CV_g (%)	21,41	15,40	8,22	42,37	15,90	19,04
CV_f (%)	36,97	16,15	8,73	42,98	16,95	49,04
CV_e (%)	30,14	4,87	2,95	7,24	5,87	45,19
CV_g/CV_e	0,71	3,16	2,79	5,85	2,71	0,42
h^2	33,55	90,92	88,59	97,16	88,01	15,07
\bar{X}_o	10,14	22,70	20,09	2,50	22,36	11,44
\bar{X}_s	11,14	23,47	20,35	2,72	23,79	13,63
ds	1,00	0,77	0,25	0,23	1,44	2,19
\bar{X}_p	13,15	26,84	21,08	2,76	22,61	22,01
P1	13,50	27,82	20,75	3,25	25,55	26,93
P2	12,80	25,87	21,42	2,28	19,67	17,10
Gs	33,66	70,26	22,53	19,74	126,59	32,96
Xn	43,80	92,97	42,62	22,23	148,95	44,40

Fonte: elaborado pela autora (2025)

Para altura do colmo (AC), a razão V_g/V_e permanece favorável ao componente genético

(0,24 contra 0,04), e a razão $CV_g/CV_e = 5,85$ reforça baixa interferência ambiental. A herdabilidade (86,99%) confirma que o caráter apresenta base genética consistente. A média da população (2,50 m) é semelhante à média parental (2,76 m), e a seleção promoveu aumento para 2,72 m. O ganho de seleção (19,74) indica que esse caráter pode ser melhorado por seleção entre progênies.

Em número de entrenós (NEP), o padrão permanece semelhante: a variância genética (12,64) supera a ambiental (1,72), e a razão $CV_g/CV_e = 2,71$ aponta maior contribuição genética para a expressão fenotípica. A herdabilidade (88,01%) é alta. Embora a média da população (22,36) esteja próxima da média parental (22,61), os indivíduos selecionados apresentaram incremento (23,79). O ganho de seleção estimado (126,59) está entre os mais altos, alinhado com a magnitude da variância genética.

Para o peso do colmo por parcelas (PCP), a variância ambiental (26,73) é muito superior à genética (4,75), refletindo-se na baixa razão $CV_g/CV_e = 0,42$ e na herdabilidade reduzida (15,07%). A média da população (11,44 kg) está distante dos valores parentais (22,01 kg), e mesmo os selecionados (13,63 kg) não se aproximam dos valores observados nos genitores. O ganho de seleção (32,96) ocorre em um contexto dominado pelo ambiente, o que reduz a confiabilidade da resposta à seleção.

A partir da análise da Tabela 3, observa-se que as variâncias fenotípicas para todos os caracteres avaliados são superiores às variâncias genotípicas. Isso pode estar relacionado à influência de fatores não genéticos que desempenham papel importante na expressão desses caracteres. Os resultados de Kumar et al. (2018) ao verificarem 15 clones precoces, encontraram baixa herdabilidade para altura do colmo (27,91%), alta herdabilidade para diâmetro do colmo (75,51%). O trabalho de Negi et al. (2017), encontraram herdabilidade média para altura do colmo (60,20%), o que difere dos achados deste trabalho. Por outro lado, valores baixos de herdabilidade foram registrados para número médio de entrenós (26,20%) e número de perfilhos (19,80%), o que também discorda dos resultados encontrados neste trabalho. No entanto, é notável que para esses estudos foram considerados apenas um cruzamento considerando os parentais RB041443 x RB9629.

Considerando o ganho genético que representa a melhoria no valor genotípico da nova população em relação à população base, constituindo um parâmetro de grande utilidade para os caracteres avaliados. Esse parâmetro foi categorizado como baixo (<10%), moderado (10–20%) e alto (> 20%) (JOHNSON *et al.*, 1955). Tabassum et al. (2019), encontrou ganhos genéticos altos para número de perfilhos (37,06%), número de colmos (40,79%), peso de colmo (32,34%), resultados que corroboram com os resultados deste estudo, embora ganho genético moderado

para altura do colmo (12,06%) e diâmetro do colmo (10,74%) diferem dos resultados obtidos nesse estudo.

4.4 Heterose e Razão de potência

A tabela 4 apresentada sintetiza a estimação da heterose e da razão de potência (HPR) para seis caracteres avaliados. A análise da heterose média (MPH), heterose em relação ao melhor genitor (BPH) e da razão de potência (HPR) evidenciaram comportamento predominantemente negativo para todos os caracteres. Esse padrão indica a ausência de vigor híbrido e o predomínio de efeitos gênicos não aditivos desfavoráveis, o que comprometeu o desempenho da progênie em relação à média e ao melhor dos pais.

A heterose média (MPH) foi negativa para todos os caracteres avaliados. Isso indica que o desempenho do híbrido F1 ficou abaixo da média dos dois genitores. Para número de colmos (NPP) (-0,23) e diâmetro médio de colmos (DMC) (-0,15), o F1 não atingiu o vigor correspondente à média do parental. O mesmo ocorreu para °Brix, altura de colmos (AC) e número de entrenós (NEP), cujos valores de heterose média foram próximos de zero, porém negativos. Para peso de colmos por parcela (PCP), a heterose média (-0,48) também mostrou desempenho inferior à média dos pais. Esses resultados indicam que, nesse cruzamento, a média parental não foi superada pelo híbrido para nenhum caráter.

Tabela 4 – Heterose em relação a média dos parentais (MPH); heterose sobre o melhor parental (BPH); razão de potência (HPR). Variáveis: Número de perfilhos por touceira (NPT), diâmetro médio dos colmos (DMC, mm), brix de colmos (°Brix), altura dos colmos (AC, m), número de entrenós por parcelas (NEP) e peso de colmos por parcelas (PCP, kg)

Caracteres	F1	RB041443	RB9629	MPH	BPH	HPR
NPP	10,14	13,50	12,80	-0,23	-0,25	-8,60
DMC	22,70	27,82	25,87	-0,15	-0,18	-4,25
°Brix	20,09	20,75	21,42	-0,05	-0,06	-2,96
AC	2,59	3,25	2,28	-0,06	-0,20	-0,35
NEP	22,36	25,55	19,67	-0,01	-0,12	-0,09
PCP	11,42	26,93	17,10	-0,48	-0,58	-2,16

Fonte: elaborado pela autora (2025)

A heterose em relação ao melhor genitor (BPH) também apresentou valores negativos para todos os caracteres. Para NPT (-0,25), DMC (-0,18) e PCP (-0,58), o híbrido apresentou

desempenho inferior ao genitor de maior valor médio. O mesmo padrão ocorreu para °Brix, AC e NEP, cujos valores de BPH foram igualmente negativos. Isso demonstra que o F1 não superou o melhor dos pais em nenhum caráter, indicando ausência de superioridade híbrida na comparação direta com o parental de maior desempenho.

A razão de potência (HPR) apresentou valores negativos para os seis caracteres avaliados. Observa-se na Tabela 4 que ocorreram superdominância $\geq \pm 1$ para os caracteres número de perfilhos por touceiras (NPT, -8,60), diâmetro médio do colmo (DMC, -4,25), teor de sólidos solúveis (°Brix, -2,96) e peso de colmo por parcelas (PCP, -2,16). Para os caracteres número de entrenós (NEP, -0,09) e altura do colmo (AC, -0,35) apresentaram dominância parcial. A direção do valor negativo mostrou que a heterose foi considerada desfavorável para os seis caracteres.

Esses resultados indicam que, o cruzamento entre RB041 1443 e RB9629 proporcionou ganhos heteróticos negativos, apontando para um comportamento de dominância não aditiva desfavorável na expressão dos caracteres avaliados. Lynch (1998) Waser e Price (1994) explicam que a parte da heterose panmítica devida à dominância pode ser interpretada como uma recuperação da perda causada pela endogamia, já que as subpopulações, por definição, apresentam algum grau de endogamia em relação à população original. Ademias, os autores ressaltam que, a heterose panmítica pode ter comportamento divergente, quando assume valores negativos, o fenômeno é denominado depressão por endogamia, caracterizado pela redução do desempenho da progênie em relação aos pais.

O autor Welch (2011) em seu estudo, afirma que a heterose não se manifesta de forma uniforme em todas as características de um híbrido e pode variar em intensidade, sinal e até mesmo em função do ambiente, ou seja, um mesmo indivíduo pode apresentar heterose positiva em rendimento e altura, mas não em outros caracteres, como aconteceu nesse estudo, no caso do caractere número de entrenós, que apresentou pouco efeito aditivo positivo. Um dos pontos que podemos destacar para esse estudo, talvez seja os fatores ambientais, os tratos culturais, emprego do delineamento, perdas de parcelas ou até mesmo a quantidade de repetição, que levou baixos níveis de heterose, uma vez que, o sinal da heterose nem sempre indica vantagem adaptativa real, pois depende da forma de mensuração adotada.

Na literatura reforçam a importância da heterose para os caracteres avaliados, divergindo apenas da metodologia adotada nesse estudo. Por exemplo, um estudo realizado na china por Liu et al. (2025) ao avaliarem altura de planta, diâmetro e peso de colmo, além do teor de sólidos solúveis, os autores observaram que heterose positiva tanto em relação à média dos pais (MPH) quanto ao melhor dos pais (HPH), destacando aumentos de mais de 30% na

altura das plantas e incrementos acima de 100% no peso de colmo, evidenciando o potencial desse recurso genético para o melhoramento da cana-de-açúcar. Esses resultados não estão de acordo com os resultados obtidos nesse estudo, o que gerou heterose negativa. Resultados clássicos de Verma (1990) e Verma e Singh (2004), ao estudarem 24 cruzamentos entre oito progênies e três testadores, verificaram heterose significativa de até 40% para peso e diâmetro de colmo, além de elevada heterobeltiose.

5 CONCLUSÕES

- Os resultados indicaram variabilidade genética para os seis caracteres, com destaque para DMC, °Brix, AC e NEP, que apresentaram alta herdabilidade e maior influência genética. Por outro lado, NPT e PCP mostraram maior influência ambiental e menor controle genético.
- A análise de heterose revelou valores predominantemente negativos, indicando ausência de vigor híbrido e predominância de efeitos não aditivos desfavoráveis. A razão de potência também apresentou valores negativos, reforçando a falta de heterose positiva.
- Apesar disso, os ganhos de seleção foram observados em alguns caracteres, como DMC e NEP, sugerindo potencial para avanços genéticos no próximo ciclo.

6 REFERÊNCIAS

- ARAVIND, J. *et al.* augmentedRCBD: Analysis of Augmented Randomised Complete Block Designs. [s. l.], 2023. Disponível em: <https://zenodo.org/records/8267052>. Acesso em: 27 out. 2025.
- AZZINI, A. *et al.* Densidade básica do colmo e sua correlação com os valores de brix e pol em cana-de-açúcar. **Bragantia**, [s. l.], v. 45, n. 1, p. 155–160, 1986.
- BABU, K. S. D. *et al.* A short review on sugarcane: its domestication, molecular manipulations and future perspectives. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s. l.], v. 69, n. 8, p. 2623–2643, 2022.
- BARBOSA, G. V. S. *et al.* A brief report on sugarcane breeding program in Alagoas, Brazil. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 2, n. 4, p. 613–616, 2002.
- BARBOSA, G. V. de S. Contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar para a agroindústria canavieira de Alagoas. [s. l.], 2014. Disponível em: <https://acervodigital.ufpr.br/handle/1884/34879>. Acesso em: 24 ago. 2025.
- BASTOS, I. T. *et al.* Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, [s. l.], v. 62, p. 199–206, 2003.
- BHARATHI, Y. *et al.* Combining Ability and Heterosis in Sugarcane for Early Selection Traits. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s. l.], v. 9, n. 7, p. 2473–2480, 2020.
- BRESSIANI, J. A. *et al.* Combining ability in eight selected clones of sugarcane (*Saccharum* sp). **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 2, n. 3, p. 411–416, 2002.
- BURTON, G. W. Quantitative Inheritance in Pearl Millet (*Pennisetum glaucum*). **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 43, n. 9, p. 409–417, 1951.
- CARVALHO, S. A. D. de; FURTADO, A. T. O Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar no Brasil e o Desafio das Mudanças Climáticas Globais. **Revista Gestão & Conexões**, [s. l.], v. 2, n. 1, p. 22–46, 2013.
- CASU, R. E. *et al.* Genomics approaches for the identification of genes determining important traits in sugarcane. **Field Crops Research**, [s. l.], v. 92, n. 2, Sugarcane physiology: Integrating from cell to crop to advance sugarcane production, p. 137–147, 2005.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar: safra 2025/26, terceiro levantamento. Brasília, DF: Conab, v. 13, n. 3, 63 p., nov. 2025. ISSN 2318-7921.
- CURSI, D. E. *et al.* History and Current Status of Sugarcane Breeding, Germplasm Development and Molecular Genetics in Brazil. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 24, n. 1, p. 112–133, 2022.
- CYRILUS, O. W.; SAMSON, O. O.; OUKO, O. E. Screening of New strains of sugarcane using Augmented Block Designs. **Mathematical Theory and Modeling**, [s. l.], v. 4, n. 8, p. 153, 2014.

DUANMEESUK, U. *et al.* Estimation of Genetic Parameters, Heritability, Genetic Advance and Heterosis in Sugarcane Families. [s. l.], 2021.

EAST, E. M. Studies On Size Inheritance in Nicotiana. **Genetics**, [s. l.], v. 1, n. 2, p. 164–176, 1916.

ELY, R. N.; LAHR, M. L. How far should we go to sugarcoat the path to global energy security?. **Annals of Operations Research**, [s. l.], v. 333, n. 1, p. 361–392, 2024.

FALCONER, D. S. **Introduction To Quantitative Genetics 4th Edition**. [S. l.]: [s. d.], 1996. Disponível em: <http://archive.org/details/IntroductionToQuantitativeGenetics>. Acesso em: 1 set. 2025.

FEDERER, W. T. *et al.* Model Considerations and Variance Component Estimation in Augmented Completely Randomized and Randomized Complete Blocks Designs - Preliminary Version. [s. l.], 1976. Disponível em: <https://hdl.handle.net/1813/32691>. Acesso em: 27 out. 2025.

FEDERER, W. T.; RAGHAVARAO, D. On Augmented Designs. **Biometrics**, [s. l.], v. 31, n. 1, p. 29–35, 1975.

FERREIRA, F. M. *et al.* Relações fenotípicas e genotípicas entre componentes de produção em cana-de-açúcar. **Bragantia**, [s. l.], v. 66, p. 605–610, 2007.

FLINT-GARCIA, S. A. *et al.* Heterosis Is Prevalent for Multiple Traits in Diverse Maize Germplasm. **PLOS ONE**, [s. l.], v. 4, n. 10, p. e7433, 2009.

FREITAS, A. M. B. *et al.* Desempenho de famílias de cana energia (*Saccharum spp.*) nas fases iniciais de seleção clonal. [s. l.], v. 10, n. 26, 2023.

GASQUES, J. G.; FILHO, E. R. V. **Uma jornada pelos contrastes do Brasil : cem anos do Censo Agropecuário**. [S. l.]: Ipea, 2020. Disponível em: <https://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/10339/1/UmaJornadaPelosContrastesdoBrasil.pdf>. Acesso em: 27 ago. 2025.

GHALLAB, K. H. *et al.* Determination of Potence Ratio, Inbreeding Depression, and Heterobeltiosis in Wheat Yield Components Under Salinity Stress. **Labyrinth: Fayoum Journal of Science and Interdisciplinary Studies**, [s. l.], v. 0, n. 0, p. 0–0, 2025.

HILL, W. G. Understanding and using quantitative genetic variation. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, [s. l.], 2010. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rstb.2009.0203>. Acesso em: 1 out. 2025.

HOARAU, J.-Y. *et al.* Applications of Quantitative Genetics and Statistical Analyses in Sugarcane Breeding. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 24, n. 1, p. 320–340, 2022.

HOWARD, R.; CARRIQUIRY, A. L.; BEAVIS, W. D. Parametric and Nonparametric Statistical Methods for Genomic Selection of Traits with Additive and Epistatic Genetic Architectures. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, [s. l.], v. 4, n. 6, p. 1027–1046, 2014.

HOGARTH, D. M. Chapter 6 - Genetics of Sugarcane. *In*: HEINZ, D. J. (org.). **Developments in Crop Science**. [S. l.]: Elsevier, 1987. (Sugarcane Improvement through

Breeding). v. 11, p. 255–271. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780444427694500114>. Acesso em: 26 out. 2025.

HOGARTH, D. Quantitative inheritance studies in sugar-cane. I. Estimation of variance components. **Australian Journal of Agricultural Research**, [s. l.], v. 22, n. 1, p. 93–102, 1971.

HOLLAND, J. B. Genetic architecture of complex traits in plants. **Current Opinion in Plant Biology**, [s. l.], v. 10, n. 2, Genome Studies and Molecular Genetics / Edited by Stefan Jansson and Edward S Buckler, p. 156–161, 2007.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, [s. l.], v. 92, n. 2, Sugarcane physiology: Integrating from cell to crop to advance sugarcane production, p. 277–290, 2005.

JACKSON, P.; DEOMANO, E.; WEI, X. An Introduction to Some Concepts in Statistical Analysis and Quantitative Genetics for Sugarcane Breeding Programs. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 24, n. 1, p. 298–319, 2022.

JACKSON, P.; MCRAE, T. a. Selection of Sugarcane Clones in Small Plots: Effects of Plot Size and Selection Criteria. **Crop Science**, [s. l.], v. 41, n. 2, p. 315–322, 2001.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. Estimates of Genetic and Environmental Variability in Soybeans. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 47, n. 7, p. 314–318, 1955.

KAEPLER, S. Heterosis: one boat at a time, or a rising tide?. **New Phytologist**, [s. l.], v. 189, n. 4, p. 900–902, 2011.

KIMBENG, C. A.; COX, M. C. **Seleção de Famílias e Clones de Cana-de-Açúcar na Austrália: Uma Revisão. Jornal Sociedade Americana de Tecnólogos de Cana-de-Açúcar, 23, 20-39. - Referências - Publicação de Pesquisa Científica.** [S. l.], 2003. Disponível em: <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=2200251>. Acesso em: 26 out. 2025.

KUMAR, P. *et al.* Genetic variability, heritability and genetic advance of quantitative traits in sugarcane. **International Journal of Chemical Studies**, [s. l.], v. 6, n. 3, p. 3569–3572, 2018.

LAMKEY, K. R.; EDWARDS, J. W. Quantitative Genetics of Heterosis. *In*: GENETICS AND EXPLOITATION OF HETEROSIS IN CROPS. [S. l.]: John Wiley & Sons, Ltd, 1999. p. 31–48. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2134/1999.geneticsandexploitation.c4>. Acesso em: 23 out. 2025.

LEAL, S. M. Genetics and Analysis of Quantitative Traits,. **American Journal of Human Genetics**, [s. l.], v. 68, n. 2, p. 548–549, 2001.

LIU, J. *et al.* The Enhancement of a *Saccharum spontaneum* Population and a Genetic Impact Analysis of the Agronomic and Yield Traits of Its Progeny. **Plants**, [s. l.], v. 14, n. 12, p. 1750, 2025.

- LU, G. *et al.* Sugarcane breeding: a fantastic past and promising future driven by technology and methods. **Frontiers in Plant Science**, [s. l.], v. 15, 2024. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2024.1375934/full>. Acesso em: 30 set. 2025.
- LUSH, J. L. Intra-Sire Correlations or Regressions of Offspring on Dam as a Method of Estimating Heritability of Characteristics. **Journal of Animal Science**, [s. l.], v. 1940, n. 1, p. 293–301, 1940.
- LYNCH, M. **Genetics and analysis of quantitative traits**. [S. l.]: Sunderland, Mass. : Sinauer, 1998. Disponível em: <http://archive.org/details/geneticsanalysis0000lync>. Acesso em: 1 set. 2025.
- MARAFON, A. C. Análise quantitativa de crescimento em cana-de-açúcar: uma introdução ao procedimento prático. [s. l.], 2012. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/944871>. Acesso em: 18 nov. 2025.
- MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical Genetics: The Study of Continuous Variation**. [S. l.]: Springer, 2013.
- MATHER, K. The Genetical Theory of Continuous Variation. **Hereditas**, [s. l.], v. 35, n. S1, p. 376–401, 1949.
- MELCHINGER, A. E. Genetic Diversity and Heterosis. *In*: GENETICS AND EXPLOITATION OF HETEROSIS IN CROPS. [S. l.]: John Wiley & Sons, Ltd, 1999. p. 99–118. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2134/1999.geneticsandexploitation.c10>. Acesso em: 23 out. 2025.
- MUBARAK, A. A. *et al.* Recent developments in sugarcane bagasse fibre-based adsorbent and their potential industrial applications: A review. **International Journal of Biological Macromolecules**, [s. l.], v. 277, p. 134165, 2024.
- NAJAFABADI, M. Y.; HESAMI, M.; RAJCAN, I. Unveiling the Mysteries of Non-Mendelian Heredity in Plant Breeding. **Plants**, [s. l.], v. 12, n. 10, p. 1956, 2023.
- NEIMAN, M.; LINKSVAYER, T. A. The conversion of variance and the evolutionary potential of restricted recombination. **Heredity**, [s. l.], v. 96, n. 2, p. 111–121, 2006.
- NEGI, A. S. *et al.* **Estimation of Variability Parameters in Early Generation General Collection Progenies of Sugarcane (Saccharum Species Complex)**. [S. l.], 2017. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/323120342_Estimation_of_Variability_Parameters_in_Early_Generation_General_Collection_Progenies_of_Sugarcane_Saccharum_Species_Co_mplex. Acesso em: 26 out. 2025.
- NILSSON-EHLE, H. **Kreuzungsuntersuchungen an Hafer und Weizen**. Lund: H. Ohlssons Buchdr., 1909. (Lunds universitets arsskrift ;n. f., afd. 2, bd. 5, nr. 2 ; bd. 7, nr. 6). Disponível em: <https://catalog.hathitrust.org/Record/101651738>. Acesso em: 5 nov. 2025.
- NOGUEIRA, I. R. Tabelas para determinação de açúcar provável. **Anais da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz**, [s. l.], v. 19, n. 0, p. 91–118, 1962.

OLIVEIRA, R. A. de *et al.* **Early selection in sugarcane family trials via BLUP and BLUPIS procedures** - doi: 10.4025/actasciagr.v35i4.16430. **Acta Scientiarum. Agronomy**, [s. l.], v. 35, n. 4, p. 427–434, 2013.

OLIVEIRA, R. A. de. **Liberação nacional de variedades rb de cana-de-açúcar**. Curitiba, PR: Corgraf Soluções Gráficas, 2021.

PADMAVATHI, P. V. *et al.* Genetic Diversity Evaluation of Sugarcane Clones Using Multivariate Analysis. **International Journal of Bio-resource and Stress Management**, [s. l.], v. 16, n. Aug, 8, p. 01–10, 2025.

PERECIN, D. Progresso agronômico e genético em programa de melhoramento de cana-de-açúcar. [s. l.], 2009.

PETERNELLI, L. A. *et al.* Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições de recursos. **Ciência Rural**, [s. l.], v. 39, p. 2425–2430, 2009.

PISAROGLO DE CARVALHO, M. *et al.* Estimation of Additive and Nonadditive Genetic Components of Sugarcane Families Using Multitrait Analysis. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 106, n. 3, p. 800–808, 2014.

ROKA, P. *et al.* A review on genetic parameters estimation, trait association, and multivariate analysis for crop improvement. **Archives of Agriculture and Environmental Science**, [s. l.], v. 9, n. 3, p. 618–625, 2024.

SCHNABLE, P. S.; SPRINGER, N. M. Progress Toward Understanding Heterosis in Crop Plants. **Annual Review of Plant Biology**, [s. l.], v. 64, n. Volume 64, 2013, p. 71–88, 2013.

SCHULTHESS, A. W.; ZHAO, Y.; REIF, J. C. Genomic Selection in Hybrid Breeding. *In*: VARSHNEY, R. K.; ROORKIWAL, M.; SORRELLS, M. E. (org.). **Genomic Selection for Crop Improvement: New Molecular Breeding Strategies for Crop Improvement**. Cham: Springer International Publishing, 2017. p. 149–183. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-319-63170-7_7. Acesso em: 23 out. 2025.

SEMAGN, K.; BJØRNSTAD, Å.; XU, Y. The genetic dissection of quantitative traits in crops. **Electronic Journal of Biotechnology**, [s. l.], v. 13, n. 5, p. 0–0, 2010.

SHULL, G. H. What Is “Heterosis”? **Genetics**, [s. l.], v. 33, n. 5, p. 439–446, 1948.

SILVA, D. L. G. *et al.* Cana-de-açúcar: Aspectos econômicos, sociais, ambientais, subprodutos e sustentabilidade. **Research, Society and Development**, [s. l.], v. 10, n. 7, p. e44410714163–e44410714163, 2021.

SINGH, S. Path coefficient analysis in maize (*Zea mays* L.) hybrids. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, [s. l.], 2020. Disponível em: https://www.academia.edu/101608627/Path_coefficient_analysis_in_maize_Zea_mays_L_hybrids. Acesso em: 17 out. 2025.

SMITH, H. H. **Fixing Transgressive Vigour in *Nicotiana Rustica***. [S. l.], 1952. Disponível em: https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=2493293&utm_source=chatgpt.com. Acesso em: 27 out. 2025.

SO, C. P.; SIBOLIBANE, M. M.; WEIS, A. E. An exploration into the conversion of dominance to additive genetic variance in contrasting environments. **American Journal of Botany**, [s. l.], v. 109, n. 11, p. 1893–1905, 2022.

SOUZA, E. F. de *et al.* Aproveitamento de subprodutos da biomassa da cana-de-açúcar: potencial tecnológico na bioeconomia e transição energética. **Scientific Electronic Archives**, [s. l.], v. 18, n. 4, 2025. Disponível em: <https://scientificelectronicarchives.org/index.php/SEA/article/view/2096>. Acesso em: 24 ago. 2025.

TABASSUM *et al.* Study of Selection Parameters for Different Yield and Juice Quality Parameters in Sugarcane (*Saccharum* sp. complex). **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s. l.], v. 8, n. 6, p. 1149–1155, 2019.

TOMAZ, A. C. *et al.* Genetic parameters and selection of sugarcane in early selection stages for resistance to sugarcane borer *Diatraea saccharalis*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 19, p. 208–216, 2019.

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P.; TOLEDO, F. H. R. B. Contribution and perspectives of quantitative genetics to plant breeding in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l.], v. 12, p. 07–14, 2012.

VERMA, P. S. HETEROSIS IN SUGARCANE. **INDIAN JOURNAL OF GENETICS AND PLANT BREEDING**, [s. l.], v. 50, n. 02, p. 117–120, 1990.

VERMA, P. S.; SINGH, S. B. Heterosis in relation to per-se performance and effects of general combining ability in sugarcane. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 6, n. 3, p. 181–185, 2004.

WASER, N. M.; PRICE, M. V. Crossing-Distance Effects in *Delphinium nelsonii*: Outbreeding and Inbreeding Depression in Progeny Fitness. **Evolution**, [s. l.], v. 48, n. 3, p. 842–852, 1994.

WEI, X.; PHILLIP, J. **Addressing slow rates of long-term genetic gain in sugarcane - ProQuest**. [S. l.], 2017. Online. Disponível em: <https://www.proquest.com/docview/2350308181?pq-origsite=gscholar&fromopenview=true&sourcetype=Scholarly%20Journals>. Acesso em: 26 out. 2025.

WELCH, J. J. ACCUMULATING DOBZHANSKY-MULLER INCOMPATIBILITIES: RECONCILING THEORY AND DATA. **Evolution**, [s. l.], v. 58, n. 6, p. 1145–1156, 2004.

WILLIAMS, W. Heterosis and the Genetics of Complex Characters. **Nature**, [s. l.], v. 184, n. 4685, p. 527–530, 1959.

YADAV, S. *et al.* Improved genomic prediction of clonal performance in sugarcane by exploiting non-additive genetic effects. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 134, n. 7, p. 2235–2252, 2021.

ZHOU, M. Cultivar Genetic Gains from 95 Years of Sugarcane Breeding and Implications on Sugarcane Production in South Africa. **Sugar Tech**, [s. l.], v. 27, n. 3, p. 965–978, 2025.