**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Interação genótipos x locais em cana-de-açúcar e perspectivas de
estratificação ambiental**

Eder Gustavo Dias dos Santos

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestre em Agronomia. Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2008**

Eder Gustavo Dias dos Santos
Engenheiro Agrônomo

**Interação genótipos x locais em cana-de-açúcar e perspectivas de
estratificação ambiental**

Orientador:
Prof. Dr. ISAIAS OLÍVIO GERALDI

Dissertação apresentada para obtenção do título
de Mestre em Agronomia. Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2008

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Santos, Eder Gustavo Dias dos

Interação genótipos x locais em cana-de-açúcar e perspectivas de estratificação ambiental / Eder Gustavo Dias dos Santos. - - Piracicaba, 2008.
63 p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.
Bibliografia.

1. Cana-de-açúcar 2. Genótipos (Interação) 4. Melhoramento genético vegetal I. Título

CDD 633.61
S237i

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

Dedicatória

*Dedico este trabalho aos meus pais
João e Cacilda, minha tia Cidinha
e minha noiva Gabriela pelo apoio incondicional
nesses anos de estudo*

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por ter me dado saúde e força para alcançar mais um objetivo de minha vida e a todas as pessoas que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho:

Ao Programa de Melhoramento Genético da UFSCar pelo apoio financeiro;

Ao Departamento de Genética da ESALQ/USP por todo apoio acadêmico;

Ao meu Orientador Prof. Isaias Olívio Geraldi pela amizade e orientação;

Ao Professor, amigo e colega de trabalho Hermann Paulo Hoffmann por todos os conselhos e incentivos. Sempre serei grato a você.

Aos Professores e Colegas da Universidade Federal de São Carlos que muito contribuíram para minha formação;

Aos Professores e colegas de trabalho Marcos Sanches, Antônio Ismael Bassinello e Monalisa Sampaio Carneiro, pelas amizades e orientações;

À Prof. Marineide Aguillera pela amizade e pela ajuda nas correções de Inglês e Português deste trabalho;

Aos Técnicos: Carlos J. Loureiro, Claudio Mendes, Estênio Garcia, José Ciofi, , Plínio Zavaglia, Lungas Menezes, Valdir de Oliveira, Odorico Diogo, Rafael Alves e José Ivanildo por todo apoio e incentivo;

Aos colegas da República Trem Q' Pula pelo companheirismo;

Aos estagiários: Antônio Ribeiro, Roberto Chapola, João Ricardo Bachega, Talita Roz e Danilo Cursi por toda ajuda e empenho na organização dos dados;

À colega Edjane Gonçalves pela grande ajuda nas análises estatísticas;

Ao Prof. Márcio, da Universidade Federal de Viçosa e Pesquisador da RIDESA, pelo incentivo e pelas sugestões de temas de pesquisa;

À todos funcionários do Departamento de Biotecnologia Vegetal (DBV);

Aos funcionários de campo do PMGCA - UFSCar, meus sinceros agradecimentos;

Ao colega José Adalberto da Cruz pela amizade e por estar sempre pronto em me ajudar;

Ao Prof. Miguel Ângelo Maniero pelos conselhos e ajuda na minha formação;

A todos os colegas de pós graduação pelas amizades e pelo apoio durante todo período de convivência;

Aos colegas de República de Piracicaba : André Gustavo, Bruno Marco, Fernando Pioto, Fernando Azevedo, Jovam e Hector por todo apoio durante o período em que moramos juntos;

Ao colega Vitor Hugo pela amizade e pela parceria nos estudos;

À colega Maria pela amizade e ajuda nos estudos;

A toda família da minha noiva Gabriela: Rodolfo, Margareth, Daniela, tios Moacir, Margarete e Helder, Bá e Marina por todo incentivo durante o período de Graduação e Pós Graduação;

Mais uma vez gostaria de agradecer meus pais João e Cacilda, meus irmãos Everton, Thiago e João Vitor, minha futura esposa Gabriela e meus sobrinhos, que são as pessoas que mais amo na minha vida;

Finalmente gostaria de prestar meus agradecimentos a quem me deu o melhor presente que uma pessoa pode dar a alguém, que foi a oportunidade de estudar. Tia Cidinha minha gratidão por você será eterna.

SUMÁRIO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	9
LISTA DE TABELAS	10
1 INTRODUÇÃO	12
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	14
2.1 Histórico da cana-de-açúcar no Brasil	14
2.2 Aspectos Gerais sobre interação Genótipo x Ambiente.....	16
2.3 Estratificação Ambiental.....	19
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 Locais avaliados.....	23
3.1.1 Coordenadas Geográficas e Classificação dos ambientes de produção (solos) dos 13 locais avaliados.....	23
3.2 Genótipos Avaliados.....	24
3.3 Delineamento Experimental	24
3.4 Caracteres Avaliados.....	25
3.5 Análises de Variância.....	25
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	28

4.1 Análises de Variância Individuais.....	28
4.1.1 Produtividade média dos Genótipos e dos Locais para os caracteres TCH, PC e TPH	36
4.2 Análise de variância conjunta para os 13 locais avaliados	40
4.3 Análises de variância conjunta para os pares de locais.....	41
4.3.1 Análises de variância conjuntas para o caráter TCH	41
4.3.2 Análise de variância conjunta 2x2 para o caráter PC	43
4.3.3 Análise de variância conjunta 2x2 para o caráter TPH	44
4.4 Estratificação de ambientes com base no algoritmo original de Lin.....	48
4.4.1 Agrupamentos de locais para o caráter toneladas de colmo por hectare (TCH)	49
4.4.2 Agrupamentos dos locais para o caráter Pol% da cana (PC).....	50
4.4.3 Agrupamentos dos locais para o caráter toneladas de Pol/ha (TPH)	52
4.4.4 Agrupamento simultâneo para os três caracteres	53
4.5 Estratificação de ambientes com base no algoritmo de Lin modificado	54
4.5.1 Agrupamento de locais para o caráter tonelada de colmo por hectare (TCH)	54
4.5.2 Agrupamento de locais para o caráter Pol% da cana (PC).....	55
4.5.3 Agrupamento de locais para o caráter tonelada de Pol por hectare (TPH)....	56
4.5.4 Agrupamento simultâneo para os três caracteres	57
5 CONCLUSÕES	59
REFERÊNCIAS.....	60

RESUMO

Interação genótipos x locais em cana-de-açúcar e perspectivas de estratificação ambiental

Este estudo foi realizado com base nos resultados experimentais relativos a genótipos RB da Série 92 do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de São Carlos (PMGCA – UFSCar), tendo como finalidade avaliar a representatividade dos locais que compõe sua rede experimental. Para isso foram avaliados os caracteres Toneladas de colmo por hectare (TCH), Pol % da cana (PC) e Toneladas de Pol por hectare (TPH) de 15 genótipos em 13 locais, sendo estes locais referentes às Usinas : Santa Fé, Santa Luiza, Santa Terezinha, São Martinho, Cocal, Bonfim, Santa Elisa - 1, Cruz Alta, Iturama, Aralco, Lucélia, Sonora e Santa Elisa - 2. A partir das análises de variância individuais e conjuntas, foram realizados testes de agrupamento baseado na metodologia de Lin, que se baseia no quadrado da distancia euclidiana para agrupar locais que apresentem similaridade nas respostas dos genótipos; entretanto, com dois critérios de significâncias para a interação genótipos x locais, tais como: $p \leq 0,05$ (original) e $p \leq 0,30$ (modificada), para os três caracteres avaliados. A metodologia de Lin original ($p \leq 0,05$) mostrou ser pouco confiável, podendo possibilitar o agrupamento de locais com valores de quadrados médios da interação genótipos x locais muito próximos da significância. Já a metodologia de Lin modificada mostrou ser mais confiável, apresentando, portanto, menos possibilidades de agrupamento. Assim, por meio da metodologia de Lin (1982) modificada, pode-se notar que se forem considerados os três caracteres simultaneamente (TCH, PC e TPH), apenas os locais referentes às Usinas Santa fé e Cruz Alta poderiam se juntar para formar um grupo, o que possibilitaria a redução de 13 locais para 12 locais. Isso mostra que os locais de experimentação da UFSCar são bem representativos das regiões estudadas.

Palavras-chave: Interação genótipo x local; Cana-de-açúcar; Estratificação de ambiente

ABSTRACT

Genotypes by locations interaction in sugarcane and perspectives of environmental stratification

This study was performed on the basis of experimental results concerning RB genotypes belonging to Series 92 of the sugarcane breeding program of the Universidade Federal de São Carlos (PMGCA - UFSCar), having as purpose to evaluate representativeness of the locations that compose its experimental net. This way, the characters tons of cane per hectare (TCH), Pol % sugar (PC) and Tons of Pol per hectare (TPH) of 15 RB genotypes cultivated in 13 locations, were evaluated. These locations belongs to the following Sugar factories: Santa Fé, Santa Luíza, Santa Terezinha, São Martinho, Cocal, Bonfim, Santa Elisa - 1, Cruz Alta, Iturama, Aralco, Lucélia, Sonora and Santa Elisa - 2. From the individual and joint analyses of variance, tests of grouping based on the methodology of Lin which is based on the Square of Euclidean distance for grouping locations that present similarity in behavior of the genotypes were carried out; however, with two significance criteria of the genotypes by locations interaction, such as: $p \leq 0,05$ (original) and $p \leq 0,30$ (modified), for those three parameters evaluated. The original Lin ($p \leq 0,05$) methodology was shown not to be very precise allowing grouping locations that presented average mean squares values of the interaction genotypes by locations very close to the significance. On the other hand, the modified Lin methodology ($p \leq 0,30$) showed to be more precise, presenting, therefore, less possibilities of grouping. Thus, by using the modified Lin methodology (1982), it can be noticed that if the three characters (TCH, PC and TPH) are simultaneously considered, only the locations related to Santa Fé and Cruz Alta Sugar factories could be joined to form a group, and that would make possible the reduction from 13 to 12 experimental locations. This result show that the locations of experimentation of the UFSCar breeding program are well representative of the studied regions.

Keywords: Genotypes by locations interaction; Sugarcane; Environmental stratification

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Coordenadas Geográficas e classificação dos solos dos 13 locais estudado.....	18
Tabela 2 - Genótipos Avaliados nos 13 locais.....	19
Tabela 3 – Análises de Variância individuais para o caráter toneladas de colmos/ha (TCH) nos 13 locais avaliados (L1 a L13).....	25
Tabela 4 – Análises de Variância individuais para Pol% da cana (PC) nos 13 locais avaliados (L1 a L13).....	27
Tabela 5 – Análises de Variância individuais para toneladas de Pol/ha (TPH) nos 13 locais avaliados (L1 a L13).....	29
Tabela 6 - Médias (três cortes) de Tonelada de Colmos por Hectare (TCH) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais (L1 a L13).....	32
Tabela 7 - Médias (três cortes) de Pol % da cana (PC) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais (L1 a L13).....	33
Tabela 8 - Médias (três cortes) de tonelada de Pol /ha (TPH) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais (L1 a L13).....	34
Tabela 9 – Resultados das análises de variância conjuntas para os caracteres Tonelada de Cana por Hectare (TCH), Pol% da cana (PC) e Tonelada de Pol/ha (TPH) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais.....	36
Tabela 10 – Quadrados Médios da Interação Genótipo x Locais do caráter Toneladas de Colmo / ha (TCH).....	40
Tabela 11 – Quadrados Médios da Interação Genótipo x Locais do caráter Pol % Caldo (PC).....	41

Tabela 12 – Quadrados Médios da Interação Genótipo x Locais do caráter Toneladas/ha (TPH).....	Página 42
Tabela 13 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento para o caráter TCH.....	45
Tabela 14 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter PC.....	46
Tabela 15 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter TPH.....	48
Tabela 16 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter TCH.....	50
Tabela 17 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter PC.....	51
Tabela 18 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter TPH.....	52

1 INTRODUÇÃO

O setor sucroalcooleiro possui grande importância na economia nacional como fonte de riquezas e atividades geradoras de empregos. Estratégias que possam contribuir para dinamizar os seus processos são sempre de grande interesse.

A importância da cultura da cana-de-açúcar está na produção do açúcar e do álcool, na utilização do bagaço como energia renovável e na capacidade de gerar inúmeros produtos comerciais. Nos últimos anos, a adoção de novas tecnologias de produção de açúcar e álcool impulsionou o agronegócio brasileiro, tornando-o competitivo mundialmente em termos de custo e qualidade.

Segundo dados do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento o Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo, com área colhida de 6,19 milhões de hectares e uma safra anual de 457 milhões de toneladas de cana. De acordo com dados da União da Indústria de Cana-de-açúcar (UNICA), apenas o Estado de São Paulo produziu mais de 264 milhões de toneladas na safra 2006/2007, gerando 19,5 milhões de toneladas de açúcar e 5,2 bilhões de litros de álcool.

Nas últimas três décadas, o setor canavieiro do Brasil obteve acréscimo de 30% nos seus índices de produtividade e qualidade agroindustrial, sendo que o melhoramento genético foi o fator que mais contribuiu para esses ganhos, e isso faz com que o país seja independente do domínio tecnológico externo (MATSUOKA et al., 1999).

A seleção e recomendação de genótipos de elevado potencial produtivo é o objetivo maior das instituições de pesquisa em melhoramento genético. Entretanto, quando os genótipos são testados em vários ambientes, a classificação relativa entre eles pode não ser coincidente, em virtude da interação genótipo x ambiente, o que dificulta a identificação daqueles efetivamente superiores.

Para que seja detectada a presença de interação, os clones selecionados são avaliados em uma série de ambientes, que são combinações de vários locais, vários cortes e, conseqüentemente, vários anos agrícolas. Esta etapa é a que mais onera um programa de melhoramento.

A estratificação ambiental pode atenuar auxiliar na alocação de recursos para o desenvolvimento de programas de melhoramento, pois auxilia o melhorista na

eliminação dos locais muito semelhantes, reduzindo o número de locais para a avaliação e, conseqüentemente, economizando recursos. Com esse tipo de estudo, é possível, também, avaliar um maior número de clones por experimento e aumentar o número de repetições, proporcionando experimentos mais precisos.

A meta dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar é sempre ampliar, no decorrer dos anos, o número de locais para a condução de experimentos regionais, visando com isso aumentar o número de clones selecionados por região. Assim, o estudo de zoneamento (estratificação ambiental) nos experimentos de competição de cultivares é de grande importância, pois a escolha da rede de ambientes para tais avaliações, em cada estado, é subjetiva ou, muitas vezes, influenciada por fatores que não são relacionados com aspectos da cultura (VENCOVSKY et al., 1990).

Este trabalho teve como objetivo o estudo da interação genótipos x locais do programa de melhoramento genético da UFSCar, com vistas à estratificação destes locais.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Histórico da cana-de-açúcar no Brasil

A cana-de-açúcar pertence à divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, subclasse Commelinidae, ordem Cyperales, tribo Andropogonae e subtribo Saccharininae (LUCCHESI, 2001). A maioria dos relatos indica a Nova Guiné, a Índia e a China como as regiões de origem da cana-de-açúcar. É uma planta alógama, da família Gramineae (Poaceae) e pertencente ao gênero *Saccharum*, representado atualmente por seis espécies: *S. officinarum* L.; *S. robustum* Brandes e Jeswiet ex Grassl; *S. barberi* Jeswiet; *S. sinense* Roxb; *S. spontaneum* L.; e *S. edule* Hassk (MATSUOKA et al., 1999).

No mundo, a cana-de-açúcar é cultivada predominantemente em áreas subtropicais entre 15º e 30º de latitude, podendo se estender até 35º de latitude tanto ao norte quanto ao sul, e produzida comercialmente em mais de 70 países, sendo os maiores produtores o Brasil, Cuba, Índia, México, China, Filipinas, Austrália, África do Sul, Estados Unidos, República Dominicana e Formosa (LUCCHESI, 2001).

No Brasil, as primeiras mudas de cana-de-açúcar foram introduzidas em 1502 (CORRÊA, 1926; COSTA, 1958). Oficialmente, ela foi introduzida da Ilha da Madeira, por Martin Afonso de Souza. O primeiro engenho levantado no Brasil, conforme relatado de Basílio Magalhães, foi o de Pedro Luiz Góis, em 1532. Depois de 1615, a cultura da cana atingiu o planalto paulista, com a região de Itu destacando-se, no século XVIII, como o maior centro açucareiro de São Paulo (CESNIK, 2004).

A introdução de variedades híbridas provenientes de Java e da Índia, em substituição às antigas variedades cultivadas no Brasil, estimulou a criação de novos centros de pesquisas de melhoramento genético de cana-de-açúcar. Entretanto, o interesse por novas variedades mais produtivas, resistentes às pragas e doenças, teve início no século XX, devido à infecção dos canaviais pelo mosaico (MACHADO, 2000). Logo em seguida, começou a nascer o melhoramento genético da cana no país, quando cientistas vislumbraram que seria possível o controle de sérias doenças através de cruzamentos interespecíficos de *Saccharum* (MATSUOKA, 1998).

A Estação Experimental de Campos, fundada em 1913, foi a primeira estação a iniciar trabalhos de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil. Porém, foi a partir da contratação do geneticista Frederico Menezes Veiga, na década de 40, que o Programa de Melhoramento da Estação de Campos liberou diversas variedades, estando entre elas a famosa variedade CB41-76, que ocupou grandes áreas de cultivo em todo Brasil. O Instituto Agrônomo de Campinas, um dos mais tradicionais centros de pesquisa do Brasil, iniciou seus trabalhos em melhoramento da cana-de-açúcar em 1934, vindo a liberar na década de 50 suas primeiras variedades (MATSUOKA et al., 1999). No final da década de 1960, foi criado o Programa de Melhoramento Genético da COPERSUCAR, que deu origem aos híbridos da sigla SP (SILVA, 2004).

Em 1971 foi criado, pelo Instituto de Açúcar e Alcool (IAA), do então Ministério da Indústria e Comércio, o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (PLANALSUCAR), com abrangência nacional. Nessa mesma época, foi instalada a Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro, em Murici/AL. Com a extinção do IAA e, conseqüentemente, a do PLANALSUCAR em 1991, as autoridades brasileiras encerraram o maior programa de melhoramento de cana-de-açúcar do mundo. O acervo técnico dessa organização passou a fazer parte das Universidades Federais. Assim, a Universidade Federal de Alagoas (UFAL) assumiu as unidades de Rio Largo e de Murici, ambas em Alagoas; a Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), o acervo da Estação Experimental de Goytacases, em Campos (RJ), e a Universidade Federal de São Carlos instalou, em Araras, o Centro de Ciências Agrárias.

Em 1991, o setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná associou-se ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de São Carlos para constituírem a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento Sucroalcooleiro – RIDESA, com a finalidade de dar continuidade às pesquisas geradas pelo PLANALSUCAR. Era o fortalecimento do sistema produtivo da cana-de-açúcar que, depois de 10 anos de estabelecido, liberou quatro variedades RB (CESNIK, 2004).

Atualmente, a RIDESA é composta por dez Universidades Federais, sendo elas: Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Universidade Federal do Paraná (UFPR), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal Rural

de Pernambuco (UFRPE), Universidade Federal de Sergipe (UFRS), Universidade Federal de Goiás (UFG), Universidade Federal do Mato Grosso (UFMT) e Universidade Federal do Piauí (UFPI).

2.2 Aspectos Gerais sobre interação Genótipo x Ambiente

De acordo com Bos e Galigari (1997), a interação genótipos por ambientes corresponde à resposta diferencial dos genótipos às mudanças dos ambientes, evidenciando, assim, a dependência entre os efeitos genéticos e ambientais. Ainda, segundo Allard e Bradshaw (1964) estas respostas são classificadas em dois tipos: previsíveis e não previsíveis. Nas variações previsíveis estão incluídas todas as características do clima (local), solo, fotoperíodo e, também, os aspectos ambientais determinados pela ação do homem, tais como: época de plantio, densidade de plantio, níveis de adubação e outras práticas agronômicas. Entretanto, as variações imprevisíveis são flutuações do clima, como a quantidade de distribuição de chuvas, variações de temperatura e outros.

As avaliações das variações previsíveis podem ser feitas de forma individual ou conjunta, em relação à sua interação com os genótipos. Com isso, estudos individualizados, tais como genótipos x época de plantio e genótipo x níveis de adubação, ou estudos envolvendo todos esses fatores podem ser feitos por intermédio de uma interação generalizada genótipos por ambientes. Por outro lado as variações imprevisíveis, por sua vez, são as que mais contribuem para as interações genótipos x anos e genótipos x locais, bem como para as interações mais complexas, como a interação tripla genótipo x locais x anos (FEHR, 1987).

Ressalta-se, entretanto, que a interação genótipos x ambientes é um fenômeno natural que faz parte da evolução das espécies, promovendo o aparecimento de genótipos estáveis e aptos a um ambiente específico, ou de comportamento geral, aptos a várias condições de ambiente (LAVORANTI, 2003).

Segundo Vencovsky e Barriga (1992), a interação genótipos x ambientes é resultado de instabilidades das manifestações genotípicas entre ambientes, o que tem merecido especial atenção por parte dos melhoristas por interferir nos processos de

seleção. Como ressaltam Fox et al. (1997), citados por Lavoranti (2003), o conhecimento do fenômeno e a estimativa precisa de seus componentes possibilitam executar uma seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, escolher locais de seleção, identificar o nível de estresse nos ambientes escolhidos para as fases iniciais da seleção, e determinar o número ideal de ambientes e de genótipos a serem avaliados em cada fase da seleção.

Carneiro (2003), classifica essa interação em dois tipos: *simples*, proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, onde a posição relativa dos genótipos não é alterada, o que não acarreta problemas ao melhorista, já que os melhores genótipos em um ambiente também o são em outros; e *complexa*, que ocorre pela falta de correlação entre os desempenhos dos genótipos, de modo que estes apresentam diferentes respostas às variações ambientais, causando alteração na sua classificação, considerando os diversos ambientes.

A dificuldade na determinação dos genótipos superiores nos ambientes devido à interação do tipo complexa, exige mecanismos que controlem ou amenizem os efeitos dessa interação, para que as indicações de genótipos sejam mais seguras (SILVA, 2004).

A quantificação da predominância do tipo de um dos componentes da interação é muito importante na tomada de decisão por parte do melhorista. Quando a interação é predominantemente de natureza simples, o trabalho do melhorista é facilitado, pois a recomendação dos genótipos pode ser feita de maneira generalizada. Logo, a predominância da interação complexa indica a presença de materiais adaptados a ambientes particulares, o que traz uma complicação para o melhorista, uma vez que a recomendação é restrita a ambientes específicos.

A interferência da interação não está somente na recomendação de cultivares em plantios comerciais, pois ela interfere, também, na seleção de genótipos superiores. A ocorrência de interação complexa entre genótipos poderá diminuir a eficiência do programa porque a seleção é baseada normalmente na média dos vários ambientes, o que não garante, portanto, a seleção dos melhores genótipos para cada ambiente particular. A interação também pode interferir na escolha das populações segregantes que serão conduzidas nos programas de melhoramento (RAMALHO et al., 1993).

Embora a significância da interação GxA seja não desejada num programa de melhoramento, em função dos problemas já relatados, a sua identificação é de extrema importância, pois, a partir dela, é possível executar uma seleção de genótipos com adaptação ampla ou específica, escolher locais de seleção, identificar o nível de estresse nos ambientes escolhidos, para as fases iniciais de seleção, e determinar o número ideal de ambientes escolhidos, para as todas fases de seleção (FOX et al., 1997).

Sabendo da existência da interação genótipos por ambientes e das interferências que ela pode causar no melhoramento, diversos métodos podem ser utilizados para estudá-la. Porém, o processo tradicional de investigar as interações GxA é o da análise conjunta de variância (PIMENTEL GOMES, 1990). Entretanto, detectar a presença da interação é apenas uma parte do processo. A decomposição de sua variância para saber o tipo de interação que está ocorrendo, se é simples ou complexa, é também bastante importante.

A estrutura da análise de variância permite a estimação da Interação GxA que estaria confundida com a variância devida a genótipos na análise individual (por local). Se os ambientes ou locais abrangidos pelos experimentos, representam, de fato, uma Zona Ecológica adequada à espécie, a variância genética devida a genótipos, sem a devida interação com ambientes, seria mais indicada para expressar de fato a variação disponível ao melhoramento.

A significância dessas interações deve ser interpretada, a princípio, como uma indicação de que existem genótipos particularmente adaptados a determinados ambientes (adaptação específica) e outros que sejam menos influenciados pelas variações ambientais, podendo ser explorados em vários outros ambientes (adaptação geral). Essa última apresenta, como inconveniente, o fato de estar normalmente associada a uma baixa produtividade o que impede a recomendação desses cultivares de maneira generalizada, acarretando maiores dificuldades, e exigindo a adoção de medidas que controlem ou minimizem os efeitos dessa interação. (LAVORANTI, 2003).

Deve-se ressaltar, também, que a presença da interação significativa pode ser devida a outros fatores e, não necessariamente, à diferença na adaptabilidade dos

materiais genéticos. Nesse contexto, menciona-se, entre esses fatores, a falta de ajuste do conjunto de dados ao modelo estatístico adotado (CHAVES et al., 1989).

Anualmente, diversas instituições públicas e privadas têm desenvolvido e recomendado cultivares de cana-de-açúcar que associam boa adaptação e atributos agrônômicos desejáveis (RIBEIRO et al., 1999). Com isso, na tentativa de minimizar os efeitos indesejáveis da interação genótipos e ambientes, são realizadas as avaliações no maior número possível de locais para se tentar identificar os materiais genéticos que apresentam comportamento produtivo mais estável frente às oscilações ambientais (OLIVEIRA, 2004).

Para um programa de melhoramento, a interação do tipo complexa, como já dito anteriormente, é não desejável. Assim, existem na literatura várias opções para atenuar os efeitos significativos dessa interação, sendo, uma delas, a estratificação ambiental.

2.3 Estratificação Ambiental

Diante dos problemas causados pela interação genótipos por ambientes, todos os programas de melhoramento genético possuem em sua rede de experimentos ambientes contrastantes no que diz respeito a solo e clima. Porém, nem sempre se consegue obter bons resultados, pois esta rede pode não estar representando a região que o programa abrange. Por isso, o estudo dos ambientes utilizados nas avaliações é de grande importância, pois fornece informações sobre os padrões de respostas dos cultivares possibilitando o conhecimento do grau de representatividade dos locais, auxiliando na tomada de decisões quanto à instalação de experimentos num determinado local. Nos estudos que envolvem a avaliação de genótipos em diferentes ambientes, é comum tentar classificar esses ambientes em grupos semelhantes, na tentativa de se reduzir ou minimizar a interação genótipos x ambientes dentro dos grupos. (OLIVEIRA, 2004).

Segundo Kang (1998), experimentos em vários ambientes produzem as melhores estimativas dos componentes de variância, tornando possível identificar cultivares com desempenho consistente de ano para ano (variabilidade temporal) e de local para local (variabilidade espacial).

De acordo com Chaves (2001), é possível determinar sub-regiões, relativamente homogêneas quanto à interação, passando a recomendação e os esforços do melhoramento a serem dirigidos para cada sub-região. Para isso, é necessário que esse agrupamento homogêneo leve a conjuntos identificáveis em função de fatores previsíveis do ambiente como região geográfica, latitude, altitude, tipo de solo, etc. Contudo, deve-se considerar que uma fatia dessa interação não será totalmente eliminada, uma vez que podem ocorrer diversos outros fatores dos ambientes não controláveis, como efeitos climáticos (CRUZ; REGAZZI, 2001).

A diversidade de fatores influenciáveis na interação é tão grande que levou Comstock (1996) a dividir o ambiente em macro e micro ambiente. Macroambiente, segundo o autor, representa o ambiente geral associado com um local, época de semeadura e ano agrícola, enquanto que microambiente corresponde ao ambiente total de uma simples planta ou animal. No microambiente estão incluídas as características físicas e químicas do solo, variáveis climáticas (temperatura, umidade, radiação solar, entre outros) bem como o número e tipo de organismos biológicos aos quais as plantas estão expostas. O macroambiente engloba a população de microambientes pertinentes a uma população de alguns genótipos ou plantas delineados em termos de espaço, tempo e práticas agrícolas.

A estratificação de ambientes se torna altamente relevante quando se pretende verificar se, entre os ambientes da rede experimental, existem padrões de similaridade na resposta dos genótipos avaliados. Com isso, torna-se possível avaliar o grau de representatividade dos experimentos na faixa de adaptação da cultura, agrupar ambientes em que a interação GxA seja não significativa para o conjunto de genótipos avaliados, e decidir, seja por problemas técnicos ou escassez de recursos, sobre o descarte de ambientes (LAVORANTI, 2003).

Esse agrupamento ambiental pode ser realizado mediante as similaridades de respostas dos genótipos nos diferentes ambientes, mesmo que estes não sejam homogêneos. Para tal, são necessários métodos estatísticos e dentre estes, destaca-se o de estratificação de ambientes (CRUZ; REGAZZI, 1994) com base no algoritmo de Lin (1982), que permite agrupar ambientes em que os genótipos tem desempenhos semelhantes e entre os quais, em consequência, a interação é não significativa. O

método prossegue com a estimação da interação para grupos de três ambientes, sendo empregado o Teste F (5%), para o quadrado médio da interação, para avaliar a possibilidade da formação de cada grupo.

O coeficiente de correlação entre as produções médias num local e as produções médias em cada um dos outros locais também foram utilizados para determinar as similaridades entre ambientes (CAMPBELL; LAFEVER, 1977). Neste estudo foram avaliados 11 cultivares de trigo em nove locais por três anos. Usando análises de variância, regressão linear das produtividades nos nove locais e análises de correlação da produtividade média dos três anos entre os pares de cultivares de um local, com a produtividade média dos outros locais avaliados, estes autores concluíram que: a) os comportamentos dos genótipos eram distintos entre os locais e que os anos e os locais eram os responsáveis pela magnitude da variância; b) cultivares de maior capacidade adaptativa nem sempre apresentavam altos rendimentos; c) um dos locais avaliados apresentou alta correlação com outros sete locais, mostrando ser um local interessante para selecionar genótipos de alta adaptabilidade; e d) que seria possível agrupar os locais com alto coeficiente de correlação, sem que isso trouxesse prejuízos na seleção.

Um dos primeiros trabalhos descritos na literatura visando a determinação de microrregiões para o teste de recomendação de cultivares foi realizado por Horner e Frey (1957) com aveia. Esses autores, avaliando a produção de grãos de dezoito cultivares em nove localidades, durante cinco anos, verificaram que a subdivisão do estado de Iowa (EUA) em quatro sub-regiões, reduziu em 30% a interação genótipos x local, aumentando o ganho com seleção dentro de cada região.

No Canadá, May e Kozub (1995) ao estudar a possibilidade de agrupar locais de avaliação de cevada, observaram que oito dos 20 locais estudados poderiam ser eliminados da rede de experimentos sem perda de informações sobre o potencial produtivo dos cultivares.

No Brasil, Pacheco (2003), estudando o zoneamento e a adaptação produtiva em cultivares de soja no estado do Mato Grosso, observou que os locais apresentavam divergências quanto à interação GxA, permitindo identificar quatro zonas agrônomicas, sendo que uma destas mostrou menor contribuição para interação GxA, revelando-se apropriada para a utilização em fases preliminares do programa de seleção. Ainda no

Brasil, Maranhão (2005), analisando oito ambientes de experimentação com algodão no estado do Mato Grosso, concluiu, com base em estudo de estratificação, que seria possível reduzir em 25% o número de locais avaliados, sem que isso trouxesse prejuízos para o melhoramento.

Também trabalhando com algodão no cerrado do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, Souza et al. (2005), analisaram o comportamento de 8 cultivares de algodão em 16 locais, na safra de 1998/99, utilizando a metodologia de estratificação proposta por Lin (1982). Concluíram que os 16 locais analisados poderiam ser agrupados em seis grupos, sem que houvesse redução nos ganhos com seleção.

Por outro lado, avaliando o desempenho de cultivares de milho em 11 locais do estado do Paraná, Garbuglio (2007) concluiu que apenas dois locais não interagiam, indicando, portanto, que a experimentação em praticamente todos os locais era importante. De maneira similar, estudos com clones de cana-de-açúcar, realizados por Silva (2004), para avaliar a representatividade dos locais da rede de experimentação do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar da RIDESA, no estado de Alagoas, indicaram que os nove ambientes estudados apresentavam boa representatividade, não havendo motivos para agrupar ou reduzir o número de ambientes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Locais avaliados

Foram utilizados os resultados de três anos de experimentação da fase final de avaliação do Programa de Melhoramento Genético da cana-de-açúcar da RIDESA, instalados em 13 locais nos anos de 2002, 2003 e 2004 nas áreas experimentais das seguintes usinas: Usina Santa Fé (L1), Usina Santa Luíza (L2), Usina Santa Terezinha (L3), Usina São Martinho (L4), Usina Cocal (L5), Usina Bonfim (L6), Usina Santa Elisa – 1 (L7), Usina Cruz Alta de Olímpia (L8), Usina Iturama (L9), Usina Aralco (L10), Usina Lucélia (L11), Usina Sonora (L12) e Usina Santa Elisa - 2 (L13).

3.1.1 Coordenadas Geográficas e Classificação dos ambientes de produção (solos) dos 13 locais avaliados

Na tabela 1 estão apresentadas as informações referentes à classificação ambiental dos 13 locais estudados e suas coordenadas geográficas (Latitude e Altitude)

Tabela 1 – Coordenadas Geográficas e classificação dos solos dos 13 locais estudados

Local	Ambiente ⁽³⁾ (solo)	Latitude	Altitude (m)
1	D	21°46'42" S	490
2	D	21°30'29" S	618
3	C	23°25'30" S	555
4	B	21°21'34" S	538
5	E	22°24'46" S	506
6	D	21°21'36" S	618
7 ¹	D	21°08'16" S	500
8	C	20°44'14" S	506
9	C	19°43'40" S	453
10	B	20°56'12" S	385
11	C	21°43'12" S	438
12	C	17°34'37" S	442
13 ²	A	21°08'16" S	500

(1) Santa Elisa 1 = Ambiente de baixo potencial de produção

(2) Santa Elisa 2 = Ambiente de alto potencial de produção

(3) Ambiente = Referente ao potencial produtivo do solo; (A,B,C,D e E) = Ambiente com alto, bom, médio, baixo e muito baixo potencial produtivo, respectivamente.

3.2 Genótipos Avaliados

Foram avaliados 15 genótipos da série 92**, sendo, 13 genótipos novos e dois genótipos padrões, como apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 - Genótipos Avaliados nos 13 locais

Genótipos	Genótipos	Genótipos
1- RB72454	6- RB925154	11- RB925268
2- RB855486	7- RB925301	12- RB925424
3- RB862821	8- RB925345	13- RB925428
4- RB925230	9- RB925378	14- RB925463
5- RB925298	10- RB925170	15- RB925274

(1): Genótipo padrão de maturação tardia;

(2): Genótipo padrão de maturação precoce;

(3): Genótipo repescado de outra série;

(4 a 15): Genótipos novos da série 92**;

(**) Série 92: Genótipos obtidos do cruzamento do ano de 1992.

3.3 Delineamento Experimental

O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com três repetições. Os experimentos dos 13 locais foram, assim, compostos de 45 parcelas sendo, cada uma delas, constituída de cinco sulcos de dez metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de um metro e quarenta centímetros, totalizando uma área de 70 m² por parcela.

O período da condução do experimento se deu em três anos, que correspondem aos estágios: cana-planta, cana-soca e cana-ressoca, respectivamente.

3.4 Caracteres Avaliados

Os seguintes caracteres foram avaliados:

- a) Tonelagem de cana por hectare (TCH): Obtido através do peso da parcela na época da maturação (kg/ha), sendo posteriormente convertido para toneladas por hectare (t/ha);
- b) Teor de açúcar (Pol de cana: PC). Obtido a partir de uma amostra de dez canas de cada parcela. A partir do caldo extraído destas foi feita a determinação da % de açúcar;
- c) Produtividade de açúcar por hectare (TPH): Obtido através do produto dos dois caracteres, isto é, TCH x PC.

3.5 Análises de Variância

Inicialmente foram realizadas, para cada caráter as análises de variância preliminares para cada local, considerando o modelo matemático de parcelas subdivididas no tempo, isto é:

$$Y_{ijk} = u + g_i + b_j + e_{ij} + c_k + gc_{ik} + e_{ijk},$$

em que:

Y_{ijk} : medida fenotípica do genótipo i do bloco j e corte k ;

g_i : efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, 15$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2, 3$);

e_{ij} : erro experimental associado às parcelas (erro a);

c_k : efeito do corte k ($k = 1, 2, 3$);

gc_{ik} : interação entre o genótipo i e o corte k ;

e_{ijk} : erro experimental associado às subparcelas (erro b)

Com base neste modelo matemático tem-se o seguinte esquema da análise de variância:

FV	GL	QM	F
Blocos	02	QM_B	-
Genótipos (G)	14	QM_G	QM_G/QM_{Ea}
Erro (a)	28	QM_{Ea}	-
Cortes (C)	02	QM_C	QM_C/QM_{Eb}
G x C	28	QM_{GC}	QM_{GC}/QM_{Eb}
Erro (b)	60	QM_{Eb}	-

Em seguida, tomando-se as médias dos três cortes foram realizadas as análises de variância conjuntas para os locais combinados dois a dois, de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = u + g_i + l_j + b_{k(l)} + gl_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : média do caráter (três cortes) do genótipo i no local j na repetição k;

g_i : efeito do genótipo i (i = 1, 2, ..., 15);

l_j : efeito do local j (j = 1, 2)

$b_{k(l)}$: efeito do bloco k dentro local l (k = 1, 2, 3);

gl_{ij} : efeito da interação entre o genótipo i e local l;

e_{ijk} : erro experimental médio (dois locais)

Com base nesse modelo tem-se o seguinte esquema da análise de variância para cada caráter:

FV	GL	QM	F
Blocos/Locais	04	QM_B	-
Locais (L)	01	QM_L	QM_L/QM_E
Genótipos (G)	14	QM_G	QM_G/QM_E
G x L	14	QM_{GL}	QM_{GL}/QM_E
Erro médio	56	QM_E	-

Utilizando o mesmo procedimento foi realizada também uma análise de variância conjunta envolvendo todos (13) locais.

De posse destas análises estudou-se a possibilidade de agrupar os ambientes (locais, no caso), com base no algoritmo de Lin (1982). Este consiste em agrupar aqueles ambientes cuja interação é não significativa.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de Variância Individuais

Os resultados das análises de variância de cada local para os caracteres toneladas de colmo/ha (TCH), pol% (PC) da cana e toneladas de pol/ha (TPH), estão apresentados nas Tabelas 3, 4 e 5 respectivamente. Com base nos resultados, pode-se dizer que existem diferenças de comportamento entre os genótipos para os três caracteres estudados, com F% Significativo ao nível de 1% de probabilidade para todos locais, exceto para o local 2, que apresentou uma significância de 5%, para o caráter PC.

A fonte de variação Cortes também se mostrou altamente significativa, mostrando que há diferenças entre os cortes. Embora as fontes de variação (FV) Genótipos e Cortes tenham sido significativas em todos os locais, a interação entre elas não seguiu a mesma tendência. Quando avaliado o caráter tonelada de colmo/ha (TCH), apenas nos locais 2, 6, 8, 11 e 13 a interação Genótipos x Cortes apresentou-se significativa. Para o caráter PC, os locais que apresentaram as interações Genótipos x Cortes significativas foram: 1, 4, 5, 7, 8 e 12, enquanto que para o caráter TPH, a interação foi significativa nos locais 2, 7, 8, 9 e 11. Com isso, esses resultados mostram que o comportamento dos genótipos, para todos os caracteres, são altamente influenciados pelo ano agrícola, mas que os genótipos não apresentam um comportamento consistente ao longo dos anos.

O coeficiente de variação experimental (CV%), que dá uma idéia da precisão experimental, foi satisfatório, pois, apresentou-se abaixo dos níveis normalmente encontrados em experimentos com cana-de-açúcar (CV% = 20 a 22). As variações de CV% para os três caracteres foram de 5,78 a 15,37 para TCH, 8,00 a 17,30 para TPH e 3,92 a 9,35 para PC, sendo todos estes muito semelhantes aos coeficientes encontrados por Silva (2004), quando analisou TCH, PC e TPH de 26 genótipos de Cana-de-Açúcar em nove ambientes no estado de Alagoas.

O menor valor de CV% do caráter PC é justificável, pois, segundo Pimentel Gomes (1987), variáveis medidas em laboratórios sofrem menores variações do que variáveis medidas no campo.

As diferenças entre o maior e menor quadrado médio do resíduo (QM) para TCH, PC e TPH foram: 7,1, 4,5 e 4,3, respectivamente, estando, portanto, dentro dos padrões preconizados por Cruz e Regazzi (2001).

Tabela 3 – Análises de Variância individuais para o caráter toneladas de colmos/ha (TCH) nos 13 locais avaliados (L1 a L13)

(continua)

FV	GL	Quadrados Médios (QM)						
		L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7
Blocos	2	1160,4	562,4	1345,8	1334,2	455,3	556,4	52,8
Genótipos (G)	14	592,4**	1.024,1**	1.298,6**	1.655,3**	1.011,2**	1.536,8**	645,9**
Erro (a)	28	201,3	384,4	256,7	412,9	136,5	172,4	180,6
Cortes (C)	2	2.9481,5**	40.228,8**	12.143,1**	5.728,7**	57.412,7**	2.823,5**	41.800,1**
GxC	28	394,4 ^{ns}	669,6**	311,8 ^{ns}	367,0 ^{ns}	260,7 ^{ns}	429,2**	259,9 ^{ns}
Erro (b)	60	212,6	159,9	270,0	233,7	162,8	121,4	161,9
Média		99,1	121,2	111,4	119,1	114,0	129,8	100,1
CV%		14,71	10,43	14,75	12,83	11,19	8,48	12,62

Tabela 3 – Análises de Variância individuais para o caráter toneladas de colmos/ha (TCH) nos 13 locais avaliados (L1 a L13)

(conclusão)

FV	GL	Quadrados Médios (QM)					
		L8	L9	L10	L11	L12	L13
Blocos	2	1.359,4	1.020,7	17,1	728,4	580,0	856,7
Genótipos	14	1.105,0**	1.586,6**	1.632,3**	1.204,6**	680,0**	1.841,7**
Erro (a)	28	198,3	327,8	252,5	300,8	284,4	240,7
Cortes	2	69.238,8**	29.921,0**	87,5 ^{ns}	15.205,0**	9.116,5**	99.090,2**
GxC	28	207,1**	154,1 ^{ns}	503,7 ^{ns}	293,7*	274,1 ^{ns}	594,8*
Erro (b)	60	43,3	232,5	308,3	106,4	239,8	289,4
Média		113,8	145,5	143,6	136,7	100,7	154,4
CV%		5,78	10,48	12,22	7,54	15,37	11,02

(**) (*) significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade; (ns) não significativo

Tabela 4 – Análises de Variância individuais para Pol% da cana (PC) nos 13 locais avaliados (L1 a L13)

(continua)

FV	GL	Quadrados Médios (QM)						
		L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7
Blocos	2	1,230	0,286	0,178	0,675	0,238	0,960	3,980
Genótipos (G)	14	3,140**	1,720*	5,320**	6,930**	4,600**	7,830**	5,100**
Erro (a)	28	0,751	0,464	0,618	0,296	0,406	0,751	0,386
Cortes (C)	2	54,800**	78,900**	179,400**	27,600**	3,100**	108,500**	96,700**
GxC	28	1,310*	1,170 ^{ns}	1,280 ^{ns}	0,794*	1,070*	1,280 ^{ns}	1,600**
Erro (b)	60	0,606	0,644	0,688	0,384	0,492	1,720	0,491
Média		16,270	16,550	14,160	15,780	15,400	15,820	15,070
CV%		4,78	4,85	5,85	3,92	4,55	8,29	4,65

Tabela 4 – Análises de Variância individuais para Pol% da cana (PC) nos 13 locais avaliados (L1 a L13)

(conclusão)

FV	GL	Quadrados Médios (QM)					
		L8	L9	L10	L11	L12	L13
Blocos	2	0,803	0,264	1,400	0,521	0,388	1,350
Genótipos (G)	14	5,400**	3,900**	4,500**	6,000**	4,010**	7,740**
Erro (a)	28	0,724	1,400	0,849	0,895	0,317	0,697
Cortes (C)	2	12,100**	41,200**	23,700**	12,900**	112,500**	104,900**
GxC	28	1,300*	1,413 ^{ns}	1,500 ^{ns}	0,880 ^{ns}	2,159**	1,260 ^{ns}
Erro (b)	60	0,624	0,946	0,832	0,525	0,584	1,190
Média		15,980	15,330	14,950	14,990	13,730	11,660
CV%		4,94	6,34	6,10	4,83	5,56	9,35

(**) (*) Significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade; (ns) não significativo

Tabela 5 – Análises de Variância individuais para toneladas de Pol/ha (TPH) nos 13 locais avaliados (L1 a L13) (continua)

FV	GL	Quadrados Médios (QM)						
		L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7
Blocos	2	24,63	11,44	28,27	23,62	16,03	4,38	2,68
Genótipos (G)	14	21,14**	20,66**	33,68**	68,97**	29,80**	41,75**	25,52**
Erro (a)	28	4,87	9,73	5,53	11,19	3,63	5,39	4,13
Cortes (C)	2,0	462,70**	513,90**	871,60**	92,90**	1472,90**	37,40**	787,60**
GxC	28	10,97 ^{ns}	18,89**	11,08 ^{ns}	9,80 ^{ns}	6,92 ^{ns}	11,03 ^{ns}	8,26*
Erro(b)	60	6,43	5,53	7,70	6,78	4,53	5,86	3,84
Média		15,90	19,80	16,10	18,80	17,60	20,40	15,10
CV%		15,88	11,86	17,30	13,83	12,10	11,85	12,95

Tabela 5 – Análises de Variância individuais para toneladas de Pol/ha (TPH) nos 13 locais avaliados (L1 a L13) (conclusão)

FV	GL	Quadrados Médios (QM)					
		L8	L9	L10	L11	L12	L13
Blocos	2	23,82	20,49	2,33	11,60	7,08	19,44
Genótipos (G)	14	23,58**	38,61**	55,60**	35,79**	15,70**	53,43**
Erro (a)	28	3,54	12,58	8,09	5,68	5,88	6,65
Cortes (C)	2	1.443,00**	1.274,90**	62,00**	506,90**	52,90**	2.412,20**
GxC	28	4,75*	15,83*	15,29 ^{ns}	8,52*	6,83 ^{ns}	13,80 ^{ns}
ERRO (b)	60	2,08	6,89	8,85	3,30	5,13	8,53
Média		18,10	22,60	21,50	20,60	13,70	18,40
CV%		8,00	11,62	13,82	8,84	16,51	15,85

(**) (*) significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade; (ns) não significativo

4.1.1 Produtividade média dos Genótipos e dos Locais para os caracteres TCH, PC e TPH

Nas Tabelas 6, 7 e 8, estão apresentadas as médias de três cortes para os caracteres tonelada de colmo/ha, Pol% da cana e tonelada de Pol/ha. Para toneladas de colmos/ha (TCH), notam-se as seguintes situações: a produtividade média dos 15 genótipos nos 13 locais foi de 122,32 toneladas de colmo/ha (TCH); o genótipo de média mais alta foi o padrão RB72454, com 136,62 toneladas/ha, seguido por RB925230, RB925168 e RB925345 em segundo, terceiro e quarto lugar, respectivamente; dos quinze genótipos analisados apenas sete se apresentaram acima da média. Dos locais avaliados, cinco locais se apresentaram como ambientes de alto potencial produtivo, sendo o local 13 o mais produtivo, com média de 154,3 toneladas/ha nos três cortes analisados. Cumpre salientar que os locais 13 e 7 pertencem a uma mesma Usina, mas a produtividade do primeiro foi 53,6% maior que a do segundo.

Para o caráter pol% da cana (PC), que se refere ao teor de sacarose, ocorreram algumas inversões, tais como: a variedade mais produtiva (RB72454), ou seja, a que apresentou o maior TCH, ficou em terceiro lugar quanto a PC, enquanto que a quarta variedade mais produtiva (RB925345) ficou em primeiro lugar em riqueza, apresentando um PC de 16,02%, aproximadamente 1% maior que a média dos 13 locais e dos quinze genótipos. No local 2 os genótipos apresentaram a maior média de PC, demonstrando ser um local que apresenta boas condições de maturação.

Para o caráter Tonelada de Pol/ha (TPH), os resultados foram os seguintes: a média dos 13 locais e dos quinze genótipos foi de 18,35 TPH; o genótipo de maior rendimento agroindustrial, ou seja, com maior TPH foi RB925345, com TPH de 21,11 e o local que apresentou maior TPH foi o local 9, mostrando, portanto, que um local não pode ser avaliado por apenas um caráter.

Tabela 6 - Médias (três cortes) de Tonelada de Colmos por Hectare (TCH) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais (L1 a L13)

Genótipos	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	Média
RB72454	107,57	129,49	134,95	148,64	125,07	139,22	109,25	122,42	162,42	164,41	147,48	113,73	171,43	136,62
RB835486	98,81	108,28	100,90	111,74	106,67	112,98	93,83	93,60	140,22	130,73	123,85	110,91	133,77	112,79
RB862821	107,27	119,38	119,01	121,88	123,15	137,14	106,02	119,79	145,90	142,02	145,48	95,16	166,68	126,84
RB925154	93,73	116,08	107,98	123,83	111,26	136,13	102,85	121,88	149,81	147,29	131,79	98,56	177,75	124,53
RB925168	109,76	130,77	114,89	120,22	131,13	140,69	120,45	130,80	166,69	149,89	137,34	113,27	150,49	132,03
RB925170	96,16	124,15	108,88	103,42	96,83	124,78	95,44	110,18	134,12	130,05	125,50	101,27	127,96	113,75
RB925230	104,67	143,30	134,04	113,27	128,41	152,55	101,07	128,14	155,86	157,62	160,85	101,47	148,51	133,06
RB925274	102,36	124,68	106,42	124,81	112,92	125,37	93,51	115,82	146,39	132,51	126,47	97,42	159,89	120,66
RB925298	105,32	128,63	108,43	124,93	115,43	136,43	101,82	109,63	138,57	149,52	131,47	107,00	156,54	124,13
RB925301	97,34	118,83	85,02	120,29	109,64	142,79	101,72	109,08	121,33	125,81	129,03	84,82	146,41	114,78
RB925345	101,25	128,38	107,72	144,69	116,92	130,87	108,69	118,31	161,06	163,98	154,33	104,51	173,34	131,85
RB925378	91,56	124,90	108,35	105,06	106,38	125,77	101,55	122,36	142,32	144,38	135,14	99,42	149,48	119,74
RB925424	77,32	104,27	110,99	110,18	93,78	100,88	84,59	96,34	123,70	120,43	121,03	85,02	140,05	105,28
RB925428	98,10	107,56	112,51	111,89	117,36	120,53	96,84	105,11	140,53	152,37	141,45	95,96	158,56	119,91
RB925463	95,71	109,85	110,73	102,21	114,94	120,24	94,31	103,31	153,52	143,49	139,86	102,27	154,44	118,84
Média	99,13	121,24	111,39	119,14	113,99	129,76	100,80	113,78	145,50	143,63	136,74	100,72	154,35	122,32

Tabela 7 - Médias (três cortes) de Pol % da cana (PC) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais (L1 a L13)

Genótipos	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	Média
RB72454	16,47	16,84	14,96	15,79	15,93	16,01	15,24	16,47	15,78	15,38	15,12	14,21	11,10	15,33
RB835486	17,20	16,61	15,52	16,62	16,31	17,83	16,30	16,96	16,63	16,16	15,82	13,44	12,70	16,01
RB862821	16,56	16,47	14,68	15,49	15,31	16,30	14,89	16,20	15,48	15,52	15,29	13,83	12,50	15,27
RB925154	16,74	17,11	14,56	17,93	15,83	16,11	15,32	16,90	15,56	15,07	16,35	14,15	12,28	15,68
RB925168	16,51	15,96	14,00	15,76	15,82	15,75	15,56	15,40	14,76	15,83	14,52	13,56	11,06	14,96
RB925170	15,97	16,33	13,76	15,35	15,24	15,35	14,33	15,65	15,15	14,70	14,60	14,16	11,60	14,78
RB925230	15,00	15,60	13,73	14,77	14,37	14,77	14,74	14,68	14,67	13,98	14,05	12,52	10,19	14,08
RB925274	16,08	16,56	13,76	15,11	14,58	15,25	15,10	15,71	15,17	14,56	14,56	14,14	11,71	14,79
RB925298	16,48	17,08	14,97	16,49	16,07	15,96	15,75	16,70	15,18	15,15	15,58	14,44	12,58	15,57
RB925301	16,61	16,40	14,03	15,68	16,00	16,19	14,40	16,28	15,40	14,48	14,66	14,16	11,72	15,08
RB925345	16,65	17,07	15,00	16,92	16,39	17,08	16,63	16,85	16,15	15,87	16,28	14,28	13,02	16,02
RB925378	15,06	16,41	12,91	14,57	14,32	14,60	14,00	14,59	13,81	13,73	13,28	12,32	10,19	13,83
RB925424	16,40	17,03	14,17	15,70	15,52	16,24	14,99	16,44	15,69	14,40	15,22	14,31	12,57	15,28
RB925428	16,41	16,17	13,18	15,22	14,74	15,70	14,17	15,66	15,59	14,92	14,93	13,49	10,56	14,67
RB925463	16,00	16,66	13,20	15,43	14,68	14,17	14,73	15,32	15,01	14,56	14,66	13,01	11,28	14,52
Média	16,28	16,55	14,16	15,79	15,41	15,82	15,08	15,99	15,34	14,95	14,99	13,74	11,67	15,06

Tabela 8 - Médias (três cortes) de tonelada de Pol /ha (TPH) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais (L1 a L13)

Genótipos	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	Média
RB72454	17,55	21,04	20,51	23,31	19,79	22,21	16,39	19,82	25,88	25,30	22,30	16,02	19,34	20,73
RB835486	16,75	17,76	15,79	18,43	17,48	20,09	15,19	15,89	23,50	21,35	19,65	14,46	17,40	17,98
RB862821	17,65	19,49	17,69	18,97	19,04	22,33	15,89	19,46	22,68	22,13	22,30	13,14	21,35	19,39
RB925154	15,62	19,68	16,19	22,21	17,61	21,85	15,75	20,50	23,53	22,21	21,72	13,95	22,40	19,48
RB925168	17,99	20,63	16,31	18,86	20,87	22,06	18,62	19,78	25,02	23,79	19,99	15,24	17,10	19,71
RB925170	15,07	20,05	15,22	15,91	14,78	19,16	13,57	17,02	20,45	19,09	18,22	14,39	15,30	16,79
RB925230	15,70	22,07	18,47	16,73	18,45	22,23	14,59	18,45	22,92	21,87	22,55	12,48	15,34	18,60
RB925274	16,25	20,32	15,11	18,83	16,45	18,98	14,12	18,05	22,28	19,40	18,57	13,61	18,96	17,76
RB925298	17,06	21,62	16,52	20,48	18,47	21,66	15,86	18,10	21,15	22,71	20,52	15,41	20,02	19,20
RB925301	15,98	19,29	12,01	18,85	17,67	23,08	14,63	17,72	18,83	18,15	18,96	11,94	17,47	17,28
RB925345	16,87	21,79	16,48	24,49	19,20	22,24	18,12	19,85	26,20	26,02	25,11	14,91	23,12	21,11
RB925378	13,28	20,13	14,13	15,29	15,20	18,15	14,10	17,51	21,98	19,82	18,10	12,16	15,79	16,59
RB925424	12,51	17,79	15,84	17,23	14,58	16,44	12,65	15,87	20,45	17,29	18,55	11,99	18,12	16,10
RB925428	16,05	17,33	15,21	17,01	17,38	18,85	13,67	16,42	20,98	22,73	21,14	12,84	16,83	17,42
RB925463	15,25	18,26	14,97	15,76	16,88	17,11	13,64	15,67	22,77	20,88	20,58	13,21	17,73	17,13
Média	15,97	19,82	16,03	18,82	17,59	20,43	15,12	18,01	22,58	21,52	20,55	13,72	18,42	18,35

4.2 Análise de variância conjunta para os 13 locais avaliados

Embora em alguns casos as interações Genótipos x Cortes tenham se apresentado significativas, nas análises conjuntas foram consideradas a média dos três cortes para os três caracteres avaliados, pois, é com base na média dos três cortes que se pratica seleção.

Os resumos das análises de variância conjuntas estão apresentados na Tabela 9 para os caracteres TCH, PC e TPH. Observa-se que os três caracteres apresentaram em todas as fontes de variação diferenças significativas ($P \leq 0,01$), exceto para Bloco/L no caráter PC que foi não significativa.

A significância da fonte de variação Genótipos indica que pelo menos um genótipo difere dos demais genótipos para os três caracteres avaliados (TCH, PC e TPH), evidenciando, portanto, que existe uma variabilidade genética significativa entre os genótipos estudados. O mesmo acontece para a fonte de variação Locais, ou seja, dentre os 13 locais estudados pelo menos um local difere dos demais. Em outras palavras, pode-se dizer que não existe similaridade entre os 13 locais. A presença de interação significativa entre os genótipos e os locais avaliados indica que além dos efeitos genéticos e ambientais, outro fator também está influenciando nos resultados, que é o efeito da interação genótipo x local. Isso significa que a resposta de um determinado genótipo nos vários locais pode não ser a mesma de outro, dificultando tanto na seleção quanto na recomendação para plantio.

Tabela 9 – Análises de variância conjuntas para os caracteres Tonelada de Cana por Hectare (TCH), Pol% da cana (PC) e Tonelada de Pol/ha (TPH) de 15 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em 13 locais

FV	GL	Quadrados Médios		
		TCH	PC	TPH
Blocos/L	26	257,17**	0,32 ^{ns}	5,02**
Genótipos (G)	14	2.987,81**	15,89**	91,53**
Locais (L)	12	15.080,20**	74,81**	311,48**
Interação GxL	168	190,31**	0,51**	5,27**
Resíduo Médio	364	85,88	0,22	2,23
Média		122,32	15,06	18,35
CV%		7,58	3,11	8,13

** : Significativo a 1% pelo teste F; ns: não significativo

4.3 Análises de variância conjunta para os pares de locais

Devido à ocorrência de interação entre os genótipos e locais, fica evidente que os locais estão influenciando de forma diferenciadas nas respostas dos genótipos. Resta saber, portanto, quais são os locais ou pares de locais que mais estão se interagindo. Para isso, a seguir estão apresentados e discutidos nas Tabelas 10, 11 e 12 os quadrados médios das interações Genótipos x Locais para os 13 locais combinados 2 a 2.

4.3.1 Análises de variância conjuntas para o caráter TCH

Na Tabela 10 estão apresentados os resultados dos quadrados médios da interação GxL para os 13 locais combinados 2x2 para o caráter TCH.

O local 1 apresentou interações significativas ao nível de 1% e 5% de probabilidade com os locais 3, 4, 9, 10, 11 e 13, sendo que com os demais locais sua interação foi não significativa. Pode-se dizer que nos locais onde as interações foram não significativas apresentam certos níveis de similaridade nas respostas dos genótipos, alertando para existência de possibilidades de agrupamentos. Já os locais cujas interações foram significativas indicam que genótipos alocados nestes locais poderão apresentar respostas diferenciadas, não podendo ser agrupados. O local 2 apresentou interações significativas com os locais: 3, 4, 9, 10, 11, 12 e 13 e não significativas com os demais. Os Locais 3 e 4 apresentaram interações significativas com todos locais, se mostrando bem diferentes dos 12 locais que foram comparados. O Local 5, diferentemente dos dois anteriores, apresentou menor número de interações, interagindo significativamente apenas com os locais 3, 4 e 13, mostrando que nos locais onde as interações foram não significativas os genótipos apresentaram comportamentos semelhantes. Este local pode ser uma boa opção para selecionar materiais com alta capacidade de adaptação, assim como relatado por Campbell e Lafever (1977). A interação do local 6 não foi significativa com os locais 1, 2, 5, 7 e 8, sendo significativa com outros sete locais. O local 7 apresentou interações significativas com os locais 3, 4, 10, 11 e 13 e não significativas com os locais 1, 2, 5, 6, 8, 9 e 12. O local 8 apresentou similaridade com os locais 1, 2, 5, 6 e 7, pois sua interação com estes locais foi não significativa. As respostas dos genótipos no local 9 foram semelhantes nos locais 5, 7, 10 e 12 e diferentes nos outros locais. Já o local 10 só não interagiu com os locais 5, 9 e 11, apresentando interações com todos outros locais, mostrando, com isso, ser um local importante e de poucas possibilidades de associações. A interação do local 11 não foi significativa apenas com os locais 5 e 10, mostrando que proporciona aos genótipos um comportamento diferenciado em relação aos outros locais. O local 12 também interagiu bastante com os outros locais, apresentando interações não significativas apenas com os locais 1, 5, 7 e 9. As interações do local 13 foram significativas com todos locais, evidenciando ser um local onde os genótipos apresentam respostas muito diferentes dos outros locais avaliados.

4.3.2 Análise de variância conjunta 2x2 para o caráter PC

Analizando os resultados da Tabela 11 é possível observar os locais cujas interações foram significativas a 1% e 5% de probabilidade e os locais que não tiveram interações significativas.

A interação do local 1 foi significativa com os locais 2, 3, 4, 6, 7, 12 e 13, sendo que nos demais locais as interações foram não significativas. O local 2 apresentou interação significativa com todos os outros locais, mostrando ser um local importante para avaliação deste caráter. Já o local 3, teve um comportamento semelhante aos locais 5, 7 e 8, e diferentes dos demais locais. A interação do local 4 foi significativa com quase todos locais, exceto com os locais 8 e local 11. O local 5 se mostrou bastante diferente dos demais, apresentando resposta relativa similar apenas quando comparado com os locais 1, 3 e 8. Já o local 6 não apresentou consistência de resposta com nenhum dos outros locais. Locais como este são extremamente importantes para os programas de melhoramento que buscam selecionar genótipos de altas produtividades. O local 7 também se mostrou diferente dos demais locais, exceto dos locais 3 e 10, com os quais sua interação foi não significativa. O local 8 apresentou interação significativa com os locais 2, 6, 7 e 10, e não significativa com os demais. O local 9 mostrou o mesmo padrão de resposta apenas com os locais 1, 8 e 11, pois sua interação foi significativa com os demais locais. Exceto os locais 1 e 7, todos outros locais apresentaram significância na interação com o local 10, mostrando, também, a importância do local 10 na avaliação do caráter PC. O local 11 não apresentou interação significativa com os locais 1, 4, 8 e 9, e significativa com os demais locais. Já os locais 12 e 13 apenas não tiveram interação significativa com o local 8, sendo significativa com todos os outros locais. Essa coincidência nos resultados destes dois locais (12 e 13) não significa que são locais semelhantes, pois, a interação entre eles também foi significativa ao nível de 1% de probabilidade, mostrando, portanto, que as respostas dos genótipos foram diferentes nestes locais.

4.3.3 Análise de variância conjunta 2x2 para o caráter TPH

Na tabela 12 estão apresentados os quadrados médios da interação Genótipos x Locais para o caráter tonelada de pol/ha dos 13 locais analisados 2 a 2.

O caráter TPH, como já mencionado, é o resultado do produto de dois caracteres: TCH e PC. Observa-se que os resultados foram muito semelhantes com os resultados apresentados na Tabela de TCH (Tabela 10). O local 1, por exemplo, apresentou interação significativa com os mesmos locais que havia apresentado para o caráter TCH, exceto para o local 1 e 2 que, para o caráter TPH, foi significativo. O local 2 não apresentou interação significativa apenas com os locais 7, 8 e 9, sendo significativa com todos outros locais. Os locais 3 e 4 apresentaram suas interações significativas com todos outros locais, exceto entre os locais 4 e 13, mostrando que estes locais são importantes para avaliação deste caráter. A interação do local 5 foi significativa com os locais 2, 3, 4, 9 e 13 e não significativa com os outros locais. A interação do local 6 não foi significativa apenas com os locais 1, 5, 7 e 8, sendo significativa com os outros locais. O mesmo já havia acontecido para o caráter TCH, exceto entre os locais 2 x 6, que neste caráter foi significativa. Outro local com potencial de agrupamento foi o local 7, pois apresentou interação significativa apenas com os locais 3, 4, 11 e 13. O comportamento dos genótipos no local 8 foi semelhante ao dos locais 1, 2, 5, 6, 7 e 12, pois apresentaram suas interações não significativas. Já o local 9, quando comparado com todos locais, se mostrou relativamente semelhante somente com os locais 7, 10 e 12. Esses resultados mostram que o local 9 também é um local de poucas possibilidades de agrupamentos. O mesmo acontece com o local 10, que teve interação com quase todos locais, exceto com os locais 5, 7, 9 e 11. O local 11 apresentou interação com os mesmos locais que havia apresentado para o caráter TCH, ou seja, interação significativa com todos locais, exceto com os locais 5 e 10. O local 12 não apresentou interação com os locais 1, 2, 5, 7, 8 e 9. O local 13 novamente apresentou interação com praticamente todos locais, exceto com o local 4, vindo reforçar a idéia de importância deste local na avaliação dos três caracteres avaliados.

Tabela 10 – Quadrados Médios da Interação Genótipo x Locais do caráter Toneladas de Colmo / ha (TCH)

Quadrados Médios (QM)													
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13
L1	x	103,7	210,0**	214,4**	50,9ns	124,1ns	55,6ns	129,6ns	158,6*	178,2*	151,5*	78,0ns	285,7**
L2		x	205,9**	279,5**	143,9ns	92,0ns	115,5ns	69,1ns	212,5**	201,9**	157,0*	167,4*	396,6**
L3			x	370,6**	173,7*	328,0**	243,2**	204,5**	184,3**	183,5**	145,4*	194,5**	376,8**
L4				x	247,9**	315,6**	197,3**	283,7**	288,3**	233,7**	288,7**	271,9**	169,4*
L5					x	121,6ns	72,5ns	114,7ns	106,9ns	120,9ns	91,8ns	143,3ns	235,7**
L6						x	123,9ns	96,6ns	291,7**	239,8**	182,8**	285,9**	347,9**
L7							x	72,6ns	141,4ns	157,2*	156,2*	101,5ns	247,6**
L8								x	155,6*	181,5**	156,5*	206,4**	262,3**
L9									x	103,0ns	152,5*	120,3ns	261,6**
L10										x	79,9ns	175,9*	196,9**
L11											x	226,0**	256,3**
L12												x	370,8**
L13													x

Quadrado Médio do Resíduo = 85,88; G.L = 364; (*) (**) Significativo a 5% e 1% de probabilidade; (ns) não significativo;

Tabela 11 – Quadrados Médios da Interação Genótipo x Locais do caráter Pol % Caldo (PC)

Quadrado Médio (QM)													
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13
L1	X	0,410*	0,430*	0,550**	0,240ns	0,470**	0,570**	0,210ns	0,200ns	0,250ns	0,340ns	0,380*	0,590**
L2		X	0,660**	0,660**	0,550**	1,090**	0,680**	0,410*	0,530**	0,780**	0,550**	0,400*	0,690**
L3			X	0,610**	0,250ns	0,380*	0,310ns	0,270ns	0,400*	0,390*	0,410*	0,680**	0,560**
L4				X	0,460**	0,870**	0,620**	0,350ns	0,730**	0,760**	0,210ns	0,850**	0,710**
L5					X	0,400*	0,430*	0,230ns	0,430*	0,360*	0,440*	0,480**	0,610**
L6						X	0,680**	0,390*	0,400*	0,540**	0,590**	0,980**	0,680**
L7							X	0,570**	0,570**	0,350ns	0,500**	0,920**	0,700**
L8								X	0,250ns	0,550**	0,150ns	0,350ns	0,320ns
L9									X	0,410*	0,310ns	0,550**	0,640**
L10										X	0,520**	0,800**	0,890**
L11											X	0,580**	0,410*
L12												X	0,630**
L13													X

Quadrado Médio do Resíduo = 0,22; G.L = 364; (*) (**) Significativo a 5% e 1% de probabilidade; (ns) não significativo;

Tabela 12 – Quadrados Médios da Interação Genótipo x Locais do caráter Toneladas de Pol / ha (TPH)

Quadrado Médio (QM)													
	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13
L1	x	4,48*	5,42**	7,92**	1,16ns	3,19ns	1,94ns	3,33ns	5,06**	4,68*	4,75**	2,00ns	8,18**
L2		x	5,24**	9,38**	4,66*	4,56*	3,43ns	2,29ns	5,94**	7,46**	5,70**	3,43ns	10,06**
L3			x	9,99**	5,13**	8,44**	6,07**	5,06**	4,11*	5,59**	4,61*	4,12*	10,70**
L4				x	7,23**	7,10**	5,77**	5,69**	7,40**	6,66**	6,44**	7,19**	3,68ns
L5					x	2,66ns	1,28ns	2,90ns	4,06*	3,25ns	3,63ns	3,50ns	8,62**
L6						x	3,25ns	2,80ns	8,80**	7,42**	5,74**	6,22**	9,72**
L7							x	1,85ns	2,89ns	3,51ns	4,26*	2,31ns	6,80**
L8								x	4,43*	5,65**	4,32*	3,60ns	5,86**
L9									x	2,91ns	4,18*	3,73ns	8,63**
L10										X	3,00ns	4,90**	9,37**
L11											x	5,83**	5,85**
L12												x	7,98**
L13													X

Quadrado Médio do Resíduo = 2,23; G.L = 364; (*) (**) Significativo a 5% e 1% de probabilidade; (ns) não significativo;

4.4 Estratificação de ambientes com base no algoritmo original de Lin

A escolha dos locais que irão compor a rede experimental dos programas de melhoramento é um fator que pode ser determinante no sucesso do programa. O número de locais também é difícil de prever, sendo normalmente determinados com base nas características edafoclimáticas da região de abrangência do programa. Como essas diferenças normalmente são grandes, os programas procuram avaliar seus experimentos num maior número possível de locais para, com isso, aumentar a segurança na seleção. É evidente que quanto maior o número de locais mais precisos serão os resultados; entretanto, altos custos estão envolvidos nos processos de instalação, condução e avaliação dos experimentos.

Outro fator que deve ser analisado é a representatividade dos locais que foram escolhidos, pois, pouco adianta existir diferenças entre os solos dos locais se não existir diferenças nas respostas dos genótipos avaliados nestes locais. Essas respostas podem ser consistentes em todos os locais ou inconsistentes para alguns genótipos em alguns locais. A resposta consistente acontece quando há ausência de interação ou quando a interação genótipo x local é do tipo simples, não trazendo nenhum problema no processo de seleção. Já as respostas inconsistentes acontecem quando as interações genótipos x locais são do tipo complexa, ou seja, um genótipo selecionado em um local poderia não ser selecionado em outro e vice-versa.

Para atenuar os efeitos que a interação Genótipos x Ambientes pode trazer e estudar a representatividade dos locais de suas redes experimentais, os programas de melhoramento genético realizam testes de agrupamento para verificar a possibilidade de estratificação ambiental. Com isso, procuram saber se nos locais que realizam experimentação, existe algum local que apresente padrão de similaridade nas respostas dos genótipos para, através disso, decidir se algum local pode ou não ser excluído da rede de experimentação.

Sendo assim, com o objetivo de atenuar os efeitos da interação genótipos x locais, observada nas análises conjuntas dos 13 locais e das análises destes dois a dois e, conseqüentemente, estudar a possibilidade de estratificação, foram efetuados testes de agrupamentos para os três caracteres utilizando o método de agrupamento proposto por Lin (1982).

4.4.1 Agrupamentos de locais para o caráter toneladas de colmo por hectare (TCH)

Na Tabela 13 estão apresentados os resultados do teste de agrupamento. Deve-se ressaltar que estão apresentados os grupos com o máximo de locais possíveis, ou seja, grupos que não permitem a inclusão de nem um outro local. Nesta tabela estão os resultados dos quadrados médios da interação, os resultados dos testes F calculados bem como dos F tabelados, com significância de 5%, e os possíveis grupos formados.

Observa-se que o local 1 (Usina Santa Fé) teria a possibilidade de se agrupar com o local 5 (Usina Cocal), e ambos com os locais 7 (Usina Santa Elisa - 1), 8 (Usina Cruz Alta), 2 (Usina Santa Luiza) e 6 (Usina Bonfim). Se o critério de seleção fosse apenas toneladas de colmo/ha, estes resultados indicam que os 6 locais poderiam se reduzir em apenas 1 local, sem que isso acarretem prejuízos para a avaliação dos genótipos. A segunda possibilidade de agrupamento seria entre os locais 1 (Usina Santa Fé), 12 (Usina Sonora) e 9 (Usina Iturama). Neste caso deve-se ressaltar que cada local representa um Estado diferente, isto é, São Paulo, Minas Gerais e Mato Grosso, respectivamente. O terceiro possível grupo seria formado pelos locais 10 (Usina Aralco), 11 (Usina Lucélia), 5 (Usina Cocal) e 9 (Usina Iturama). A quarta possibilidade seria entre os locais 7 (Usina Santa Elisa - 1) e 12 (Usina Sonora). A quinta possibilidade seria entre os locais 7 (Usina Santa Elisa - 1) e 9 (Usina Iturama). A sexta possibilidade seria entre os locais 5 (Usina Cocal) e 12 (Usina Sonora). A sétima e última possibilidade seria entre os locais 3 (Usina Santa Terezinha) e 11 (Usina Lucélia). Os locais 4 (Usina São Martinho) e 13 (Usina Santa Elisa - 2) não se agrupariam com nenhum local.

É importante ressaltar que dois dos locais (L7 e L13), embora pertencentes à mesma Usina, não puderam ser agrupados, sendo, portando, interessante manter pelo menos o local 13 desta propriedade, que não se agrupou com nenhum local. Como mencionado, estes resultados indicam apenas possibilidades de agrupamento, ou seja, outros fatores também poderão ser utilizados para aumentar a segurança, principalmente quando o objetivo é excluir algum local.

Tabela 13 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento para o caráter TCH

QMI/r	Fcal	Ftab(5%)	Locais
16,99	0,59	1,71	1 5
20,04	0,70	1,50	1 5 7
27,65	0,96	1,41	1 5 7 8
31,03	1,08	1,36	1 5 7 8 2
33,11	1,15	1,33	1 5 7 8 2 6
26,01	0,90	1,71	1 12
39,66	1,38	1,50	1 12 9
26,63	0,93	1,71	10 11
32,52	1,14	1,50	10 11 5
36,40	1,27	1,41	10 11 5 9
34,09	1,19	1,71	7 12
47,09	1,64	1,71	7 9
47,78	1,66	1,71	5 12
48,49	1,69	1,71	3 11

r: número de repetições

4.4.2 Agrupamentos dos locais para o caráter Pol% da cana (PC)

Na Tabela 14 estão apresentados os resultados do teste de agrupamento, cabendo ressaltar que estão apresentados os grupos com o máximo de locais possíveis, ou seja, grupos que não permitem a inclusão de nem um outro local. Nesta tabela também estão os resultados dos quadrados médios da interação com seus respectivos F calculados e F tabelados, com significância de 5% de probabilidade.

Pode-se observar que o local 8 (Usina Cruz Alta) poderia ser agrupado com o local 11 (Usina Lucélia), e ambos com os locais 1 (Usina Santa Fé), 9 (Usina Iturama) e 5 (Usina Cocal). Se o critério de seleção fosse apenas Pol% da cana, ou seja, riqueza da cana, esses resultados indicam que esses 5 locais poderiam se reduzir a apenas 1 local, sem prejuízos para a avaliação dos genótipos. A segunda possibilidade de agrupamento seria entre os locais 4 (Usina São Martinho) e 11 (Usina Lucélia). Destaca-se a possibilidade de agrupamento do local 4, que para caráter TCH não havia agrupado com nenhum outro local. O terceiro possível grupo seria entre os locais 1 (Usina Santa Fé) e 10 (Usina Aralco). A quarta possibilidade seria entre os locais 3 (Usina Santa Terezinha), 5 (Usina Cocal) e 7 (Usina Santa Elisa - 1). A quinta

possibilidade seria entre os locais 3 (Usina Santa Terezinha) e 8 (Usina Cruz Alta). A sexta possibilidade seria entre os locais 8 (Usina Cruz Alta) e 13 (Usina Santa Elisa -2). Também cabe atenção para formação deste grupo, pois o local 13 também não havia formado grupo no caráter TCH. Uma sétima possibilidade de agrupamento seria entre os locais 7 (Usina Santa Elisa -1) e 10 (Usina Aralco). Como oitava possibilidade aparecem os locais 4 (Usina São Martinho) e 8 (Usina Cruz Alta). Outra possibilidade de agrupamento, no caso a nonagésima, seria entre os locais 8 (Usina Cruz Alta) e 12 (Usina Sonora). Mais duas possibilidades seriam entre os locais 5 e 10 (Usina Cocal e Usina Aralco) e entre os locais 3 e 6 (Usina Santa Terezinha e Usina Bonfim). O único local que não se agrupou com nenhum outro local foi o local 2 (Usina Santa Luíza), indicando que é um local que não pode ser excluído. Portanto, para PC foi possível notar um maior número de possibilidades de agrupamento; porém com menor número de locais por grupo formado.

Tabela 14 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter PC

QMI/r	Fcal	Ftab(5%)	Locais
0,051	0,70	1,71	8 11
0,079	1,08	1,50	8 11 1
0,083	1,13	1,41	8 11 1 9
0,095	1,30	1,36	8 11 1 9 5
0,070	0,95	1,71	4 11
0,083	1,13	1,71	1 10
0,084	1,15	1,71	3 5
0,106	1,45	1,50	3 5 7
0,089	1,22	1,71	3 8
0,107	1,47	1,71	8 13
0,117	1,60	1,71	7 10
0,117	1,60	1,71	4 8
0,118	1,61	1,71	8 12
0,121	1,65	1,71	5 10
0,125	1,71	1,71	3 6

r: número de repetições

4.4.3 Agrupamentos dos locais para o caráter toneladas de Pol/ha (TPH)

Na Tabela 15 estão apresentados os resultados do teste de agrupamento para o caráter tonelada de pol/ha (TPH). Deve-se ressaltar, novamente, que estão apresentados os grupos com o máximo de locais possíveis, ou seja, grupos que não permitem a inclusão de nenhum outro local. Também estão apresentados os resultados dos quadrados médios da interação com seus respectivos F calculados e F tabelados.

Observa-se que o local 1 (Usina Santa Fé) permitiu formar um grupo com o local 5 (Usina Cocal), e ambos com os locais 7 (Usina Santa Elisa -1), 8 (Usina Cruz Alta), 12 (Usina Sonora) e 6 (Usina Bonfim). Se o critério de seleção fosse apenas toneladas de pol/ha, esses resultados indicam que esses 6 locais poderiam se reduzir a apenas 1 local, sem prejuízos para a avaliação dos genótipos. A segunda possibilidade de agrupamento seria entre os locais 2 (Usina Santa Luíza) e 8 (Usina Cruz Alta). O terceiro possível grupo seria entre os locais 7, 9 e 10 (Usina Santa Elisa -1, Usina Iturama e Usina Aralco, respectivamente). A quarta possibilidade seria entre os locais 10, 11 e 5 (Usina Aralco, Usina Lucélia e Usina Cocal, respectivamente). A quinta possibilidade seria entre os locais 2 (Usina Santa Luíza) e 7 (Usina Santa Elisa -1). A sexta possibilidade seria entre os locais 2 (Usina Santa Luíza) e 12 (Usina Sonora). O sétimo grupo seria formado entre os locais 9 e 12 (Usina Iturama e Usina Sonora). A oitava e última possibilidade seria o grupo formado pelos locais 4 e 13. Os locais 4 (Usina São Martinho) e 13 (Usina Santa Elisa -2) não se agruparam com nenhum outro local no caráter TCH, e foi o último grupo a ser formado neste caráter. O local 3 (Usina Santa Terezinha) não formou grupo com nem um outro local, não podendo, portanto, ser excluído.

Tabela 15 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter TPH

QMI/r	Fcal	Ftab (5%)	Locais
0,424	0,57	1,71	1 5
0,502	0,67	1,50	1 5 7
0,689	0,92	1,41	1 5 7 12
0,806	1,09	1,36	1 5 7 12 8
0,940	1,27	1,33	1 5 7 12 8 6
0,765	1,03	1,71	2 8
0,981	1,32	1,71	7 9
1,07	1,43	1,50	7 9 10
1,00	1,35	1,71	10 11
1,09	1,46	1,50	10 11 5
1,14	1,54	1,71	2 7
1,14	1,54	1,71	2 12
1,24	1,67	1,71	9 12
1,24	1,67	1,71	4 13

r: número de repetições

4.4.4 Agrupamento simultâneo para os três caracteres

Como já foi mostrado e discutido, podem existir várias possibilidades de agrupamentos quando consideramos os caracteres separadamente e quando não excluimos um local quando ele já havia sido agrupado. Porém, os três caracteres estudados são de extrema importância para cultura da cana-de-açúcar e os primeiros grupos formados são os que apresentam os menores quadrados médios da interação. Por isso, são agrupados primeiramente, sendo, portando, coerente evitar outras possíveis possibilidades de agrupamento com um local já agrupado.

Se o objetivo fosse agrupar os locais onde a interação fosse não significativa para os três caracteres, os únicos locais que se associariam para formar um grupo seriam os Locais 1, 5, e 8, referentes às seguintes Usinas: Santa Fé, Cocal e Cruz Alta. Coincidentemente, essas Usinas apresentam o mesmo padrão de ambiente de produção, lembrando que ambiente de produção se refere às condições de solo e clima, principalmente.

É importante ressaltar que o fato da não formação de grupos comuns para os três caracteres não exclui a possibilidade de agrupar alguns locais, mesmo porque é a fase de seleção que irá determinar o caráter mais importante a ser selecionado, cabendo, portanto, ao melhorista a decisão, de agrupar ou não os locais.

4.5 Estratificação de ambientes com base no algoritmo de Lin modificado

Analisando os resultados das possibilidades de agrupamentos com base no algoritmo de Lin original (LIN, 1982), pode-se observar que muitos grupos formados tiveram valores de F calculados da interação muito próximos da significância considerada, isto é $F \leq 0,05$. Isso leva a pensar que apenas uma melhoria na precisão experimental dos locais avaliados poderia fazer com que tais interações fossem significativas, reduzindo as possibilidades de agrupamentos.

Estratificar uma rede experimental pode trazer muitos benefícios para um programa de melhoramento, mas para isso o melhorista tem que estar muito bem seguro dos resultados para não excluir ou agrupar locais indevidos.

Sendo assim, com o objetivo de aumentar o rigor e a segurança dos agrupamentos, foi realizada neste trabalho uma pequena modificação na metodologia de agrupamento proposta por Lin, deixando de considerar o $F \leq 0,05$ e passando a considerar um $F \leq 0,30$. Com base nisso, aumenta-se muito o rigor ao se considerar uma interação não significativa.

4.5.1 Agrupamento de locais para o caráter tonelada de colmo por hectare (TCH)

Na Tabela 16 estão apresentados os resultados do teste de agrupamento, agora com um critério mais seguro, para tonelada de colmo/ha (TCH). Também estão apresentados os resultados dos quadrados médios da interação com seus respectivos F calculados e F tabelados

Com este novo critério, foram formados apenas 3 grupos de similaridade. O primeiro seria formado pelos locais 1, 5, 7, 8 e 2, referentes às seguintes Usinas: Santa Fé, Cocal, Santa Elisa -1, Cruz Alta e Santa Luiza. O segundo grupo é composto pelos locais 1 (Usina Santa Fé) e 12 (Usina Sonora) e o terceiro grupo pelos locais 10 (Usina Aralco), 11 (Usina Lucélia) e 5 (Usina Cocal). Os Locais 3 (Usina Santa Terezinha), 4 (Usina São Martinho), 6 (Usina Bonfim), 9 (Usina Iturama) e 13 (Usina Santa Elisa -2) formam, grupos isolados, não podendo ser agrupado com nenhum outro local. Com isso pode-se deduzir que haja uma boa representatividade dos locais onde esses experimentos foram instalados. Portanto, se fosse considerar apenas o caráter TCH,

pode-se dizer que existiria a possibilidade de redução de 13 locais para 8 locais, sem que houvesse prejuízos na seleção e recomendação de genótipos.

Tabela 16 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter TCH

QMI/r	Fcal	Ftab (30%)	Locais
16,99	0,59	1,17	1 5
20,04	0,70	1,13	5 7
27,65	0,96	1,11	1 5 7 8
31,03	1,08	1,10	1 5 7 8 2
26,01	0,90	1,17	1 12
26,63	0,93	1,17	10 11
32,52	1,13	1,13	10 11 5

r: número de repetições

4.5.2 Agrupamento de locais para o caráter Pol% da cana (PC)

Na Tabela 17 estão apresentados os resultados do teste de agrupamento, agora com um critério mais rigoroso, para Pol % da cana. Também estão apresentados os resultados dos quadrados médios com seus respectivos F calculados e F tabelados.

Com este novo critério houve 4 possibilidades de agrupamento, sendo um grupo com 4 locais e três grupos com 2 locais. O primeiro grupo seria formado pelos locais 1 (Usina Santa Fé), 8 (Usina Cruz Alta), 9 (Usina Iturama) e 11 (Usina Lucélia). Os locais 4 (Usina São Martinho) e 11 (Usina Lucélia), formariam o segundo grupo. O terceiro grupo seria formado pelos locais 1 (Usina Santa Fé) e 10 (Usina Aralco). O quarto e último grupo seria formado pelos locais 3 (Usina Santa Terezinha) e 5 (Usina Cocal). Os locais 2 (Usina Santa Luíza), 6 (Usina Bonfim), 7 (Usina Santa Elisa -1), 12 (Usina Sonora) e 13 (Usina Santa Elisa -2), não se agrupariam com nenhum dos locais, formando, com isso, locais isolados. Se fosse considerado apenas o caráter PC, existiria a possibilidade de redução de 13 locais para 9 locais, sem que houvesse prejuízos na a seleção e recomendação de genótipos.

Tabela 17 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter PC

QMI/r	Fcal	Ftab(30%)	Locais
0,051	0,70	1,17	8 11
0,079	1,08	1,13	8 11 1
0,083	1,13	1,11	8 11 1 9
0,070	0,95	1,17	4 11
0,083	1,13	1,17	1 10
0,084	1,15	1,17	3 5

r: número de repetições

4.5.3 Agrupamento de locais para o caráter tonelada de Pol por hectare (TPH)

Na Tabela 18 estão apresentados os resultados do teste de agrupamentos para o caráter tonelada de Pol/ha (TPH). Também estão apresentados os resultados dos quadrados médios das interações com seus respectivos F calculados e F tabelados.

Com este novo critério só foi possível a formação de 2 grupos, sendo um grupo com 5 locais e outro grupo com 2 locais. O primeiro grupo foi formado pelos locais 1, 5, 7, 8 e 12, referentes às Usinas: Santa Fé, Cocal, Santa Elisa -1, Cruz Alta e Sonora. O segundo grupo foi formado pelos locais 2 (Usina Santa Luiza) e 8 (Usina Cruz Alta). Os locais 3 (Usina Santa Terezinha), 4 (Usina São Martinho), 6 (Usina Bonfim), 9 (Usina Iturama), 10 (Usina Aralco), 11 (Usina Lucélia) e 13 (Usina Santa Elisa - 2), não se agruparam com nenhum dos locais avaliados, formando grupos isolados e evidenciando mais uma vez a boa representatividade dos locais na rede de experimentação estudada. Considerando apenas o caráter TPH, pode-se dizer que existiria a possibilidade de reduzir os 13 locais de experimentação para 9 locais, sem prejuízos para a seleção e recomendação de genótipos.

Tabela 18 – Quadrados médios das interações (QMI/r), valores do F (calculado e tabelado) e possibilidades de agrupamento, para o caráter TPH

QMI/r	Fcal	Ftab(30%)	Locais
0,424	0,57	1,17	1 5
0,501	0,67	1,13	1 5 7
0,689	0,92	1,11	1 5 7 12
0,805	1,09	1,10	1 5 7 12 8
0,764	1,02	1,17	2 8

r: número de repetições

4.5.4 Agrupamento simultâneo para os três caracteres

Em outras culturas normalmente as análises de agrupamento são realizadas para apenas um caráter. Em cana-de-açúcar é necessário analisar os três caracteres e, dependendo do objetivo do experimento, os três simultaneamente. Sendo assim, ainda com base nas tabelas 16, 17 e 18 pode-se notar que se fossem considerados simultaneamente os 3 caracteres, apenas os locais 1(Usina Santa Fé) e 8 (Usina Cruz Alta) poderiam ser agrupados, tendo, com isso, a possibilidade de reduzir a experimentação de 13 locais para 12 locais. A mesma conclusão é válida para a combinação dos caracteres PC e TCH, e PC e TPH.

Resultados semelhantes foram encontrados por Garbuglio et al. (2007), que utilizando análise de fatores para avaliar possibilidades de estratificação em áreas de experimentação de milho, concluiu que dos 11 locais avaliados dois deles poderiam se associar e formar um grupo, podendo, com isso, reduzir de 11 locais para 10 locais. Outros resultados semelhantes foram obtidos por Silva (2004), porém, dentre os locais que trabalhou, verificou que nenhum deles poderiam se agrupar e, conseqüentemente, nenhum dos locais poderia ser excluído. Muito semelhantes foram os resultados de Oliveira et. al (2004), trabalhando com híbridos de milho para silagem nos seguintes estados: Paraná, Santa Catarina e Rio Grande Sul. Eles verificaram que dos 7 locais, dois poderiam se associar para formar um grupo, pois apresentavam similaridade nas respostas dos genótipos. Esses resultados mostram que os locais que foram avaliados apresentam boa representatividade das regiões estudadas.

Porém, se os caracteres desejados na seleção fossem TCH e TPH, existiria a possibilidade de se formar um grupo com os locais 1(Usina Santa Fé), 5 (Usina Cocal),

7 (Usina Santa Elisa -1) e 8 (Usina Cruz Alta), proporcionando uma possibilidade de redução de 13 locais para 10 locais. Como já mencionado, cabe ao melhorista a decisão dos caracteres que deverão ser considerados na seleção. Entretanto, para determinar o caráter TPH é necessário determinar o caráter PC e, assim, este agrupamento não tem valor prático.

Maiores reduções foram conseguidas por Souza et al. (2005), trabalhando com algodão no cerrado do Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, que mostraram que seria possível reduzir os 16 locais de avaliação para 7 locais, ou seja, uma redução de 56%. Também trabalhando com algodão, Maranhã (2005), avaliando 8 locais no estado do Mato Grosso, concluiu que existiria a possibilidade de reduzir em 25% os locais de experimentação, pois dois locais apresentaram o mesmo padrão de resposta dos genótipos, podendo, portanto, formar um grupo de similaridade.

Essas reduções podem ser benéficas para os programas do ponto vista qualitativo e financeiro, pois, com menor número de experimento, mais tempo sobrá para os pesquisadores e mais atenção poderão dar aos experimentos que restaram, e, também, menos recursos serão demandados.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste trabalho permitem concluir que:

- a) Existe apenas uma possibilidade de agrupamento envolvendo os locais Usina Santa Fé e Usina Cruz Alta de Olímpia, o que possibilitaria a redução de 13 locais para 12 locais de avaliação;
- b) Os locais utilizados pelo programa de melhoramento genético da UFSCar são bem representativos das regiões estudadas.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- BOS, I.; CALEGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall, 1997. 347 p.
- BRASIL. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. **Balanço nacional da cana-de-açúcar e agroenergia 2007**. Brasília, 2007. 139 p.
- CAMPBELL, L.G; LAFEVER, H.N. Cultivar x environment interaction in soft red winter wheat yield test. **Crop Science**, Madison, v. 17, n. 4, p. 604-608, 1977.
- CARVALHO, C. C. P. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 989-1000, jul. 2002.
- CESNIK, R. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília: Embrapa Informações Tecnológicas, 2004. 307 p.
- COMSTOCK, R.E. **Quantitative genetics with special reference to plant and animal breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1996. 421 p.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. UFV, 2003. v. 2., 585 p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed., Viçosa: Ed. UFV, 2001. 390 p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. 487 p.
- FOX, P.N.; CROSSA, J.; ROMAGOSA, I. Multi-environment testing and genotype x environment interaction. In: KEMPTON, R.A.; FOX, P.N. (Ed.). **Estatistical methods for plant variety evaluation**. New York: Chapman and Hall, 1997. chap. 8, p. 117-138.
- GARBUGLIO, D. D.; GERAGE, A. C.; ARAUJO, P.M.; FONSECA, N.; Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 2, p.183-191, fev. 2007.
- HORNER, T.W.; FREY, K.J Methods for determining natural area for oat varietal recommendations. **Agronomy Journal**, Madison, v. 49, n. 1, p. 313-315, 1957.
- KANG, M.S.; MILLER, J.D. Genotype-environment interactions for cane and sugar yield and their implications in sugarcane breeding. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 3, p. 435-440, 1984.

LAVORANTI, O.J. **Estabilidade e adaptabilidade fenotípica através da reamostragem “BOOTSTRAP” no modelo AMMI**. 2003. 166 p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agrônoma) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

LIN, C.S. Grouping genotypes by a cluster method directly related to genotype-environment interaction mean square. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 62, p. 277-280, 1982.

LUCCHESI, A.A. Cana-de-açúcar. In: CASTRO, P.R.C.; KLUGE, R.A. (Ed.). **Ecofisiologia de culturas extrativas**: cana-de-açúcar, seringueira; coqueiro; dendezeiro e oliveira. Cosmópolis: Editora Stoller do Brasil, 2001. p. 13-46.

MACHADO, F.B.P. O açúcar nos 500 anos do Brasil. **STAB. Açúcar, Álcool e Subprodutos**, Piracicaba, v. 18, n. 5, p. 4-8, 2000.

MARANHA, F.G. **Estratificação ambiental para avaliação de genótipos de algodoeiro no Estado de Mato Grosso**. 2005. 63 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2005.

MATHESON, A.C.; RAYMOND, C.A. A review of provenance x environment interaction: its practical importance and use with particular reference to the tropics. **The Commonwealth Review**, Farnham Royal, v. 65, n. 4, p. 283-302, 1986

MATSUOKA, S. **Botânica e ecofisiologia da cana-de-açúcar**. Maringá: UFPR; SENAR, 1996. 26 p.

_____. **Seis novas variedades RB de cana-de-açúcar**. Araras: UFSCar, PMGCA, 1998. 24 p. (Boletim Técnico).

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Org.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Ed. UFV, 1999. p. 204-251.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.F.; CALHEIROS, G.G. Hibridação em cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Org.). **Hibridação artificial em plantas**. Viçosa: Ed. UFV, 1999. p. 221-254.

MATSUOKA, S.; ARIZONO, H.; HOFFMANN, H.P.; BASSINELO, A.I. Novas variedades de cana-de-açúcar para a região oeste do Estado de São Paulo. In: CONGRESSO NACIONAL DA STAB, 7., 1999, Londrina. **Anais...** Piracicaba: STAB, 1999. p. 34-38.

MAY, K.W.; KOZUB, G.C. Genotype x environmental interactions for two-row barley grain yield and implications for selection of test locations. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 75, n. 2, p. 571-575, 1995.

OLIVEIRA, J.S. Environmental stratification, adaptability and stability of commercial hybrids of corn for silage utilization in the south of Brazil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p.997-1003, jul. 2004.

PACHECO, R.M. **Estratificação de ambientes em cerrados do Brasil Central para fins de seleção e recomendação de cultivares de soja**. 2004. 170p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2004.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 10. ed. Piracicaba: Nobel, 1982. 430p.

_____. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: Nobel, 1990. 467 p.

_____. **A estatística moderna na pesquisa agropecuária**. 3. ed. Piracicaba : Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 1987. 162 p.

RAIZER, A.J.; VENCOSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 12, p. 2241-2246, dez. 1999.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.

RIBEIRO, P.H.E. **Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas de semeadura, níveis de adubação e locais do estado de Minas Gerais**. 1999. 126 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

SILVA, W.C. **Produtividade agroindustrial de genótipos RB de cana-de-açúcar da série 1993 em 3 regiões de cultivo do Estado de Alagoas**. 2004. 90 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 2004.

SOUZA, A.A. Estratificação de ambientes para a cultura do algodoeiro herbáceo. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ALGODÃO, 5., 2005, Salvador. Salvador: Embrapa, 2005. 1 CD-ROM.

TOLEDO FILHO, M.R. **Probabilidade de suprimento da demanda hídrica ideal da cultura de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) através da precipitação pluvial na zona canavieira do estado de Alagoas**. 1988. 72 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

UNIÃO DA INDÚSTRIA DE CANA-DE-AÇÚCAR. Disponível em: <<http://www.portalunica.com.br/portalunica/Secao=referencia>> Acesso em: 12 abr. 2007.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C.D.; SILVA, A.C. Uma avaliação do potencial de diferentes locais para discriminação genotípica entre cultivares de milho. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 2, p. 323-334, 1990.