

AVALIAÇÃO MULTIVARIADA DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.) EM FASE T1 PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

Enricko Rudnick (PIC/UEM), Hugo Zeni Neto (Orientador). E-mail: hzneto@uem.br.

Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Maringá, PR.

Área e subárea do conhecimento: Agronomia / Fitotecnia

RESUMO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma cultura de grande relevância econômica no Brasil, sendo a terceira mais plantada no país, após a soja e o milho. O Brasil, maior produtor mundial, estima alcançar produção de 663,4 milhões de toneladas na safra 2024/25, com área plantada de 8,79 milhões de hectares. Dessa forma, o melhoramento genético busca ampliar a variabilidade genética e selecionar genótipos superiores para atributos agronômicos e industriais. O objetivo dessa pesquisa é analisar e discorrer sobre as cinco famílias em destaque na pesquisa de melhoramento da cana-de-açúcar da UEM, indicando qual família, através de uma análise multivariada, apresenta características agronômicas desejáveis e sobressai dos demais genótipos, no teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e tonelada de cana por hectare (TCH). A pesquisa foi realizada no Centro Técnico de Irrigação (CTI-UEM), em Maringá, no Paraná, no ano 2024. Sendo utilizado blocos aumentados de Federer com o espaçamento entre linhas de 1,40 metros para a condução do experimento e avaliadas 5 famílias com 10 indivíduos em cada com 5 repetições por família. Com base na análise de variância multivariada (MANOVA) com teste de significância de Roy e o teste do T^2 de Hotelling para as comparações de média, houve diferenças significativas entre as famílias, sendo que as famílias que se destacaram foram as F1M2, F3M4, F5M3, F6M7 não diferenciando entre si mas foram superiores ao F8M9.

Palavras-chave: Melhoramento; MANOVA; Genótipos.

INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma atividade produtiva com grande impacto econômico no país, ocupando a terceira posição da cultura mais plantada no Brasil, perdendo apenas para soja e milho. Sendo ela a principal fonte de sacarose e de inúmeros subprodutos que podem ser obtidos a partir do bagaço e do caldo (ARRUDA et al., 2009).

Segundo a estimativa da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2025), o Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, com a previsão de chegar a produção de 663,4 milhões de toneladas na safra de 2025/26, e área plantada de 8,79 milhões de hectares.

Devido o Brasil ser o maior produtor de etanol a base de cana-de-açúcar, buscou-se desenvolver essa energia limpa e renovável impulsionando as pesquisas com a cultura no país. Sendo assim, o melhoramento genético da cana-de-açúcar tem por objetivo ampliar a variabilidade genética, a partir de novos híbridos, passando por constantes processos de seleções onde se procura isolar os fenótipos pretendido (SILVA *et al.*, 1999).

O principal objetivo no melhoramento genético da cana-de-açúcar é a obtenção de variedades que agreguem uma série de atributos favoráveis, tanto no âmbito agrônomo como no industrial. Esses atributos favoráveis podem ser vários índices de seleção, obtidos como combinações lineares das medidas de diversos caracteres, podendo ser eficientes, uma vez que, permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuindo diferentes pesos aos caracteres estudados e que valorizem atributos julgados de maior importância pelo pesquisador (FALCONER, 1987).

Como destaque tem-se as análises pertencentes ao universo da estatística multivariada onde dentro das suas amplas vantagens encontra-se em uma única análise poder considerar ao mesmo tempo todas as variáveis estudadas no experimento (RENCHER, 2001).

Dessa maneira, serão avaliadas duas variáveis aleatórias amplamente usadas no melhoramento genético da cana-de-açúcar, de maneira multivariada sendo elas, o teor de sólidos solúveis totais (BRIX) e a tonelada de colmos por hectare (TCH). A fim de, avaliar simultaneamente duas características levando-se em consideração as correlações existentes, o que permite que inferências sobre o conjunto de características sejam feitas em nível de significância proposto.

MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi realizado no Centro Técnico de Irrigação (CTI), pertencente Universidade Estadual de Maringá (UEM), situado no município de Maringá – PR (23º25'S, 51º57'O e 542 m de altitude), no ano de 2024. Foi utilizado um delineamento experimental em blocos aumentados de Federer, usando espaçamento entre as linhas de 1,40 m. Além disso, foram avaliadas 5 famílias, oriundas da pesquisa de melhoramento da cana-de-açúcar da UEM, contendo cada família 10 touceiras de cana-de-açúcar, com 5 repetições por família. As características que foram avaliadas foram °Brix (BRIX) e Tonelada de colmo por hectare (TCH).

Por fim, os dados coletados foram submetidos à análise de variância multivariada (MANOVA) e as médias foram comparadas pelo teste T² de Hotelling, com 5% de significância, utilizando o *software* estatístico R (R Core Team, 2024).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Neste trabalho, foram avaliadas duas características fundamentais na cultura da cana, o grau Brix e a tonelada de colmo por hectare, avaliados em 5 famílias, F1M2, F3M4 F5M3, F6M7 e F8M9, como observados nas Figuras 1 e 2.

Figura 1. Valores de TCH e BRIX por família.

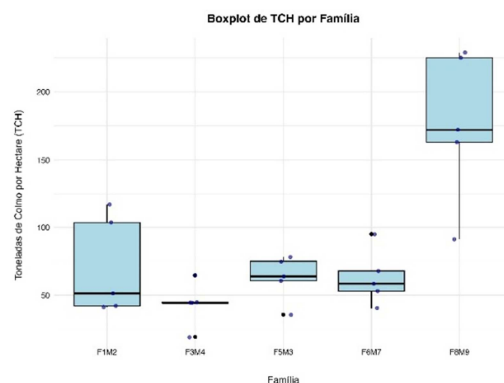
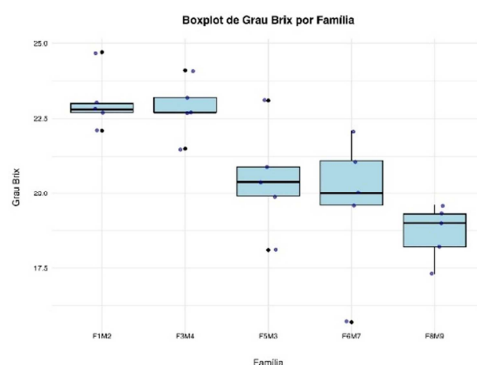


Figura 2. Valores de TCH e BRIX por família.



Na Figuras 1 e 2, é visível a dispersão da variabilidade genética dentro dos indivíduos em cada família analisada, tanto para TCH como para BRIX. De maneira semelhante, BOTHA *et al.* (2020) também encontraram variabilidade genética considerável.

Por meio da análise de variância multivariada foi possível identificar diferenças estatisticamente significativas, considerando as características mencionadas, como é possível observar na Tabela 1.

Tabela 1. Resultado da MANOVA com significância de Roy para o vetor de dados contendo BRIX e TCH para 5 famílias de cana-de-açúcar. Maringá. 2024.

FV	Roy	Pr(>F)	Significância
Famílias	7,2562	$3,72 \cdot 10^{-7}$	***
Bloco	0,6365	0,07993	ns
Resíduos	-	-	-

Em que: (***) = ($p < 0,001$), (**) = ($p < 0,01$), (*) = ($p < 0,05$) e n.s. = não significativo.

De acordo com os resultados da análise de variância multivariada, verificou-se efeito significativo das famílias sobre o conjunto das variáveis TCH e graus Brix. Por outro lado, os blocos não apresentaram efeito significativo. Com base no teste T^2 de

Hotelling, obteve-se o maior autovetor em 29,0247 na comparação das médias dos cruzamentos, resultando em F1M2 (a), F3M4 (a), F5M3(a), F6M7 (a) e F8M9 (b), sendo que, letras minúsculas iguais entre parênteses não diferenciaram entre si.

CONCLUSÕES

Com base nos dados coletados e nas análises realizadas, conclui-se que existem diferenças genéticas entre as famílias, permitindo assim aos pesquisadores fazerem seleção dos melhores indivíduos dentro de cada cruzamento de cana-de-açúcar, quando estudado simultaneamente nas características BRIX e de TCH.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio por meio do Programa de Iniciação Científica (PIC). Expresso minha gratidão ao Engenheiro Agrônomo Doutor e Professor Hugo Zeni Neto, pela orientação dedicada e pela constante disposição em transmitir conhecimento. Ao Engenheiro Agrônomo Doutor Luiz Borsuk, pelas contribuições fundamentais no desenvolvimento da pesquisa, e ao Vitor Cristiano Bialezki, pela parceria e colaboração em todas as etapas do trabalho.

REFERÊNCIAS

ARRUDA, P.; FERRO, J.; MATSUOKA, S. The Brazilian experience of sugarcane ethanol industry. **In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant**, v. 45, n. 3, p. 372-381, 2009.

BOTHA, F. C.; FURTADO, A.; HENRY, R. J.; HODGSON-KRATKY, K.; PERLO, V. Metabolic changes in the developing sugarcane culm associated with high yield and early high sugar content. **Plant Direct**, v. 4, n. 11, e00276, 11 nov. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/pld3.276>.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. *Cana-de-açúcar tem produção estimada em 663,4 milhões de toneladas na safra 2025/26*. Brasília, publicado em 29 abr. 2025. Disponível em: Acesso em: 18 ago. 2025.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 1981.

R. **A Language and Environment for Statistical Computing** R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2024.

RENCHE, A. C.; **Methods of Multivariate Analysis** - Wiley series in probability and mathematical statistics – 2nd edition, 738p. 2001.