



FACULDADE DE ENFERMAGEM NOVA ESPERANÇA
CURSO DE BACHARELADO EM AGRONOMIA

LUCAS MACEDO GOUVEIA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO VALE DO
MAMANGUAPE**

JOÃO PESSOA-PB
2023

LUCAS MACEDO GOUVEIA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO VALE DO
MAMANGUAPE**

Monografia apresentada à
Faculdade Nova Esperança como
parte dos requisitos exigidos para
a conclusão do Curso de
Bacharelado em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Robson da Silva Ramos

JOÃO PESSOA-PB

2023

G739d

Gouveia, Lucas Macedo

Divergência genética de clones de cana-de-açúcar no Vale do Mamanguape / Lucas Macedo Gouveia. – João Pessoa, 2023.

30f.; il.

Orientador: Prof^o. D^o. Robson da Silva Ramos.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia)
– Faculdade Nova Esperança- FACENE

LUCAS MACEDO GOUVEIA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO VALE DO
MAMANGUAPE**

Monografia apresentada à Faculdade Nova Esperança como parte dos requisitos exigidos para à conclusão do curso de Bacharelado em Agronomia.

João Pessoa, _____ de _____ de 2023.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Robson da Silva Ramos
Agronomia - FACENE

Prof. Dr. Júlio C. Rodrigues Martins
Agronomia - FACENE

Prof. Dr. Kennedy Nascimento de Jesus
Agronomia - FACENE

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, pelo dom da vida, pela força e sabedoria para superar os obstáculos vividos ao longo da formação acadêmica. À minha família pelo suporte incondicional. A minha esposa que me presenteou com a dádiva de ser pai. Agradeço a todos que contribuíram direta ou indiretamente para minha formação, aos amigos, aos professores, em especial ao meu orientador Professor Dr. Robson Ramos.

DEDICATÓRIA

Aos meus pais. Tudo que sou devo a vocês e hoje sou agrônomo.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Atributos químicos do solo (0-20 e 20-40 cm) da Fazenda Santa Teresinha, Paraíba, Brasil, 2023.....	19
Tabela 2 - Atributos físicos do solo (0-20 e 20-40 cm) da Fazenda Santa Teresinha, Paraíba, Brasil, 2023.....	19
Tabela 3 - Estimativa da distância genética entre os genótipos avaliados.....	22
Tabela 4 - Importância de caracteres.....	23

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Dendograma de dissimilaridade genética, com agrupamento de ligação média entre os grupos (UPGMA).....	23
Figura 2 - Preparo de área – sulcagem.....	29
Figura 3 - Preparo de área – Semeio	29
Figura 4 - Estádio de desenvolvimento aos 90 DAP.....	30
Figura 5 - Estádio de desenvolvimento aos 150 DAP.....	30

LISTA DE ABREVIATURAS

Al – alumínio

DBC – Delineamento de Blocos Casualizados

DEP – Distância Euclidiana Padrão

d_{ij} – distância entre dois genótipos;

H – Hidrogênio

H₂O - água

L – Lineu

M.O – matéria orgânica

Mg – magnésio

Na – sódio

p – é o número de parcelas na amostra;

P – Fósforo

PB - Paraíba

pH – potencial hidrogeniônico

RB República do Brasil

S – Sul

SB – soma de bases

UPGMA – Ligação Média Entre Grupos

v – é o número de indivíduos na amostra;

Valor t – capacidade de troca de cátions total

W – Oeste

X_{iv} – representa a característica do indivíduo i;

X_{jv} – representa a característica do indivíduo j.

LISTA DE SIMBOLOS

% – percentual

° – graus

° C – graus Celsius

As – Clima tropical chuvoso com verão seco

Ca – cálcio

cm – centímetros

Cmolc dm⁻³ – centimol por decímetros cúbicos

dag – decagrama

dag/kg – decagrama por quilograma

dm⁻³ – Decímetros cúbicos

K – Potássio

kg – quilograma

kg ha⁻¹ – quilograma por hectare

m – metros

mg – miligramas

mg dm⁻³ – miligramas por decímetros cúbicos

mm – milímetros

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	15
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3. RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	21
4. CONCLUSÃO.....	23
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	24
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	25
ANEXOS.....	27

RESUMO

O cultivo de variedades melhoradas altamente responsivas permitiu que o Brasil se mantivesse como o maior produtor mundial de cana-de-açúcar. Tais variedades são obtidas a partir de cruzamentos planejados entre genótipos geneticamente divergentes e com potencial produtivo para as regiões de cultivo, fato ainda não elucidado para os novos genótipos, em especial na Paraíba. Dessa forma, este estudo teve como objetivo estabelecer a divergência genética de diferentes clones de cana-de-açúcar no Vale do Mamanguape. O experimento foi desenvolvido na Fazenda Santa Terezinha, situada próximo ao município de Curral de Cima, Estado da Paraíba. O delineamento utilizado foi o de Blocos Casualizados, com quatro repetições. Cada parcela foi constituída de 5 sulcos de 8 metros. Foram avaliados os seguintes genótipos RB07818, RB071928, RB127825, RB071011, RB071055 e RB867515. As análises biométricas do número de colmos, altura do colmo e diâmetro do colmo foram realizadas mensalmente até seis meses após o plantio. A divergência genética foi estabelecida utilizando o método da Distância Euclidiana Padrão. As análises foram processadas no programa GENES. A distância euclidiana indicou a presença de grande divergência genética entre os genótipos avaliados e permitiu a indicação de novas combinações de cruzamentos com alto grau de segurança. As combinações entre os pares de genótipos 1 x 5 (1,8894), 1 x 6 (1,8521), 2 x 5 (1,7825) e 1 x 3 (1,6202) são as mais indicadas para novas campanhas de cruzamentos, visando a seleção de novos genótipos na região do vale do Mamanguape. A realização deste trabalho permitiu a consolidação da formação acadêmica.

Palavras-chave: Melhoramento genético; Distância Euclidiana; *Saccharum* spp.

ABSTRACT

The cultivation of highly responsive improved varieties has allowed Brazil to remain the world's largest producer of sugar cane. Such varieties are obtained from planned crosses between genetically divergent genotypes with productive potential for the cultivation regions, a fact that has not yet been elucidated for the new genotypes, especially in Paraíba. Therefore, this study aimed to establish the genetic divergence of different sugarcane clones in the Mamanguape Valley. The experiment was carried out at Fazenda Santa Terezinha, located close to the municipality of Curral de Cima, State of Paraíba. The design used was Randomized Blocks, with four replications. Each plot consisted of 5 8-meter furrows. The following genotypes RB07818, RB071928, RB127825, RB071011, RB071055 and RB867515 were evaluated. Biometric analyzes of the number of stalks, stalk height and stalk diameter were carried out monthly up to six months after planting. Genetic divergence was established using the Standard Euclidean Distance method. The analyzes were processed in the GENES program. The Euclidean distance indicated the presence of great genetic divergence between the evaluated genotypes and allowed the indication of new crossing combinations with a high degree of safety. Combinations between pairs of genotypes 1 x 5 (1.8894), 1 x 6 (1.8521), 2 x 5 (1.7825) and 1 x 3 (1.6202) are the most suitable for new campaigns. Crosses, aiming to select new genotypes in the Vale do Mamanguape region. Carrying out this work allowed the consolidation of academic training.

Keywords: Plant breeding; Euclidean Distance; *Saccharum* spp.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NO VALE DO MAMANGUAPE

GENETIC DIVERGENCE OF SUGARCANE CLONES IN THE MAMANGUAPE VALLEY

Resumo - O cultivo de variedades melhoradas altamente responsivas permitiu que o Brasil se mantivesse como o maior produtor mundial de cana-de-açúcar. Tais variedades são obtidas a partir de cruzamentos planejados entre genótipos geneticamente divergentes e com potencial produtivo para as regiões de cultivo, fato ainda não elucidado para os novos genótipos, em especial na Paraíba. Dessa forma, este estudo teve como objetivo estabelecer a divergência genética de diferentes clones de cana-de-açúcar no Vale do Mamanguape. O experimento foi desenvolvido na Fazenda Santa Terezinha, situada próximo ao município de Curral de Cima, Estado da Paraíba. O delineamento utilizado foi o de Blocos Casualizados, com quatro repetições. Cada parcela foi constituída de 5 sulcos de 8 metros. Foram avaliados os seguintes genótipos RB07818, RB071928, RB127825, RB071011, RB071055 e RB867515. As análises biométricas do número de colmos, altura do colmo e diâmetro do colmo foram realizadas mensalmente até seis meses após o plantio. A divergência genética foi estabelecida utilizando o método da Distância Euclidiana Padrão. As análises foram processadas no programa GENES. A distância euclidiana indicou a presença de grande divergência genética entre os genótipos avaliados e permitiu a indicação de novas combinações de cruzamentos com alto grau de segurança. As combinações entre os pares de genótipos 1 x 5 (1,8894), 1 x 6 (1,8521), 2 x 5 (1,7825) e 1 x 3 (1,6202) são as mais indicadas para novas campanhas de cruzamentos, visando a seleção de novos genótipos na região do vale do Mamanguape.

Palavras-chave: Melhoramento genético; Distância Euclidiana; *Saccharum* spp.

Abstract - The cultivation of highly responsive improved varieties has allowed Brazil to remain the world's largest producer of sugar cane. Such varieties are obtained from planned crosses between genetically divergent genotypes with productive potential for the cultivation regions, a fact that has not yet been elucidated for the new genotypes, especially in Paraiba. Therefore, this study aimed to establish the genetic divergence of different sugarcane clones in the Mamanguape Valley. The experiment was carried out at Fazenda Santa Terezinha, located close to the municipality of Curral de Cima, State of Paraiba. The design used was Randomized Blocks, with four replications. Each plot consisted of 5 8-meter furrows. The following genotypes RB07818, RB071928, RB127825, RB071011, RB071055 and RB867515 were evaluated. Biometric analyzes of the number of stalks, stalk height and stalk diameter were carried out monthly up to six months after planting. Genetic divergence was established using the Standard Euclidean Distance method. The analyzes were processed in the GENES program. The Euclidean distance indicated the presence of great genetic divergence between the evaluated genotypes and allowed the indication of new crossing combinations with a high degree of safety. Combinations between pairs of genotypes 1 x 5 (1.8894), 1 x 6 (1.8521), 2 x 5 (1.7825) and 1 x 3 (1.6202) are the most suitable for new campaigns. Crosses, aiming to select new genotypes in the Vale do Mamanguape region.

Keywords: plant breeding; Euclidean Distance; *Saccharum* spp.

INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma cultura importante para a economia mundial, sendo amplamente cultivada em mais de 150 países no mundo. O Brasil e a Índia são os maiores produtores mundiais dessa *commodity*, com produção estimada em 55% do cultivo mundial.^{1,2,3} O Brasil também é o maior produtor de açúcar, álcool, melação, biocombustíveis, bebidas alcoólicas, entre outros subprodutos.^{4,5}

Para se manter em posição de destaque, o Brasil continua investindo em técnicas e tecnologias que visam otimizar os processos produtivos e elevar a produtividade agroindustrial. Destaca-se o melhoramento genético da cana-de-açúcar no desenvolvimento de novas variedades mais produtivas, com ampla adaptabilidade e alta estabilidade.

Nas fases iniciais do melhoramento, para exploração da variabilidade genética através de cruzamentos genético-botânicos, deve-se atentar quanto ao uso de variedades provenientes de ancestrais muito próximos e com pequena distância genética entre si, o que pode resultar em estreitamento da base genética e aos fenômenos genéticos conhecidos como vulnerabilidade genética e depressão endogâmica.⁶

Para evitar tais problemas, conhecer a divergência genética entre genótipos permite escolher aqueles que são mais distantes geneticamente para os cruzamentos e assim se aumenta a probabilidade de se selecionar genótipos superiores pelos programas de melhoramento.⁷

A recomendação do cruzamento para o melhoramento genético tem sido altamente importante, entre cultivares superiores e divergentes, podendo essa divergência ser avaliada de acordo com os caracteres agrônômicos, morfológicos e moleculares. Segundo Cormack⁸, os principais métodos de estabelecer as distâncias entre os genótipos, usando agrupamentos são: Distância Euclidiana e Distância Generalizada de Mahalanobis.

Para determinar a similaridade e dissimilaridade genética entre os genótipos, a Distância Euclidiana Padrão (DEP) leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as variáveis mensuradas, possíveis de se quantificar em genótipos avaliados em delineamentos experimentais.⁹ Por meio dessa metodologia, a distância entre dois genótipos (*i* e *j*) é estabelecida pela raiz quadrada do somatório dos quadrados das diferenças entre os valores observados em *i* e *j* para todas as variáveis ($v = 1, 2, \dots, n$), conforme a fórmula abaixo:

$$d_{ij} = \sqrt{\sum_{v=1}^p (X_{iv} - X_{jv})^2},$$

Onde:

d_{ij} – distância entre dois genótipos;

X_{iv} – representa a característica do indivíduo i ;

X_{jv} – representa a característica do indivíduo j ;

p – é o número de parcelas na amostra;

v – é o número de indivíduos na amostra.¹⁰

Quando se utiliza medidas de dissimilaridade, a quantidade de estimativas obtidas é grande, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual. Com isso, o melhorista faz uso de métodos de agrupamento ou projeções de distâncias em gráficos bidimensionais. Kaufman e Rosseeuw¹¹ diz que o método da ligação média entre os grupos apresenta menor sensibilidade a erros, tende a formar grupos com o mesmo número de elementos e pode ser usado com vários tipos de métodos para estabelecer a distância, facilitando a visualização da divergência genética.

Após estabelecer as distâncias e montar os agrupamentos em dendogramas de dissimilaridade, aplica-se uma análise de correlação cofenética para validar o agrupamento, comparando os valores das distâncias obtidas antes do agrupamento com os valores obtidos após o agrupamento no dendrograma. Nesse caso, quanto mais próximo de 1,0 for o valor encontrado menor é o erro associado.¹²

Aliado ao explanado, entende-se que para o bom desenvolvimento da cultura em uma determinada região, torna-se necessário fazer uso de diferentes cultivares de modo a se buscar o conhecimento da espécie no tocante ao seu comportamento ecofisiológico em determinado ambiente de produção.⁹

No Vale do Mamanguape, o cultivo de cana-de-açúcar é basicamente composto por clones e variedades muito antigas que são multiplicadas, na maioria das vezes, como variedades “crioulas”, apresentam baixo rendimento e pouca tolerância a estresses bióticos e abióticos.¹³ Em outros casos, grandes áreas agrícolas são cultivadas com uma única variedade, o que é contra o que se estabelece os parâmetros fitossanitários de se cultivar cerca de 20% da área com a mesma cultivar.

Observa-se que a recomendação de novos cruzamentos genéticos entre genitores com maior potencial produtivo, que possam favorecer a seleção de genótipos no Vale do Mamanguape, é importante sob os parâmetros relacionados nessa condição, buscando estratégias de recomposição de campos e a verticalização da produção de cana-de-açúcar. Portanto, o presente trabalho tem como objetivo estabelecer a divergência genética de diferentes genótipos de cana-de-açúcar no Vale do Mamanguape e indicar possíveis combinações de cruzamentos genéticos.

MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada na área experimental da Fazenda Santa Teresinha (paralelos 6,72665° S e meridianos 35,31335° W), localizada a aproximadamente 8 km da cidade de Curral de Cima, Paraíba, Brasil. O clima predominante da região é o As - Tropical Chuvoso Quente segundo Köppen, sendo o bioclima classificado como Mediterrâneo ou Nordeste sub-seco, com média térmica anual acima de 26°C e médias pluviométricas anuais de 1.634,2 mm.¹⁴

Condução Experimental

Quanto ao histórico da área, a mesma possuía ocupação com predomínio da cultura do abacaxizeiro (*Ananas comosus* (L.) Merrill.), o qual foi previamente erradicado por gradagem pesada, promovendo a sua incorporação ao solo.

Foi realizada uma análise química e física do solo, coletando-se amostras prévias do solo na camada arável (0-20 e 20-40 cm) de profundidade, com dados expressos na Tabela 1 e Tabela 2, respectivamente.

TABELA 1. Atributos químicos do solo (0-20 e 20-40 cm) da Fazenda Santa Teresinha, Paraíba, Brasil, 2023

Profundidade	pH	P	K ⁺	Na ⁺	H ⁺ +Al ³⁺	Al ³⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	SB	t	M.O
	H ₂ O	--mg dm ⁻³ --					Cmolc dm ⁻³				dag/kg
0-20	5,2	18,7	70,6	0,8	3,2	0,3	0,8	0,2	1,18	1,48	9,4
20-40	5,3	14,9	67,4	0,8	1,54	0,3	1,2	0,3	1,62	1,92	2,18

pH em água; (P, K, Na): Extrator Mehlich⁻¹; (H + Al): Correlação pH SMP; (Al, Ca, Mg): Extrator KCL – 1mol/L; SB: soma de bases; t: capacidade de troca catiônica efetiva; M.O: matéria orgânica.

TABELA 2. Atributos físicos do solo (0-20 e 20-40 cm) da Fazenda Santa Teresinha, Paraíba, Brasil, 2023

Profundidade	Areia	Silte	Argila
		%	
0-20	54	16	28
20-40	61	14	23

Não se realizou calagem para o plantio dos genótipos de cana-de-açúcar. No entanto, foi realizado em cobertura com uso de calcário dolomítico, seguindo a recomendação de calagem obtida nos cálculos através da análise química do solo.

Para o cultivo da cana-de-açúcar, a área foi gradeada e sulcada. No plantio, os sulcos foram abertos a uma profundidade de 40 cm e os genótipos distribuídos e espaçados em 1,0 m entre os sulcos, com adubação realizada de acordo com a necessidade da cultura, seguindo.

A fim de evitar competição com as ervas daninhas, a área experimental foi mantida limpa por meio da realização de capinas manual durante as primeiras semanas da fase inicial de desenvolvimento do *stand* da cultura, com posterior descarte na própria superfície do solo para dificultar o novo crescimento destas.

Foram plantados diferentes genótipos RB (G1 - **RB07818**, G2 - RB071928, G3 - RB127825, G4 - RB071011, G5 - RB071055 e G6 - **RB867515**), oriundas de cana-planta com uma média de 7 meses de plantada, disponibilizada pelo produtor do Engenho Aurora, localizado no município de Pedras de Fogo – PB.

Os genótipos RB07818 e RB867515 são variedades. Enquanto RB867515 já é amplamente cultivada na Região do Vale do Mamanguape, com alto rendimento agrônômico conhecido, a variedade RB07818 está em processo de introdução. Pois, foi recentemente liberada comercialmente e não se dispõe de grandes áreas de produção na referida região. Os genótipos RB071928, RB127825, RB071011 e RB071055 são clones em fase de validação, pré-lançamento e, assim como as variedades presentes no estudo, apresentam alto potencial produtivo.

Delineamento Experimental

O experimento foi montado em delineamento de blocos casualizados (DBC). Foram avaliados 6 genótipos, com quatro repetições, totalizando 24 parcelas. Cada parcela apresentou 5,0 sulcos/metros de largura e 8,0 metros de comprimento, com 2,0 metros de rua entre os blocos e bordadura ao redor do campo.

Variáveis Analisadas

As análises de crescimento dos genótipos de cana-de-açúcar foram mensuradas mensalmente (a cada 30 dias), entre março a setembro de 2023, totalizando seis avaliações, sendo realizado de forma manual através do aluno responsável e de ajudantes da Fazenda Santa Terezinha.

Foram avaliadas as seguintes variáveis:

Altura do colmo: A medição foi feita com o auxílio de uma trena métrica, sendo a leitura realizada da base da planta até a inserção da folha +1, utilizando-se do sistema Kuyper¹³ e

os dados foram obtidos em metros.

Diâmetro do colmo: Foi mensurado com o auxílio de um paquímetro digital eletrônico 150 mm de fibra de carbono. A medida foi realizada no terço médio do colmo da cana-de-açúcar e os dados foram obtidos em milímetros.

Número de plântulas: A avaliação do número de plântulas foi avaliada por meio da contagem direta do número de plantas contidas nos três sulcos centrais de cada parcela experimental.

Tais dados foram utilizados para determinar a Distância Euclidiana Padronizada.

Análise Estatística

Os dados foram digitados no Excel e posteriormente analisados no programa GENES. O teste aplicado foi a Distância Euclidiana Padrão. Os dados foram agrupados pela Ligação Média Entre Grupos (UPGMA) e expostos em dendograma de dissimilaridade, com correlação cofenética e importância das variáveis.

RESULTADOS E DISCUSSÕES

A matriz de dissimilaridade genética estimada está exposta na tabela 3.

TABELA 3. Estimativa da distância genética entre os genótipos avaliados.

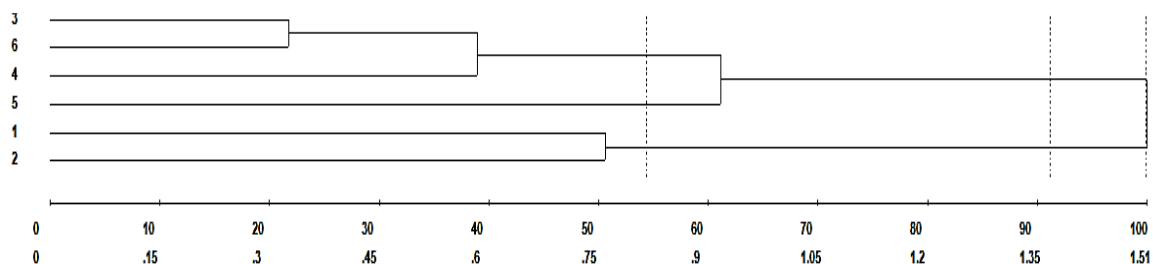
Distâncias em relação ao genótipo 1		Distâncias em relação ao genótipo 2		Distâncias em relação ao genótipo 3	
Maior	Menor	Maior	Menor	Maior	Menor
Genótipos 5	Genótipo 2	Genótipos 5	Genótipo 1	Genótipos 1	Genótipo 6
1,8894	0,7649	1,7825	0,7649	1,6202	0,3280
Distâncias em relação ao genótipo 4		Distâncias em relação ao genótipo 5		Distâncias em relação ao genótipo 6	
Maior	Menor	Maior	Menor	Maior	Menor
Genótipos 1	Genótipo 3	Genótipos 1	Genótipo 4	Genótipos 1	Genótipo 3
1,2346	0,4632	1,8894	0,8779	1,8521	0,3280

A divergência genética variou de 0,328 a 1,8894. Essa amplitude foi suficientemente grande para promover a divisão em grupos distintos de genótipos similares e dissimilares. Foram encontradas 4 combinações de genótipos mais dissimilares, conforme observado na tabela 3. Os pares de genótipos 1 x 5 (1,8894), 1 x 6 (1,8521), 2 x 5 (1,7825) e 1 x 3 (1,6202) apresentaram os valores mais distantes. Valores que variaram de 0,35 à 2,38 foram observados por Silva¹⁵ a partir dos quais foi possível recomendar 4 combinações de cruzamentos. Logo, percebe-se que os valores obtidos tem magnitude suficiente para realização das recomendações de cruzamentos que podem aumentar a probabilidade de se obter genótipos superiores.

Os pares de genótipos mais similares foram: 3 x 6 (0,328) e 3 x 4 (0,4632), os quais a combinação não é recomendada por apresentar baixa probabilidade de se obter genótipos superiores.

Essas informações podem ser melhor visualizadas no dendrograma de dissimilaridade genética abaixo.

FIGURA 1. Dendograma de dissimilaridade genética, com agrupamento de ligação média entre os grupos (UPGMA)



Ao se considerar o ponto de corte do agrupamento em 55%, verifica-se a formação de 3 grupos distintos. O primeiro grupo formado pelos genótipos G3, G6 e G4. Salienta-se que esses são os mais similares. O segundo grupo formado pelos genótipos G1 e G2. O terceiro grupo apresenta o genótipo G5 isoladamente, o que demonstra a sua maior distância dos demais.

Entre as variáveis analisadas, a que apresentou o maior peso para separação dos grupos distinto foi a número de colmos, com 99% da representação (Tabela 4).

TABELA 4. Importância de caracteres.

Variável	Valor (%)
Estatura média	0,0001
Diâmetro médio do colmo	0,0001
Número de colmos	99,9998

A expressividade do caráter na análise evidencia a importância da variável para seleção de genótipos mais produtivos, em especial nas fases iniciais do melhoramento genético, quando não há grande volume de material vegetativo disponível de cada genótipo.

CONCLUSÃO

A distância euclidiana indicou a presença de grande divergência genética entre os genótipos avaliados e permitiu a indicação de novas combinações de cruzamentos com alto grau de segurança.

As combinações entre os pares de genótipos 1 x 5 (1,8894), 1 x 6 (1,8521), 2 x 5 (1,7825) e 1 x 3 (1,6202) são as mais indicadas para novas campanhas de cruzamentos, visando a seleção de novos genótipos na região do vale do Mamanguape.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O fornecimento de informações que possam subsidiar os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar na tomada de decisão sobre quais genótipos cruzarem é de suma importância para elevação da produtividade e competitividade regional. O trabalho usando a distância euclidiana permitiu indicar novas combinações de cruzamentos para novas campanhas de hibridação com alto grau de segurança. Porém, com o diferencial de se ter promovido a indicação baseada no comportamento regional, de modo que se promover um programa de seleção direcionado para as condições edafoclimáticas do vale do Mamanguape. A realização deste trabalho permitiu a consolidação da formação acadêmica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Pryor SW, Smithers J, Lyne P, Van Antwerpen R. Impact of agricultural practices on energy use and greenhouse gas emissions for South African sugarcane production. *Journal of Cleaner Production*. 2017; 141:137-145.
2. Cardoso TF, Watanabemd SA, Chagasmf C, Morais ER. Economic, environmental, and social impacts of different sugarcane production systems. *Biofuels, Bioproducts and Biorefining*. 2018; 12:68-82.
3. Silva JHB, Almeida LJM, Souza SE, Barboza JB, Farias GES, Anjos Dantas É. Uso de vinhaça concentrada e enriquecida como biofertilizante na cana-de-açúcar: Uma revisão. *Scientific Electronic Archives*. 2023; 16:1-8.
4. Schmitz AK, Zhang F. Sugarcane and sugar yields in Louisiana (1911–2018): Varietal development and mechanization. *Crop Science*. 2020; 60:1303-1312.
5. Dias MS, Cartaxo PHA, Silva FA, Freitas ABTM, Santos EHS, Dantas EA, Magalhães JVA, Silva IJ, Araujo JRES, Santos JPO. Dinâmica produtiva da cultura da cana-de-açúcar em um município da zona da mata alagoana. *Scientific Electronic Archives*. 2021; 14:22-28.
6. Almeida CMCV, Dias LAS, Okabe ET, Medeiros JRP. Variability in genetic resources of cacao in Rondônia, Brazil. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 2005; 5:318-324.
7. Palomino EC, Mori ES, Zimback L, Tambarussi EV, Moraes CB. Genetic diversity of common bean genotypes of Carioca commercial group using RADP markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 2005; 5:80-85.
8. Cormack R. A review of classification. *Journal of the Royal Statistical Society (Series A)*, v. 134, p.321 - 367, 1971.
9. Cruz CD, Carneiro PCS. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: UFV. 2006; 585.
10. Cruz CD, Regazzi JA, Carneiro PCS. Divergência genética. In: Cruz CD, Regazzi JA, Carneiro PCS (Ed.). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 2004. v.1, p.377-413.
11. Kaufman L, Rousseeuw PJ. Finding groups in data: an introduction to cluster analysis. New York: Wiley, 1990.
12. Antunes WR, Schöffel ER, Silva SDDA, Eicholz E, Härter A. Adaptabilidade e

estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 2016; 51:142-148.

13. Rugeri AP. Identificação do uso e desempenho de genótipos de cana de açúcar no estado do Rio Grande do Sul [TCC]. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas; 2015.
14. CPRM - Serviço Geológico do Brasil. Projeto cadastro de fontes de abastecimento por água subterrânea. Diagnóstico do município de Curral de Cima. Disponível em: https://rigeo.cprm.gov.br/bitstream/doc/16029/1/Rel_Curral_Cima.pdf, consultado dia 27/03/2023.
15. Silva PP. Diversidade genética em cana-de-açúcar baseada em caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares. Rio Largo, 2006.

ANEXOS

FIGURA 2. Preparo de área – sulcagem.



FIGURA 3. Semeio.



FIGURA 4. Estádio de desenvolvimento aos 90 DAP.



FIGURA 5. Estádio de desenvolvimento aos 150 DAP.

