



Aplicação do teste de Scott-Knott na avaliação de genótipos da série RB15 de cana-de-açúcar em Alagoas

Daniel Freitas Soares¹ * - <https://orcid.org/0009-0001-2609-0281>

João Messias dos Santos² - <https://orcid.org/0000-0003-3913-0761>

Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa² - <https://orcid.org/0000-0002-2938-5464>

Emanuel Araújo do Nascimento³ - <https://orcid.org/0009-0001-3650-1822>

Maria Izadora Alves de Sá¹ - <https://orcid.org/0009-0007-2459-4877>

Isaac dos Santos Gomes¹ - <https://orcid.org/0009-0006-9677-6808>

Artur dos Santos¹ - <https://orcid.org/0009-0005-8902-2445>

¹Graduando(a) em Agronomia, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL), Rio Largo - AL, Brasil

Emails: daniel.soares@ceca.ufal.br (*autor correspondente), maria.sa@ceca.ufal.br, isaac.gomes@ceca.ufal.br

² Professor Doutor, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL), Rio Largo - AL, Brasil.

Emails: joao.santos@ceca.ufal.br, gvsb@ceca.ufal.br

³ Mestrando em Produção Vegetal, Campus de Engenharias e Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL), Rio Largo - AL, Brasil.

Email: emmanuel.nascimento@ceca.ufal.br

RESEARCH ARTICLE

Annals of Data Analysis

<https://periodicos.ufpe.br/revistas/ADA/>

Submitted on: 12.12.2025.

Accepted on: 01.08.2026.

Published on: 01.08.2026.

Copyright © 2026 by author(s).

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License CC BY-NC-ND 4.0

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.en>



Abstract

The use of robust statistical methods is essential to distinguish genotypes in sugarcane breeding programs. This study evaluated 17 genotypes from the RB15 series and the commercial standard RB92579 in a trial conducted by RIDESA/UFAL at Usina Coruripe, Fazenda Lagoa do Terêncio (Alagoas, Brazil), during the 2020/21 harvest. The variables analyzed were recoverable total sugars (ATR, kg t⁻¹), tons of cane per hectare (TCH), and tons of ATR per hectare (TATRH). Means were compared using the Scott-Knott test ($p \leq 0.05$), which grouped the genotypes into homogeneous clusters. Significant variation was observed, with RB15603, RB15610, RB15743, RB15745, and RB15746 standing out in at least one variable. The standard RB92579 showed lower performance in TATRH, confirming the potential of the RB15 series for varietal recommendations and highlighting the practicality of the Scott-Knott test as a tool to support selection decisions in sugarcane breeding.

Keywords

Saccharum spp., plant breeding, agronomic performance.

1. Introdução

O melhoramento genético da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) tem sido fundamental para o setor sucroenergético brasileiro, viabilizando o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas e com qualidade tecnológica superior (Cursi et al., 2022). Nesse contexto, a avaliação experimental de novos genótipos é essencial para identificar materiais com alto potencial produtivo e maior rendimento agroindustrial, contribuindo para a recomendação varietal e para a sustentabilidade do setor.

Para comparações consistentes entre genótipos, métodos estatísticos adequados são indispensáveis, sendo o teste de Scott-Knott um dos mais utilizados por formar grupos homogêneos de médias e facilitar a interpretação em experimentos com grande número de tratamentos (Scott & Knott, 1974; Cruz et al., 2012). Assim, este estudo avaliou 17 genótipos da série RB15 e o padrão RB92579 em Alagoas, aplicando o teste de Scott-Knott às variáveis açúcares totais recuperáveis (ATR), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de ATR por hectare (TATRH), visando destacar materiais promissores para futuras recomendações varietais.

2. Material e Métodos

O experimento foi conduzido pela RIDESA/UFAL na Usina Coruripe, na Fazenda Lagoa do Terêncio, Alagoas, Brasil. O plantio foi realizado em 08/08/2019, e a colheita em 29/09/2020, durante a safra 2020/21, em condições de cana-planta (primeiro corte). Foram avaliados 18 materiais genéticos, sendo 17 genótipos da série RB15 e o padrão comercial RB92579.

O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por sete sulcos de seis metros de comprimento, espaçados em 1,0 m, com 15 gemas por metro linear, totalizando 72 parcelas. Os tratos culturais e os manejos seguiram as recomendações técnicas da estação experimental.

As variáveis analisadas foram: açúcares totais recuperáveis (ATR, kg t⁻¹), relacionados à qualidade tecnológica; toneladas de colmos por hectare (TCH), representando a produtividade agrícola; e toneladas de ATR por hectare (TATRH), que integra produção e qualidade, sendo o principal indicador de rendimento agroindustrial.

Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias dos genótipos foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade ($p \leq 0,05$), visando à formação de grupos homogêneos. As análises foram conduzidas no software R (R Core Team, 2020), com auxílio do pacote ExpDes.pt (Ferreira et al., 2018) para os procedimentos estatísticos e do ggplot2 (Wickham, 2016) para a elaboração das representações gráficas.

3. Resultados e Discussão

A análise de variância indicou diferenças significativas entre os genótipos para todas as variáveis analisadas (ATR, TCH e TATRH), confirmando a presença de variabilidade genética explorável (Tabela 1). Os coeficientes de variação variaram de 3,40% a 11,44%, valores considerados satisfatórios para experimentos de campo com cana-de-açúcar (Cruz et al., 2012), indicando boa precisão experimental.

Tabela 1 - Médias de açúcares totais recuperáveis (ATR), toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de ATR por hectare (TATR) de 17 genótipos da série RB15 e padrão comercial RB92579, avaliados em um experimento de cana-planta conduzido pela RIDESA/UFAL na Usina Coruripe, Fazenda Lagoa do Terêncio, safra 2020/21.

GENÓTIPO	ATR	TCH	TATR
RB92579	136,32 b	111,07 a	15,09 b
RB15601	123,28 a	128,15 b	15,79 c
RB15602	127,17 a	119,05 b	15,13 b
RB15603	140,49 b	132,50 b	18,61 c
RB15604	133,05 b	109,05 a	14,52 b
RB15605	131,34 b	123,15 b	16,20 c
RB15610	135,78 b	128,39 b	17,43 c
RB15621	132,42 b	120,65 b	15,95 c
RB15625	128,84 a	120,06 b	15,50 c
RB15738	125,63 a	99,64 a	12,54 a
RB15739	130,13 a	106,96 a	13,93 b
RB15740	121,35 a	122,68 b	14,83 b
RB15741	129,38 b	89,52 a	11,66 a
RB15742	124,80 a	115,77 b	14,43 b
RB15743	135,55 b	121,55 b	16,47 c
RB15744	133,05 b	114,82 b	15,30 b
RB15745	133,96 b	125,65 b	16,88 c
RB15746	124,38 a	136,61 b	16,99 c
MÉDIA	130,38	118,07	15,40
QMR (51 GL)	19,68	161,37	3,11
TESTE F	5,51**	3,37**	3,64**
CV (%)	3,40	10,76	11,44

Genótipos com médias de ATR, TCH e TATR seguidas da mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade de erro; ** - significativo a 1% ($p \leq 0,01$) pelo teste F.

Conforme a Tabela 1, para ATR (açúcares totais recuperáveis), os valores oscilaram de 121,35 kg t⁻¹ (RB15740) a 140,49 kg t⁻¹ (RB15603), com média geral de 130,38 kg t⁻¹. O teste de Scott-Knott possibilitou a formação de dois grupos distintos. O padrão RB92579 (136,32 kg t⁻¹) integrou o grupo superior, juntamente com RB15603, RB15604, RB15605, RB15610, RB15621, RB15743, RB15744 e RB15745. Já os genótipos RB15601, RB15738 e RB15740 permaneceram no grupo inferior, indicando desempenho limitado para esta variável. Resultados semelhantes, com predominância da influência genotípica sobre o ATR, foram relatados por Amorim et al. (2011) e Cursi et al. (2022).

Na produtividade agrícola (TCH), a amplitude foi maior, variando de 89,52 t ha⁻¹ (RB15741) a 136,61 t ha⁻¹ (RB15746), com média geral de 118,07 t ha⁻¹. Houve a formação de dois grupos pelo Scott-Knott, com genótipos como RB15603, RB15610 e RB15746 alocados no grupo superior, enquanto o padrão RB92579 (111,07 t ha⁻¹) permaneceu em grupo inferior, junto a genótipos de menor desempenho como RB15738 e RB15741. Essa ampla variação confirma o impacto da interação genótipo × ambiente na produtividade de colmos, em concordância com Morais et al. (2015) e Cursi et al. (2022).

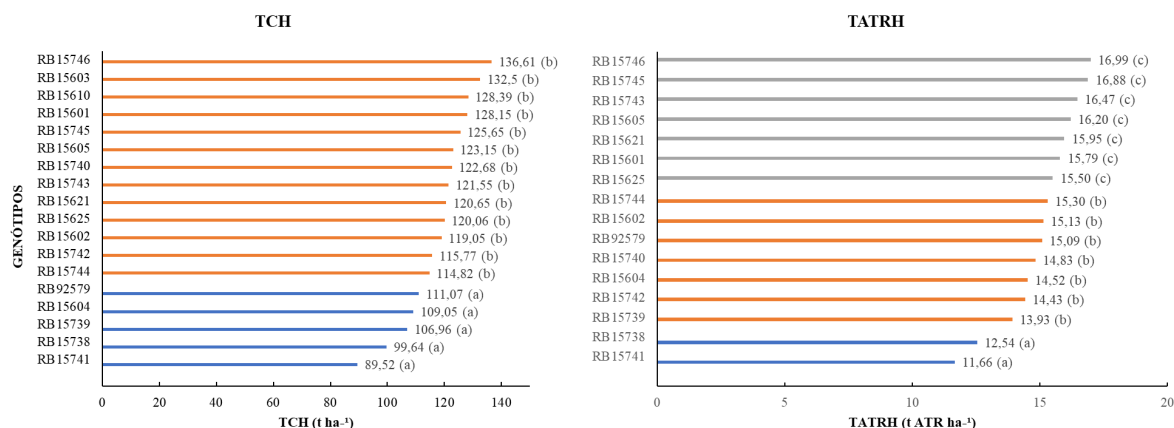


Figura 1 - Agrupamento de genótipos de cana-de-açúcar (série RB15 e padrão RB92579) pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$) quanto às variáveis: toneladas de colmos por hectare (TCH) e toneladas de ATR por hectare (TATRH), obtidos em experimento de cana-planta conduzido pela RIDESA/UFAL na Usina Coruripe, Fazenda Lagoa do Terêncio, safra 2020/21.

Com base na Figura 1, compreende-se que a variável TATRH (toneladas de ATR por hectare) apresentou média de $15,40 \text{ t ha}^{-1}$, com valores variando entre $11,66 \text{ t ha}^{-1}$ (RB15741) e $18,61 \text{ t ha}^{-1}$ (RB15603). O teste de Scott-Knott separou os genótipos em três grupos. Os maiores rendimentos foram obtidos por RB15603, RB15610, RB15743, RB15745 e RB15746, todos pertencentes ao grupo superior. O padrão RB92579 ($15,09 \text{ t ha}^{-1}$) situou-se em grupo intermediário, confirmando sua inferioridade em relação aos melhores genótipos da série RB15. Esses resultados reforçam o potencial da série RB15 para gerar novas cultivares com maior retorno agroindustrial, em concordância com as perspectivas apontadas por Lu et al. (2024) sobre o futuro do melhoramento da cana-de-açúcar.

De forma geral, os resultados confirmam a eficiência do teste de Scott-Knott na classificação dos genótipos, separando-os em dois grupos para ATR e TCH, e três grupos para TATRH. O padrão RB92579 manteve competitividade em ATR, mas foi superado em TCH e TATRH por diversos materiais da série RB15, evidenciando seu potencial para substituição de cultivares tradicionais em Alagoas.x'

4. Conclusão

A aplicação do teste de Scott-Knott permitiu agrupar os genótipos avaliados de forma consistente, formando dois grupos para ATR e TCH e três grupos para TATRH. O padrão comercial RB92579 apresentou bom desempenho para ATR, porém foi superado em produtividade agrícola e rendimento agroindustrial por diversos materiais da série RB15.

Os genótipos RB15603, RB15610, RB15743, RB15745 e RB15746 destacaram-se por apresentarem desempenho superior em pelo menos uma variável e, principalmente, por integrarem o grupo superior de TATRH, indicando alto potencial para recomendação varietal em condições semelhantes às avaliadas em Alagoas.

Como limitação, o estudo refere-se ao primeiro corte (cana-planta) e a um único ambiente, o que restringe conclusões sobre estabilidade e desempenho em diferentes condições edafoclimáticas. Recomenda-se a continuidade das avaliações em socarias e em múltiplos

locais/anos, bem como a integração de outras abordagens estatísticas, para apoiar decisões de seleção e recomendação com maior robustez.

Agradecimentos

Agradecemos às empresas do setor sucroenergético parceiras da RIDESA/UFAL e às universidades integrantes da RIDESA pelo apoio institucional e colaboração.

Declaração de Conflitos de Interesses

Os autores declaram que não possuem conflitos de interesse que possam influenciar os resultados apresentados neste trabalho.

Referências

1. Amorim, H. V., Lopes, M. L., Oliveira, J. V. C., Buckeridge, M. S., & Goldman, G. H. (2011). *Scientific challenges of bioethanol production in Brazil*. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 91(5), 1267–1275.
2. Cursi, D. E., Hoffmann, H. P., Barbosa, G. V. S., Bressiani, J. A., Gazaffi, R., Chapola, R. G., Fernandes Junior, A. R., Balsalobre, T. W. A., Diniz, C. A., Santos, J. M., & Carneiro, M. S. (2022). History and current status of sugarcane breeding, germplasm development and molecular genetics in Brazil. *Sugar Tech*, 24(1), 112–133.
3. Cruz, C. D., Regazzi, A. J., & Carneiro, P. C. S. (2012). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético* (4ª ed.). Viçosa: UFV.
4. Ferreira, E. B., Cavalcanti, P. P., Nogueira, D. A., & Ferreira, M. E. B. (2018). Package ‘ExpDes. pt’. R package version, 1.
5. Moraes, L. K., Cursi, D. E., Santos, J. M., Sampaio, M., Câmara, T. M. M., Silva, P. A., Barbosa, G. V. S., Hoffmann, H. P., Chapola, R. G., Fernandes Junior, A. R., & Gazaffi, R. (2015). *Melhoramento genético da cana-de-açúcar*. Embrapa Tabuleiros Costeiros.
6. R Core Team. (2020). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical. *Computing*.
7. Scott, A. J., & Knott, M. (1974). A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, 30(3), 507–512.
8. Lu, G., Liu, P., Wu, Q., Zhang, S., Zhao, P., Zhang, Y., & Que, Y. (2024). Sugarcane breeding: a fantastic past and promising future driven by technology and methods. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1375934.
9. Wickham, H. (2016). Programming with ggplot2. In *Ggplot2: elegant graphics for data analysis* (pp. 241-253). Cham: Springer International Publishing.