

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO

**EFEITO DA DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERES
AGRONÔMICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2012

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

A993e
2012
Azeredo, Amaro Afonso Campos, 1986-
Efeito da depressão endogâmica em caracteres agrônômicos de cana-de-açúcar / Amaro Afonso Campos Azeredo. - Viçosa, MG, 2012. viii, 41f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.31-38.

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético. 2. Endocruzamento. 3. Genética quantitativa. *Saccharum spp.*. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.


CDD 22. ed. 633.612

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO

**EFEITO DA DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERES
AGRONÔMICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

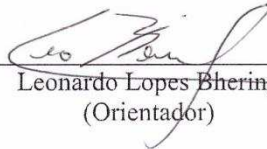
Aprovada: 26 de novembro de 2012.



Felipe Lopes da Silva



Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Coorientador)



Leonardo Lopes Bhering
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Agradeço a minha mãe, Gilda Amorim Campos, por me educar com muito amor e carinho, sendo a grande responsável por todas as minhas conquistas.

A toda minha família, pelo apoio e carinho.

Ao professor Leonardo Lopes Bhering, obrigado por toda orientação, pela paciência e amizade, sendo um exemplo profissional a ser seguido.

Ao professor Márcio Henrique Pereira Barbosa, pela orientação, amizade e pela oportunidade de fazer parte do programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sulcroenergético.

A minha namorada, Fernanda, por todo o carinho e paciência, sendo imprescindível nessa etapa conquistada.

A todos os funcionários do CECA, pela amizade e auxílio na coleta dos dados.

Aos amigos da República Pommerhaus, Jura, Bruno e Ricardão pelos momentos de informação e descontração.

A todos que fizeram parte do Programa de Genética e Melhoramento da UFV, que direta ou indiretamente, contribuíram para a minha formação acadêmica.

As instituições financiadoras: Reuni, Capes, CNPq e FAPEMIG, que possibilitaram a concretização desse trabalho.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	iv
LISTA DE TABELAS.....	v
LISTA DE ANEXO.....	vi
RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	2
2.1 Melhoramento Genético.....	2
2.2 Poliploidia e Depressão Endogâmica em Cana-de-açúcar.....	5
3. OBJETIVOS.....	8
3.1 Objetivo Geral.....	8
3.2 Objetivos específicos.....	8
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	9
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	14
6. CONCLUSÕES.....	30
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	31

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Médias de Número de Colmo das clones e selfs.	17
Figura 2 - Médias do Comprimento de Colmo dos clones e selfs.	18
Figura 3 - Médias do Peso Médio de Colmo dos clones e selfs.	19
Figura 4 - Médias do Diâmetro de Colmo dos clones e selfs.	19
Figura 5 - Médias de porcentagem bruta de açúcar (PCC) das clones e selfs.	20
Figura 6 - Médias dos Brix de Campo (BC) e de Laboratório (BL) dos clones e selfs..	21
Figura 7 - Médias de toneladas de colmo por hectare nos clones e selfs.	22
Figura 8 - Médias do percentual de Fibra nos clones e selfs.	22
Figura 9 - Depressão endogâmica (%) em oito selfs de cana-de-açúcar para as variáveis: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix medido no laboratório (BL), brix medido no laboratório (BL), porcentagem de pol no caldo de cana (PCC) e fibra (FIB).....	29

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - Esquema da análise de variância utilizando o erro efetivo com as respectivas esperanças dos quadrados médios e o teste F 11
- Tabela 2 - Resultados da análise de variância, média geral e o coeficiente de variação relativo aos nove caracteres: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix 14
- Tabela 3 - Valores de máximo (MAX), mínimo (MIN), média (MED), coeficiente de variação experimental (CVe %), coeficiente de variação genético (CVg %), variância genética $\hat{\sigma}_g^2$, herdabilidade (h^2 (%)) e razão do coeficiente de variação genético e ambiental..... 16
- Tabela 4 - Teste de agrupamento de médias Scott-Knott modificado por Bhering et al. (2008) para as características: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix 23
- Tabela 5 - Percentual do número de filhos superiores às médias dos pais para as características: comprimento de colmo (CC), Brix Campo (BC), número médio de compôs (NC) e diâmetro de colmos (DC). 25
- Tabela 6 - Depressão endogâmica em porcentagem DE (%) com base nos nove caracteres: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix medido no laboratório (BL), porcentagem de pol no caldo de cana (PCC) e fibra (FIB) 27
- Tabela 7 - Correlações fenotípicas para os caracteres: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix medido no laboratório (BL) e fibra (FIB) 30

LISTA DE ANEXO

Anexo 1- Número do self selecionado (N), bloco (R), Família (F), Touceira (P), valor fenotípico (VF) e média dos selfs selecionados (Xs), para as variáveis comprimento de colmo (CC), brix aferido a campo (BC), número médio de colmos por touceira (NC) e diâmetro médio de colmo	39
--	----

RESUMO

AZEREDO, Amaro Afonso Campos de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2012. **Efeito da depressão endogâmica em caracteres agronômicos de cana-de-açúcar.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa e Cosme Damião Cruz.

A cana-de-açúcar é uma das principais culturas do agronegócio brasileiro. Para atender a demanda do setor sucroenergético novas estratégias devem ser propostas no programa de melhoramento em prol da obtenção de novas variedades agronomicamente superiores. A depressão endogâmica é um fenômeno que acarreta na redução da média geral, todavia, proporciona um aumento na variância genética na população. A literatura acerca dos efeitos da endogamia em poliploides é escassa. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos em cana-de-açúcar com base em dados de produção e tecnológicos. Foram utilizadas oito clones RB925345, RB867515, RB739359, SP80-1816, RB928064, RB865230, RB855536 e RB943365, com sua primeira geração de autofecundação. O experimento foi conduzido em um delineamento em blocos casualizados com classificação hierárquica. Foram calculados os coeficientes de variação genético e ambientais, os percentuais de depressão endogâmica, as correlações fenotípica e as médias foram submetidas ao teste de agrupamento de médias de Scott-Knott (1974) modificando por Bhering *et al.* (2008). Foi observado que o percentual de fibra foi o único caráter que aparentemente não sofreu o efeito da depressão endogâmica. Diante do exposto conclui-se que: Com a autofecundação dos clones ocorre redução das médias e aumento da variância nas famílias de *selfs* para todas as características com exceção de Fibra; Os clones SP80-1816 e RB943365 apresentam elevada carga genética e a seleção deve ser feita com maior intensidade dentro das famílias RB867515⊗, RB928064⊗, RB739359⊗ e RB855536⊗.

ABSTRACT

AZEREDO, Amaro Afonso Campos de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, november, 2012. **Effect of inbreeding depression in agronomic traits of sugar cane.** Adviser: Leonardo Lopes Bhering. Co-advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa and Cosme Damião Cruz.

The sugar cane is an important crop of Brazilian agribusiness. To meet the demand of the sugarcane industry new strategies must be proposed in the breeding program for aiming to obtain new varieties agronomically superior. The inbreeding depression is a phenomenon that causes a reduction in the overall average, however, provides an increase in genetic variance in the population. Literature about effects of inbreeding in polyploids is scarce. The aim of this study was to estimate genetic parameters in sugar cane based on production and technologic data. A total of eight varieties RB925345, RB867515, RB739359, SP80-1816 RB928064, RB865230, RB855536 and RB943365, with its first generation of selfing. The experiment was conducted in a randomized block design with hierarchical classification. Genetic variation coefficients and environmental factors were calculated, the percentage of inbreeding depression, phenotypic correlations and means were tested with group averages of Scott-Knott. It was observed that the percentage of fiber was the only character which apparently did not suffer the effects of inbreeding depression. Given the above it follows that: By selfing variety occurs average reduction and increased variance in the families of *selfs* for all characteristics except for fiber; Based on the average inbred families the breeder can infer about which varieties have better behavior; The Clones SP80-1816 and RB943365 show high genetic load and the selection should be made with greater intensity families RB867515⊗, RB928064⊗, RB739359⊗ and RB855536⊗.

1. INTRODUÇÃO

Os primeiros indícios históricos do cultivo da cana-de-açúcar foram evidenciados nas escrituras hindus e nas sagradas escrituras, sendo introduzida no Brasil no ano de 1502 por Martin Afonso de Sousa, no ano de 1520 já havia registros na alfândega de Lisboa da entrada de açúcar produzido no Brasil em Portugal (CESNIK, 2012).

Com o advento da crise mundial do petróleo no Brasil, deu-se início a produção do etanol a partir da cana-de-açúcar, a participação da matriz energética da cana-de-açúcar não se restringe apenas a produção de combustível para os veículos automotores, mas também ao uso do bagaço, o resíduo sólido da produção do açúcar e álcool, como fonte de energia nas formas térmica, mecânica e elétrica, a energia produzida é capaz de comportar toda a demanda das unidades produtoras e ainda gerar excedentes exportáveis à rede elétrica (Balanço Nacional da Cana-de-açúcar e Agroenergia, 2007).

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar sendo o maior produtor mundial de açúcar e o segundo maior de etanol, perdendo apenas para os EUA. Atualmente, os derivados da cana-de-açúcar são a segunda principal fonte de energia primária da matriz energética nacional, cerca de 18% da energia consumida no país provém de derivados da cana-de-açúcar (BRASIL, 2009).

A produtividade estimada da safra Brasileira de 2012/2013 segundo CONAB (2012) será de 596 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, havendo um aumento de 6,5% em relação a safra anterior, em área estimada de 8.527,8 mil hectares. A produtividade de etanol no Brasil pode ser incrementada pelo uso do bagaço da cana-de-açúcar, cerca de 50% do bagaço, representando cerca de 10 a 16% da planta, gerado na usina é consumido para produção de energia por meio da co-geração de calor, tornando a usina auto-sustentável energeticamente (PANDEY et al., 2000).

A importância da cultura da cana-de-açúcar no agronegócio brasileiro é um fato indiscutível, porém, apesar do setor brasileiro ser reconhecido internacionalmente, devido a toda tecnologia empregada nas diferentes etapas de produção, a pesquisa científica ainda tem muito a progredir em prol da maximização do processo produtivo, desde a lavoura até a indústria (COSTA, 2005).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Melhoramento Genético

Linneu, em 1753, foi o primeiro a descrever a cana-de-açúcar, que a classificou como *Saccharum officinarum* e *Saccharum spicatum*. Posteriormente, várias formas de classificação foram apresentadas (MOZAMBANI *et al.*, 2006). De acordo com Cronquist (1981), a cana-de-açúcar pertence à divisão Magnoliophyta; Classe Liliopsida; Ordem Graminales; Família Poaceae; Gênero *Saccharum*; Espécies *Saccharum officinarum*, *Saccharum spontaneum*, *Saccharum sinensis*, *Saccharum barberi* e *Saccharum robustum*.

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), gramínea de clima tropical, tem sido cultivada em regiões de clima quente com solos férteis e de boa drenagem, com características climáticas compatíveis com as exigências da cultura. É principalmente utilizada como matéria prima para a produção de açúcar, álcool, fermento e inúmeros outros derivados, tanto para utilidades alimentícias como para indústria química (CESNIK, 2004).

A cana de açúcar é uma planta de reprodução sexuada, predominantemente por fertilização cruzada, comercialmente propagada vegetativamente (MATSUOKA *et al.*, 2005). Possui metabolismo de carbono C4, alta capacidade fotossintética e com um aumento na taxa de crescimento quando cultivadas em regiões com temperaturas elevadas (TAIZ & ZEIGER, 2004).

Os primeiros registros sobre o plantio de cana-de-açúcar por semente datam de maio de 1858 numa fazenda em Barbados, porém, trabalhos ligados ao melhoramento genético da cultura, foram desenvolvidos por Soltwedel, em Java; o primeiro em 1885, ao obter êxito na germinação de sementes de *S. spontaneum*, posteriormente em 1887, quando realizou cruzamentos entre *S. spontaneum* e *S. officinarum* (DEER, 1921; STEVENSON, 1965 citado por MATSUOKA *et al.*, 2005). Os cultivares usados atualmente são provenientes de híbridos comerciais, originados dos cruzamentos entre as espécies *S. officinarum*, *S. sinensi*, *S. robustum* e *S. spontaneum* (ROACH & DANIELS, 1987; MATSUOKA, *et al.* 2005).

Em um cenário mais recente do melhoramento genético no Brasil, de acordo com Reis (2009) os clones mais cultivadas são provenientes basicamente de três programas: o do Instituto Agrônomo (IAC, em São Paulo), do Centro de Tecnologia Canavieira

(CTC), antiga Copersucar, e a Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA). Um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar é dividido em várias etapas, a primeira etapa é a obtenção das sementes oriundas de uma estação de cruzamento e envio das sementes a para a fase denominada T1 (RIDESA, 2012).

A fase T1 é caracterizada por avaliações de baixa precisão, devido ao pouco material propagativo disponível, à medida que o programa de melhoramento avança, ocorre aumento do material propagativo e conseqüentemente melhora da precisão experimental, possibilitando maior precisão ao se identificar genótipos superiores (SOUZA Jr., 1995; CALIJA, 2001). A seleção massal na fase T1 deve ser empregada nas progênies que apresentam médias fenotípicas superiores e valores elevados em relação aos coeficientes de herdabilidade, sendo efetiva para identificar quais delas teriam a maior proporção de clones elites a serem selecionados para as fases clonais (KIMBENG & COX 2003).

Na fase T2, os clones são avaliados experimentalmente em parcelas com sulcos de cinco a oito metros de comprimento e selecionam-se em planta e soca. Na fase T3 os clones selecionados em cada universidade são intercambiados; ocorre a multiplicação e distribuição nas usinas e destilarias conveniadas onde é feita a avaliação em um período de aproximadamente três anos consecutivos, sendo esta, a fase experimental (RIDESA, 2012).

Quando o objetivo do melhorista é selecionar progênies superiores para as fases subsequentes de seleção até a obtenção de uma nova variedade, esta avaliação deve ser realizada com base nos caracteres de interesse à agroindústria canavieira (DUTRA, 2011). Um dos métodos utilizados no melhoramento da cana-de-açúcar é a seleção recorrente, um processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção das progênies, sua avaliação e a recombinação, com o intercrossamento das melhores progênies selecionadas.

A maioria dos caracteres de importância agrônômica da cana-de-açúcar são controlados por vários genes, e a probabilidade de obter um indivíduo com todos esses alelos favoráveis é pequena, portanto, a seleção recorrente permite que ocorra um aumento gradativo da frequência dos alelos favoráveis por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos melhores indivíduos das melhores progênies (BARBOSA & SILVEIRA, 2010).

A seleção recorrente intrapopulacional baseia-se num esquema onde os genótipos são avaliados através do desempenho médio de suas progênes. Diferentes métodos de seleção recorrente podem ser aplicados, em cada um dos métodos, a taxa observada de melhoramento será uma função da intensidade de seleção, das unidades de seleção e de recombinação, da magnitude da variação genética aditiva, do desvio padrão fenotípico da unidade de seleção, da depressão por endogamia do tamanho efetivo da população (BRESSIANI et al., 2006).

De acordo com Resende e Barbosa (2005), o esquema de seleção recorrente intrapopulacional apresenta maior eficiência em espécies que não apresentam elevada e heterose e/ou divergência genética. A seleção recorrente recíproca com S1(SRR-S1) tem como referência o modelo de Comstock et al. (1949), baseando-se na seleção de genitores com base na progênie híbrida e na recombinação das autofecundações (S1), com a formação simultânea de híbridos, associados aos genitores, antes da nova população experimental híbrida.

Os trabalhos de Bressiani et al. (2006), Cox et al. (1994) e Sukarso e Sastrowijono (1995), apontam a possibilidade da adoção de seleção recorrente como estratégia de melhoramento de caracteres para obtenção de novas cultivares em cana de açúcar.

Na cultura do milho, Paterniani e Miranda Filho (1978) relatam que o uso de populações melhoradas e a obtenção de híbridos são duas alternativas que podem ser utilizadas de maneira conjunta no melhoramento da cultura. O objetivo, no primeiro caso, é o aumento gradual na frequência de alelos favoráveis na população melhorada, sendo esta superior à original. No segundo caso, é visada a obtenção de linhagens endogâmicas, que podem, a depender das combinações, produzir híbridos superiores a população de origem.

De acordo com Barbosa *et al.* (2000), o melhoramento genético é de suma importância para o desenvolvimento do setor canavieiro nacional, acarretando em ganhos elevados tanto em produtividade quanto em qualidade, principalmente nas últimas três décadas.

2.2 Poliploidia e Depressão Endogâmica em Cana-de-açúcar

A poliploidia pode ser definida como a existência de mais de dois genomas no mesmo núcleo, sendo comumente observada nas plantas e considerado de grande importância na evolução das espécies silvestres e cultivadas (SCHIFINO-WITTMANN, 2004), caso a planta apresente dois genomas no mesmo núcleo e dita diploide. Diversos fatores dificultam os estudos genéticos em cana-de-açúcar: o elevado nível de ploidia ($2n = 100$ a 130) com a ocorrência de aneuploidia e elevado grau de complexidade dos híbridos interespecíficos, dificuldade no controle da hibridação (GEIVET & ARRUDA, 2001); tornando o melhoramento genético da cultura um grande desafio para os melhoristas (ALBINO et al., 2006).

Os conhecimentos adquiridos com os avanços sobre os mecanismos envolvidos na poliploidia evidenciam que a maioria das espécies poliploides são polifiléticas, formadas por um processo recorrente de cruzamentos entre pais diploides pertencentes a espécies diferentes, assim a maioria dos poliploides apresentam nível de diversidade elevado (SOLTIS & SOLTIS, 2000).

A endogamia ocorre em decorrência a sistemas de acasalamento que aumentam o nível de homozigose, como em cruzamento de indivíduos aparentados. Em poliploides, à medida que a ploidia aumenta, a heterozigose é reduzida mais lentamente com as autofecundações (BORÉM & MIRANDA, 2009).

A depressão por endogamia é um fenômeno observável de forma consistente, no entanto, sua base genética continua a ser debatida. Várias hipóteses são consideradas, entre as mais estudadas estão: dominância, sobredominância e epistasia (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH, 1999). A redução na média de características agrônomicas em cana-de-açúcar estão relacionadas com a carga genética da população.

A carga genética é consequência de qualquer redução da adaptabilidade média de uma população devido à existência de genótipos com menor adaptabilidade que as dos genótipos mais adaptados (FUTUYMA, 1992), ou ainda pode ser definida como o total de todos os genes deletérios e letais que estão presentes em membros individuais de uma população (GRIFFTHS *et al.*, 2000).

Nos esquemas de seleção, ao se utilizarem progênies endogâmicas, ocorre seleção maior contra genes deletérios, e as populações melhoradas a partir destas progênies produzirão linhagens com menor depressão endogâmica (HALLAUER, 1980) havendo

assim a possibilidade diminuir a carga genética da população ao selecionar indivíduos segregantes de uma população de autofecundação.

Estimativas de depressão por endogamia permitem a inferência de estrutura genética populacional e ação gênica predominante no controle genético de caracteres. Para a ocorrência de depressão por endogamia, além heterozigosidade no *loci*, deve haver dominância e/ou epistasia no controle de caracteres (SILVA & GONÇALVES, 2011).

A hipótese da dominância propõe que a depressão ocorre como resultado da expressão de alelos deletérios recessivos com o aumento da homozigosidade, a hipótese da sobredominância, por outro lado, leva em consideração que a interação alélica proporciona uma maior resposta (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH, 1999); a epistasia pode contribuir para a depressão devido à interação entre *loci* diferentes, sendo de mais difícil detecção (CARR & DUDASH, 2003).

Modelos teóricos baseados na hipótese de dominância propõem que a depressão por endogamia deve se reduzir em poliploides em relação à diplóides, como a expressão de genes recessivos deletérios deve ser retardado pela natureza da herança tetrassômica (HUSBAND & SCHEMSKE, 1997).

Cada hipótese genética da depressão por endogamia está associada a previsões diferentes quanto às consequências da poliploidia sobre a extensão da depressão por endogamia (SOLTIS & SOLTIS, 2000). O sucesso na poliploidia deve ser associado com um sistema de acasalamento, como a autofecundação, poderia facilitar na superação da minoria das desvantagens (RAUSCH & MORGAN, 2005), onde poliploides provavelmente apresentariam depressão endogâmica reduzida (HUSBAND & SCHEMSKE, 1997).

A depressão endogâmica não segue um mesmo padrão em todas as espécies, Ho (1979) relata que a endogamia tem efeitos adversos na produção e no vigor nas árvores de seringueira (*Hevea spp.*), onde a redução da fertilização cruzada acarreta em aumento do número de plantas raquíticas. Em contraste a estes resultados, Paiva (1992) evidencia que o grau de endogamia em populações naturais, causado por autofecundações ou por cruzamentos entre indivíduos aparentados, pode vir a gerar alguma vantagem adaptativa na sobrevivência da espécie.

Bastos *et al.* 2003 em seu estudo chegou a conclusão que os efeitos gênicos aditivos foram predominantes para a expressão das variáveis número de colmos, Brix e porcentagem de florescimento, já os efeitos gênicos não-aditivos foram mais importantes

para as variáveis toneladas de cana por hectare, toneladas de Brix por hectare, para a variável massa média de colmos, ambos os efeitos foram importantes

Segundo Falconer (1987), a depressão endogâmica é função direta do grau de endogamia (F), das frequências alélicas da população (p e q) e devido ao desvio do heterozigoto em relação ao ponto médio entre os homozigotos (d), resultando em uma alteração média de $-2pqdF$, ou seja, um loco pode contribuir para a redução do valor médio sobre a endogamia somente quando o valor de “ d ” for diferente de zero, sendo válido tanto para diploides quanto para poliploides.

Estudos sobre genética quantitativa evidenciam que a capacidade geral de combinação (CGC) é mais importante que a capacidade específica de combinação (CEC) para a maioria dos caracteres de importância agrônômicas em cana-de-açúcar, como teor de açúcar, resistência ao carvão, ferrugem, mal de Fiji; e conteúdo de fibra, no entanto, para tonelada de colmos por hectare, em que ambas as variâncias têm apresentado valores similares (HOGARTH, 1997)..

Qijun *et al.* (1998) ao pesquisar sobre a herança do teor de fibra em cana de açúcar, concluiu o caráter é controlado por efeitos aditivos e não aditivos, contudo, há predominância de efeitos aditivos. Em um programa de melhoramento de cana-de-açúcar deve ser feita seleção de genótipos com base primeiramente na CGC para que, em seguida, combinações híbridas entre genótipos com alta CGC possam ser realizadas com o propósito de se explorar a CEC é válida, porém não impede que sejam perdidas combinações com alta CEC (BRESSIANI, et al; 2001).

Caracteres que apresentam ação apresentam efeitos gênicos aditivos, são teoricamente passíveis de serem melhorados por meio da seleção de genótipos superiores em famílias endogâmicas, onde é visado combinações gaméticas superiores aos genitores, também é possível se obter o conhecimento sobre a extensão da depressão endogamia nas variáveis de interesse agrônômico (SILVA & GONÇALVES, 2011).

3. OBJETIVOS

3.1 Objetivo Geral

- Estimar o grau de depressão endogâmica em oito famílias de autofecundação de cana-de-açúcar.

3.2 Objetivos específicos

- Predizer parâmetros genéticos com base em componentes de produção e tecnológicos;
- Comparar o comportamento dos genitores com suas respectivas autofecundações (*selfs*).
- Selecionar possíveis genótipos promissores na S1.

4. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Centro de Pesquisa e Melhoramento da Cana-de-açúcar – CECA, pertencente à Universidade Federal de Viçosa - UFV, localizado no município de Oratórios – MG, que está geograficamente localizado a 20°25'S e 42°48'W, com 494 m de altitude. A topografia e o tipo de solo onde o experimento foi montado são, respectivamente, baixada e Latossolo Vermelho-Amarelo. Os *seedlings* desenvolvidos das sementes foram conduzidos de acordo com a metodologia de Barbosa e Silveira (2000).

O material genético foi constituído de oito cultivares: RB925345, RB867515, RB739359, SP80-1816, RB928064, RB865230, RB855536 e RB943365, e oito famílias da primeira geração autofecundação (S1), denominado no presente trabalho como *selfs* e com o símbolo ⊗, dos respectivos cultivares citados anteriormente.

A parcela experimental para os *selfs* foi constituída de dois sulcos, cada um com doze *seedlings*, com espaçamento de 0,5 m entre *seedlings* dentro do sulco e 1,4 m entre os sulcos, totalizando uma área de parcela de 9,24 m², os clones foram plantados em dois sulcos com uma densidade de plantio de 18 gemas por metro linear, sendo o experimento formado por 7 blocos.

Os seguintes caracteres agronômicos foram avaliados:

- i) Número de colmos médio por planta (NC): após aproximadamente doze meses do plantio, foram contados todos os colmos das unidades experimentais, excetuando-se as brotações novas, nos *selfs* foram contados os colmos individualmente em cada touceira, nos clones, foi anotado o número de colmos da parcela, ao final foi estimada a média;
- ii) Massa média de colmo (PMC): foram amostrados 15 colmos por parcela que posteriormente foram pesados e tiveram sua massa final dividida por 15, obtendo-se a massa média de um colmo. Esta metodologia empregada nos *selfs* e clones.
- iii) Tonelada de cana-de-açúcar por hectare (TCH): para os *selfs* e os clones foi estimado a partir da produto entre o número de NC na parcelas e PMC.
- iv) Brix Aferido em Campo: (BC) nos *selfs* um colmo por touceira da parcela foi aferido com um refratômetro manual e nos clones foram

amostradas três plantas por parcela, sendo usado para extração da amostra o terço médio superior.

- v) Comprimento de colmo (CC): medidos com uma trena da base até o ultimo *dewlap* visível. Nos *selfs* foram medidos um colmo em cada touceira, nos clones, será medido o comprimento de 15 colmos tomados aleatoriamente na parcela.
- vi) Diâmetro do colmo (DC): com um auxílio de um paquímetro digital foi medido, no terço médio superior, o diâmetro dos colmos, nos *selfs* foram medidos um diâmetro por touceira, nos clones foram medidos 15 colmos amostrados aleatoriamente em cada parcela.
- vii) Variáveis tecnológicas: nos clones e *selfs* foram amostrados 10 colmos de cada parcela que foram enviadas ao laboratório para a estimação das seguintes variáveis: sólidos solúveis (BL) (Brix em %), fibra industrial na cana (%) (FIBRA), pureza do caldo (%) e percentagem bruta de açúcar (PCC).

Após a obtenção dos dados, procederam-se as análises estatísticas e cálculo dos parâmetros genéticos com o uso do aplicativo computacional em genética e estatística GENES (CRUZ, 2006).

O experimento foi conduzido em um delineamento em blocos casualizados (DBC) com classificação hierárquica conforme o modelo (1).

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + G/A_{ij} + B_k + E_{ijk} \quad (1)$$

em que:

Y_{jik} : média observada na genótipo j no grupo i no bloco k;

μ : efeito fixo da média geral $\therefore E(\mu) = m$ e $E(\mu^2) = \mu^2$;

A_i : efeito aleatório da grupo i (*self* ou clone) $\therefore A_j \sim \text{NID}(0, \hat{\sigma}_a^2)$;

B_k : efeito aleatório do bloco k $\therefore B_k \sim \text{NID}(0, \hat{\sigma}_b^2)$;

G/A_{ij} : efeito aleatório da j-ésimo genótipo dentro da do i-ésimo grupo $G/A_{ij} \sim \text{NID}(0, \hat{\sigma}_{g/a}^2)$;

E_{ijk} : efeito aleatório do erro experimental associado a parcela do bloco k que recebeu o genótipo j na condição i $\therefore e_{ijk} \sim \text{NID}(0, \hat{\sigma}^2)$.

Tabela 1 - Esquema da análise de variância utilizando o erro efetivo com as respectivas esperanças dos quadrados médios e o teste F

FV	GL	QM	E(QM)	F
BLOCOS	(b-1)	Q1		
TRATAMENTOS	(t-1)	Q2		Q2/Q7
GRUPOS	(g-1)	Q3		Q3/Q7
GENOT/GRUPO	g(p-1)	Q4		Q4/Q7
GENOT/G1CLONE	(c-1)	Q5	$\sigma_e^2 + r\sigma_{g/c}^2$	Q5/Q7
GENOT/G2SELF	(s-1)	Q6	$\sigma_e^2 + r\sigma_{g/s}^2$	Q6/Q7
RESÍDUO	(t-1)(b-1)	Q7	σ_e^2	

A herdabilidade para (genótipo aleatório) no sentido amplo de cada caráter, em cada cruzamento, foi estimada por meio da seguinte equação:

A variância genética para os clones ($\sigma_{g/c}^2$) e *selfs* ($\sigma_{g/s}^2$) foram obtidas por meio das seguintes expressões:

$$\sigma_{g/c}^2 = \frac{(Q5-Q7)}{r} \quad (2)$$

$$\sigma_{g/s}^2 = \frac{(Q6-Q7)}{r} \quad (3)$$

Os coeficientes de variação genético e ambiental para *selfs* e clones foram obtidos a partir das expressões:

$$CV_{gs}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{g/s}^2}}{m_s} \times 100 \quad (4)$$

$$CV_{gc}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{g/c}^2}}{m_c} \times 100 \quad (5)$$

$$CV_{es}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m_s} \times 100 \quad (6)$$

$$CV_{ec}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{m_c} \times 100 \quad (7)$$

Onde:

$CV_{gs}(\%)$: é o coeficiente de variação genético para *selfs*, em porcentagem;

$\hat{\sigma}_{g/s}^2$: é o componente de variância genética para *selfs*;

m_s : é a média geral para *selfs* do ensaio para a característica considerada;

$CV_{gc}(\%)$: é o coeficiente de variação genético para clones, em porcentagem;

$\hat{\sigma}_{g/c}^2$: é o componente de variância genética para *selfs*;

m_s : é a média geral para clones do ensaio para a característica considerada;

CV_{es} (%): é o coeficiente de variação ambiental para *selfs*, em porcentagem;

$\hat{\sigma}_e^2$: é a variância residual.

CV_{ec} (%): é o coeficiente de variação ambiental para clones, em porcentagem;

$\hat{\sigma}_e^2$: é a variância residual.

A herdabilidade para clones (h_c^2) e *selfs* (h_s^2) foram obtidas por meio das seguintes expressões:

$$h_c^2 = \frac{(Q5-Q7)}{Q5} \quad (8)$$

$$h_s^2 = \frac{(Q6-Q7)}{Q6} \quad (9)$$

Foi realizado o agrupamento das médias dos tratamentos através do teste de Scott-knott (1974), modificado por Bhering *et al.* (2008).

Para o cálculo da depressão endogâmica média (DE) foi utilizada a fórmula conforme SILVA & GONÇALVES (2011):

$$DE(\%) = [(P1-S1)/P1] \times 100 \quad (10)$$

Onde:

P1: média do genitor;

S1: média do *self*.

Cabe ressaltar que os valores negativos da herdabilidade observados foram considerados iguais a zero, o que, conforme descrito por Linch & Walsh (1998) como sendo um indicativo de uma baixa variância genética estimada.

O coeficiente de correlação fenotípica geral foi estimado através da expressão:

$$r_F = \frac{C\hat{o}v_{F(x,y)}}{[(\hat{\sigma}_{F(x)}^2, \hat{\sigma}_{F(y)}^2)]^{1/2}} \quad (11)$$

Em que:

$C\hat{o}v_{F(x,y)}$ = covariância fenotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{\sigma}_{F(x)}^2$ = variância fenotípica do caráter X;

$\hat{\sigma}_{F(y)}^2$ = variância fenotípica do caráter Y.

Para a seleção combinada no presente trabalho adotou-se o índice apresentado por Bueno Filho (1992), dado por:

$$I_{ijk} = b_1 (\bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + b_2 (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) \quad (12)$$

Em que:

b_1 = herdabilidade dentro de cada família;

b_2 = herdabilidade baseada nas médias de famílias;

\bar{Y}_{ijk} = valor fenotípico do indivíduo ijk ;

$\bar{Y}_{ij.}$ = média da parcela ij ;

$\bar{Y}_{i..}$ = média da família i ;

$\bar{Y}_{...}$ = média geral do experimento.

O ganho por seleção combinada pode ser obtido pela seguinte expressão:

$$GS = i \ p \ \hat{\sigma}_g \quad (13)$$

Onde:

i = intensidade de seleção;

p = controle parental;

$\hat{\sigma}_g$ = desvio padrão genético.

*Para cálculo do GS foi considerada uma intensidade de seleção de 10%.

O ganho por seleção em porcentagem pode ser obtido pela seguinte expressão:

$$GS(\%) = \frac{100GS}{\bar{X}_0} \quad (14)$$

Onde:

GS = ganho por seleção combinada;

\bar{X}_0 = média original.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base nos resultados observados na análise de variância (Tabela 2), verifica-se que as fontes de variação tratamentos e grupos foram significativas ($P < 0,05$) para todas as variáveis, indicando a existência de diferenças entre os tratamentos, e também que após a autofecundação a média dos genótipos se alterou. O teste F para a fonte de variação genótipo dentro de grupo foi significativo ($P < 0,001$) para a maioria das variáveis, exceto CC e PCC. Considerando a fonte de variação genótipos dentro G1 as variáveis BC, CC, BL e PCC não foram significantes.

Tabela 2 - Resultados da análise de variância, média geral e o coeficiente de variação relativo aos nove caracteres: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix

FV	GL	NC (UN)	PMC (KG)	BC (%)	CC (m)	DC (cm)	TCH (Tol/ha)	BL (%)	PCC (%)	FIBRA (%)
BLOCOS	6	0,36	0,04	2,34	0,01	0,02	112,14	1,86	1,38	0,34
TRATAMENTOS	15	1,90**	0,61**	9,81**	0,12*	0,38**	2188,98**	4,25**	6,98**	3,19**
GRUPOS	1	5,03**	5,46**	97,31**	0,48**	3,99**	15794,57**	35,66**	77,92**	9,70**
GENOT/GRUPO	14	1,68**	0,26**	3,56**	0,10ns	0,12**	1217,16**	2,01**	1,91ns	2,73**
GENOT/G1CLONE	7	0,78**	0,15**	1,35ns	0,03ns	0,07**	565,34*	1,01ns	1,28ns	3,96**
GENOT/G2SELF	7	2,57**	0,36**	5,75**	0,16**	0,17**	1868,98**	2,99*	2,53ns	1,50ns
RESÍDUO	90	0,26	0,04	0,91	0,06	0,02	201,32	99,27	1,24	0,71
MÉDIA		4,53	1,37	19,61	2,18	2,71	70,13	18,98	14,39	10,38
CV(%)		11,29	15,13	4,86	11,10	5,03	20,23	5,53	7,74	8,16

ns, *, ** siglas referentes a não significante, significativo a 5% e 1% de probabilidade respectivamente para o teste F.

Houve diferenças significativas para grande parte das variáveis estudadas evidenciando a diferença entre comportamento dos clones e as progênies de autofecundações no experimento, indicando a existência de variabilidade, com possibilidade de melhoramento dos caracteres.

Os coeficientes de variação geral do experimento, para os nove caracteres estudados, oscilaram entre 4,86 a 20,23%, valores considerados de baixo a médio, segundo Gomes (1990), evidenciando uma boa precisão experimental na determinação das características (Tabela 2). Observa-se que os valores do CV_e obtidos nos *selfs* foram maiores que os encontrados nos clones (Tabela 3), exceto para fibra que apresentou valores de 7,9347 e 8,3904% para variedade e *self*, respectivamente. Um aumento do CV

já era esperado na situação de *self*, uma vez que, com a autofecundação, normalmente a média diminui, acarretando no aumento da estimativa deste parâmetro.

O TCH apresentou o maior coeficiente de variação dentre as variáveis estudadas, tanto quando considerado o CV_e geral com 20,23% (Tabela 2), quanto na análise individual, onde foram observados valores de 17,30 e 24,35% para clones e *selfs* respectivamente (Tabelas 2). Os maiores valores de CV_e observados para variável TCH podem ser justificados pelo fato de ser fortemente influenciada pelo ambiente (CASTRO, 2002), resultados semelhantes foram observados por Veiga (1992) e Jackson *et al.* (1995), que encontraram CV de 29,28% e 22,9%, respectivamente.

Com base nos valores de máximo, mínimo e média (Tabela 3) os *selfs* só obtiveram valores superiores para a variável fibra, que aparentemente não foi afetada com a autofecundação dos genitores. Este resultado apesar de não ser esperado, é relevante, uma vez que esta característica está relacionada com a fabricação de etanol de segunda geração.

A utilização de autofecundação como estratégias em programas de melhoramento de cana de açúcar visando produção de etanol de segunda geração torna-se uma alternativa muito importante. As variâncias genéticas nos *selfs* só não foram superiores aos genitores para fibra. Para os demais caracteres, maiores valores da variância genética nos *selfs* eram esperados, uma vez que as famílias dos clones são advindas de clones, sendo o ambiente o principal causador da variância.

Segundo GraalBio (2012), a utilização dos bagaço e da palha da cana-de-açúcar poderia ampliar a produção nacional de etanol em mais de 35%, tonando-se uma solução para o déficit de produção anual de 1 bilhão de litros que o país enfrenta, sem contar que o maior aproveitamento de área cultivada gera menor competição com as áreas utilizadas para a produção de alimento e favorece o meio ambiente.

Para TCH (Tabela 3) foram obtidas médias de 127,24 e 108,27t/ha nos clones e *selfs*, respectivamente, havendo um decréscimo na produtividade geral ao se autofecundarem os clones. Ferreira *et al.* (2005), observou em seu estudo com famílias advindas de diferentes tipos de cruzamento, média geral de 124,6t/ha nas populações de cruzamento bipariental, 116,42t/ha nas de policruzamento e 75,70t/ha nas populações endogâmicas.

Verifica-se com a Tabela 3 que os valores obtidos para os coeficientes de variação genéticos nos *selfs* são maiores que os obtidos para os clones, com a exceção da variável

fibra. Uma vez que nas famílias de clones o comportamento a variação dentro das famílias é predominantemente ambiental, era esperado que os coeficientes de variação genética fossem menores. Coeficiente de variação genético menor para o caráter Fibra pode estar associado ao fato do caráter ter sido o único que apresentou médias superiores nos *selfs* e menor variação genética quando comparados com os valores obtidos nos clones.

Tabela 3 - Valores de máximo (MAX), mínimo (MIN), média (MED), coeficiente de variação experimental (CVe %), coeficiente de variação genético (CVg %), variância genética $\hat{\sigma}_g^2$, herdabilidade (h^2 (%)) e razão do coeficiente de variação genético e ambiental

		NC (UN)	PMC (KG)	BC (%)	CC (m)	DC (cm)	TCH (Tol/ha)	BL (%)	PCC (%)	FIBRA (%)
MAX	C	6,8	2,3408	22,8	2,782	3,5072	127,2424	21,6	17,860498	12,6625
	S	5,7826	1,74	20,1	2,975	2,9568	108,2684	20,6	15,6895	12,7872
MIN	C	3,75	0,9576	17	1,9027	2,4371	44,5636	16,8	11,6665	7,9014
	S	2,3684	0,73333	16,2631	1,6464	2,2083	19,4805	14,1	10,077304	8,602783
MED	C	4,7438	1,5991	20,5429	2,2430	2,9007	82,0076	19,5482	15,2234	10,0939
	S	4,3199	1,1574	18,6786	2,1121	2,5233	58,2570	18,4196	13,5552	10,6825
CVe(%)	C	10,7934	13,0354	4,6357	10,7791	4,7081	17,3019	5,3728	7,3207	8,3974
	S	11,8525	18,0108	5,0984	11,4472	5,4122	24,3557	5,7020	8,2217	7,9347
CVg(%)	C	6,0055	8,9679	1,2906	0,0000	3,3175	10,2825	0,0000	0,5479	6,5507
	S	12,6890	15,5568	4,2455	5,7809	5,4574	22,0083	2,7403	2,9891	3,2209
$\hat{\sigma}_g^2$	C	0,0740	0,0153	0,0641	-0,0004	0,0081	52,0033	-0,0121	0,0062	0,4631
	S	0,33067	0,045973	0,693194	0,015846	0,0219	238,2367	0,270633	0,184993	0,111952
h^2 (%)	C	66,4183	71,1072	33,0853	0	75,2361	64,3892	0	3,3845	81,8570
	S	89,8264	88,1037	84,2534	65,4892	89,1560	89,2281	63,1998	51,0431	52,1700
CV _g /CV _e	C	0,5315	0,5929	0,2658	0	0,6588	0,5082	0	0,0707	0,8028
	S	1,1231	1,0286	0,8743	0,5207	1,0838	1,0878	0,4953	0,3859	0,3947

* Número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix medido no laboratório (BL), porcentagem de pol no caldo da cana (PCC) e Fibra.

Os valores observados na razão CV_g/CV_e nos *selfs* (Tabela 3) evidenciam que a seleção pode ser vantajosa para os caracteres NC, PMC, DC e TCH nos *selfs*, pois os valores observados são superiores a uma unidade (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; CRUZ *et al.*, 2012) e as herdabilidades foram superiores a 80%. Entretanto, foram observadas, baixas médias gerais nos *selfs* para as características citadas anteriormente (Tabela 3) devido aos efeitos da pressão por endogamia.

Considerando os baixos valores observadas nas medias gerais dos *selfs* (Tabela 3) deve-se observar das médias individuais, para saber se há famílias onde as médias dos *selfs* superam a dos genitores, ou ainda, se existe um percentual elevado de indivíduos

com média superior ao seu genitor dentro das famílias de *selfs*. Considerando o fato que o efeito da endogamia tende a diminuir a média geral da população por um lado, em contraste, acarreta num aumento da homozigosidade, sendo possível a seleção de indivíduos dentro da família.

Com base nas médias obtidas para a variável NC (Figura 1) verifica-se que os *selfs* RB928064⊗ e RB943365⊗ obtiveram médias superior ao seu respectivo genitor com médias de 4,77 e 4,78 colmos por planta, sendo estas médias superiores até as obtidas nos clones RB867515, RB739359 e SP80-1816, o desempenho da RB865230⊗, apesar de ser inferior ao seu genitor, foi a maior média com 5,11 colmos por planta todas as famílias de *selfs* do experimento. Segundo Pedrozo et al. (2008) para maior eficiência de seleção na fase T1 clones plantas com menos de 5 colmos devem ser descartadas, mesmo que os demais caracteres sejam favoráveis para a seleção. Os piores desempenhos para NC foram obtidos pelos *selfs* SP80-1816⊗ e RB855536⊗ com 3,14 e 4,11 colmos por planta.

Silva e Gonçalves (2011) estudaram 26 famílias de autofecundação em cana-de-açúcar comparando seu desempenho com os seus genitores e de maneira semelhante observaram que no geral a média de número de colmos por planta sofre redução nas famílias de *selfs*.

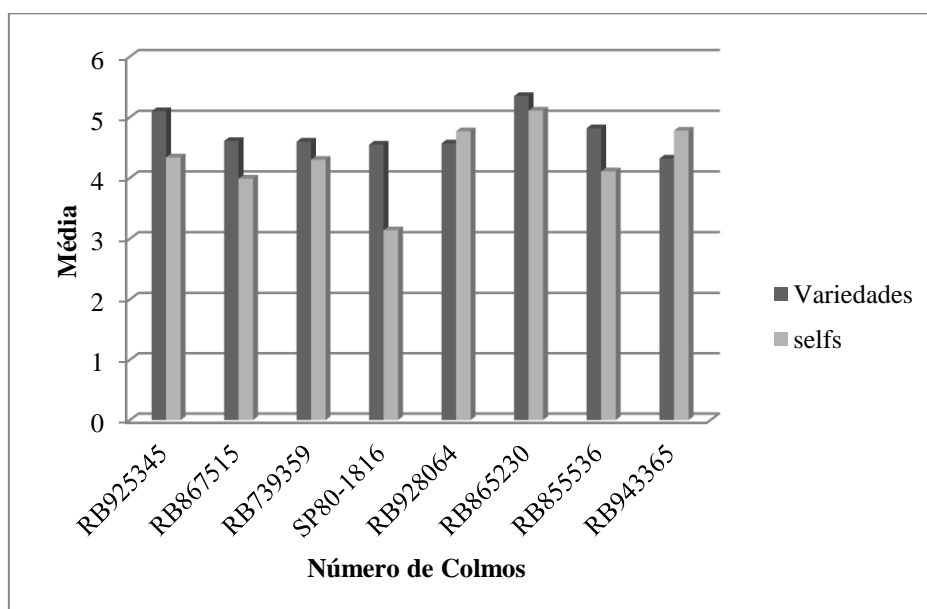


Figura 1 - Médias de Número de Colmo das clones e selfs.

Com base nas médias obtidas para o caráter CC (Figura 2) verifica-se que o desempenho da RB867515⊗ com 2,35 m foi superior a todas as médias obtidas no presente estudo. Silva e Gonçalves (2011) verificaram que em todos os *selfs* de cana-de-açúcar estudados houve redução do comprimento médio de colmo ao se autofecundarem nos clones. O RB865230⊗ obteve uma média próxima a do seu genitor com 2,25 m, sendo superior as médias obtidas nos clones RB925345, RB739359, RB739359, RB928064, RB943365. O SP80-1816⊗ foi a de pior desempenho com 1,89 m.

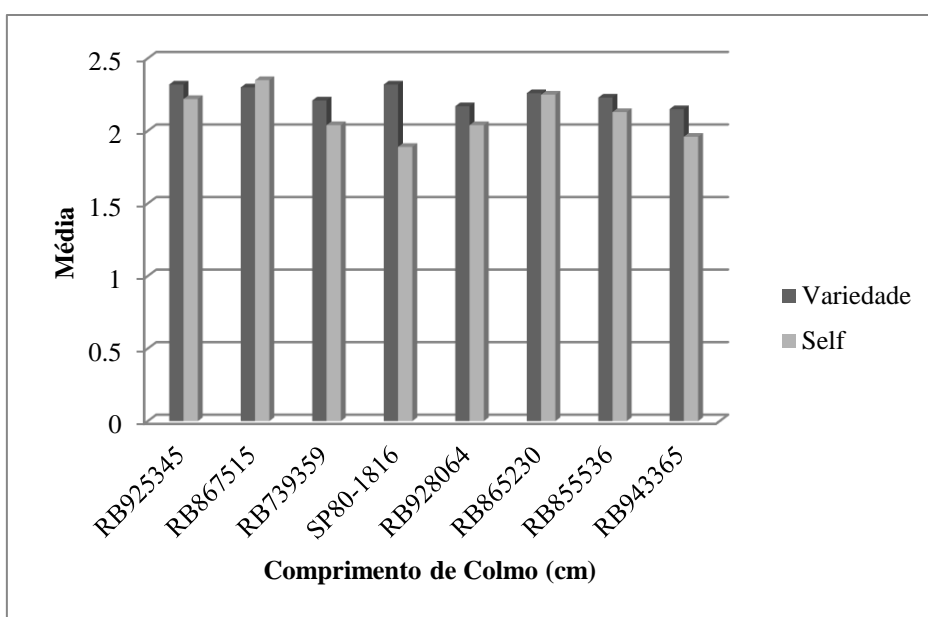


Figura 2 - Médias do Comprimento de Colmo dos clones e selfs.

A variável PMC teve suas médias bastante afetadas com a autofecundação, é possível verificar que nenhum dos *selfs* estudados conseguiu superar as médias obtidas nos clones (Figura 3). O Clone SP80-1816 com PMC de 1,69 kg teve seu peso reduzido pela metade com o efeito da endogamia. Os resultados obtidos para PMC corroboram os estudos de Ferreira *et al.* (2005) e Silva e Gonçalves (2011) que também verificaram a redução do caráter em questão com a autofecundação.

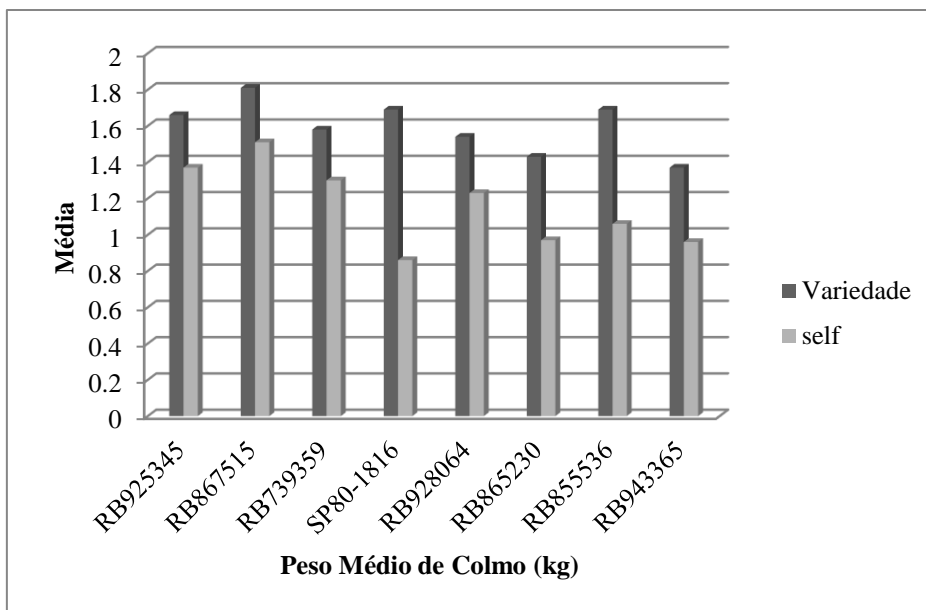


Figura 3 - Médias do Peso Médio de Colmo dos clones e selfs.

O melhor desempenho dentre os *self* para DC (Figura 4) foi o RB867515⊗ com 2,74 cm valor próximo ao obtido na variedade RB943365, no geral houve um decréscimo nas médias obtidas em todos os *selfs* e a menor média estimada foi da SP80-1816 com 2,27 cm de diâmetro. Silva e Gonçalves (2011) observaram comportamento semelhante com DC variando ente 2.7 a 2.2 cm.

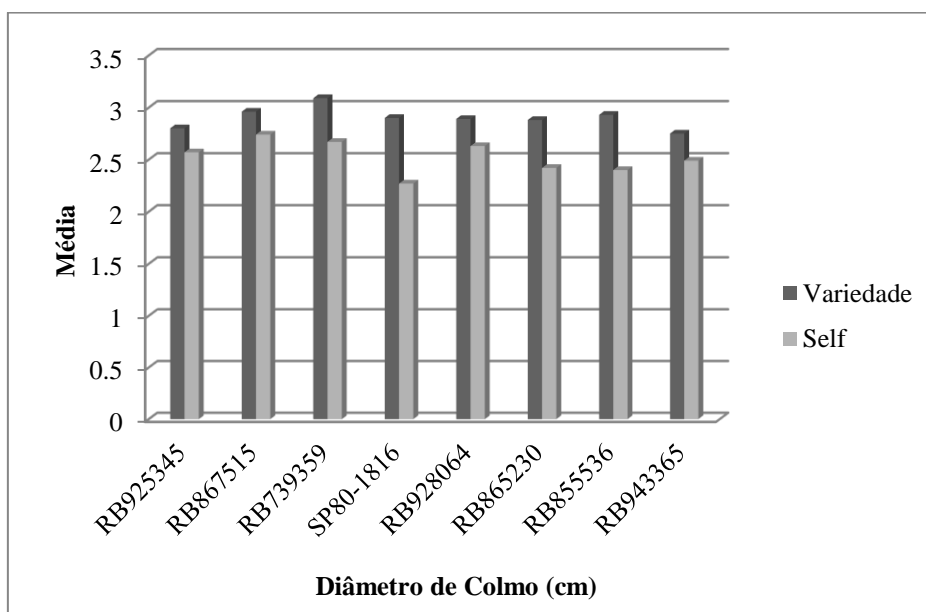


Figura 4 - Médias do Diâmetro de Colmo dos clones e selfs.

No PCC todos os *selfs* apresentaram médias inferiores às obtidas nos genitores, sendo a menor média observada de 12,5% no RB943365⊗, em contrapartida, seu genitor

apresentou a maior média com 15,56%, salienta-se que as médias obtidas variaram pouco quando se observou somente as famílias de *selfs* ou os clones separadamente. Dutra Filho (2011) relata comportamento semelhante entre os clones e *selfs* em seu estudo com médias para PCC variando entre 13,97 e 15,07%.

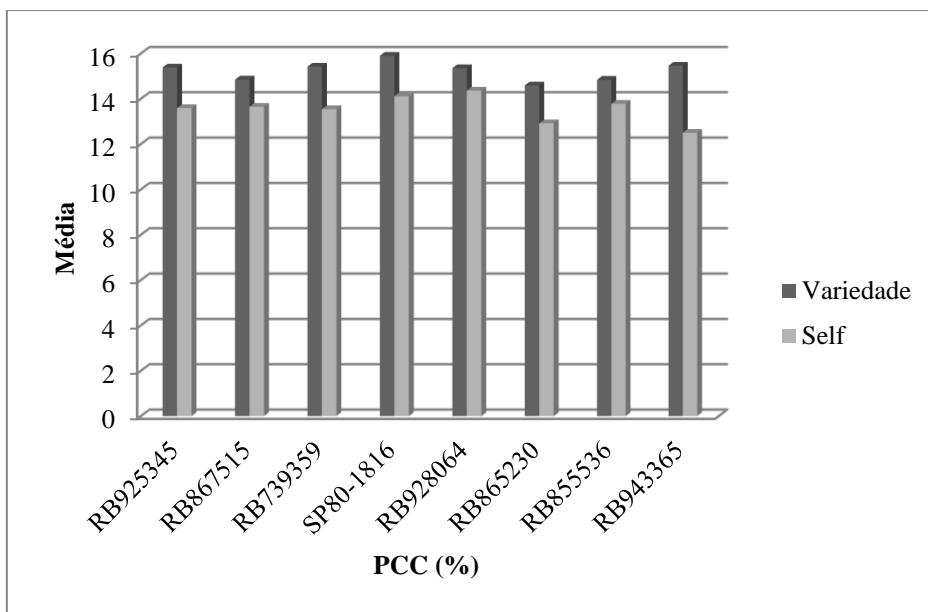


Figura 5 - Médias de porcentagem bruta de açúcar (PCC) das clones e selfs.

Com relação ao BL e BC (Figura 6) pode ser observado no geral, com exceção do RB865230⊗, que os percentuais de BC apresentam valores maiores que as de BL tanto nas leituras feitas nas famílias de clones quanto nas dos *selfs* os valores do BC e BL são menores em todos os *selfs* quando comparado aos Clones (Figura 6). Silva e Gonçalves (2011) em seu estudo com *selfs* e genitores observaram valores entre 19,9 a 14,5% para BC com a diferença que algumas famílias de *selfs* obtiveram médias superiores aos seus respectivos genitores.

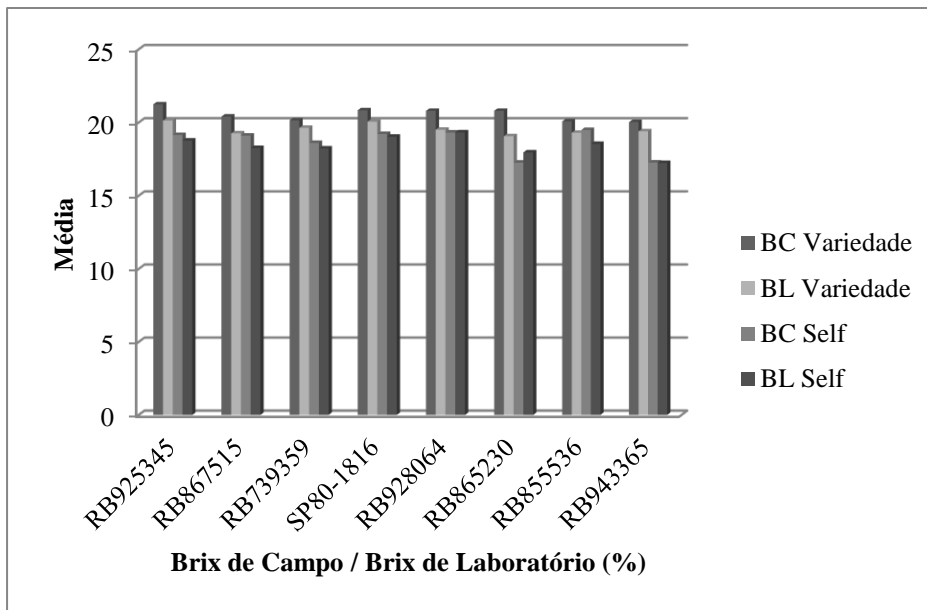


Figura 6 - Médias dos Brix de Campo (BC) e de Laboratório (BL) dos clones e selfs.

Evidencia-se quanto pode ser prejudicial o efeito da endogamia nas médias das famílias, ao analisar a variável TCH, onde ocorrem as maiores discrepâncias nas médias obtidas entre os *selfs* e seus genitores. Para todas as famílias de *selfs* estudadas houve redução na produtividade quando comparamos o *self* com o seus genitores, os *selfs* que apresentaram maior redução em sua média foram SP80-1816⊗, RB855536⊗, RB865230 e RB867515 havendo reduções entre 56 a 22 toneladas de cana-de-açúcar por hectare. Hogart (1980) e Ferreira et al. (2005), observaram em seus trabalhos a redução do caráter TCH em famílias de *selfs* e atribuíram como causa predominância da variância devido a dominância.

O melhor desempenho dentre os *selfs* para TCH foi de 81,51 tol/ha obtido pelo RB925345⊗ que apresentou médias superiores os clones RB739359, RB928064 e RB943365. Dutra Filho (2011) de maneira análoga verificou que mesmo com a redução na produtividade devido à autofecundação, foi possível observar que um dos três *selfs* avaliados em seu estudo conseguiu obter desempenho superior a um dos três clones .

Contrariando os resultados obtidos nos demais caracteres, o percentual de Fibra sofreu um aumento em sete dos oito *selfs*, apenas a RB925345 apresentou o percentual de fibras maior na variedade que no *self* com o maior valor obtido dentre todas as famílias de 11,68%, no entanto seu *self* com 11,07% apresentou desempenho similar as médias dos demais *selfs*. Nos dados obtidos por Dutra Filho (2011), o caráter Fibra não apresentou redução devidos aos efeitos de endogamia havendo aumento na média dos

selfs, reforçando a hipótese de haver predominância de variância genética aditiva controlando o caráter.

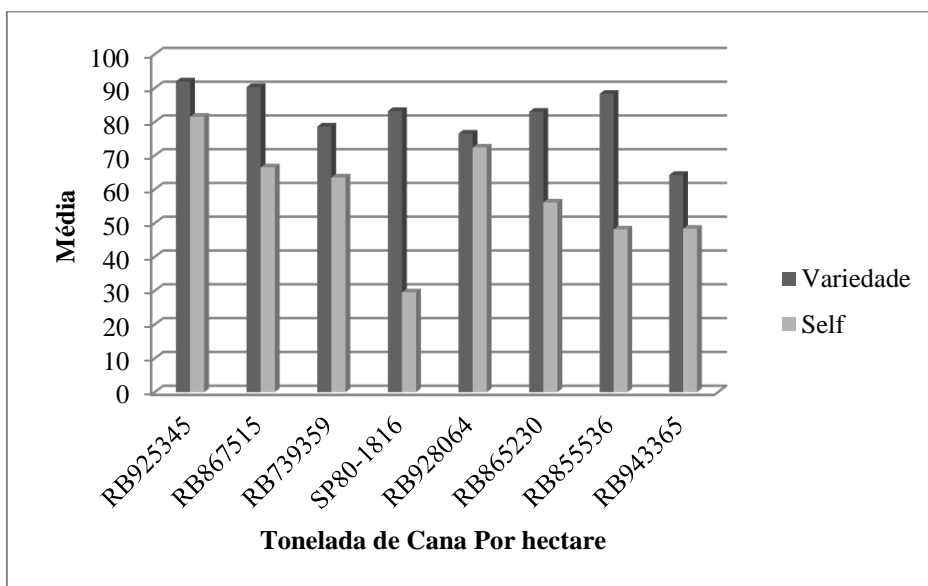


Figura 7 - Médias de toneladas de colmo por hectare nos clones e selfs.

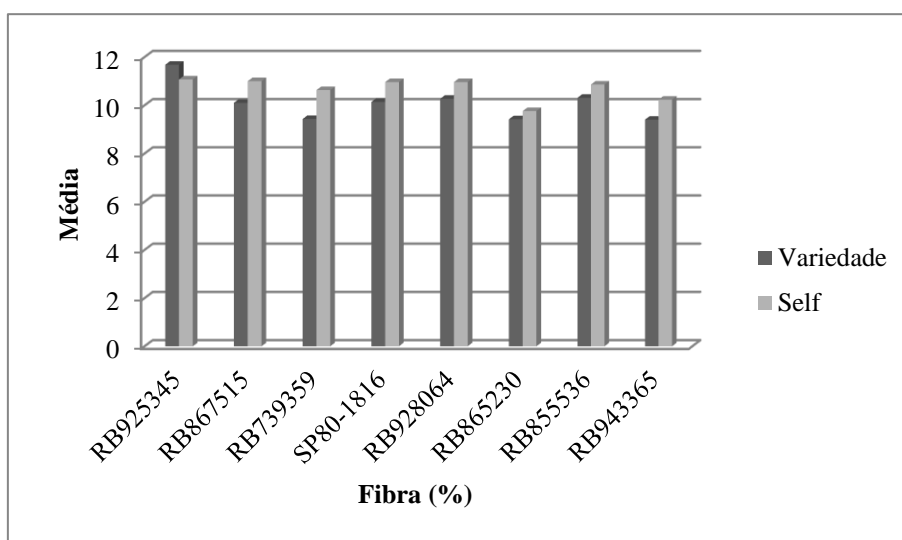


Figura 8 - Médias do percentual de Fibra nos clones e selfs.

Para a utilização do teste de Scott-Knott é necessário salientar que o mesmo foi realizado para observar o padrão de agrupamento dos clones e seus respectivos descendentes obtidos por autofecundação. Desta forma mesmo tendo adotado o efeito de genótipos sendo aleatório no modelo, para esta comparação entre os materiais faz-se uso do efeito de genótipos sendo fixo.

Para a característica NC foram formados três grupos no teste de Scott-Knott (Tabela 4), observa-se que os clones e os *selfs* da RB925365 e RB865230 ficaram no

primeiro grupo, também fizeram parte do primeiro grupo a RB855536 e RB928064⊗, o segundo grupo foi composto pelos clones e *selfs* da RB867515, RB739359 e RB943365, conjuntamente com a SP80-1816, RB928064 e RB855536. Apenas a SP80-1816⊗ ficou no terceiro grupo.

Tabela 4- Teste de agrupamento de médias Scott-Knott modificado por Bhering et al. (2008) para as características: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix

VAR/SEL	NC (UN)	PMC (KG)	BC (%)	CC (m)	DC (cm)	TCH (Tol/ha)	BL (%)	PCC (%)	FIBRA (%)
RB925345	5,10a	1,66a	21,24a	2,32a	2,80a	91,96a	20,14a	15,38a	11,68a
RB867515	4,61a	1,81a	20,41a	2,30a	2,96a	90,29a	19,26a	14,85a	10,10b
RB739359	4,60a	1,58a	20,15a	2,21a	3,09a	78,61a	19,64a	15,42a	9,43b
SP80-1816	4,55a	1,69a	20,84a	2,32a	2,90a	83,18a	20,06a	15,90a	10,14b
RB928064	4,57a	1,54a	20,80a	2,17a	2,89a	76,51a	19,51a	15,35a	10,27b
RB865230	5,35a	1,43a	20,80a	2,26a	2,88a	82,97a	19,07a	14,59a	9,42b
RB855536	4,82a	1,69a	20,08a	2,23a	2,93a	88,28a	19,30a	14,84a	10,31b
RB943365	4,32b	1,37a	20,03a	2,15a	2,75a	64,27b	19,40a	15,46a	9,40b
RB925345⊗	4,34b	1,37a	19,15b	2,22a	2,57b	81,51a	18,77b	13,59b	11,07a
RB867515⊗	3,99b	1,51a	19,11b	2,35a	2,74a	66,51b	18,26b	13,65b	11,00a
RB739359⊗	4,30b	1,30a	18,61b	2,04b	2,67b	63,51b	18,23b	13,54b	10,63a
SP801816⊗	3,14c	0,86b	19,22b	1,89b	2,27c	29,52c	19,03a	14,11b	10,96a
RB928064⊗	4,77a	1,23b	19,32b	2,04b	2,63b	72,40a	19,33a	14,36a	10,96a
RB865230⊗	5,11a	0,97b	17,26c	2,25a	2,42c	56,09b	17,96b	12,92b	9,76b
RB855536⊗	4,11b	1,06b	19,49b	2,13a	2,40c	48,12c	18,54b	13,78b	10,86a
RB943365⊗	4,78a	0,96b	17,27c	1,96b	2,49b	48,34c	17,24b	12,50b	10,23b

Médias com letras iguais na coluna pertencem ao mesmo grupo segundo o teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Para a característica PMC, o teste de Scott-knott modificado por Bhering *et. al.* (2008) formou dois grupos, os clones permaneceram no primeiro grupo, com médias variando entre 1,81 á 1,30 kg, também foram alocados no primeiro grupo os *selfs* RB925345⊗ RB867515⊗ e RB739359⊗.

Com relação a variável BL o teste formou dois grupos, com médias variando entre 20,84 á 20,03% no primeiro grupo, formado apenas por clones. Considerando a variável BC observa-se que foram formados três grupos, as médias do primeiro grupo variaram entre 20,14 e 19,03%, sendo formados pelos clones e os *selfs* SP80-1816⊗ e o RB928064⊗. Com relação ao CC (Tabela 4) foram formados dois grupos, os *selfs* RB928064⊗, SP80-1816⊗, RB739359⊗ e RB943365⊗ foram agrupados no segundo

grupo, os demais clones e *selfs* ficaram no primeiro grupo, onde as médias variaram entre 2,35 á 2,13 m.

Considerando as médias observadas para DC (Tabela 4) foram formados três grupos onde apenas o *self* RB867515⊗ foi agrupado no grupo um, juntamente com todos os clones, as médias do grupo um variaram entre 3,09 e 2,74 cm. O segundo grupo foi formado pela RB925345⊗, RB739359⊗, RB928064⊗, e RB943365⊗, e o terceiro SP80-1816⊗, RB865230⊗, RB855536⊗.

Para PCC foram formados dois grupos, as médias do primeiro grupo variaram entre 15,90 a 14,36%, sendo formado por todos os clones e pelo *self* RB928064⊗, os demais foram agrupados no segundo grupo. A variável FIB apresentou um comportamento totalmente fora do padrão dos agrupamentos anteriores, no tocante que o primeiro grupo, com médias variando entre 11,68 e 10,86 foi formado por quase todos os *selfs*, com exceção do RB943365⊗, e apenas uma variedade, a RB925345 (Tabela 4).

A variável TCH (Tabela 4) foi dividida em três grupos, o primeiro grupo com médias variando entre 91,96 á 72,4 t/há, sendo formado por todos os clones, exceto a RB943365, e os *selfs* RB925345⊗ e RB928064⊗. O terceiro grupo foi formado pelos *selfs* SP80-1816⊗, RB855536⊗ e RB943365⊗, os demais formaram o segundo grupo. Dutra Filho *et al.* (2011) ao utilizar o agrupamento de Scott-knott em três progênies endogâmicas de cana-de-açúcar também evidenciou que os clones RB864515 e RB943365 tiveram seus respectivos *selfs* agrupados em diferentes grupos, onde as médias das famílias foram menores que a de seus respectivos genitores.

O TCH é uma das principais variáveis de interesse, essa característica, que no estudo foi estimada com base em NC e PMC, aponta os *selfs* RB925345⊗ e RB928064⊗ como sendo os menos afetados dentre todos os *selfs* estudados. Pode ser observado que estes mesmos *selfs* além de apresentarem bom comportamento para TCH também apresentaram bom comportamento para outras variáveis, o RB925345⊗ obteve boas médias para PMC, CC e Fibra e o RB928064⊗ apresentou bom desempenho nas variáveis NC, BL, PCC e Fibra.

Na Tabela 5 verifica-se que o SP80-1816⊗ apresentou os menores percentuais de indivíduos superiores para as características CC (15,49%), NC (19,86%) e DC (3,57%). A RB865230⊗ atingiu baixos percentuais de S1 superiores para a maioria dos caracteres estudados. Já para BC (38,73%) a RB865230⊗ apresentou o pior comportamento (7,48%).

Tabela 5 - Percentual do número *selfs* superiores as médias dos pais para as características: comprimento de colmo (CC), Brix Campo (BC), número médio de compôs (NC) e diâmetro de colmos (DC).

Var/Self	NS	CC		BC		NC		DC	
		M	S1 Sup.(%)	M	S1 Sup.(%)	M	S1 Sup.(%)	M	S1 Sup.(%)
RB925345		2.32		21.24		5.1		2.8	
RB925345⊗	151	2.22	41.72	19.15	12.1	4.34	33.54	2.57	31.85
RB867515		2.3		20.41		4.61		2.96	
RB867515⊗	139	2.35	57.55	19.11	25.17	3.99	37.76	2.74	28.67*
RB739359		2.21		20.15		4.6		3.09	
RB739359⊗	136	2.04	47.79	18.61	28.28	4.3	42.86	2.67	17.01
SP80-1816		2.32		20.84		4.55		2.90	
SP80-1816⊗	140	1.89	15.49	19.22	25.53	3.14	19.86	2.27	3.57
RB928064		2.17		20.8		4.57		2.89	
RB928064⊗	140	2.04	42.14	19.32	26.58	4.77	46.20	2.63	25.32
RB865230		2.26		20.8		5.35		2.88	
RB865230⊗	137	2.25	37.23	17.26	7.48	5.11	41.09	2.42	9.59
RB855536		2.23		20.08		4.82		2.93	
RB855536⊗	139	2.13	41.01	19.49	38.73	4.11	52.11	2.401	9.86
RB943365		2.15		20.03		4.32		2.748	
RB943365⊗	131	1.96	23.66	17.27	8.89	4.78	54.82	2.493	23.7
S1Sup.(%) _{MED}			38.32		21.6		41.03		18.7
GS (%)			1.68		0		11.97		1.37

NS, M, S1 Sup.(%) siglas referentes ao número de *selfs*, médias e percentual de *selfs* com médias superiores aos pais respectivamente.

Considerando o CC a RB867515⊗ (57,55%) atingiu os maiores percentuais de indivíduos superiores e também o segundo melhor percentual para DC (28,67%), onde a RB925345⊗ (31,85 %) foi a de maior percentual (Tabela 5). A RB855536⊗ obteve os melhores percentuais para BC (38,73%) e o segundo melhor percentual para a característica NC (52,11%), sendo que a RB943365⊗ (54,82%) foi a que apresentou os maiores percentuais para a característica citada anteriormente. Em termos de desempenho geral a RB928064⊗, RB739359⊗, RB867515⊗ e RB855536⊗ apresentaram bons desempenhos.

Pode ser observado que mesmo fazendo uso de uma seleção combinada, com uma taxa de seleção de $i = 10\%$ (Tabela 5 e Anexo 1), só foram selecionados os genótipos de uma família para caráter estudado. A variável NC foi a que obteve os maiores percentuais de GS e de S1(%) superior sendo selecionados os *selfs* da RB865230⊗. Para os caracteres CC e DC apresentaram GS de 1.68 e 1.37% respectivamente sendo todos os genótipos selecionados pertencem aos *Selfs* da RB867515⊗. Os *selfs* da SP80-1816⊗ foram selecionados para o caráter BC que não apresentou ganho por seleção.

Verifica-se na Tabela 5 que, apesar dos *selfs* apresentarem médias estatisticamente inferiores aos pais para a grande maioria das características (Tabela 3), ao considerar o comportamento individual dentro das parcelas avaliadas em relação às médias dos respectivos pais, encontram-se vários indivíduos de comportamento superior. Este fato pode ser justificado porque quando se avalia a média geral da família existem genótipos com maior acúmulo de alelos favoráveis que possuem comportamento igual ou superior ao genitor, porém, a média da família pode estar sendo subestimada devido ao grande número de indivíduos que possuem alelos desfavoráveis ou ainda devido aos efeitos de interações gênicas e/ou alélicas.

Para a variável NC, o SP80-1816⊗ apresentou o maior percentual de depressão endogâmica (Tabela 6), enquanto que o RB928064⊗ e RB943365⊗ apresentaram valores negativos, significando que a autofecundação gerou vigor para a característica em questão. Em PMC o valor de depressão endogâmica entre as médias das famílias de *selfs* situaram-se entre 16,88 a 49,20%, verificando-se que a média de todos os *selfs* para a característica foram afetadas. Os *selfs* da variedade SP80-1816⊗ apresentaram os maiores valores de depressão por endogamia PMC e os da RB867515⊗ os menores. Considerando a variável BC os valores estimados ficaram entre 2,92 a 17,01% observados nos *selfs* da RB855536⊗ e RB86523⊗ respectivamente.

Considerando a variável CC, a média dos *selfs* da variedade SP80-1816⊗ apresentaram a maior depressão endogâmica, o *self* RB865230⊗ obtiveram valor próximo de zero, os *selfs* RB867515⊗ apresentaram baixo vigor. Em DC, os percentuais oscilaram entre 7,41 a 21,89% de maneira análoga a variável CC os *selfs* que apresentaram melhor e pior comportamento foram RB867515⊗ e SP80-1816⊗, respectivamente (Tabela 6).

A depressão endogâmica média para TCH (Tabela 6) de 28,67% foi a maior dentre todos os caracteres estudados o que atingiu maiores percentuais de depressão endogâmica, os percentuais atingidos pelo SP80-1816⊗ (64.51%) foram os maiores e o menor valor RB928064⊗ (5.13%). Os estudos de Hogart (1997) e Bastos (2003) apontam que há predominantemente a efeitos gênicos não-aditivos no controle do caráter TCH, corroborando os altos percentuais obtidos neste estudo.

Tabela 6 - Depressão endogâmica em porcentagem DE (%) com base nos nove caracteres: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix medido no laboratório (BL), porcentagem de pol no caldo de cana (PCC) e fibra (FIB)

Self	NC	PMC	BC	CC	DC	TCH	BL	PCC	FIB
	-----DE(%)-----								
RB925345⊗	14.90	17.66	9.83	4.03	8.41	11.35	6.81	11.65	5.17
RB867515⊗	13.45	16.88	6.39	-2.44	7.48	26.33	5.19	8.14	-8.88
RB739359⊗	6.52	18.08	7.66	7.44	13.79	19.2	7.2	12.2	-12.74
SP80-1816⊗	30.99	49.2	7.75	18.48	21.89	64.51	5.13	11.26	-8
RB928064⊗	-4.38	19.92	7.12	5.6	8.84	5.32	0.95	6.48	-6.72
RB865230⊗	4.49	32.46	17.01	0.22	15.9	32.39	5.84	11.44	-3.61
RB855536⊗	14.73	37.26	2.92	4.7	18.13	45.49	3.92	7.11	-5.34
RB943365⊗	-10.65	30.02	13.77	8.62	9.27	24.78	11.12	19.13	-8.75
DE _{MED} (%)	8.76	27.69	9.06	6.65	10.92	28.67	5.77	10.92	-6.11

$$DE(\%) = [(P1-S1)/P1] \times 100.$$

A depressão endogâmica média para TCH (Tabela 6) de 28,67% foi a maior dentre todos os caracteres estudados o que atingiu maiores percentuais de depressão endogâmica, os percentuais atingidos pelo SP80-1816⊗ (64.51%) foram os maiores e o menor valor RB928064⊗ (5.13%). Os estudos de Hogart (1997) e Bastos (2003) apontam que há predominantemente a efeitos gênicos não-aditivos no controle do caráter TCH, corroborando os altos percentuais obtidos neste estudo.

Mesmo com elevados percentuais de depressão para variável TCH, e possível selecionar genótipos de melhores desempenhos para obter uma nova população de recombinação dentro de um programa de seleção recorrente intrapopulacional. Os resultados obtidos por Jenkins (1935), Cabrera (2001) e Maluf (2001) com diferentes culturas, evidenciam que elevados níveis de depressão por endogamia podem ser restaurados com a recombinação das progênies.

O BL (Tabela 6) apresentou percentuais de depressão endogâmica entre 0,95 a 11,12% com média de 5.77 %, sendo o menor valor obtido pelos *selfs* da RB928065⊗, e o maior do RB943364⊗, apesar dos valores de máximo e mínimo serem semelhantes a BC, os *selfs* de melhor e pior comportamento foram diferentes. Hogarth (1980), Ferreira *et al.* (2005), Cassalett *et al.*, (1996) observaram que o brix foi a característica menos afetada pela depressão endogâmica.

Em PCC os percentuais ficaram entre 6,48 a 19,13% (Tabela 6) valores correspondentes aos *selfs* RB943365⊗ e RB928064⊗, respectivamente. Lima et al., (1984), em seu estudo com milho, observaram que depois de uma geração de autofecundação o percentual de depressão endogâmica variou de 27 a 59,9% para produção de grãos 6,6 a 20,3% para altura de planta e de 6,9 a 27,4% para comprimento de espiga.

A variável fibra (Tabela 6) foi a única, cuja média geral de DE apresentou valores que apontam melhora no caráter. Ao considerar o desempenho geral desempenho na apenas o RB925345⊗ apresentou valores positivos, os demais *selfs* apresentaram vigor se comparados com os seus genitores, sendo um indício que a autofecundação pode ser uma estratégia para se a melhora dos percentuais de fibra nas famílias. O RB867515⊗ apresentou o maior vigor dentre todos os *selfs* avaliados, com percentual de DE estimado em -12,74%.

A SP80-1816⊗ e RB943365⊗ apresentaram elevados percentuais de depressão endogâmica para quase todos os caracteres estudados. Castro (2002) ao avaliar clones de cana-de-açúcar obtidos por diferentes sistemas de acasalamento chegou à conclusão de que é possível inferir sobre a carga genética dos genitores com base em suas progênes endogâmicas, ou seja, quanto maior a carga genética dos pais, maiores valores de depressão endogâmica serão observados na média da progênie, sendo um critério na predição de genitores para possíveis cruzamentos futuros.

Com base nos resultados obtidos deveriam ser selecionadas as famílias com menores percentuais de depressão endogâmica para fibra e as demais características de interesse agrônômico, sendo selecionados os melhores genótipos dentro destas famílias, que poderiam ser utilizados diretamente, ou ainda, utilizar os melhores genótipos para formar uma população base do programa de melhoramento fazendo uso de seleção recorrente recíproca intrapopulacional em S1(SRR-S1).

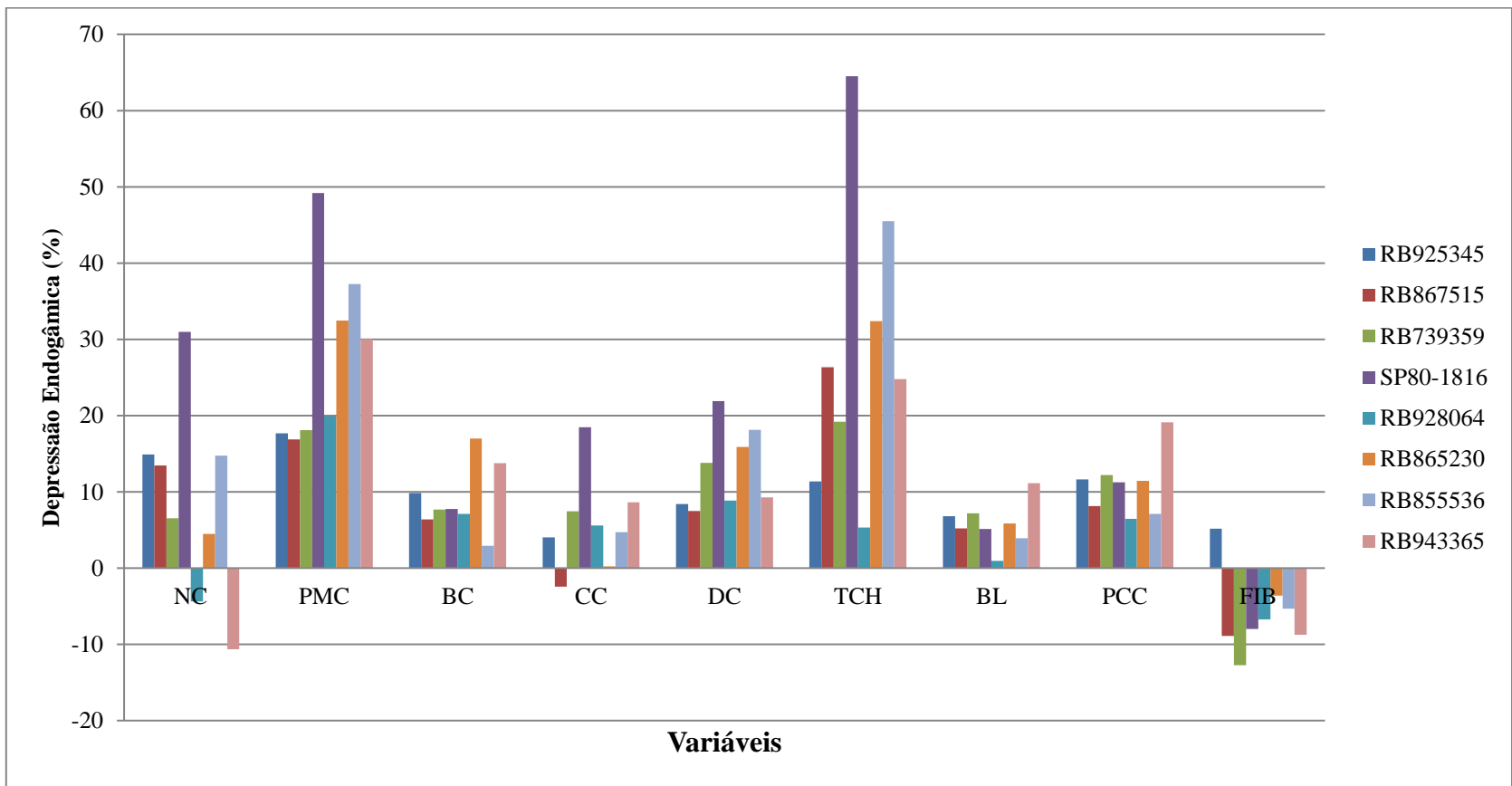


Figura 9 - Depressão endogâmica (%) em oito selfs de cana-de-açúcar para as variáveis: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), brix medido no laboratório (BL), porcentagem de pol no caldo de cana (PCC) e fibra (FIB).

Tabela 7 - Correlações fenotípicas para os caracteres: número de colmos (NC), peso médio de colmos (PMC), brix medido no campo (BC), comprimento de colmo (CC), tonelada de colmo por hectare (TCH), briz medido no laboratório (BL) e fibra (FIB).

	PMC	BC	CC	DC	TCH	BL	FIBRA
NC	-0.04	0.54	0.44	-0.08	0.57	-0.11	0.29
PMC	-	0.15	0.69	0.43	0.80*	0.3	0.52
BC		-	0.58	-0.30	0.45	0.53	0.65
CC			-	0.09	0.82*	0.45	0.53
DC				-	0.28	-0.11	-0.29
TCH					-	0.19	0.64
BL						-	0.63

*significante a uma probabilidade de 5%

Considerando as correlações fenotípicas relacionadas com a variável TCH (Tabela 7) observa-se que as variáveis PMC e CC correlacionam-se significativamente ($P < 0,05$), em termos práticos, as famílias com maiores valores de TCH estavam associados aos maiores valores de PMC e CC.

6. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos foi possível concluir:

- Com a autofecundação dos clones ocorre redução das médias e aumento da variância nas famílias de *selfs* para todas as características com exceção de Fibra.
- Os clones SP80-1816 e RB943365 apresentam elevada carga genética.
- A seleção deve ser feita com maior intensidade dentro das famílias RB867515⊗, RB928064⊗, RB739359⊗ e RB855536⊗.

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agência de Informação Embrapa. Disponível em: <<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br>>. Acesso em: 29 set. 2012. **BALANÇO NACIONAL DE CANA-DE-AÇÚCAR E AGROENERGIA** - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Produção e Agroenergia – Brasília, MAPA/SPA/E, 2007, 139 p.
- ALBINO, J. C.; CRESTE, S.; FIGUEIRA, A. Mapeamento genético da cana-de-açúcar. *Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento*, vol.36, p.82-91, 2006.
- BARBOSA, G. V. S.; SOUZA, A. J. R.; ROCHA, A. M. C.; RIBEIRO, C. A. G.; FERREIRA, J. L. C.; SOARES, L.; CRUZ, M. M.; SILVA, W. C. M. **Novas variedades RB de cana-de-açúcar para Alagoas**. Maceió: UFAL; 2000. 16p. Boletim Técnico Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar.
- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **STAB, Açúcar, Álcool e Subprodutos**, vol.18, p.30-32, 2000.
- BARBOSA, M.H.P.; SILVEIRA, L.C.I. Melhoramento Genético e Recomendação de Cultivares. In: Santos, F.; Borém, A. e Caldas, C. Editores. **Cana-de-açúcar: Bioenergia, Açúcar e Álcool - Tecnologias e Perspectivas**. Viçosa, MG – Suprema, 2010, 578p.
- BASTOS, I. T et al. Análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar. *Bragantia*, vol.62, p.199-206, 2003.
- BHERING, L.L.; CRUZ, C.D.; VASCONCELOS, E.S.; FERREIRA, A.; RESENDE JÚNIOR, M.F.R. Alternative methodology for Scott-Knott test. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, vol.8, p.9-16, 2008.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. Endogamia e Heterose. In: **Melhoramento De Plantas**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2009, p.303-320.

- BRASIL. **Anuário Estatístico da Agroenergia**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. – Brasília: Mapa/ACS, 2009. 160p. Disponível em <http://www.agricultura.gov.br/images/MAPA/arquivos_portal/anuario_cana.pdf> Acesso em: 15 de Fev.. 2012.
- BRESSIANI, J.A.; DA SILVA, J.A.; VENCovsky, R.; SORDI, R.A.; BURNQUIST W. L. Combining high yields of cane and sucrose in sugarcane through Recurrent selection. **Journal American Society Sugar Cane Technologists**, v. 26, p.26-37, 2006.
- BUENO FILHO, J.S.S. **Seleção combinada versus seleção sequencial no melhoramento de populações florestais**. 1992, 96 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba,1992.
- CABRERA, A.C. **Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a produção de híbridos simples de milho**. 2001. 134 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.
- CALIJA, V.; HIGGINS, A.J.; JACKSON, P.A. BIELING, L.M.; COOMANS, D. An operations research approach to the problem o the sugarcane selection. **Annals of Operations Research**, vol.108, p.123-142, 2001.
- CASTRO, R.D. **Análise biométrica de clones de cana-de-acúcar obtidos por diferentes sistemas de acasalamento**. 2002. 44 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2002.
- CARR, D. E.; DUDASH, M. R. Recent approaches into the genetics basis of inbreeding depression in plants. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**. p.1071-1084, 2003.
- CASSALETT, C.; VIVEROS, C. A.; PIZZA, L. R. Self-polinization in sugarcane Hybrids *Sccharum sp*. In: INTERNATIONAL SOCIETY OF SUGARCANE

- TECHNOLOGISTS CONGRESS, 1995, Cartagena. **Proceedings**. Cartagena ISSCT. p.312-315, 1996.
- COMSTOCK R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**. vol.41, p.360-367, 1949.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **PROSPECÇÃO DE MERCADO** 2012/13. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_09_11_16_41_03_prosp_eccao_12_13.pdf>. Acessado em 19 Set. 2012.
- COSTA, M.C.G. **Distribuição e crescimento radicular em soqueiras de cana-de-açúcar: dois cultivares em solos com características distintas**. 2005. 88 f. Tese (Doutorado em Agronomia) Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- COX, M.C., D.M. HOGARTH, AND P.B. HANSEN. Breeding and selection for high early sugar content in a sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) improvement program. **Australian Journal of Agriculture Research**. p.1569-1575, 1994.
- CESNIK, R. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Brasília: Embrapa Informações Tecnológicas, 2004, 307p.
- CESNIK, R. **Melhoramento da cana-de-açúcar: marco sucro-alcooleiro no Brasil**. Disponível em: <http://www.cnpma.embrapa.br/down_hp/344.pdf>. Acessado em em 18 de Fev. 2012.
- CHARLESWORTH, B.; CHARLESWORTH, D. The genetic basis of in-breeding depression. **Genetical Research**. p.329–340, 1999.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). 2006, 382p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. vol 2, Viçosa: Editora UFV, 2012, 516p.
- CRONQUIST, A. **An integrated system of classification of flowering plants**. New York: Columbia University Press. 1981, 1262p.

- DUTRA FILHO, J.A.; MELO, L.J.O.T.; RESENDE, L.V.; ANUNCIACÃO FILHO, C.J. ; BASTOS, G.Q. Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. **Revista Ciência Agronômica**. vol.42, p. 185-192, 2011.
- FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987, 279p.
- FERREIRA, F.M.; BARBOSA, M.H.E.P.; CASTRO, R.D.; PETERNELLI, L.A.; CRUZ, C.D. Effects of inbreeding on the selection of sugar clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. vol.5, p.174-182, 2005.
- FUTUYMA, D. J. **Biologia evolutiva**. 2^a ed. Ribeirão Preto-SP, SBG, 1992, 631p.
- GRAALBIO. **GraalBio anuncia a primeira planta de etanol celulósico do Hemisfério Sul**. Disponível em: <http://graalbio.com/graalbio/wp-content/uploads/2012/05/Primeira_planta_de_etanol_celulosico.pdf>. Acessado em em 19 de Out. 2012.
- GRIFFITHS, A, J.F.; NMILLER, J.H.; SUZUKI, D.T.; LEWONTIN, R.C.; GILBART, W. M. **Introdução à genética**. 7 ed. Guanabara Koogan, Rio de Janeiro-RJ, 2000, 794p.
- GRIVET, L.; ARRUDA, P. Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an importante tropical crop. **Current Opinion in Plant Biology**. p.122-127, 2001.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 13. ed. Piracicaba: USP, 1990, 467p.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.3, p.207-233, 1980.
- HO, C.Y. **Contributions to improve the effectiveness of breeding, selection and planting recommendations of Hevea brasiliensis Muell. Arg. Ghent**. 1979. 341 f. Tese (PhD in Genetics). Faculteit van de Landbouwwetenschappen- Rijksuniversiteit Gent. Belgium, 1979.
- HOGART, D.M. The effect of accidental selfing on the analysis of a diallel cross with sugar cane. **Euphytica**, vol.29, p.737-746, 1980.

- HOGARTH, D.M.; COX, M.C.; BULL, J.K. Sugarcane improvement: Past achievements and future prospects. In: KANG, M.S. **Crop Improvement for the 21st Century**. Baton Rouge: Louisiana State University, p.29-56, 1997.
- HUSBAND, B. C.; SCHEMSKE, D. E. The effect of inbreeding in diploid and tetraploid populations of *Epilobium augustifolium*. **Evolution**. p.737-746, 1997.
- JACKSON, P.A.; McRAE, T.A.; HOGARTH, D.M. Selection of sugarcane families across variable environments, I. Sources of variation and an optimal selection index. field. **Crops Research**, vol. 43, p.109-118, 1995.
- JENKINS, M. T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Journal of Science**. vol.9, p.429-450, 1935.
- KIMBENG, C.A.; Cox, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal of American Society of Sugarcane Technologists**. vol.23, p.20-39, 2003.
- LIMA, M., MIRANDA FILHO, J. B., GALLO, P. B. Inbreeding depression in brasilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**. vol. 29, p. 203-215, 1984.
- LINCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998, 980p.
- MALUF, W.R. Heterose e emprego de híbridos F1 em hortaliças. In: NASS, L.L.; A.C.C. VALOIS; I.S. MELO & M.C. VALADARES (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento – Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p.327-356, 2001.
- MATSUOKA, S.; GARCIA, A.A.A.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005.
- MOZAMBANI, A.E.; PINTO, A.S.; SEGATO, S.V.; MATTIUZ, C.F.M. História e Morfologia da cana-de-açúcar. In: SEGATO, S. V.; PINTO, A. S.; JENDIROBA, E.;

- NÓBREGA, J. C. M. (Org.). **Atualização em produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba: CP 2, 2006, 415p.
- PAIVA, J. R. De. **Variabilidades enzimática em populações naturais de seringueira (Hevea brasiliensis (willd. Ex Adr. De Juss) Muell. Arg.)**. 1992. 145 f. Tese (Doutorado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.
- PANDEY, A.; SOCCOL, C.R.; NIGAM, P.; SOCCOL, V.T. Biotechnological potential of agro-industrial residues: sugarcane bagasse. **Bioresource Technology**, p.69-80, 2000.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba: ESALQ, cap.6, p.202-246, 1978.
- PEDROZO, C.A.; BARBOSA, M.H.P; RESENDE, M.D.V; PETERNELLI, L.A; COSTA, P.M.A; SILVA, F.L. Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. **Revista Ceres**. p.01-08, 2008.
- QIJUN, H.; DEBO, L.; DENGGAO, L.; RUKAI, C. The Combining Ability Analysis of Sugarcane Breeding for Biomass. **SUGARCANE**. p.188-212, 1998.
- RAUSH, J.H.; MORGAN, M.T. The effect of self-fertilization, inbreeding depression, and population size on autopolyploid establishment. **Evolution**, p.1867-1875, 2005.
- RIDESA: Rede Interuniversitária Para o Desenvolvimento do Setor Sulcroenergético: Melhoramento Genético. Disponível em: <
<http://www.ridesa.com.br/?pagina=melhoramento> > Acesso em: 15 de Fev.. 2012.
- REIS, A.J.S.; O Melhoramento Genético e a Expansão da Cana-de-açúcar no Bioma cerrado. **Revista UFG**, Ano X, n.7, p.14-17, 2009.

- RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M.H.P. Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada. **Embrapa Informação Tecnológica** : Colombo, 2005, 130p.
- ROACH, B.T.; DANIELS, J. A review of the origin e improvement of sugarcane. In: **Copersucar International Sugarcane Breeding Workshop**. São Paulo: Copersucar. p.1-31, 1987.
- ROJAS, C.R. **Efecto de Una Generacion de Endogamia Sobre Caracteres Vegetativos Y Productivos En Yuca (*Manihot esculenta Crantz*)**. 2007. 67 f. Dissertação (Maestría en ciencias Agrarias). Universidad Nacional de Colombia Sede, Colombia, 2007.
- SCHIFINO-WITTMANN, M.T. Poliploidia e seu impacto na origem e evolução das plantas silvestres e cultivadas. **Revista Brasileira Agrocência**, Pelotas, v.10, n.2, p.151-157, 2004.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis method for grouping in the analysis of variance. **Biometrics**. vol.30, n.3, p.507-512, 1974.
- SILVA, M.A.; GONÇALVES, P.S.; Inbreeding in sugarcane varieties. **Ciência Rural**, vol.41, p.580-586, 2011.
- SOLTIS, P.S.; SOLTIS, D.E. The role of genetic and genomic attributes in the success of polyploids. **Proceedings of the National Academy of Sciences**. p.7051-7057, 2000.
- SOUZA JR., C.L. **Melhoramento de espécies de reprodução vegetativa**. Publicação didática, Departamento de Genética, Piracicaba: Esalq/USP. 41p. 1995.
- STUPIELLO, J.P. Conversando com a cana. STAB. **Áçúcar, Álcool e Subprodutos**. Piracicaba, vol.20, n.6, p.38, 2002.
- SUKARSO, G.; SASTROWIJONO S. **Recurrent selection for large stalk size of sugarcane**. Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technology. vol. 21, 1995. p. 397-403.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. Porto Alegre: Artmed, 2004, 719p.

VEIGA, C.F.M. **Influência do ambiente na fase inicial de seleção de progênies de cana-de-açúcar**. 1992. 122 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 1992.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992, 496p.

Anexo 1- Número do self selecionado (N), bloco (R), Família (F), Touceira (P), valor fenotípico (VF) e média dos selfs selecionados (\bar{X}_s), para as variáveis comprimento de colmo (CC), brix aferido a campo (BC), número médio de colmos por touceira (NC) e diâmetro médio de colmo

CC					BC					NC					DC				
N	R	F	P	VF	N	R	F	P	VF	N	R	F	P	VF	N	R	F	P	VF
1	1	2	1	3.3	1	1	4	1	19.2	1	1	6	1	4	1	1	2	1	2.31
2	1	2	2	2.55	2	1	4	2	21.6	2	1	6	2	5	2	1	2	2	2.48
3	1	2	3	3.3	3	1	4	3	22	3	1	6	3	3	3	1	2	3	2.51
4	1	2	4	1.9	4	1	4	4	20.8	4	1	6	4	4	4	1	2	4	2.34
5	1	2	5	1.5	5	1	4	5	11	5	1	6	5	6	5	1	2	5	3.01
6	1	2	6	2	6	1	4	6	18.2	6	1	6	6	9	6	1	2	6	2.6
7	1	2	7	2.28	7	1	4	7	17	7	1	6	7	2	7	1	2	7	1.87
8	1	2	8	2.12	8	1	4	8	20.2	8	1	6	8	3	8	1	2	8	2.5
9	1	2	9	1.7	9	1	4	9	20	9	1	6	16	4	9	1	2	9	2.42
10	1	2	10	1.8	10	1	4	15	21	10	2	6	1	8	10	1	2	13	2.73
11	1	2	13	2.3	11	1	4	16	20	11	2	6	2	14	11	1	2	15	2.54
12	1	2	14	1.8	12	1	4	17	19.8	12	2	6	3	3	12	1	2	16	2.24
13	1	2	15	3.06	13	1	4	18	17.2	13	2	6	4	5	13	1	2	17	2.52
14	1	2	16	1.9	14	1	4	19	21	14	2	6	5	5	14	2	2	1	2.51
15	1	2	17	1.4	15	2	4	1	17	15	2	6	6	6	15	2	2	2	3.18
16	1	2	18	2.48	16	2	4	2	19	16	2	6	7	6	16	2	2	3	2.63
17	1	2	19	2.35	17	2	4	3	13	17	2	6	8	1	17	2	2	4	2.89
18	1	2	20	1.72	18	2	4	4	16	18	2	6	9	8	18	2	2	5	3.33
19	1	2	21	1.82	19	2	4	5	16	19	2	6	10	5	19	2	2	6	3.66
20	2	2	1	2.44	20	2	4	6	21	20	2	6	11	4	20	2	2	7	2.82
21	2	2	2	1.47	21	2	4	8	19.8	21	2	6	12	6	21	2	2	8	2.33
22	2	2	3	2.34	22	2	4	9	20	22	2	6	13	7	22	2	2	9	3.19
23	2	2	4	2.67	23	2	4	10	18	23	2	6	14	2	23	2	2	10	2.39
24	2	2	5	1.16	24	2	4	11	20.2	24	2	6	15	3	24	2	2	11	2.48
25	2	2	6	1.22	25	2	4	12	21	25	2	6	16	6	25	2	2	12	2.96
26	2	2	7	1.87	26	2	4	13	19.2	26	2	6	17	4	26	2	2	13	2.24
27	2	2	8	1.55	27	2	4	14	19.4	27	2	6	18	2	27	2	2	14	3.39
28	2	2	9	1.2	28	2	4	15	21	28	2	6	19	3	28	2	2	15	3
29	2	2	12	1.9	29	2	4	16	20	29	2	6	21	7	29	2	2	16	2.18
30	2	2	13	2.2	30	2	4	17	21.2	30	2	6	22	8	30	2	2	17	1.86
31	2	2	14	2.3	31	2	4	18	20.8	31	2	6	23	3	31	2	2	18	1.84
32	2	2	15	2.26	32	2	4	19	21.2	32	3	6	1	3	32	2	2	20	1.92
33	2	2	16	2.63	33	2	4	20	19.2	33	3	6	2	10	33	2	2	21	1.69
34	2	2	17	2.6	34	2	4	21	19.8	34	3	6	3	1	34	2	2	22	2.85
35	2	2	18	2.47	35	2	4	22	20	35	3	6	4	2	35	2	2	23	1.97
36	2	2	20	2.42	36	2	4	23	21.4	36	3	6	5	9	36	3	2	2	2.49
37	2	2	21	2.83	37	3	4	1	19.6	37	3	6	6	3	37	3	2	3	2.63
38	3	2	2	1.87	38	3	4	2	17	38	3	6	7	2	38	3	2	4	2.23
39	3	2	3	1.6	39	3	4	3	20	39	3	6	8	7	39	3	2	5	1.95
40	3	2	4	1.55	40	3	4	4	20.2	40	3	6	9	3	40	3	2	6	2.98
41	3	2	5	1.35	41	3	4	5	20.2	41	3	6	10	8	41	3	2	8	3.44
42	3	2	6	2.42	42	3	4	6	21	42	3	6	11	5	42	3	2	10	1.68
43	3	2	8	2.9	43	3	4	7	20.6	43	3	6	12	11	43	3	2	13	2.16

Continua...

44	3	2	10	1.86	44	3	4	8	20	44	3	6	13	3	44	3	2	14	2.41
45	3	2	13	3.02	45	3	4	9	18	45	3	6	14	5	45	3	2	15	2.55
46	3	2	14	3.1	46	3	4	10	20	46	3	6	17	6	46	3	2	16	2.48
47	3	2	15	2.5	47	3	4	12	21	47	3	6	18	8	47	3	2	17	2.87
48	3	2	16	2.1	48	3	4	13	16	48	3	6	19	4	48	3	2	18	2.16
49	4	2	1	2.6	49	3	4	14	15.2	49	3	6	20	1	49	3	2	19	2.78
50	4	2	2	2.4	50	3	4	15	12.4	50	3	6	21	3	50	4	2	1	2.84
51	4	2	3	2.13	51	3	4	16	21.8	51	3	6	22	6	51	4	2	2	3.78
52	4	2	4	2.8	52	3	4	17	21.2	52	4	6	1	6	52	4	2	3	3.14
53	4	2	5	2.65	53	3	4	18	21.2	53	4	6	2	2	53	4	2	4	2.34
54	4	2	6	1.84	54	3	4	19	21	54	4	6	3	8	54	4	2	5	3.31
55	4	2	7	2.2	55	3	4	20	22.2	55	4	6	4	2	55	4	2	6	2.92
56	4	2	8	2.5	56	3	4	21	17.2	56	4	6	5	2	56	4	2	7	2.66
57	4	2	9	2.74	57	3	4	22	21.4	57	4	6	6	14	57	4	2	8	2.72
58	4	2	10	2.25	58	3	4	23	21.6	58	4	6	7	3	58	4	2	9	2.63
59	4	2	11	2.03	59	4	4	2	20.2	59	4	6	8	10	59	4	2	10	2.73
60	4	2	12	2.64	60	4	4	3	14	60	4	6	9	6	60	4	2	11	2.72
61	4	2	13	2.8	61	4	4	4	19.8	61	4	6	10	4	61	4	2	12	3.14
62	4	2	14	2.18	62	4	4	5	19.4	62	4	6	12	6	62	4	2	13	2.84
63	4	2	15	2.6	63	4	4	6	18.2	63	4	6	13	6	63	4	2	14	2.86
64	4	2	16	2.2	64	4	4	7	22	64	4	6	15	6	64	4	2	15	2.63
65	4	2	17	2.96	65	4	4	9	20.2	65	4	6	16	6	65	4	2	16	2.69
66	4	2	18	2.05	66	4	4	10	16	66	4	6	17	7	66	4	2	17	2.2
67	4	2	19	2.7	67	4	4	11	21	67	4	6	18	4	67	4	2	18	3.6
68	4	2	20	2.65	68	4	4	12	27	68	4	6	19	4	68	4	2	19	4.04
69	4	2	21	2.34	69	4	4	13	17.6	69	4	6	20	4	69	4	2	20	2.71
70	4	2	22	2.7	70	4	4	14	22	70	4	6	21	2	70	4	2	21	3.13
71	5	2	1	2.32	71	4	4	15	19.8	71	4	6	22	2	71	4	2	22	3.23
72	5	2	2	2.6	72	4	4	16	21.2	72	5	6	1	13	72	4	2	23	2.32
73	5	2	3	1.26	73	4	4	17	20.4	73	5	6	3	7	73	4	2	24	2.63
74	5	2	4	2.23	74	4	4	18	20	74	5	6	4	5	74	5	2	1	2.12
75	5	2	5	21	75	4	4	20	20	75	5	6	5	6	75	5	2	2	3.37
76	5	2	6	1.55	76	4	4	21	17.6	76	5	6	6	3	76	5	2	3	2.43
77	5	2	7	2.04	77	5	4	1	12	77	5	6	7	2	77	5	2	4	1.37
78	5	2	8	2.63	78	5	4	2	16	78	5	6	8	6	78	5	2	5	3.48
79	5	2	9	2.32	79	5	4	3	19	79	5	6	9	3	79	5	2	6	2.91
80	5	2	10	1.88	80	5	4	4	21	80	5	6	10	4	80	5	2	7	3.12
81	5	2	11	1.6	81	5	4	5	17	81	5	6	11	7	81	5	2	8	2.21
82	5	2	12	2.4	82	5	4	6	20	82	5	6	12	8	82	5	2	9	2.07
83	5	2	13	1.55	83	5	4	7	18.8	83	5	6	13	11	83	5	2	10	3.17
84	5	2	14	2.23	84	5	4	8	20	84	5	6	14	8	84	5	2	11	3.22
85	5	2	15	1.9	85	5	4	9	19.8	85	5	6	15	7	85	5	2	12	2.5
86	5	2	16	1.2	86	5	4	10	18	86	5	6	16	2	86	5	2	13	2.13
87	5	2	17	1.13	87	5	4	11	19.8	87	5	6	17	8	87	5	2	14	2.28
88	5	2	18	2.2	88	5	4	12	19	88	5	6	18	5	88	5	2	15	4.05
89	5	2	19	2.05	89	5	4	15	21.8	89	5	6	19	3	89	5	2	16	2.67
90	5	2	20	1.41	90	5	4	16	20	90	5	6	20	2	90	5	2	17	2.51
91	5	2	21	2.6	91	5	4	17	17	91	5	6	21	5	91	5	2	18	2.62
92	5	2	22	2.6	92	5	4	18	18.2	92	5	6	22	5	92	5	2	19	2.62
93	5	2	23	2.92	93	5	4	19	20	93	5	6	23	2	93	5	2	20	2.48
94	6	2	3	2.5	94	5	4	20	18.2	94	6	6	1	5	94	5	2	21	1.82

Continua...

95	6	2	4	2.2	95	5	4	21	13	95	6	6	2	9	95	5	2	22	3
96	6	2	5	3.2	96	6	4	1	21	96	6	6	3	3	96	5	2	23	2.68
99	6	2	8	2.03	99	6	4	4	19	99	6	6	6	2	99	6	2	4	2.5
100	6	2	9	3.08	100	6	4	5	20	100	6	6	7	3	100	6	2	5	2.24
102	6	2	11	2.05	102	6	4	7	21.6	102	6	6	9	3	102	6	2	7	3.11
103	6	2	13	2.65	103	6	4	8	19.4	103	6	6	10	2	103	6	2	8	2.1
104	6	2	14	2.5	104	6	4	9	19	104	6	6	11	4	104	6	2	9	2.38
105	6	2	15	2.63	105	6	4	10	19.8	105	6	6	13	3	105	6	2	10	2.65
106	6	2	16	2.5	106	6	4	11	20.8	106	6	6	15	5	106	6	2	11	2.54
107	6	2	17	2.8	107	6	4	12	20	107	6	6	16	1	107	6	2	12	1.83
108	6	2	18	2.2	108	6	4	14	20	108	6	6	17	3	108	6	2	13	2.36
109	6	2	19	3.05	109	6	4	15	19.2	109	6	6	18	6	109	6	2	14	2.31
110	6	2	20	2.7	110	6	4	17	20.2	110	6	6	19	5	110	6	2	15	2.07
111	7	2	1	2.9	111	6	4	18	14	111	6	6	20	5	111	6	2	16	2.38
112	7	2	2	2.35	112	6	4	19	22.8	112	6	6	21	4	112	6	2	17	2.02
113	7	2	3	2.23	113	6	4	20	20	113	6	6	22	2	113	6	2	18	2.78
114	7	2	4	2.56	114	6	4	21	19.2	114	7	6	1	4	114	6	2	19	2.86
115	7	2	5	3	115	6	4	22	19.4	115	7	6	2	6	115	6	2	20	1.99
116	7	2	6	2.67	116	7	4	2	20	116	7	6	3	4	116	6	2	21	2.62
117	7	2	8	2.38	117	7	4	3	21.2	117	7	6	4	2	117	6	2	22	3.19
118	7	2	9	2.07	118	7	4	4	21	118	7	6	5	2	118	7	2	1	2.69
119	7	2	12	2.05	119	7	4	5	17	119	7	6	6	8	119	7	2	2	3.51
120	7	2	13	1.74	120	7	4	6	20.2	120	7	6	7	5	120	7	2	3	2.71
121	7	2	14	1.34	121	7	4	7	20.8	121	7	6	8	7	121	7	2	4	3.18
122	7	2	15	2.6	122	7	4	8	20.6	122	7	6	9	6	122	7	2	5	1.75
123	7	2	16	2.27	123	7	4	9	16	123	7	6	10	4	123	7	2	6	3.64
124	7	2	17	1.78	124	7	4	11	20	124	7	6	11	5	124	7	2	8	2.31
125	7	2	18	2.27	125	7	4	13	18	125	7	6	14	1	125	7	2	9	2.83
126	7	2	19	1.75	126	7	4	14	18.2	126	7	6	15	8	126	7	2	10	2.4
				$X_s=2.4$					$X_s=19.23$					$X_s=4.94$					$X_s=2.63$