

## PONTO DE MÉRITO DE FAMÍLIA EM CRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR

Mauro Alexandre XAVIER<sup>1</sup>  
Dilermando PERECIN<sup>2</sup>  
Marcos Guimarães de Andrade LANDELL<sup>1</sup>  
Mário Pércio CAMPANA<sup>1</sup>

- RESUMO: É proposto um método simples para seleção de famílias e de genótipos usando o Ponto de Mérito de Família (PMF), que considera as médias e os desvios padrão para cada família. Para avaliações foram utilizados dados de soca de “seedlings”, com 10 meses de idade, de um experimento em blocos casualizados, com 48 famílias e 200 genótipos por família, em parcelas de 50 plantas para cada família, em cada bloco. A seleção massal tradicional foi realizada e os resultados foram comparados com o proposto PMFm (PMF mínimo) e o processo REML/BLUP. O método propiciou a identificação de genótipos que apresentaram ganhos médios de três pontos de Brix e famílias com maior frequência de genótipos associando atributos de interesse, produção e Brix.
- PALAVRAS-CHAVE: *Saccharum spp*; melhoramento genético; processos de seleção.

### 1 Introdução

O melhoramento genético da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) tem início na escolha dos genitores e obtenção de sementes a partir do processo de hibridação. Nesta etapa o objetivo é associar nos genótipos atributos de interesse: produção, teor de açúcar, resistência a doenças, adaptabilidade ao plantio e colheita mecanizada entre outros. Em geral, a variabilidade genética contida nas progênes de cana-de-açúcar é grande, o que permite realizar seleções.

No Brasil, tradicionalmente os programas de melhoramento de cana-de-açúcar adotam o método de seleção massal estratificado dentro de família. Nesse caso é comum a prática de seleção indireta para produção de colmos via os componentes da produção (número, altura e diâmetro de colmos). Na Austrália, as avaliações de famílias e variações como a Seleção sequencial australiana (McRae et al., 1998; Cox et al., 2000; Kimbeng e Cox, 2003) têm sido utilizadas na rotina do programa de melhoramento. No

---

<sup>1</sup> Centro de Cana IAC, Rodovia Prefeito Antonio Duarte Nogueira, km 321, CEP 14001-970, Caixa Postal 206, Ribeirão Preto SP, Brasil. E-mail: mxavier@iac.sp.gov.br / mlandell@iac.sp.gov.br / mpcampana@ig.com.br

<sup>2</sup> Universidade Estadual Paulista – UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – FCAV, campus de Jaboticabal, Departamento de Ciências Exatas, CEP: 14884-900, Jaboticabal, SP, Brasil. E-mail: perecin@fcav.unesp.br

Brasil a seleção sequencial modificada (Bressiani, 2001) e a seleção de famílias via modelos mistos (Barbosa et al., 2004 e 2005; Resende e Barbosa, 2006; Oliveira et al., 2008) começam a ser utilizadas e avaliadas.

O presente trabalho teve como objetivos: 1 - Avaliar um método simples, no qual, cada família é identificada por um valor denominado Ponto de Mérito de Família (PMF), que é obtido em função da média mais o desvio padrão de cada família. 2 - Apresentar o PMF como um método que pode associar componentes da produção, possibilitando efetivar ganhos de seleção nesta e demais séries de hibridações. 3 - Propor um PMFm (PMF mínimo) para cada atributo para ser usado para seleção individual. 4 - Avaliar a seleção massal tradicional, em relação a ordenação das famílias e dos indivíduos, em função dos PMFm, de suas médias fenotípicas (modelo fixo), da predição BLUP dos valores genotípicos (modelo misto).

A hipótese básica na formulação dos objetivos é que com os PMF dos principais atributos de interesse agroindustrial, identifiquem-se famílias de maior potencial, associando atributos de interesse e permitindo traçar estratégias peculiares para o programa de melhoramento da cana-de-açúcar.

## 2 Material e métodos

Foram escolhidos 48 cruzamentos, gerando 16 famílias de irmãos completos e 32 de meios irmãos, conforme Xavier (2011). Os cruzamentos foram escolhidos em função de experiências anteriores dos melhoristas do programa (genitores potencialmente bons) e por critérios de divergência genética molecular. Alguns genitores são cultivares e outros genótipos disponíveis no banco de genitores do programa Cana IAC. O experimento foi instalado na unidade experimental do Centro de Cana do Instituto Agrônomo - IAC em Ribeirão Preto, (SP), em quatro blocos casualizados de 48 parcelas, sendo cada parcela constituída inicialmente por 50 plantas espaçadas de 1,5 m entre linhas e 0,6 m entre plantas, totalizando inicialmente 200 genótipos diferentes por família. Em cada bloco foram também alocadas 24 touceiras de uma cultivar testemunha, ou seja, com elas se tem blocos aumentados. Para esse artigo foram avaliados os atributos TCH (toneladas de cana por hectare) e Brix (Brix % caldo), em soca de “seedlings”, conforme metodologias descritas em Xavier (2011).

As análises iniciais foram realizadas por família, usando um modelo com apenas efeito de blocos, estimando-se a variância dentro de cada família e, conseqüentemente, o desvio padrão de indivíduos (progênies) dentro de cada família.

O Ponto de Mérito de Família (PMF) de cada família e atributo (TCH e Brix) foi definido como sendo a média mais o desvio padrão, estimados como citado, ou seja, ajustados para os efeitos de blocos. Os PMF foram dispostos em ordem decrescente de PMF 1 a PMF 48 e considerado o valor do décimo maior PMF como parâmetro referência de seleção individual de genótipos, denominado PMFm (ponto de mérito de família mínimo). A hipótese é que as famílias com PMF abaixo do PMFm, possuem menor potencial para fornecimento de genótipos superiores no atributo de interesse, embora eventualmente possam apresentar indivíduos com potencial de serem selecionados. A escolha do décimo PMF foi inicialmente arbitrada para representar cerca de 20% das melhores famílias, em cada atributo, e é uma referência inicial que poderá ser ajustada em função de futuras estratégias de seleção.

Sem conhecer as predições e os PMF, o experimento foi submetido à avaliação massal, seguindo a rotina do Programa Cana IAC e os resultados desta etapa foram confrontados com os obtidos na aplicação do método quantitativo PMFm, utilizando o teste t (LSD), para comparar médias dos atributos de interesse prático (TCH e Brix) nos dois grupos com avaliação independentes. O objetivo dessa fase foi identificar se os valores dos PMFm podem melhorar a eficiência do processo seletivo.

Os preditores dos valores genéticos das famílias foram obtidos com auxílio de modelo misto, Proc Mixed do SAS<sup>®</sup> (SAS, 2010), com programação adaptada a partir de Scott e Milliken (1993), usando blocos e tipo (1=progênies ou 2=testemunha) como efeitos fixos e as famílias como efeitos aleatórios. Os preditores dos valores genéticos dos indivíduos (desvios esperados para multiplicação vegetativa) foram obtidos, usando blocos e tipo como efeitos fixos e os indivíduos dentro de famílias e blocos, como efeitos aleatórios. O efeito residual foi obtido pela repetição clonada da testemunha dentro dos blocos.

### **3 Resultados e discussão**

#### **3.1 Avaliação de famílias**

Observa-se que os PMF para TCH (Tabela A1, em anexo) variaram de 183,06 a 108,64 (amplitude=74,42), as médias ajustadas (LSMEANS) de 106,91 a 64,10 (amplitude=42,81) e as predições (REML/BLUP) de 16,93 a -16,11 (amplitude= 33,04). Para Brix (Tabela A2), os PMF variaram de 19,13 a 15,78 (amplitude=3,35), as LSMEANS de 16,86 a 13,63 (amplitude=3,23) e as predições (REML/BLUP) de 1,24 a -1,76 (amplitude=3,00). Ou seja, quaisquer dos critérios mostram variabilidade com possibilidades de seleção.

Dados disponíveis nas Tabelas A1 e A2 (em anexo), para dois métodos de predição com modelos mistos (REML e MIVQUE(0)), mostram perfeita concordância, quanto as ordenações das famílias. Com relação às médias fenotípicas ajustadas (LSMEANS), há também boa concordância (91,6% de coincidência com as ordens de predição), o que possivelmente se deva ao elevado número de plantas amostradas por família (quase 200) e ao quase balanceamento dentro dos blocos. Ou seja, nesse caso as diferenças entre médias fenotípicas guardam proporcionalidades com os valores genotípicos (predições), embora estas com a usual menor amplitude (fenômeno conhecido como encolhimento ou “shrinkage”), por serem mais genotípicas. Já com os PMF, por incluir variâncias (genéticas + ambientais, dentro das famílias), geram-se diferenças nas ordenações, em relação às obtidas pelos valores genotípicos ou fenotípicos das famílias. Famílias com variância (dentro) mais altas contribuem para melhorar a sua ordenação. Por exemplo, para TCH as famílias 29 e 123, que no valor genético ocupavam respectivamente a 8<sup>a</sup> e a 11<sup>a</sup>, passaram a ocupar a 4<sup>a</sup> e a 8<sup>a</sup> classificação, com PMF. Isso sugere que os PMF são mais eficientes, no sentido de indicar famílias com indivíduos superiores; pois sempre se esperam, pela distribuição normal, cerca de 16% dos indivíduos acima do respectivo PMF, sugerindo ser um auxiliar simples e eficiente para procura de indivíduos superiores.

### 3.2 Avaliação de indivíduos (plantas ou genótipos)

Observa-se pela Tabela A3, em anexo, que das 48 famílias, 47 apresentaram genótipos que pela seleção massal avançaram da fase I para II, totalizando 365 indivíduos que serão confrontados perante os critérios de PMFm e predições REML/BLUP.

Para TCH, PMFm=169,20, obtiveram-se acima desse valor 182 genótipos com TCH médio duas vezes maior que os demais 183 que passaram pela seleção massal, mas não pelo PMFm (Tabela A3). As médias de Brix desses dois grupos foram similares, o que confirma que na seleção massal, TCH independe do Brix.

Quanto ao Brix, PMFm=18,01, o número de genótipos com Brix acima desse valor, identificados pela seleção massal, foi muito inferior, 37, se comparados aos 328 genótipos com Brix abaixo do citado valor (Tabela A3). As médias de TCH foram similares e a média de Brix do grupo acima do PMFm foi significativamente maior, médias 18,83 e 15,69, respectivamente. Por esses dados pode-se inferir o potencial de ganho ao se associar métodos ou índices que contribuam para identificar o atributo Brix, já na fase I de seleção. Neste caso, os ganhos foram superiores a três pontos em Brix, o que é muito bom e o método é muito simples. Pedrozo et al. (2009) citam a seleção indireta via atributos correlacionados como uma estratégia a ser utilizada nas fases iniciais de seleção. Nesse sentido, a inclusão do PMFm Brix mostrou-se efetiva.

Com relação às ordens de predições REML/BLUP (Tabela A4, em anexo), a distribuição dos 365 indivíduos da seleção massal mostra que para TCH concentrou-se (83,5%) até a posição 2200ª das predições (valores genotípicos individuais). A classe modal para TCH foi a do primeiro intervalo 1ª a 200ª, sugerindo que a seleção massal é efetiva para TCH. No caso do Brix, a distribuição foi mais dispersa (77%) até a 5200ª posição. Isso indica que a seleção massal está concordando com a predição do TCH, mas não com a do Brix. Por outro lado, as 37 plantas da seleção massal e com Brix maior que o PMFm (18,01) mostraram dispersão com as frequências nas 3 primeiras classes de ordenação. Ainda para TCH, mostra que a distribuição das 182 plantas com valores acima do PMFm (169,20), apresenta elevada concordância com o método seleção massal, mostrando inclusive dispersão praticamente semelhante nas primeiras classes de ordenação. Conforme pode ser confirmado em Xavier (2011), para TCH, os 20 genótipos de maior predição genotípica constam entre os 365 genótipos selecionados com base na seleção massal (fenótipo). Porém, para o grupo de 20 genótipos com melhores predições para Brix, não há nenhum entre os 365 selecionados. Esse fato confirma que a seleção massal está restringindo o uso de genótipos de elevado valor genotípico para Brix.

Por outro lado, sem considerar a seleção massal, a aplicação de PMFm permitiram a seleção de 69 genótipos, entre os quase 8 mil avaliados (Xavier, 2011), que reúnem produção acima de 169,20 para TCH (toneladas de colmos por hectare) e 18,01 de Brix (Brix% Caldo), genótipos que foram introduzidos no banco de genitores do programa Cana IAC, para avaliação de suas futuras progênes.

### Conclusões

1. Com os PMF (ponto de mérito de família) foi possível ordenar famílias, quanto ao potencial de fornecer indivíduos superiores. Essa ordenação se dá em amplitude maior que a obtida por predições REML/BLUP ou mesmo com médias, por incorporar o

desvio padrão dentro de cada família. Famílias com maiores desvios padrão têm suas ordenações melhoradas em relação às REML/BLUP.

2. O estabelecimento de PMFm (PMF mínimo) permite estabelecer referências mínimas para seleção de indivíduos. Com mínimos de 169,20 para TCH e 18,01 para Brix foram selecionados 69 genótipos, entre os quase 8 mil avaliados, que foram incorporados como genitores do Programa Cana IAC.
3. A avaliação de indivíduos oriundos da seleção massal mostrou que eles apresentam no geral bons valores genéticos (REML/ BLUP) e de PMFm, ambos do TCH, mas não do Brix.
4. A inclusão do PMFm, principalmente para o Brix, pode ser utilizado como um método simples para pressionar ganhos genéticos no melhoramento da cana-de-açúcar.
5. Os PMFm de TCH e de Brix quando associados auxiliam de forma simples na identificação de famílias que apresentam maiores potenciais para fornecer genótipos superiores.

XAVIER, M. A.; PERECIN, D.; LANDELL, M. G. A.; CAMPANA, M. P. Family merit point in sugarcane breeding program. *Rev. Bras. Biom.*, São Paulo, v.31, n.1, p.397-407, 2013.

- **ABSTRACT:** *It is propose a single method for sugarcane family and genotype selection, using the Family Merit Point (FMP), which consider the family means and their standard deviation. For evaluation were used ratoon sugar cane cycle, with ten physiologic months old, in a randomized block design, with 48 families and 200 genotypes by family, in plots of 50 plants by family, in each block. The usual massal selection was applied and the results compared with the proposed FMPm (FMP minimum) and the REML/BLUP method. The FMP show a simple identification of genotypes with superior three points of Brix mean and families with major frequency of genotypes with association of attributes of interest, production and Brix.*
- **KEYWORDS:** *Saccharum spp; sugarcane breeding; selection approaches.*

## Referências

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A., SILVEIRA, L. C. I.; SILVA, F. L.; FIGUEIREDO, I. C. R. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.4, p.218-226, 2004.

BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V., BRESSIANI, J. A., SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. S. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.5, p.443-450, 2005.

BRESSIANI, J. A. *Seleção seqüencial em cana-de-açúcar*. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

COX, M.; HOGARTH, D.M.; SMITH, G. Cane breeding and improvement. In: HOGARTH, D.M.; ALLSOPP, P.G. (Ed.). *Manual of cane growing*. Indooroopilly: BSES, 2000. p.91-108.

- KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. *Journal of the American Society of Sugar Cane Technologists*. v.23, p.20-39, 2003.
- McRAE, T. A.; ERQUIAGA, D. L.; JENSEN, L. F.; RATTERY, A. R.; STRINGER, J. K. BSES sugarcane breeding program in the Burdekin. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGAR CANE TECHNOLOGISTS, 1998, Brisbane. *Proceedings*. Watson Ferguson: ISSCT, 1998. p.196-203.
- OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOD-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; RESENDE, M. C. V.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. *Scientia Agrária*, v.9, p.269-274, 2008.
- PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; DA SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, v.10, p.31-36, 2009.
- RESENDE, M. D. V. de; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated individual BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, n.3, p.421-429, 2006.
- SAS Institute Inc. SAS/STAT® 9.22 User's Guide. Cary, NC, USA, 2010.
- SCOTT, R. A. ; MILLIKEN, G. A. A SAS program for analysing augmented randomized complete block designs. *Crop Sci*. v.33, p.865-867, 1993.
- XAVIER, M. A. *Ponto de mérito de família, parâmetros genéticos e identificação de parentais masculinos em policruzamentos de cana-de-açúcar*. 2011. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, São Paulo. Disponível em: <<http://www.acervodigital.unesp.br/handle/123456789/63053>>.

Recebido em 10.09.2013  
Aprovado após revisão em 11.11.2013

## ANEXOS

Tabela A1 - Estimativas de TCH (toneladas de cana por hectare) de 48 famílias (soca de seedlings), pela predição dos métodos REML e MIVQUE(0), pelas médias ajustadas (LSMEANS), em ordem de decrescentes PMFs, e as amplitudes

| Família | TCH<br>REML | Família | TCH<br>MIVQUE(0) | Família | TCH<br>LSMEANS | Família | TCH<br>PMF |
|---------|-------------|---------|------------------|---------|----------------|---------|------------|
| 102     | 16,93       | 102     | 16,78            | 102     | 106,91         | 26      | 183,06     |
| 26      | 15,29       | 26      | 15,15            | 26      | 105,03         | 102     | 182,10     |
| 117     | 14,66       | 117     | 14,51            | 117     | 104,73         | 63      | 180,52     |
| 41      | 13,21       | 41      | 13,10            | 41      | 101,96         | 29      | 178,96     |
| 18      | 12,71       | 18      | 12,60            | 18      | 101,61         | 117     | 178,03     |
| 63      | 11,77       | 63      | 11,65            | 63      | 100,90         | 99      | 174,87     |
| 99      | 10,59       | 99      | 10,48            | 99      | 99,63          | 35      | 173,91     |
| 29      | 10,34       | 29      | 10,23            | 29      | 99,07          | 123     | 170,47     |
| 35      | 9,54        | 35      | 9,46             | 35      | 97,52          | 41      | 170,10     |
| 87      | 8,26        | 87      | 8,19             | 87      | 95,88          | 18      | 169,20     |
| 123     | 7,73        | 123     | 7,66             | 123     | 95,23          | 28      | 162,15     |
| 95      | 6,15        | 95      | 6,09             | 95      | 93,32          | 95      | 158,44     |
| 28      | 5,32        | 28      | 5,27             | 28      | 92,30          | 87      | 158,00     |
| 104     | 4,02        | 104     | 3,99             | 104     | 90,65          | 104     | 156,12     |
| 100     | 4,00        | 100     | 3,96             | 100     | 90,52          | 33      | 155,66     |
| 33      | 3,70        | 33      | 3,67             | 33      | 90,37          | 101     | 155,49     |
| 60      | 3,43        | 60      | 3,40             | 60      | 89,89          | 60      | 154,38     |
| 101     | 2,68        | 101     | 2,66             | 101     | 88,86          | 78      | 153,33     |
| 120     | 1,78        | 120     | 1,76             | 120     | 87,79          | 65      | 151,31     |
| 65      | 1,12        | 65      | 1,11             | 65      | 86,94          | 50      | 149,64     |
| 78      | 0,40        | 78      | 0,39             | 78      | 86,00          | 71      | 149,25     |
| 71      | -1,65       | 71      | -1,64            | 71      | 83,40          | 70      | 149,16     |
| 112     | -1,98       | 112     | -1,96            | 112     | 82,95          | 27      | 148,36     |
| 98      | -2,34       | 98      | -2,32            | 98      | 82,55          | 100     | 146,00     |
| 50      | -2,46       | 50      | -2,44            | 85      | 82,39          | 59      | 145,84     |
| 85      | -2,47       | 85      | -2,45            | 50      | 82,38          | 120     | 144,50     |
| 59      | -2,68       | 59      | -2,65            | 66      | 82,02          | 119     | 142,70     |

Continua ...

Tabela A1 - Estimativas de TCH (toneladas de cana por hectare) de 48 famílias (soca de seedlings), pela predição dos métodos REML e MIVQUE(0), pelas médias ajustadas (LSMEANS), em ordem de decrescentes PMFs, e as amplitudes (continuação)

| Família   | TCH<br>REML | Família | TCH<br>MIVQUE(0) | Família | TCH<br>LSMEANS | Família | TCH<br>PMF |
|-----------|-------------|---------|------------------|---------|----------------|---------|------------|
| 38        | -2,88       | 38      | -2,86            | 38      | 81,76          | 85      | 140,75     |
| 70        | -3,38       | 70      | -3,35            | 70      | 81,24          | 107     | 140,50     |
| 90        | -3,51       | 90      | -3,48            | 90      | 81,08          | 61      | 140,50     |
| 77        | -3,78       | 77      | -3,75            | 77      | 80,75          | 90      | 139,67     |
| 119       | -4,50       | 119     | -4,46            | 119     | 79,77          | 98      | 139,55     |
| 107       | -4,56       | 107     | -4,52            | 107     | 79,69          | 112     | 139,22     |
| 121       | -4,88       | 121     | -4,84            | 121     | 79,35          | 121     | 139,02     |
| 94        | -5,18       | 94      | -5,13            | 94      | 78,91          | 66      | 137,75     |
| 51        | -5,34       | 51      | -5,29            | 51      | 78,65          | 51      | 134,57     |
| 27        | -5,89       | 27      | -5,83            | 27      | 77,85          | 118     | 133,91     |
| 79        | -6,08       | 79      | -6,03            | 79      | 77,71          | 94      | 132,31     |
| 106       | -6,34       | 106     | -6,29            | 106     | 77,53          | 80      | 132,31     |
| 62        | -6,67       | 62      | -6,61            | 62      | 77,11          | 62      | 131,97     |
| 80        | -7,06       | 80      | -7,00            | 80      | 76,66          | 79      | 131,62     |
| 118       | -8,18       | 118     | -8,10            | 118     | 74,78          | 106     | 130,21     |
| 76        | -8,87       | 76      | -8,80            | 76      | 74,30          | 76      | 125,15     |
| 39        | -13,21      | 39      | -13,08           | 39      | 68,24          | 77      | 125,15     |
| 61        | -15,12      | 61      | -14,98           | 61      | 66,14          | 69      | 115,80     |
| 69        | -15,78      | 69      | -15,64           | 69      | 65,45          | 39      | 114,13     |
| 34        | -16,11      | 34      | -15,94           | 34      | 64,10          | 34      | 108,64     |
| Amplitude | 33,04       |         | 32,72            |         | 42,81          |         | 74,42      |

REML: Restricted Maximun Likelihood, MIVQUE(0): Minimum variance quadratic unbiased estimation, LSMEANS: Least square means, PMF: Ponto de mérito de família.



Tabela A2 - Estimativas de Brix de 48 famílias (soca de seedlings), pela predição dos métodos REML e MIVQUE(0), pelas médias ajustadas (LSMEANS), em ordem de decrescentes PMFs, e as amplitudes

| Família | TCH<br>REML | Família | TCH<br>MIVQUE(0) | Família | TCH<br>LSMEANS | Família | TCH<br>PMF |
|---------|-------------|---------|------------------|---------|----------------|---------|------------|
| 119     | 1,24        | 119     | 1,24             | 119     | 16,86          | 69      | 19,13      |
| 69      | 1,04        | 69      | 1,04             | 63      | 16,65          | 63      | 18,82      |
| 63      | 1,04        | 63      | 1,03             | 69      | 16,65          | 94      | 18,54      |
| 38      | 0,92        | 38      | 0,92             | 38      | 16,52          | 119     | 18,54      |
| 94      | 0,90        | 94      | 0,90             | 94      | 16,50          | 34      | 18,37      |
| 34      | 0,78        | 34      | 0,77             | 34      | 16,37          | 76      | 18,34      |
| 62      | 0,48        | 62      | 0,48             | 62      | 16,04          | 99      | 18,17      |
| 104     | 0,45        | 104     | 0,45             | 104     | 16,01          | 112     | 18,16      |
| 106     | 0,44        | 106     | 0,43             | 106     | 15,99          | 62      | 18,12      |
| 123     | 0,41        | 123     | 0,41             | 123     | 15,97          | 106     | 18,01      |
| 99      | 0,39        | 99      | 0,39             | 99      | 15,95          | 104     | 17,91      |
| 85      | 0,36        | 85      | 0,36             | 85      | 15,91          | 80      | 17,84      |
| 80      | 0,34        | 80      | 0,34             | 80      | 15,89          | 70      | 17,75      |
| 78      | 0,32        | 78      | 0,32             | 78      | 15,87          | 39      | 17,74      |
| 87      | 0,29        | 87      | 0,28             | 87      | 15,83          | 102     | 17,73      |
| 41      | 0,24        | 41      | 0,24             | 41      | 15,78          | 77      | 17,70      |
| 77      | 0,22        | 77      | 0,22             | 77      | 15,76          | 87      | 17,66      |
| 76      | 0,16        | 76      | 0,16             | 76      | 15,70          | 118     | 17,64      |
| 102     | 0,16        | 102     | 0,15             | 102     | 15,69          | 123     | 17,64      |
| 70      | 0,11        | 70      | 0,11             | 70      | 15,64          | 78      | 17,63      |
| 18      | 0,05        | 18      | 0,05             | 18      | 15,58          | 85      | 17,63      |
| 28      | 0,05        | 28      | 0,05             | 28      | 15,58          | 27      | 17,61      |
| 50      | 0,03        | 50      | 0,03             | 50      | 15,56          | 41      | 17,57      |
| 29      | -0,12       | 29      | -0,12            | 29      | 15,40          | 61      | 17,48      |
| 117     | -0,12       | 117     | -0,12            | 117     | 15,40          | 60      | 17,48      |
| 118     | -0,17       | 118     | -0,17            | 118     | 15,34          | 117     | 17,45      |

Continua ...

Tabela 2 - Estimativas de Brix de 48 famílias (soca de seedlings), pela predição dos métodos REML e MIVQUE(0), pelas médias ajustadas (LSMEANS), em ordem de decrescentes PMFs , e as amplitudes (continuação)

| Família   | TCH<br>REML | Família | TCH<br>MIVQUE(0) | Família | TCH<br>LSMEANS | Família | TCH<br>PMF |
|-----------|-------------|---------|------------------|---------|----------------|---------|------------|
| 112       | -0,17       | 112     | -0,17            | 112     | 15,34          | 79      | 17,44      |
| 71        | -0,21       | 71      | -0,21            | 71      | 15,30          | 38      | 17,39      |
| 26        | -0,23       | 26      | -0,23            | 26      | 15,28          | 50      | 17,37      |
| 79        | -0,25       | 79      | -0,24            | 79      | 15,26          | 28      | 17,37      |
| 60        | -0,26       | 60      | -0,26            | 60      | 15,24          | 29      | 17,32      |
| 35        | -0,29       | 35      | -0,29            | 35      | 15,21          | 65      | 17,32      |
| 100       | -0,35       | 100     | -0,35            | 100     | 15,15          | 18      | 17,21      |
| 65        | -0,38       | 65      | -0,38            | 65      | 15,12          | 101     | 17,10      |
| 95        | -0,39       | 95      | -0,39            | 90      | 15,10          | 66      | 17,03      |
| 90        | -0,40       | 90      | -0,39            | 95      | 15,10          | 90      | 16,96      |
| 61        | -0,40       | 61      | -0,40            | 61      | 15,09          | 100     | 16,85      |
| 101       | -0,41       | 101     | -0,41            | 101     | 15,08          | 26      | 16,85      |
| 66        | -0,68       | 66      | -0,68            | 66      | 14,80          | 35      | 16,76      |
| 51        | -0,77       | 51      | -0,77            | 51      | 14,70          | 51      | 16,74      |
| 98        | -0,80       | 98      | -0,79            | 98      | 14,68          | 98      | 16,66      |
| 59        | -0,96       | 59      | -0,96            | 59      | 14,49          | 59      | 16,63      |
| 33        | -1,24       | 33      | -1,23            | 33      | 14,18          | 33      | 16,63      |
| 120       | -1,76       | 120     | -1,75            | 120     | 13,63          | 120     | 15,78      |
| Amplitude | 3,00        |         | 2,98             |         | 3,23           |         | 3,35       |

REML: Restricted Maximum Likelihood, MIVQUE(0): Minimum variance quadratic unbiased estimator  
LSMEANS: Least square means, PMF: Ponto de mérito de família.

Tabela A3 - Número de genótipos, médias e desvios padrão do TCH e do Brix, acima e abaixo dos PMFm , em relação aos 365 genótipos da seleção massal

|                        | Nº<br>Genótipos | TCH     | SD    | Brix   | SD   |
|------------------------|-----------------|---------|-------|--------|------|
| Acima PMFm TCH         | 182             | 250,76a | 74,39 | 15,87a | 1,79 |
| Abaixo PMFm TCH        | 183             | 120,73b | 30,15 | 16,14a | 1,68 |
| Acima PMFm Brix        | 37              | 190,22a | 94,09 | 18,83a | 0,54 |
| Abaixo PMFm Brix       | 328             | 185,04a | 85,50 | 15,69b | 1,52 |
| Acima PMFm TCH e Brix  | 17              | 266,11a | 85,91 | 18,87a | 0,59 |
| Abaixo PMFm TCH e Brix | 348             | 181,63b | 84,47 | 15,87b | 1,65 |

Médias com letras iguais nas colunas não diferem estatisticamente ( $p>0,05$ ) acima e abaixo do PMFm (Ponto de Mérito de Família mínimo; 169,20 para TCH e 18,01 para Brix); SD= Desvio Padrão.

Tabela A4 - Distribuição de frequência (Freq) dos 365 genótipos da seleção massal, nas classes de ordem de predições (REML/BLUP), valor genotípico médio na classe (VGM) e frequência dos que superaram os respectivos Ponto de Mérito de Família mínimo (>PMFm), para TCH e de Brix

| Ordem Predição<br>(REML/BLUP) | Freq<br>TCH | VGM<br>TCH | >PMFm<br>TCH | Freq<br>Brix | VGM<br>Brix | >PMFm<br>Brix |
|-------------------------------|-------------|------------|--------------|--------------|-------------|---------------|
| 1 a 200                       | 63          | 4,12       | 63           | 10           | 3,85        | 10            |
| 201 a 400                     | 49          | 2,67       | 48           | 10           | 3,09        | 10            |
| 401 a 600                     | 36          | 2,03       | 36           | 14           | 2,64        | 14            |
| 601 a 800                     | 33          | 1,66       | 33           | 22           | 2,32        | 3             |
| 801 a 1000                    | 24          | 1,40       | 1            | 2            | 2,18        |               |
| 1001 a 1200                   | 21          | 1,19       |              | 8            | 2,01        |               |
| 1201 a 1400                   | 16          | 1,00       |              | 5            | 1,78        |               |
| 1401 a 1600                   | 17          | 0,83       |              | 12           | 1,61        |               |
| 1601 a 1800                   | 18          | 0,70       |              | 7            | 1,48        |               |
| 1801 a 2000                   | 12          | 0,58       |              | 27           | 1,37        |               |
| 2001 a 2200                   | 16          | 0,46       | 1            | 3            | 1,29        |               |
| >2200                         | 60          |            |              | 245          |             |               |
| Total                         | 365         |            | 182          | 365          |             | 37            |

PMFm = Ponto de mérito de família mínimo ( 169,20 para TCH e 18,01 para Brix).