

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO

**ÍNDICE DE SELEÇÃO E LÓGICA FUZZY APLICADA À SELEÇÃO DE
CLONES 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 *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2017

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

T

A993i
2017 Azeredo, Amaro Afonso Campos, 1986-
 Índice de seleção e lógica fuzzy aplicada à seleção de
 clones de cana-de-açúcar / Amaro Afonso Campos Azeredo. –
 Viçosa, MG, 2017.
 xiii, 56f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético. 2. Inteligência Computacional. 3. Inteligência artificial. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.612

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO

**ÍNDICE DE SELEÇÃO E LÓGICA FUZZY APLICADA À SELEÇÃO DE
CLONES 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 *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 03 de março de 2017.

Luís Cláudio Inácio da Silveira

Cosme Damião Cruz
(Coorientador)

Felipe Lopes da Silva

Antônio Carlos Baião de Oliveira

Leonardo Lopes Bhering
(Orientador)

DEDICATÓRIAS

A minha querida mãe, Gilda
Amorim Campos, pelo amor
incondicional.

Ao meu tio/pai/Amigo, Antônio
Carlos Mesquita Correa (*In memoriam*)....
só quem teve e tem bons
momentos pode sentir saudades...

AGRADECIMENTOS

Aos professores Leonardo Lopes Bhering, Cosme Damião Cruz e Bruno Portela Brasileiro pelos conhecimentos transmitidos durante a orientação e amizade.

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

Ao Dr. Luís Inácio Cláudio da Silveira, pela amizade e por ter compartilhado um pouco de sua vasta experiência na cultura da cana-de-açúcar.

Ao professor Edelclaiton Daros, pela confiança depositada ao ter me permitido participar do programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal do Paraná fazendo parte da rede Interuniversitária Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético.

Aos membros da banca de qualificação e defesa, que com suas contribuições pertinentes permitiram o aperfeiçoamento deste trabalho.

Aos amigos dos laboratórios de biometria e bioinformática.

A todos os funcionários do Programa de melhoramento genético da Universidade Federal do Paraná, pela prestatividade durante a coleta de dados.

Aos Amigos, Camilo, Gutemberg, Hugo, Eduardo, Kaue, Evair, Baresi, Reige, Anderson e Adalberto, pelos bons momentos vividos em Viçosa.

Aos amigos de Campos, Vitor, Ernst, Barroso, Dérick e Helber, saravá!

Aos amigos do Nordeste, Igor, Vinícius, Antônio Fábio, Charlles, José e Antônio Neto.

A todos os professores do Programa de Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, que direta ou indiretamente, contribuíram para a minha formação acadêmica.

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

“O cientista não pretende alcançar um resultado imediato. Ele não espera que suas ideias avançadas sejam imediatamente aceitas. Seus trabalhos são como sementes para o futuro. Seu dever é lançar as bases para aqueles que estão por vir e apontar o caminho.”

(Nicola Tesla)

“O homem, com suas nobres qualidades, ainda carrega no corpo a marca indelével de sua origem modesta.”

(Charles Robert Darwin)

BIOGRAFIA

AMARO AFONSO CAMPOS DE AZEREDO, filho de Gilda Amorim Campos e Amaro Ribeiro de Azeredo, nasceu em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, no dia 15 de janeiro de 1986.

No município de Campos dos Goytacazes, cursou o ensino primário, fundamental e médio, tendo estudado nas instituições: Escola Nossa Senhora Auxiliadora, Escola Santo Antônio, Instituto Educação Professor Aldo Muylaert, Centro Educacional Feliciano Azevedo e no Instituto Federal Fluminense.

Em fevereiro 2006, iniciou a graduação em Agronomia pelo Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Paraíba (CCA/UFPB), colando grau em dezembro do ano de 2010.

Em fevereiro de 2011, iniciou o mestrado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Em novembro de 2012 foi sua defesa.

Em dezembro de 2012, iniciou o doutorado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Em março de 2017 foi sua defesa.

SUMÁRIO

| | |
|--|------|
| LISTA DE FIGURAS..... | viii |
| LISTA DE TABELAS..... | x |
| LISTA DE APÊNDICES..... | xi |
| RESUMO..... | xii |
| ABSTRACT..... | xiii |
| 1. INTRODUÇÃO GERAL..... | xiii |
| 1.1 Cana-De-Açúcar: As Novas Demandas Para O Programa De Melhoramento..... | 1 |
| 1.2 Índices De Seleção No Melhoramento Genético De Plantas..... | 4 |
| 1.3 Lógica Fuzzy..... | 4 |
| 1.4 Fases De Processamento De Um Controlador Fuzzy..... | 5 |
| 1.4.1 Fuzzificação..... | 6 |
| 1.4.2 Base De Regras..... | 7 |
| 1.4.3 Inferência..... | 7 |
| 1.4.4 Desfuzzificação..... | 8 |
| REFERÊNCIAS..... | 9 |
| CAPÍTULO 1..... | 14 |
| RESUMO..... | 14 |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 14 |
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 16 |
| 2.1 Material Vegetal..... | 16 |
| 2.2 Avaliação Fenotípica..... | 17 |
| 2.3 Análise Estatística..... | 17 |
| 2.4 Estratégias de Seleção..... | 18 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 18 |
| 4. CONCLUSÃO..... | 27 |
| REFERÊNCIAS..... | 28 |
| CAPÍTULO 2..... | 32 |
| RESUMO..... | 32 |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 33 |
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 34 |
| 2.1 Material Vegetal..... | 34 |
| 2.2 Avaliação Fenotípica..... | 34 |
| 2.3 Análise Estatística..... | 35 |
| 2.4 Estrutura do Controlador Fuzzy..... | 36 |

| | |
|--|----|
| 2.5 Simulação..... | 36 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 37 |
| 3.1 Desenvolvimento do Controlador Fuzzy..... | 37 |
| 3.2 Avaliação dos Ganhos de Seleção via Fuzzy..... | 40 |
| 3.2 Desempenho dos Clones Selecionados | 44 |
| 4. CONCLUSÃO | 48 |
| REFERÊNCIAS..... | 48 |
| CONSIDERAÇÕES FINAIS | 53 |
| APÊNDICES | 54 |

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** - Esquema básico controlador fuzzy adaptado de Barros, Bassanezi e Lodwick (2017). 5
- Figura 2** - Representação das variáveis fuzzy de entrada (esquerda) e saída (direita), e suas respectivas funções em forma triangular. 6
- Figura 3** - Painel da base de regras da ferramenta fuzzy do programa Matlab. 7
- Figura 4** - Exemplo de defuzzificação usando o método de inferência Mamdani e a metodologia de desfuzzificação do centro de gravidade. 8
- Figura 5** - Correlação entre valores genotípicos ($u + g$) (r_{vg}) entre os caracteres massa de 10 colmos com palha (MC10cp), massa de 10 colmos sem palha (MC10sp), toneladas de colmos por hectare com palha (TCHcp), toneladas de colmos por hectare sem palha (TCHsp), conteúdo de sacarose (PC), percentual de fibra (FIB) e toneladas de fibra por hectare com palha (TFHcp). Na diagonal principal são histogramas de distribuição, na parte superior da matriz estão os coeficientes de correlação entre valores genotípicos e na diagonal inferior a dispersão gráfica e linha de regressão. 20
- Figura 6** - Coeficiente de coincidência (CC) entre os clones selecionados nas estratégias: Seleção direta (SD), Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Williams (WI) e Pesek e Baker (PB). Os Pesos/ganhos desejados iguais ao: desvios padrão genético (DPG); coeficiente de variação genético (CVG), peso igual a 1 (P1), herdabilidade no sentido amplo (H) e divisão da maior média (PROP). Considerando a taxa de seleção de 10%. 23
- Figura 7** - Gráfico de redes da relação entre os clones selecionados na seleção direta para toneladas de colmos por hectare sem palha (SD.TCHsp), teor de sacarose (SD.PC) e percentual de fibra (SD.FIB), e os índices de Mulamba e Mock sem peso estimado (MM) e com peso econômico igual a herdabilidade (MM.H), e o índice de seleção de Pesek e Baker com os ganhos desejados iguais ao desvio padrão genético (PB.DPG), considerando uma taxa de seleção de 10%, em cada índice, para clones de cana-energia. 25
- Figura 8** - Desempenho dos 32 clones de cana-de-açúcar selecionados nos índices de Mulamba e Mock sem peso econômico estimado, Mulamba e Mock com peso econômico igual a herdabilidade e Pesek e Baker com ganho esperado baseado no desvio padrão genético para percentual de conteúdo de sacarose (PC), percentual de fibra (FIB) e toneladas de colmos sem palha por hectare (TCHsp). 26
- Figura 9** - Funções das variáveis linguísticas de entrada: toneladas de colmos por hectare (TCH), teor de fibra (FIB) e teor de sacarose aparente (PC). E as funções de saída: convencional, cogeração e multipropósito. 38
- Figura 10** - Ganho por seleção (GS%) em 26 populações simuladas para seleção de clones convencionais (a), multipropósito (b) e de cogeração de energia (c) sob a adição de diferentes teores de fibra (0, 2,5 e 5%), sacarose aparente (0, 1,5 e 3%) e toneladas de colmos por hectare (0, 15 e 30 t/ha) acrescidos aos dados reais. 43

Figura 11 - Gráfico de redes mostrando a relação dos clones PRBIO selecionados para clones convencionais, multipropósito e para cogeração de energia, além da identificação dos cruzamentos (números de cor cinza) que tiveram ao menos três descendentes selecionados. ⁺Saccharum spp., ⁺⁺Saccharum spontaneum, ⁺⁺⁺Saccharum robustum, [?]genitores desconhecidos. 45

Figura 12 - Média para os caracteres toneladas de colmos por hectare (TCH), teor de sacarose aparente (PC) e teor de fibra (FIB), nos clones selecionados para cana-de-açúcar convencional (a), cana-de-açúcar para cogeração de energia (b) e cana-de-açúcar multipropósito (c). 46

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** - Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os caracteres: massa de 10 colmos com palha (MC10cp), massa de 10 colmos sem palha (MC10sp), toneladas de colmos por hectare com palha (TCHcp), toneladas de colmos por hectare sem palha (TCHsp), conteúdo de sacarose (PC), percentual de fibra (FIB) e toneladas de fibra por hectare (TFHcp)..... 19
- Tabela 2** - Ganhos por seleção (GS) e Rank do somatório de seleção (Rank), para seleção direta e via diferentes índices para os caracteres: toneladas de colmos por hectare sem palha (TCHsp), porcentagem de sacarose aparente contida na cana-de-açúcar (PC) e percentual de fibra (FIB), em 220 clones de cana-energia considerando uma taxa de seleção de 10%. 21
- Tabela 3** - Populações simuladas a partir do acréscimo de diferentes níveis de fibra FIB (0, 2,5 e 5%), sacarose aparente PC (0, 1,5 e 3%) e toneladas de colmos TCH (0, 15 e 30 ton/ha) às médias da população original..... 37
- Tabela 4** - Regras utilizadas para a estruturação do controlador fuzzy. 39
- Tabela 5** - Ganhos por seleção em porcentagem GS(%), somatório dos GS(%) (Soma GS(%)) e parâmetros genéticos para os caracteres: tonelada de colmos por hectare (TCH), teor de sacarose aparente (PC) e teor de fibra (FIB), em 220 clones de cana-energia considerando a seleção dos 22 clones para cada carácter..... 40

LISTA DE APÊNDICES

Apêndice 1 - Comandos gerados para o controlador fuzzy no programa Matlab. 54

Apêndice 2 - Dispersão gráfica entre os caracteres teor fibra (FIB), teor de sacarose aparente (PC) e toneladas de colmos por hectare (TCH) nos clones de cana-de-açúcar. Clones selecionados via controlador fuzzy para cana-de-açúcar convencional (CA), Multipropósito (MP), Cogeração de energia (CE) e não selecionados (NS). A “/” significa clones selecionados mais de um critério.....55

Apêndice 3 - Famílias, clones e caracteres avaliados e utilizados como variáveis de entrada no controlador fuzzy, variáveis de saída do controlador fuzzy e ordenamento para seleção de clones convencionais (CA), multipropósito (MP) e para cogeração de energia (CE). 54

RESUMO

AZEREDO, Amaro Afonso Campos de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2017. **Índice de seleção e lógica fuzzy aplicada à seleção de clones de cana-de-açúcar.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientador: Cosme Damiano Cruz.

A seleção de clones de cana-de-açúcar, baseada apenas no fenótipo, é uma tarefa complexa para o melhorista. Os clones selecionados devem apresentar comportamento satisfatório para diferentes caracteres de produção e de qualidade da matéria prima. Para buscar solucionar esse problema, existem diferentes metodologias para auxiliar a seleção para multicaracterísticas. Os métodos fornecem informações de quais clones conseguem combinar, da melhor maneira, os caracteres de interesse agrônomo. Como exemplo, tem-se os diferentes índices de seleção, amplamente utilizados no melhoramento animal e vegetal. Contudo não há informações na literatura referentes à utilização de um controlador fuzzy como índice de seleção. A introdução geral dessa tese foi elaborada de maneira a apresentar ao leitor uma breve introdução a respeito do melhoramento genético da cana-de-açúcar, dos diferentes índices de seleção utilizados na área, assim como, fornecer ao leitor informações sobre a lógica fuzzy e o seu potencial para auxiliar nas atividades de seleção genética. Os dois capítulos avaliaram uma população constituída por 220 clones, oriundos de cruzamentos entre diferentes espécies do Gênero *Saccharum*. No primeiro capítulo foram testados diferentes índices de seleção já consolidados na literatura e amplamente utilizados por diferentes programas de melhoramento genético. Posteriormente, a população foi submetida a uma nova metodologia de seleção clonal, através de um controlador fuzzy, programado para classificar os clones em três ideótipos: os convencionais, com elevado teor de açúcar e biomassa; os de cogeração de energia elétrica, com maior teor de fibra e biomassa; e os multipropósito, com desempenho satisfatório para teores de fibra, sacarose e biomassa. Com base nos resultados obtidos na primeira metodologia de avaliação, foi possível observar que o índice de seleção de Mulamba e Mock, sem pesos econômicos estimados, Mulamba e Mock com pesos econômicos baseados nas herdabilidades e o índice de Pesek e Baker com os ganhos desejados baseados nos desvios padrão genético mostraram-se eficientes na seleção de clones de cana-de-açúcar com rendimento de fibra, conteúdo de sacarose e toneladas de colmos por hectare satisfatório. O desempenho do controlador fuzzy mostrou-se eficiente na seleção de clones para as diferentes finalidades ou ideótipos: cultivo convencional, cogeração de energia e multipropósito.

ABSTRACT

AZEREDO, Amaro Afonso Campos de, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, march, 2017. **Selection index and fuzzy logic applied to selection of sugarcane clones.** Adviser: Leonardo Lopes Bhering. Co-adviser: Cosme Damião Cruz.

The selection of sugarcane clones, based only on the phenotype, is a complex task for the breeder. The selected clones must show good behavior for different production characteristics and raw material quality. In order to solve this problem, there are different methodologies to assist the selection for multi-characteristics, the methods provide information on which the clones can combine, the best way, the characters of agronomic interest, for example, the different selection indices, widely used In animal and vegetable breeding, however, there is no information about the literature regarding the use of a fuzzy controller as a selection index. The general introduction of this thesis was elaborated in such a way as to present to the reader a brief introduction on the genetic improvement of sugarcane, the different selection indexes used in the area, as well as to provide the reader with information about fuzzy logic and Its potential to assist in genetic selection activities. The two chapters evaluated a population consisting of 220 clones, generate from crosses between different species of the Saccharum complex. In the first chapter we tested different selection indexes already consolidated in the literature and widely used by different breeding programs. electricity. Based on the results obtained in the first evaluation methodology, it was possible to observe that the selection index of Mulamba and Mock, without estimated economic weights, Mulamba and Mock with economic weights based on heritabilities and the Pesek and Baker index with the desired earnings based In the genetic standard deviations were efficient in the selection of sugarcane clones with good fiber yield, sucrose content and tons of high per hectare. The performance of the fuzzy controller proved to be efficient in the selection of clones for different purposes or ideotypes: conventional cultivation, energy cogeneration and multipurpose.

1. INTRODUÇÃO GERAL

1.1 Cana-De-Açúcar: As Novas Demandas Para O Programa De Melhoramento

Com as preocupações ambientais e o crescimento da demanda por novas fontes de combustíveis renováveis, a cana-de-açúcar tem sido apontada como a matéria prima mais importante para produção de bioenergia fazendo frente a outras culturas como o sorgo, capim elefante e eucalipto (Matsuoka et al., 2014; Carvalho-Netto et al., 2014). O Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo e o segundo maior produtor de etanol (25 bilhões de L/ano) (Santos et al., 2016).

O potencial de produção de biocombustíveis de cana-de-açúcar pode ser aumentando com a utilização da lignocelulose do seu bagaço a partir de novas tecnologias necessárias para a produção do denominado “etanol de segunda geração” ou etanol 2G (Dias et al., 2012; Santos et al., 2016), podendo elevar em até 50% a sua produção com a mesma quantidade de área cultivada (Waclawovsky et al., 2010).

No ano de 2014, o Brasil e os EUA foram os primeiros países a construir usinas destinadas ao processamento de produção do etanol de segunda geração. Com o surgimento da demanda por maior quantidade de biomassa visando a produção de etanol e energia elétrica, novas linhas de pesquisa estão surgindo com o objetivo de desenvolver variedades com maior teor de fibra, conhecidas como cana energia (Loureiro et al. 2011).

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar estão selecionando clones não somente para a produção de sacarose, como era feito tradicionalmente, mas também para a produção de biomassa, visando atender a necessidade de mercado para a produção de etanol de segunda geração e para a cogeração de energia elétrica (Waclawovsky et al., 2010). Para suprir essa demanda, as etapas de seleção do programa de melhoramento genético devem considerar o caráter teor de fibra, além dos outros caracteres usualmente utilizados no processo de seleção clonal.

As etapas as quais os clones são submetidos durante o processo de seleção no programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) podem ser descritas resumidamente em fases de teste (T1, T2, T3), fases de multiplicação e experimentação (FM e FE, respectivamente).

Conforme Resende e Barbosa (2006), primeiramente, ocorre o cruzamento entre genitores superiores, que gerarão sementes que seguirão para a primeira fase de teste (T1) (Resende e Barbosa 2006). Na fase T1, são plantados os *seedlings* obtidos dos

cruzamentos pré-estabelecidos. Ao final dessa fase são selecionadas as plantas que apresentam: mais de seis colmos por touceira; idade fisiológica de colmos semelhante; hábito de crescimento ereto; tolerância a doenças, ausência de florescimento e chochamento (Barbosa e Silveira, 2000; Matsuoka et al., 2005). A seleção pode ser feita em cana planta e/ou após o primeiro corte (soqueira), sendo recomendada a seleção na soqueira devido a baixas correlações entre o comportamento da cana planta e da soqueira (Matsuoka et al., 2005).

A seleção para os caracteres de baixa herdabilidade na fase T1, como por exemplo toneladas de colmos por hectare, pode ser mais eficiente se forem realizadas com base no desempenho de famílias (Landell e Bressiani, 2005), além disso, devido ao grande número de genótipos (mais de 200 mil *seedlings*) levados a campo nessa fase, o processo de avaliação individual torna-se inviável.

As plantas selecionadas na fase T1 construirão a segunda fase de seleção (T2), nessa fase ocorre a primeira propagação assexuada e o material passa a receber o nome de clone, sendo o experimento geralmente conduzido no delineamento de blocos aumentados (DBA). Nessa etapa também é recomendada a avaliação clonal em dois ciclos: cana planta e cana soca. Ao final do segundo ciclo, o processo de seleção clonal é realizado considerando basicamente os mesmos caracteres mencionadas no T1.

A terceira fase de teste (T3) consiste na avaliação dos clones selecionados no T2, os experimentos dessa fase são instalados no DBA e com pelo menos duas repetições por clone. O experimento pode ser conduzido em diferentes locais (usinas, destilarias e/ou universidades conveniadas a rede), a partir da seleção realizada no ciclo de cana soca do T3, ocorre a fase de multiplicação dos clones (FM). Nesse momento, podem ser conduzidos em paralelo a multiplicação, testes em casa de vegetação para avaliar a resistência dos clones as principais doenças como: ferrugem marrom, ferrugem alaranjada, mosaico e carvão (Pedrozo, 2006).

Na fase experimental (FE) os clones são avaliados em parcelas maiores, com repetições, em vários ambientes e em ao menos três safras, para que se possa identificar o valor genotípico dos clones com elevada acurácia (Barbosa e Silveira, 2000; Landell e Bressiani, 2005).

Após todas as etapas de seleção e experimentação, que duram entre 10 a 15 anos, os clones são liberados comercialmente recebendo a denominação de variedade. Além do tempo necessário, estima-se que cerca de 50 milhões de dólares são gastos para o desenvolvimento de uma nova variedade (Barbosa et al., 2012).

Uma maneira de gerar maior retorno econômico para os produtores, é com o desenvolvimento de variedades mais lucrativas por unidade de área. Para isso, além de variedades com maior teor de açúcar, um incremento no percentual de fibra pode ser explorado para cogeração de energia elétrica, através da queima do bagaço, e/ou produção de etanol de segunda geração. É possível observar na literatura tentativas de classificação dos clones de cana-de-açúcar ao considerar as relações entre os teores de açúcar e fibra.

Tew e Cobil (2008) classificaram os clones em três ideótipos:

- ✓ cana-de-açúcar convencional, com valores aproximados de 13% para açúcar e 12% para fibra;
- ✓ cana-energia tipo I, teor de açúcar pouco menor ou igual a convencional, todavia com maior teor de fibra (17%);
- ✓ cana-energia tipo II, baixa produção de açúcar (5%) e com elevado teor de fibra (30%).

Santchurn et al. (2014) propuseram uma classificação com 4 ideótipos:

- ✓ tipo 1: 13% de sacarose e 12% de fibra;
- ✓ tipo 2: 13% de sacarose e $\geq 14\%$ de fibra;
- ✓ tipo 3: $< 12\%$ de sacarose e $\sim 22\%$ de fibra;
- ✓ tipo 4: $< 5\%$ de sacarose e $\geq 22\%$ de fibra).

Contudo, a seleção de clones de cana energia para maiores teores de fibra pode não se mostrar eficiente se os níveis de toneladas de colmos por hectare forem baixos, devendo ser considerada esse caráter conjuntamente durante a seleção (Silveira et al., 2015).

Os clones selecionados para o incremento no teor de fibra são mais rústicos, acarretando em vantagens como menor exigência em água, clima, solo e nutrientes, além de maior razão de multiplicação (1:30 ou mais, contra 1:10 dos cultivares convencionais) (Matsuoka et al., 2010). As variedades atuais de cana-de-açúcar derivaram de hibridações e retrocruzamentos envolvendo principalmente acessos de *S. officinarum* e *S. spontaneum*, num processo conhecido como “nobilização” (D’Hont, 2005)

Considerando o desenvolvimento de variedades voltadas para a produção do etanol de segunda geração e/ou cogeração de energia, recomenda-se o cruzamento de variedades atuais com outras espécies do gênero *Saccharum*, uma vez que, conforme observado por Bull e Glasziou, (1963) existe uma ordem decrescente para acúmulo de fibra: *S. robustum*, *S. spontaneum*, *S. sienese* e *S. officinarum*, o que poderia acarretar em híbridos com maior teor de fibra.

1.2 Índices De Seleção No Melhoramento Genético De Plantas

Os índices de seleção permitem a obtenção de um valor numérico que funciona como parâmetro extra, teórico, buscando combinar os caracteres de interesse (Cruz et al., 2012), tornando possível selecionar genótipos que reúnam simultaneamente uma série de caracteres desejáveis (Miranda et al., 2015).

Um dos primeiros índices propostos para o melhoramento de plantas foi o de Smith (Smith, 1936), que posteriormente foi adaptado para o melhoramento animal por Hazel (Hazel, 1943). O índice de Smith e Hazel, também conhecido como índice clássico, necessita que o melhorista determine o valor econômico relativo a cada caráter, e que sejam obtidas as variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas entre cada par de caracteres (Smith, 1936; Hazel, 1943). Com o passar do tempo vários pesquisadores sugeriram modificações ao índice clássico.

Williams (1962) sugeriu que os valores fenotípicos fossem ponderados pelos seus respectivos pesos econômicos de maneira a evitar imprecisões associadas às matrizes de variâncias e covariâncias. Pesek e Baker (1969) sugeriram que os pesos econômicos fossem substituídos pelos ganhos desejados para os caracteres de interesse pelo melhorista.

Índices de seleção, como os propostos por Elston (1963) e Mulamba e Mock (1978), não necessitam obrigatoriamente que os pesos econômicos sejam estabelecidos e nem que as matrizes de variância e covariância sejam estimadas.

Diversos estudos sobre índices de seleção em cana-de-açúcar convencional podem ser encontrados na literatura (Pillai e Ethirajan, 1993; Pedrozo et al., 2009; Almeida et al., 2014), todavia, a viabilidade da aplicação desses índices ainda não foi testada na seleção de clones de cana energia.

1.3 Lógica Fuzzy

O cérebro humano é capaz de lidar com conceitos que não apresentam limites bem definidos, tais como: muito, alto e jovem, todavia, computadores não são capazes de executar diretamente esses limites indefinidos ou conceitos vagos, denominados de fuzzy (Sivanandam, Sumathi e Deepa, 2007). Em 1965, Lofti Zadeh, publicou o artigo “Fuzzy Sets”, onde o conceito de fuzzificação é explorado amplamente, esse artigo, acabou fazendo com que fosse atribuído a Zadeh o título de “Pai” da lógica fuzzy (Marro et al., 2010).

Os computadores trabalham com a lógica bivalente (booleana) que em alguns casos é imprecisa, devido a parcialidade da verdade e da possibilidade. Por essa razão, a lógica bivalente é inadequada para servir de base para as teorias da linguagem natural, sendo a lógica fuzzy a melhor escolha para mecanizar computacionalmente algumas habilidades humanas como conversar, raciocinar e tomar decisões (Zadeh, 2008).

Pesquisas têm abordado novas aplicações de controladores fuzzy em diversas áreas como na avaliação de saneamento ambiental, orientação de implementos agrícolas e automação em casas de vegetação (Canavese, Ortega, Queirós, 2014; Meng et al., 2015; Ardabili et al., 2016).

O potencial da lógica fuzzy no melhoramento genético pode ser observado no controlador desenvolvido por Carneiro (2015) para auxiliar na avaliação do comportamento de linhagens de feijão baseando-se nos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade dos métodos de Eberhart e Russell (1966) e Lin e Binns (1988), modificado por Carneiro (1998).

Considerando a seleção de clones da cana-de-açúcar um controlador fuzzy poderia ser desenvolvido para indicar clones potenciais tendo como variáveis de entrada caracteres agronômicos.

1.4 Fases De Processamento De Um Controlador Fuzzy

O processamento fuzzy é composto basicamente pelas etapas de fuzzificação, base de regras, inferência e desfuzzificação (Figura 1).

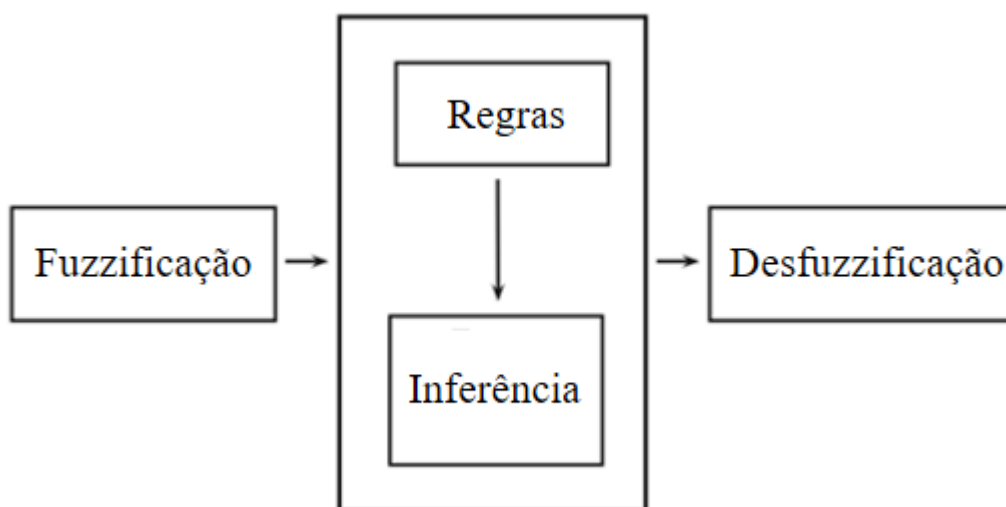


Figura 1- Esquema básico controlador fuzzy, adaptado de Barros, Bassanezi e Lodwick (2017).

1.4.1 Fuzzificação

A fuzzificação é a etapa onde as entradas dos sistemas são modeladas por conjuntos fuzzy e os seus respectivos graus de pertinência. Nessa etapa, é primordial que os especialistas sobre o fenômeno a ser modelado estejam presentes, de maneira que se as funções de entrada para cada variável linguística estiverem claras, elas serão fuzzificadas para sua função característica (Barros, Bassanezi e Lodwick, 2017).

De maneira a exemplificar o processo de fuzzificação, tomemos o exemplo de um melhorista classificando o teor de sacarose de uma variedade de cana-de-açúcar como “Rica”. Em termos numéricos, o melhorista poderia estar querendo dizer que o teor de sacarose poderia ser 14%, ou ainda, ao classificar o comprimento de colmo como “alto”, o colmo poderia ter três metros.

Para o computador executar esta tarefa, existe a necessidade que os dados de entrada (valores numéricos) estejam associados a funções de pertinência para verificar o quanto este valor pertence a uma ou mais classificações (conjuntos fuzzy). De maneira que o teor de “sacarose” e comprimento de “colmo” são denominados de variáveis fuzzy de entrada, ao passo que “Rica” e “alta” são os valores fuzzy (Figura 2).

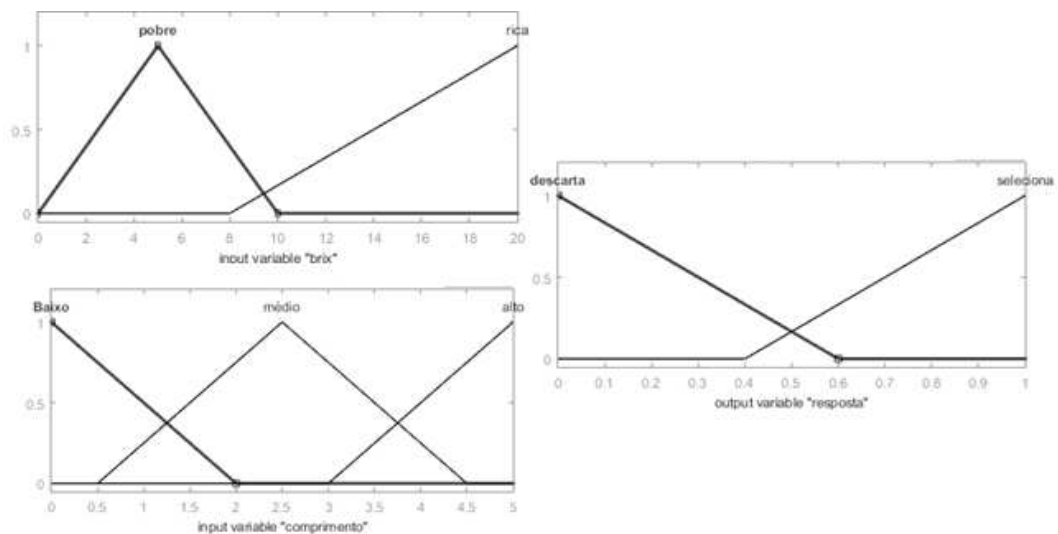


Figura 2 - Representação das variáveis fuzzy de entrada (esquerda) e saída (direita), e suas respectivas funções em forma triangular.

Considerando a variável fuzzy comprimento de colmo, poderiam ser atribuídos os valores “baixo”, “médio” e “alto”, enquanto que na variável sacarose poderiam ser atribuídos os valores “pobre” e “rica”. Considerando resposta do controlador, após os processos da base de regras, inferência e desfuzzificação, poderíamos considerar a variável de saída (resposta) em “seleciona” ou “descarta” como valores fuzzy. Essas

funções para classificar os valores fuzzy podem ser de diversos formatos tais como: sigmoidal, sino, trapezoidal, triangular e gaussiana (Goldschmidt, 2010).

Em cada valor fuzzy de entrada e saída haverá um grau de pertinência, que procura relacionar o quanto o valor declarado de entrada está associado às funções, permitindo o processamento dos dados de entrada. Geralmente, os valores atribuídos às pertinências são declarados no intervalo de 0 a 1, como pode ser observado no eixo Y da figura 2.

1.4.2 Base De Regras

A base de regras pode ser considerada o “núcleo” do controlador fuzzy, consistindo na formação das preposições para o funcionamento do controlador de maneira a ocorrer a formação de regras por meio das variáveis linguísticas “Se-então” (*if-then*), havendo mais uma vez a necessidade de alguém que conheça o processo a ser executado, para a correta elaboração das regras, dessa maneira, o computador poderá modelar os conjuntos fuzzy corretamente (Barros, Bassanezi e Lodwick, 2017) (Figura 3).



Figura 3 - Painel da base de regras da ferramenta fuzzy do software Matlab.

1.4.3 Inferência

A inferência é o processo que avalia a base de regras das entradas, por meio de diferentes modelos, permitindo que as decisões sejam processadas (Marro et al., 2010).

Segundo os mesmos autores, dentre todos os métodos de inferência o mais utilizado é o Mamdani.

O método de inferência de Mamdani foi proposto em 1975 com objetivo de controlar uma máquina a vapor a partir de um conjunto de regras linguísticas obtidos da experiência de operadores humanos (Mamdani e Assilian, 1975).

1.4.4 Desfuzzificação

A desfuzzificação consiste na conversão de um número fuzzy em um número real. A escolha da metodologia de desfuzzificação deve levar em conta a “ação” que consiga associar de maneira mais coerente os conjuntos fuzzy de saída, tais como: “tomar a ação que corresponda ao número máximo de membros”, “tomar a ação que está entre dois picos ou no centro dos conjuntos”, etc. (Zimmermann, 2011). O “centro de área”, “média dos máximos” e “bissetor” são exemplos de técnicas utilizadas na desfuzzificação.

O centro de área é considerado umas das técnicas de desfuzzificação mais comumente utilizada, também denominada de método do centro de gravidade, tem como solução a abcissa do centro de gravidade das variáveis (Figura 4) (Klir e Yuan, 1995). O método da média dos máximos calcula a média de todos os valores de saída que apresentem os maiores valores das funções de pertinência entre os dois elementos (Leekwijck e Kerre, 1999).

No método de inferência da média ponderada, a saída do controlador é obtida por meio da média ponderada de cada saída referente aos conjuntos de regras. O método do Bissetor necessita que sejam encontradas as linhas das bissetrizes dos ângulos internos do conjunto fuzzy.

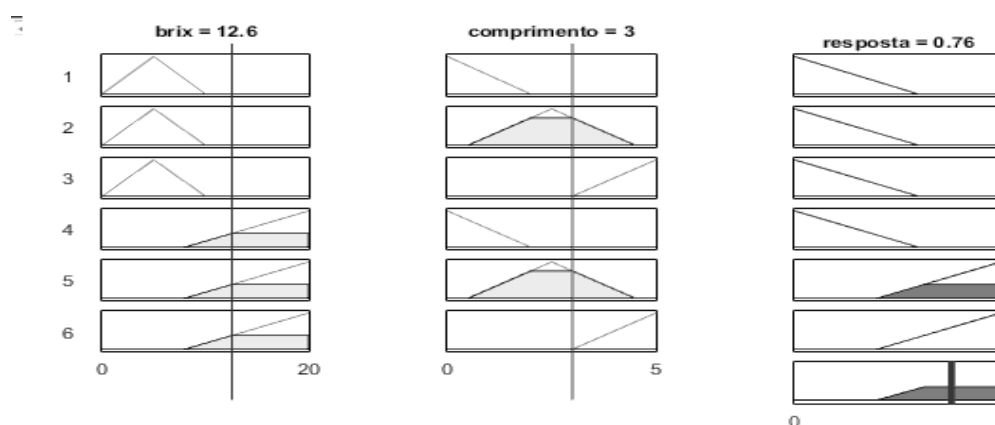


Figura 4 - Exemplos usando o método de inferência Mamdani e a metodologia de desfuzzificação do centro de área.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, L.M.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; JÚNIOR, C.; BARROS, J. (2014). Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. *Ciência Rural*, 44(4), 605-611.

ARDABILI, S. F.; MAHMOUDI, A.; GUNDOSHMIAN, T. M.; BEHFAR, H. (2016). Simulation of Control System in Environment of Mushroom Growing Rooms using Fuzzy Logic Control. *Agriculture Science Developments* Vol(5), No (1).

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, 578 p. 2010.

BARBOSA, M.H.P.; RESENDE, M.D.V.; DIAS, L.A.D.S., BARBOSA, G.V.D.S., OLIVEIRA, R.A.D.; PETERNELLI, L.A.; DAROS, E. (2012). Genetic improvement of sugar cane for bioenergy: the Brazilian experience in network research with RIDESA. *Crop Breeding Apply Biotechnology*. 12, 87-98

BARROS, L. C.; BASSANEZI, R.C.; LODWICK, W. A. (2017). *A First Course in Fuzzy Logic, Fuzzy Dynamical Systems, and Biomathematics*. Springer.

BULL, T. A.; GLASZIOU, K. T. (1963). The evolutionary significance of sugar accumulation in *Saccharum*. *Australian Journal of Biological Sciences*, 16(4), 737-742.

CARNEIRO, P.C.S. *Novas metodologias de análise da adaptabilidade e estabilidade de comportamento*. 1998, 168f. Tese (Doutorado) - Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.

CARNEIRO, V. Q. *Rede neural e lógica fuzzy aplicadas no melhoramento do feijoeiro*. 2015, 180f. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, 2015

CARVALHO-NETTO, O.V.; BRESSIANI JA, SORIANO, H.L.; FIORI C.S.; SANTOS J.M.; BARBOSA G.V.S.; XAVIER M.A.; LANDELL M.G.A.; PEREIRA G.A.G. (2014) The potential of the energy cane as the main biomass crop for the cellulosic industry. *chemical and Biological Technologies in Agriculture*. 1:1–8

CRESTE, S.; PINTO, L. R.; XAVIER; M. A. The importance of the germplasm in developing agro-energetic profile sugarcane cultivars, p.353-358. In: Luis Augusto Barbosa Cortez (Coord.). *Sugarcane bioethanol — R&D for Productivity and Sustainability*, São Paulo: Editora Edgard Blücher, 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C S. *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. Editora UFV, 2012.vol 1,514p.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J.C.; RAO, S.; BERDING, N. (1996). Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. *Molecular and General Genetics MGG*, 250(4): 405-413.

D'HONT, A. (2005). Unraveling the genome structure of polyploids using FISH and GISH; examples of sugarcane and banana. *Cytogenetic and genome research*, 109(1-3), 27-33.

DIAS, M. O.; JUNQUEIRA, T. L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M. P.; JESUS, C. D.; ROSSELL, C. E.; MACIEL FILHO, R. B.; BONOMI, A. (2012). Integrated versus stand-alone second generation ethanol production from sugarcane bagasse and trash. *Bioresource technology*, 103(1): 152-161.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. (1966). Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science. Madison*, v.6, n.1, p.36-40

ELSTON, R.C. (1963) A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics*, 19: 85-97.

GOLDSCHMIDT, R.R. (2010). *Uma Introdução à Inteligência Computacional: fundamentos, ferramentas e aplicações*. Rio de Janeiro Brasil: IST-Rio. 142p.

HAZEL. L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476-490.

LANDELL, M.G.A.; BRESSIANI, J.A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. *Cana-de-açúcar*. Campinas, SP: Instituto Agrônômico. p.101-155. 2008.

LIN, C. S., BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. *Canadian Journal of Plant Science*, v.68, n.3, p.193-198, 1988.

KLIR G.; YUAN B. 1995. *Fuzzy Sets and Fuzzy Logic: Theory and Applications*. Ed. Prentice Hall, USA.

LEEKWIJCK, W.V.; KERRE, E.E. (1999). Defuzzification: criteria and classification. *Fuzzy sets and systems*, 108(2): 159-178.

LOUREIRO M.E.; BARBOSA M.H.P.; LOPES F.J.F.; SILVÉRIO F.O.; (2011) Sugarcane breeding and selection for more efficient bio- mass conversion in cellulosic ethanol. In: Buckeridge MS, Goldman GH (eds) *Routes to cellulosic ethanol*. Springer, New York, pp 199–239.

MARRO, A. A.; DE CARVALHO SOUZA, A.M.; DE SOUSA CAVALCANTE, E. R.; BEZERRA, G. S.; DE OLIVEIRA NUNES, R. (2010). *Lógica fuzzy: conceitos e aplicações*. Natal: Universidade Federal do Rio Grande do Norte (UFRN).

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoria da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa, MG: UFV, p.225- 274, 2005.

MATSUOKA, S.; BRESSIANI, J.; MACCHERONI, W.; FOUTO, I. Bioenergia de cana. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Eds.). *Cana-de-açúcar: Bioenergia, Açúcar e Alcool – Tecnologias e Perspectivas*. Viçosa: Editora UFV, 2010. p. 487-517.

MATSUOKA, S.; KENNEDY, A.J.; SANTOS, E.G.D.D.; TOMAZELA, A.L.; RUBIO, L.C.S. (2014) Energy cane: its concept, development, characteristics, and prospects. *Advances in Botany*. 1-13.

MENG, Q., QIU, R., HE, J., ZHANG, M., MA, X., LIU, G. (2015). Development of agricultural implement system based on machine vision and fuzzy control. *Computers and Electronics in Agriculture*, 112: 128-138.

MIRANDA, A. C., DE MORAES, M. L. T., DA SILVA, P. H. M., & SEBBENN, A. M. (2015) Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden Genetic gain in the selection by

multi-effects index in open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Scientia Florestalis*, 45(105): 203-209.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, 7: 40-51.

PEDROZO, C. A. Eficiência da seleção em fases iniciais do melhoramento da cana-de-açúcar. Viçosa-minas gerais: (2006). 102f. Dissertação (mestrado em genética e melhoramento), Universidade Federal de Viçosa.

PEDROZO, C. A., BENITES, F. R. G., BARBOSA, M. H. P., DE RESENDE, M. D. V., & DA SILVA, F. L. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, 10(1): 31-36.

PESEK, J.; BAKER, R.J. (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Canadian Journal of Plant Sciences*, 1: 215-274.

PILLAI, S.V.; ETHIRAJAN, A.S. (1993) Selection indices for sugarcane improvement at three stages of selection. *Euphytica*, 71: 155-159.

RESENDE, M.D.V.; BARBOSA, M. H. P. (2006) Selection via simulated Blup base on family genotypic effects in sugarcane. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(3): 421-429.

SANTCHURN, D.; RAMDOYAL, K.; BADALOO, M.G.H.; LABUSCHAGNE, M.T. (2014). From sugar industry to cane industry: Evaluation and simultaneous selection of different types of high biomass canes. *Biomass and Bioenergy*, 61: 82-92.

SANTOS L.V.; BARROS, G.M.C.; GALLARDO, J.C.M.; PIROLLA, R.A.S.; CALDERÓN, L.L.; CARVALHO-NETTO, O.V.; PARREIRAS, L. S.; CAMARGO, E.L.O.; DREZZA, A.L.; MISSAWA, S.K.; TEIXEIRA, G.S.; LUNARDI, I.; BRESSIANI, J.; PEREIRA, G.A.G. (2016). Second-Generation Ethanol: The Need is Becoming a Reality. *Industrial Biotechnology*, 12: 40-57.

SILVEIRA, L.C.I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H., DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. (2015). Selection strategy in families of energy cane based on biomass production and quality traits. *Euphytica*, 204(2): 443-455.

SIVANANDAM, S. N.; SUMATHI, S.; DEEPA, S. N. *Introduction to fuzzy logic using MATLAB*. v.1. Berlin: Springer, 2007. 430p.

SMITH, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7: 240-250.

TEW, T.L.; COBILL, R.M. Genetic improvement of sugarcane (*Saccharum* spp.) as an energy crop. *Genetic improvement of bioenergy crops*. pp. 273-294. 2008. Springer New York.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H., SOUZA, G. M. (2010) Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. *Plant Biotechnology Journal*, 8(3): 263-276.

WILLIAMS, J.S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, 18: 375-393.

ZADEH, L. A. Is there a need for fuzzy logic?. (2008) *Information Sciences*, 178: 2751–2779.

ZIMMERMANN, H. J. (2011). *Fuzzy set theory and its applications*. Springer Science & Business Media. 514p.

CAPÍTULO 1

ÍNDICES DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-ENERGIA

RESUMO

O programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar vem se adaptando a uma nova demanda de mercado, além de elevada produtividade de sacarose por hectare, o setor necessita de novas cultivares com maior percentual de fibra. A seleção de clones de cana-de-açúcar, baseada apenas no fenótipo, é uma tarefa complexa para o melhorista. Uma vez que os clones selecionados devem apresentar bom comportamento para uma série de caracteres de produção e de qualidade da matéria prima. Para contornar esse problema, a utilização de índices de seleção pode fornecer informações de quais clones conseguem combinar, da melhor maneira, os caracteres de interesse agrônômico. No presente estudo foram avaliados diferentes índices de seleção em uma população constituída por 220 clones. Os caracteres avaliados foram: massa de 10 colmos com palha, massa de 10 colmos sem palha, toneladas de colmos por hectare com palha, toneladas de colmos por hectare sem palha, conteúdo de sacarose, percentual de fibra e toneladas de fibra por hectare. Os índices de seleção utilizados, foram: Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), índice base (Williams, 1962) e Pesek e Baker (1969). O índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), sem pesos econômicos estimados, Mulamba e Mock com pesos econômicos baseados nas herdabilidades e o índice de Pesek e Baker (1969) com os ganhos desejados baseados nos desvios padrão genético se mostraram eficientes na seleção de clones de cana-de-açúcar com rendimento de fibra, conteúdo de sacarose e toneladas de colmo por hectare satisfatório.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., fibra, bioenergia, etanol 2G, genética quantitativa.

1. INTRODUÇÃO

Na busca por tecnologias que causem menor impacto ambiental e com a crescente demanda por novas fontes de combustíveis renováveis, a cana-de-açúcar é apontada como a matéria prima mais importante para produção de bioenergia (MATSUOKA et al., 2014).

O potencial comercial para a produção de biocombustíveis obtidos por meio da cana-de-açúcar pode ser aumentando de 40 a 50% com a utilização da lignocelulose do

bagaço para a produção de etanol de segunda geração (WACLAWOVSKY et al., 2010; DIAS et al., 2012). Com este incremento na produção, o etanol de segunda geração tem se mostrado como alternativa promissora para contornar os desafios como os altos custos de produção e limitação de terras (SANTOS et al., 2016).

Segundo Bull e Glasziou (1963), as espécies do gênero *Saccharum*, seguem a seguinte ordem decrescente para acúmulo de fibra: *S. robustum*, *S. spontaneum*, *S. sienese* e *S. officinarum*. Os mesmos autores notaram que quanto menor o teor de fibra, maior o teor de sacarose, o acúmulo de sacarose foi favorecido durante o processo de seleção do gênero *Saccharum*. As espécies *S. spontaneum* e *S. officinarum*, foram as que mais contribuíram para o desenvolvimento das variedades voltadas para a produção de açúcar (D'HONT et al., 1996).

Tew e Cobil (2008) classificaram os possíveis clones obtidos no programa de melhoramento genético da cultura em três ideótipos: cana-de-açúcar convencional, com valores aproximados de 13% para açúcar e 12% para fibra; cana-energia tipo I, teor de açúcar pouco menor ou igual ao convencional, todavia com maior teor de fibra (17%); cana-energia tipo II, baixa produção de açúcar (5%) e com elevado teor de fibra (30%).

A seleção para cana-energia envolve a avaliação de vários caracteres agrônômicos simultaneamente, portanto, se faz necessário associar os valores de fibra, produção de açúcar e cana por hectare a um único valor, visando facilitar a decisão do melhorista durante o processo de seleção. Os índices de seleção permitem a obtenção de um valor numérico que funciona como parâmetro extra, teórico, buscando combinar os caracteres de interesse (CRUZ, REGAZZI e CARNEIRO, 2012), tornando possível selecionar genótipos que reúnam simultaneamente uma série de caracteres desejáveis (MIRANDA et al., 2015).

Um dos primeiros índices propostos para o melhoramento de plantas foi o de Smith (SMITH, 1936), que posteriormente foi adaptado para o melhoramento animal por Hazel (HAZEL, 1943). O índice de Smith e Hazel, também conhecido como índice clássico, necessita que o melhorista determine o valor econômico relativo a cada caráter, e que sejam obtidas as variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas entre cada par de caracteres (SMITH, 1936; HAZEL, 1943).

Com o passar do tempo, vários pesquisadores sugeriram modificações ao índice clássico. Williams (1962) sugeriu que os valores fenotípicos fossem ponderados pelos seus respectivos pesos econômicos de maneira a evitar imprecisões associadas as matrizes

de variâncias e covariâncias. Pesek e Baker (1969) sugeriram que os pesos econômicos fossem substituídos pelos ganhos desejados para os caracteres de interesse do melhorista.

O índice de Mulamba e Mock (1978) não necessita que pesos econômicos sejam estabelecidos e que matrizes de variância e covariância sejam estimadas, todavia, pesos econômicos podem ser atribuídos com o objetivo de se obter ganhos melhor distribuídos entre os caracteres.

Diversos estudos sobre índices de seleção em cana-de-açúcar convencional podem ser encontrados na literatura (PILLAI e ETHIRAJAN, 1993; PEDROZO et al., 2009; ALMEIDA et al., 2014), todavia, a viabilidade da aplicação desses índices ainda não foi testada na seleção de clones de cana-energia.

O objetivo desse trabalho foi avaliar a viabilidade da utilização de diferentes índices para a seleção de clones de cana-energia tipo I, visando contribuir para a escolha da melhor estratégia de seleção a ser adotada pelos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material Vegetal

O programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), tem atuado no desenvolvimento de cultivares de cana-energia e iniciou esse trabalho com a seleção de 50 famílias de irmãos completos, oriundas de cruzamentos entre acessos de *S. spontaneum*, *S. robustum*, cultivares República Brasil (RB) e cultivares de outros programas de melhoramento.

Ao final deste primeiro ciclo de seleção, foram avançados para o ciclo seguinte 220 clones, sendo que, 199 foram selecionados nas 22 melhores famílias (cruzamentos), e 21 foram selecionados em outras 17 famílias por meio da seleção massal. Os 220 clones formaram a primeira geração de seleção clonal, sendo avaliados na segunda fase de teste. O experimento com esses 220 clones foi instalado na estação experimental da Universidade Federal do Paraná, no município de Paranavaí, Paraná, Brasil.

O experimento foi conduzido no delineamento em blocos incompletos composto por 39 famílias de irmãos completos. Cada um dos 10 blocos foi constituído por 22 clones diferentes. A parcela experimental foi composta por duas linhas de 5m, espaçadas em 1,4m entre linhas e com plantio de 18 gemas por metro.

2.2 Avaliação Fenotípica

Os caracteres avaliados foram: número de colmos (NC), contando-se o colmo de todas as touceiras de cada parcela; massa de 10 colmos sem palha MC10sp (kg), determinada por meio da pesagem de 10 colmos da parcela, sem palha e ponteiro; massa de 10 colmos com palha MC10cp (kg) determinada por meio da pesagem de 10 colmos da parcela, todos os colmos foram coletados de forma aleatória.

Com base em uma amostra de 5 colmos sem palha por parcela, enviada a usina, foram obtidos: teor de fibra (FIB) e conteúdo de sacarose (PC), em porcentagem, estimadas seguindo as normas técnicas de determinação da qualidade da cana-de-açúcar, conforme estabelece o Conselho de Produtores de Cana-de-Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (CONSECANA, 2006).

A partir dos caracteres avaliados foram estimados a toneladas de colmos por hectare sem palha (TCHsp), $TCHsp = ((MC10sp / 10) \times NC) \times (10000/7))/1000$; toneladas de colmos por hectare com palha (TCHcp), $TCHcp = ((MC10cp / 10) \times NC) \times (10000/7))/1000$; toneladas de fibra por hectare de colmos com palha, (TFHcp), $TFHcp = (TCHcp \times FIB)/100$.

2.3 Análise Estatística

A estimativa de componentes de variância e predição de valores genéticos foi realizada usando o procedimento da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) conforme o modelo ajustado:

$$y = Xr + Zf + Wb + Sc + e$$

Em que: y é o vetor de dados; r é o vetor dos efeitos fixos (repetição) somados à média geral; f é o vetor dos efeitos de famílias de irmãos completos (aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos incompletos (aleatórios); c é o vetor dos efeitos de clone dentro de família de irmãos completos (aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X , Z , W e S) representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , f , b e c , respectivamente. Para esta análise foi o utilizado modelo 182 do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

A herdabilidade no sentido amplo (h_g^2) é dada por:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_{fam}^2 + \sigma_{clo/fam}^2}{\sigma_f^2}$$

Em que: σ_{fam}^2 é a variância total entre irmãos completos; $\sigma_{clo/fam}^2$ é a variância de clones dentro das famílias de irmãos completos; σ_f^2 é a variância fenotípica.

2.4 Estratégias de Seleção

Os índices de seleção utilizados, foram: Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978), índice base (WILLIAMS, 1962) e Pesek e Baker (1969).

Foram utilizados os índices de Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba e Mock (1978) e Willians (1962) sem atribuir peso econômico, todavia, também foram atribuídos pesos iguais: o desvio padrão genético (DPG); o coeficiente de variação genético (CVG) e a herdabilidade no sentido amplo (H).

Outro peso econômico utilizado foi o caráter de maior média no índice como numerador da divisão dos outros caracteres, incluindo o próprio caráter (PROP), de maneira que o caráter de maior média tenha peso 1 e os de menor média possuam pesos maiores que 1. De maneira que sendo a ordem das médias de três caracteres $X1 > X2 > X3$, o peso para cada caráter será o resultado da divisão: $X1/X1$, $X1/X2$ e $X1/X3$ respectivamente.

Os pesos econômicos citados anteriormente foram utilizados como ganhos desejados para o índice de Pesek e Baker (1969) e também foram atribuídos valores de ganhos iguais a 1 (P1). Foi adotada a seleção direta (SD) para cada caráter considerando o acréscimo na média. A taxa de seleção aplicada em todos as estratégias foi de 10% (22 clones).

Para todas as estratégias de seleção foi utilizado o programa Genes (CRUZ, 2013). As estimativas de correlação entre valores genotípicos e coeficientes de coincidência foram realizados com o auxílio do programa R (R Development Core Team, 2015). Para melhor visualização das relações entre os clones selecionados nas diferentes estratégias de seleção foi construído um gráfico de redes utilizado o programa Gephi (BASTIAN et al., 2009).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variância genotípica apresentou efeito significativo para todos os caracteres estudados de acordo com a análise de deviance, indicando a presença de variabilidade genética na população clonal (Tabela 1).

Tabela 1 – Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos para os caracteres: massa de 10 colmos com palha (MC10cp), massa de 10 colmos sem palha (MC10sp), tonelada de colmos por hectare com palha (TCHcp), tonelada de colmos por hectare sem palha (TCHsp), conteúdo de sacarose (PC), percentual de fibra (FIB) e tonelada de fibra por hectare (TFHcp).

| Parâmetros ¹ | MC10cp (kg) | MC10sp (kg) | TCHcp (ton) | TCHsp (ton) | PC (%) | FIB (%) | TFHcp (ton) |
|-------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|-------------|------------|----------------|
| σ_{fam}^2 | 6,73 | 5,7 | 458,22 | 423,83 | 1,74 | 0,84 | 8,37 |
| σ_{bl}^2 | 0,04 | 0,18 | 2,18 | 28,25 | 0,05 | 0,01 | 0,06 |
| $\sigma_{clo/fam}^2$ | 1,5 | 1,05 | 185,83 | 125,6 | 0,32 | 0,26 | 3,7 |
| σ_g^2 | 8,23* | 6,75* | 644,05* | 549,43* | 2,06* | 1,10* | 12,07* |
| σ_e^2 | 10,77 | 7,66 | 1307,0 | 903,4 | 2,35 | 1,84 | 25,97 |
| σ_f^2 | 19,04 | 14,6 | 1953,24 | 1481,08 | 4,46 | 2,94 | 38,1 |
| h_{fam}^2 | 0,35 ± 0,11 | 0,39 ± 0,12 | 0,23 ± 0,09 | 0,29 ± 0,1 | 0,39 ± 0,12 | 0,29 ± 0,1 | 0,22 ± 0,09 |
| h_g^2 | 0,43 | 0,46 | 0,33 | 0,37 | 0,46 | 0,37 | 0,32 |
| AC_{gen} | 0,66 | 0,66 | 0,73 | 0,76 | 0,65 | 0,69 | 0,75 |
| Cv_{gi} | 18,71 | 22,79 | 13,54 | 17,32 | 14,51 | 6,43 | 12,96 |
| Cv_e | 23,67 | 26,41 | 22,87 | 25,29 | 16,9 | 9,51 | 22,82 |
| Média | 13,87 | 10,48 | 158,1 | 118,85 | 9,08 | 14,24 | 22,33 |

¹ Variância entre famílias (σ_{fam}^2), variância entre os blocos (σ_{bl}^2), variância de clones dentro das famílias ($\sigma_{clo/fam}^2$), variância ambiental (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_f^2), herdabilidade média de família (h_{fam}^2), herdabilidade no sentido amplo (h_g^2), acurácia genética (AC_{gen}), coeficiente de variação genética (Cv_{gi}), coeficiente de variação ambiental (Cv_e) e média geral (Média). *significativo a 5% de probabilidade de acordo com a análise de Deviance.

As acurácias apresentaram valores entre 65 e 76%, sendo consideradas de moderada a alta, indicando boa correlação entre as médias genotípicas preditas e os valores reais dos indivíduos, possibilitando ganhos genéticos com a seleção clonal (RESENDE e DUARTE, 2007) (Tabela 1).

Os valores da estimativa de herdabilidade no sentido amplo variaram entre 0,33 e 0,46, para TCHsp e PC, respectivamente (Tabela 1) valores considerados de média magnitude segundo Resende (2002). A herdabilidade no sentido amplo é um parâmetro importante, ocorrendo a capitalização da variabilidade obtida do cruzamento inicial, sua magnitude está diretamente relacionada com os possíveis ganhos de seleção nas diferentes fases do programa (ZHOU e JOSHI, 2012). Os coeficientes de variação ambiental para os sete caracteres avaliados, oscilaram entre 9,51 e 26,41%, valores considerados de baixo a médio, segundo Pimentel-Gomes (2009), evidenciando boa precisão experimental (Tabela 1).

A correlação entre os valores genotípicos foi de forte magnitude entre M10cp e M10sp ($r_{vg} = 0,95$), indicando grau elevado de associação estatística linear entre os dois caracteres (Figura 5). Segundo Dancy e Reidy (2011), a intensidade dos coeficientes de

correlação, positivas ou negativas, podem ser classificadas aproximadamente em: zero (0), fraco (0,1 a 0,3), moderado (0,4 a 0,6), forte (0,7 a 0,9) e perfeito (1). Uma vez que a massa de 10 colmos com palha e sem palha utilizadas são multiplicados pelos mesmos números de colmos para estimar toneladas de colmos por hectare com e sem palha, respectivamente, era esperado forte associação linear entre os dois caracteres ($r_{vg} = 0,95$) (Figura 5).

O caráter TFHcp apresentou valores de correlação entre os valores genotípicos forte com TCHcp ($r_{vg} = 0,89$) e TCHsp ($r_{vg} = 0,79$) (Figura 5). Se generalizarmos os resultados obtidos neste experimento, afim de otimizar a tomada de dados no campo, não se faz necessário obter a massa de colmo com e sem palha, devendo ser escolhido apenas um caráter, proporcionando menor custo de fenotipagem.

Os caracteres, PC e FIB, apresentaram baixa correlação entre si, e, variando de fraca a moderada com os outros cinco caracteres avaliados (Figura 1). Segundo Ramdoyal e Badaloo (2007), mesmo com a correlação negativa ou fraca entre conteúdo de sacarose e fibra, provavelmente em razão de genes pleiotrópicos ou ligação gênica, é possível selecionar clones que tenham percentual aceitável de conteúdo de sacarose e que apresentam alto teor de fibra.

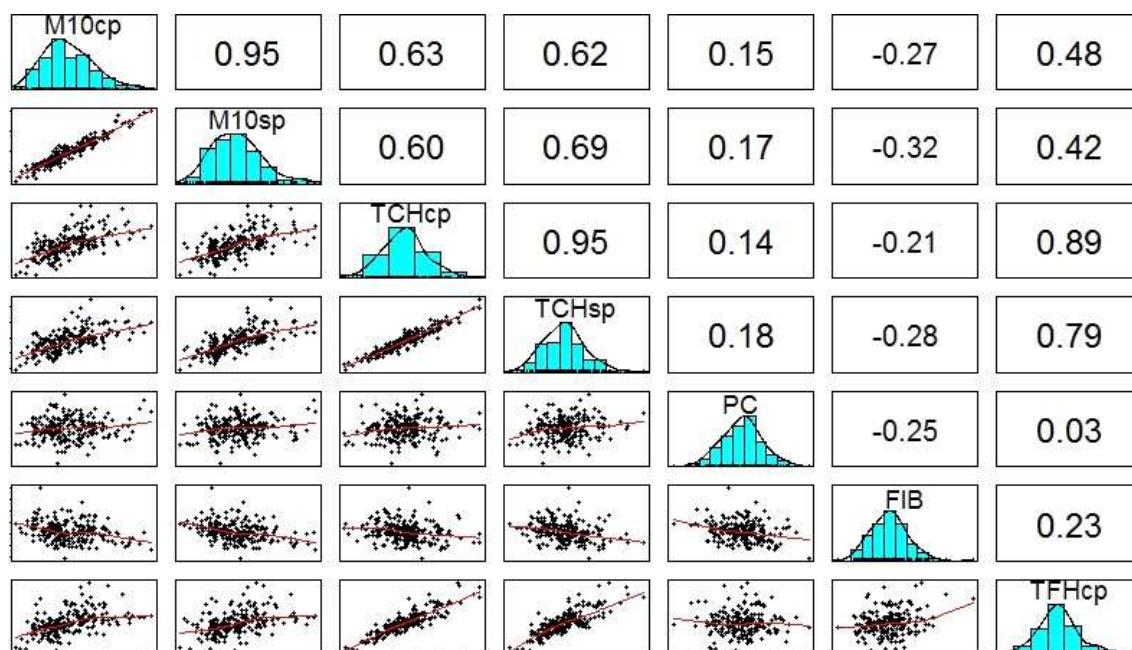


Figura 5 – Correlação entre valores genotípicos ($u + g$) (r_{vg}) entre os caracteres massa de 10 colmos com palha (M10cp), massa de 10 colmos sem palha (M10sp), toneladas de colmos por hectare com palha (TCHcp), toneladas de colmos por hectare sem palha (TCHsp), conteúdo de sacarose (PC), percentual de fibra (FIB) e toneladas de fibra por hectare com palha (TFHcp). Na diagonal principal são histogramas de distribuição, na parte superior da matriz estão os coeficientes de correlação entre valores genotípicos e na diagonal inferior a dispersão gráfica e linha de regressão.

Uma vez que existe correlação forte de TCHsp com os demais caracteres, com exceção de FIB e PC, esses três caracteres foram escolhidos para integrarem os índices apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 – Ganhos por seleção (GS) e Rank do somatório de seleção (Rank), para seleção direta e via diferentes índices para os caracteres: toneladas de colmos por hectare sem palha (TCHsp), porcentagem de sacarose aparente contida na cana-de-açúcar (PC) e percentual de fibra (FIB), em 220 clones de cana-energia considerando uma taxa de seleção de 10%.

| Seleção | TCHsp | PC | FIB | Soma | Rank |
|----------------------|-------------------|--------|-------|-------|------|
| | ----- GS(%) ----- | | | | |
| WI-PROP ¹ | 17,15 | 12,22 | -0,34 | 29,03 | 1 |
| SH-PROP | 16,14 | 14,94 | -2,4 | 28,68 | 2 |
| SH-H | 21,68 | 4,44 | -2,56 | 23,56 | 3 |
| MM-DPG | 22 | 2,99 | -2,4 | 22,59 | 4 |
| SH | 22 | 2,99 | -2,4 | 22,59 | 5 |
| SD-PC | 6,16 | 18,47 | -2,5 | 22,13 | 6 |
| MM-H | 7,31 | 11,06 | 3,7 | 22,07 | 7 |
| MM | 8,93 | 8,63 | 4,26 | 21,82 | 8 |
| SH-CVG | 22,18 | 1,94 | -2,75 | 21,37 | 9 |
| WI-CVG | 22,26 | 1,05 | -2,53 | 20,78 | 10 |
| WI-H | 22,26 | 1,05 | -2,53 | 20,78 | 11 |
| WI | 22,26 | 1,05 | -2,53 | 20,78 | 12 |
| PB-DPG | 10,38 | 4,54 | 5,83 | 20,75 | 13 |
| SH-DPG | 22,18 | 1,68 | -3,11 | 20,75 | 14 |
| SD-TCHsp | 22,27 | 0,63 | -2,62 | 20,28 | 15 |
| WI-DPG | 22,27 | 0,63 | -2,62 | 20,28 | 16 |
| MM-PROP | 1,55 | 11,22 | 4,47 | 17,24 | 17 |
| PB-CVG | -0,52 | 8,68 | 6,33 | 14,49 | 18 |
| PB-H | 0,15 | 3,59 | 7,91 | 11,65 | 19 |
| PB-P1 | 0,15 | 3,59 | 7,91 | 11,65 | 20 |
| PB-PROP | -1,86 | 5,47 | 7,47 | 11,08 | 21 |
| SD-FIB | -3,17 | -3,9 | 8,66 | 1,59 | 22 |
| MM-CVG | -16,56 | -15,03 | 3,19 | -28,4 | 23 |

¹Seleção direta (SD), Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Williams (WI), Pesek e Baker (PB). Pesos/ganhos desejados iguais ao: desvios padrão genético (DPG); coeficiente de variação genético (CVG), peso igual a 1 (P1), herdabilidade no sentido amplo (H) e divisão da maior média (PROP).

Das seleções diretas (SD), a seleção para PC foi a que proporcionou maior somatório total de ganho por seleção (22,13%), ocupando a sexta posição, e o ganho de seleção para TCHsp foi de 18,47% (Tabela 2). A seleção direta para PC demonstrou ganho indireto positivo para TCHsp (6,16%), todavia, o ganho indireto para FIB foi praticamente nulo (-2,5%) (Tabela 2).

O segundo melhor desempenho em somatório para seleção direta foi obtido para TCHsp (20,28), cujo o percentual de ganho por seleção para TCHsp (22,27%) foi o de maior magnitude entre os três caracteres agronômicos estudados nas três seleções diretas praticadas (Tabela 2). Com a seleção direta para TCHsp o ganho de seleção indireto para PC foi praticamente nulo (0,63%) e negativo para FIB (-2,62%) (Tabela 2).

O somatório dos ganhos de seleção direta para FIB apresentou o pior desempenho, ocupando o penúltimo lugar dentre todos os somatórios de ganhos por seleção (1,59%), com ganho de seleção para FIB de 8,66% (Tabela 2). Os ganhos indiretos de seleção para FIB foram negativos para TCHsp (-3,17%) e PC (-3,9%) (Tabela 2).

Ao compararmos os desempenhos dos ganhos por seleção em todos os índices praticados é importante notarmos, primeiramente, a seleção direta para cada um dos caracteres. Uma vez que a seleção direta permite ao melhorista saber o valor máximo de ganho direto para cada caráter, o índice ideal para a seleção simultânea deve combinar os ganhos mais próximos possíveis dos ganhos diretos das seleções diretas (Tabela 2).

Na tabela 2, as seis estratégias de seleção mais bem ranqueadas, possibilitaram ganhos para TCHsp e PC. Entretanto, essas estratégias também promoveram ganhos negativos ou, baixos, para FIB (-2,56 a -0,34%). Da nona a décima sexta estratégia de seleção, (ver rank na tabela 2), com exceção da décima terceira, todas apresentaram ganhos elevados apenas para TCHsp (22,18 a 22,27%). Da décima sétima à vigésima primeira estão as estratégias que proporcionaram ganhos para os caracteres PC (3,59 a 11,22%) e FIB (4,47 a 7,47%) (Tabela 2).

Segundo Silveira et al. (2015a) a seleção de famílias de cana-energia para teores de fibra pode não se mostrar eficiente se os níveis de toneladas de colmos por hectare forem baixos. E, considerando a seleção para cana-energia tipo I, os teores de açúcar também devem ser mantidos no patamar de uma cultivar convencional.

Analisando os ganhos de seleção obtidos nos índices para os caracteres PC, FIB e TCHsp, os índices de Mulamba e Mock sem pesos estimados, Mulamba e Mock com pesos econômicos iguais a herdabilidade e o índice de Pesek e Baker com ganhos desejados iguais ao desvio padrão genético proporcionaram ganhos melhor distribuídos (Tabela 2), sendo, portanto, os índices mais indicados para a seleção de cana energia tipo I.

A relação entre os clones selecionados nas estratégias de seleção estudadas podem ser observadas através do coeficiente de coincidência (CC), quanto maior a circunferência e mais próxima da cor azul escuro, maior a relação (Figura 2). Os índices de WIPROP

e SH.PROP ($CC > 0,8$) apresentaram ganhos para TCHsp e PC simultaneamente (Tabela 2). Os índices MM.DPG, SH.H, SH, SH.CVG, WI.CVG, WI.H, WI, SH.DPG, SD.TCHsp, WI.DPG apresentaram alta coincidência entre os clones selecionados ($CC > 0,9$) (Figura 6). Esses índices proporcionaram ganhos elevados para TCHsp (Tabela 2).

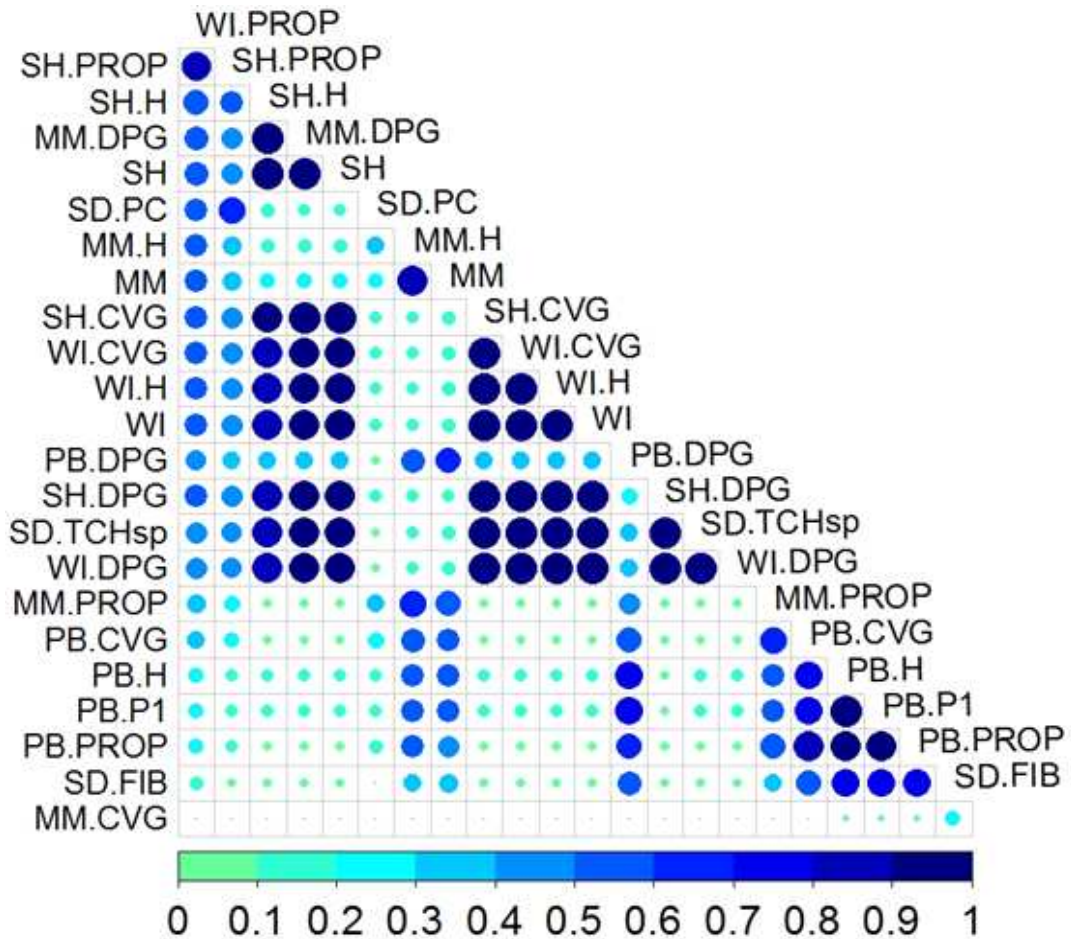


Figura 6 – Coeficiente de coincidência (CC) entre os clones selecionados nas estratégias: Seleção direta (SD), Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Williams (WI) e Pesek e Baker (PB). Os Pesos/ganhos desejados iguais ao: desvios padrão genético (DPG); coeficiente de variação genético (CVG), peso igual a 1 (P1), herdabilidade no sentido amplo (H) e divisão da maior média (PROP). Considerando a taxa de seleção de 10%.

Os índices PB.CVG, PB.H, PB.P1, PB, PB.PROP e SD.FIB, apresentaram coincidência entre os clones selecionados acima de 0,59, apresentando um bom desempenho para FIB (Figura 6 e Tabela 2). Na maioria dos índices testados, os que ficaram classificados próximos apresentam maior número de clones iguais selecionados entre si.

Entre as seleções diretas é possível observar baixa coincidência entre os clones selecionados, isso era previsto tendo em vista os baixos coeficientes de correlação genotípica para os caracteres FIB, PC e TCHsp (Figuras 5 e 6). Dos índices que apresentaram a distribuição mais equilibrada nos ganhos por seleção nos FIB, PC e TCHsp, é possível observar que MM.H e MM apresentaram alto valor de coincidência entre os clones selecionados 0,86, todavia, estes dois índices apresentaram percentual médio de coincidência de 0,56 e 0,64, com PB.DPG, respectivamente (Tabela 2 e Figura 6). Como os três índices apresentaram ganhos nos três caracteres e selecionaram alguns clones diferentes entre si, seria interessante utilizar todos os clones selecionados nas próximas fases do programa.

Apesar de poucos clones terem sido selecionados simultaneamente nas 3 seleções diretas, dos 32 clones diferentes selecionados nos três índices de seleção de distribuição mais equilibrada, 24 foram selecionados também nas seleções diretas (Figura 7). Das 49 famílias de irmãos completos avaliadas nesse experimento, 18 estão sendo representadas com 32 clones selecionados (Figura 7).

Os clones PRBIO53 e PRBIO143, foram avançados para o ciclo seguinte com base nas seleções diretas para TCHsp e FIB, e para os índices de Mulamba e Mock sem peso estimados, Mulamba e Mock com peso baseados nas herdabilidades e Pesek, e Baker com ganhos baseados no desvio padrão genético (Figura 7).

Individualmente, foi possível detectar clones com desempenho geral satisfatório, a exemplo do PRBIO203 (13% de PC, 140,63 TCHsp e 16,28% de FIB), do PRBIO116 (11% de PC, 17,65% FIB e 127,39 TCHsp), e do PRBIO148 (11% de PC, 16,27% de FIB e 122,65 TCHsp) (Figura 4). Silveira et al. (2015b), relataram que cultivares de cana-energia tipo 1 que conseguissem manter os níveis de conteúdo de sacarose próximos de 13% e fibra em torno de 17%, seriam capazes de atender a demanda atual do setor sucroenergético (Figura 8).



Figura 8 – Desempenho dos 32 clones de cana-de-açúcar selecionados nos índices de Mulamba e Mock sem peso econômico estimado, Mulamba e Mock com peso econômico igual a herdabilidade e Pesek e Baker com ganho esperado baseado no desvio padrão genético para percentual de conteúdo de sacarose (PC), percentual de fibra (FIB) e toneladas de colmos sem palha por hectare (TCHsp).

Apesar de terem sido selecionados 32 clones, é importante salientar que conforme relatado por Lucius et al. (2014), a seleção massal poderá eliminar clones selecionados pelos índices, uma vez que alguns clones podem apresentar sintomas de doenças e/ou outros caracteres indesejados, tais como: chochamento fisiológico, florescimento, susceptibilidade a pragas, tombamento e gemas muito salientes, ou seja, caso o melhorista julgue necessário, alguns clones previamente selecionados podem ser descartados. Outro fator importante é que a eficiência de seleção ao se escolher um determinado índice, assim

como as herdabilidades estimadas, são subjetivos à população a ser melhorada (PEDROZO et al., 2009).

Com as próximas fases de seleção, as estimativas de parâmetros genéticos tornam-se mais acuradas, pois os clones passam a ser avaliados com repetições e em vários locais, se forem comprovados os comportamentos observados, além de possíveis cultivares de cana-energia tipo I, os 32 clones selecionados nos índices Mulamba e Mock sem peso econômico estimado, Mulamba e Mock com peso econômico baseado na herdabilidade e Pesek e Baker com ganhos desejados baseados nos desvio padrão genético devem ser cruzados entre si, afim de buscar em novos ciclos de seleção, clones promissores de cana-energia. Silveira et al. (2015b) ao selecionarem esses mesmos clones no ciclo anterior (fase T1), enfatizaram a necessidade do cruzamento entre clones divergentes e a aplicação da seleção recorrente recíproca (SRR) para o sucesso na obtenção de novas variedades de cana-energia tipo I e II.

Dos 32 clones selecionados é possível observar que apenas o clone PRBIO41 apresentou o maior conteúdo de sacarose (PC = 13,19%) em relação ao teor de fibra (FIB = 12,99%) (Figura 4). Se o objetivo do melhorista for a obtenção de variedades com teores ainda maiores de fibra (FIB), uma estratégia a ser adotada é a autofecundação dos clones, pois Azeredo et al. (2016) constataram aumento nas médias de FIB nas progênies de cana-de-açúcar obtidas com a autofecundação (S1) quando comparadas com seus respectivos genitores e recomendaram que, além da seleção direta, os clones poderiam ser conduzidos em um esquema de seleção recorrente recíproca individual de progênies autofecundadas SRRI-S1 afim de se obter variedades com maior produção de fibra.

4. CONCLUSÃO

O índice de seleção de Mulamba e Mock sem peso econômico estimado, Mulamba e Mock com pesos econômicos baseados nas herdabilidades, e o índice de Pesek e Baker com os ganhos desejados baseado nos desvios padrão genéticos se mostraram eficientes na seleção de clones de cana-energia tipo I.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, L. M.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; JÚNIOR, C.; BARROS, J. (2014) Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. *Ciência Rural*, 44(4): 605-611.

AZEREDO, A. A. C.; BHERING, L. L.; BRASILEIRO, B. P.; CRUZ, C. D.; BARBOSA, M. H. P. (2016) Selection in sugarcane based on inbreeding depression. *Genetics and Molecular Research*, 15(2): 1-11.

BASTIAN, M.; HEYMANN, S.; JACOMY, M. (2009) Gephi: an open source software for exploring and manipulating networks. *Proceedings of the Third International ICWSM Conference*, 8: 361-362.

BULL, T. A.; GLASZIOU, K. T. (1963) The evolutionary significance of sugar accumulation in *Saccharum*. *Australian Journal of Biological Sciences*, 16(4): 737-742.

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE- AÇÚCAR. AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO - CONSECANA. Manual de Instruções. Piracicaba. 2006. 112p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Editora UFV, 2012.vol 1,514p.

CRUZ, C. D. (2013) Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35(3), 271-276.

D'HONT, A.; GRIVET, L.; FELDMANN, P.; GLASZMANN, J. C.; RAO, S.; BERDING, N. (1996) Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. *Molecular and General Genetics MGG*, 250(4): 405-413.

DANCY, C. P.; REIDY, J. Statistics without maths for psychology. Prentice Hall 5, 2011. 648p.

- DIAS, M. O.; JUNQUEIRA, T. L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M. P.; JESUS, C. D.; ROSSELL, C. E.; MACIEL FILHO, R. B.; BONOMI, A. (2012) Integrated versus stand-alone second generation ethanol production from sugarcane bagasse and trash. *Bioresource Technology*, 103(1): 152-161.
- HAZEL, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476-490.
- LUCIUS, A. S. F.; OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; VERISSIMO, M. A. A. (2014) Desempenho de famílias de cana-de-açúcar em diferentes fases no melhoramento genético via REML/BLUP. *Semina: Ciências Agrárias*, 35(1): 101-112.
- MATSUOKA, S.; KENNEDY, A. J.; SANTOS, E. G. D. D.; TOMAZELA, A. L.; RUBIO, L. C. S. (2014) Energy cane: its concept, development, characteristics, and prospects. *Advances in Botany*. 1-13.
- MIRANDA, A. C.; DE MORAES, M. L. T.; DA SILVA, P. H. M.; SEBBENN, A. M. (2015) Ganhos genéticos na seleção pelo método do índice multi-efeitos em progênies polinização livre de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden Genetic gain in the selection by multi-effects index in open-pollinated progenies of *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Scientia Florestalis*, 45(105): 203-209.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, 7: 40-51.
- PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; DA SILVA, F. L. (2009) Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. *Scientia Agraria*, 10(1): 31-36.
- PESEK, J.; BAKER, R.J. (1969) Desired improvement in relation to selection indices. *Canadian Journal of Plant Sciences*, 1: 215-274.

PILLAI, S. V.; ETHIRAJAN, A. S. (1993) Selection indices for sugarcane improvement at three stages of selection. *Euphytica*, 71: 155-159.

PIMENTEL-GOMES, F. *Curso de estatística experimental*. FEALQ. (2009) 451p.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2015). R: *A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org>.

RAMDOYAL, K.; BADALOO, M. (2007) An evaluation of interspecific families of different nobilized groups in contrasting environments for breeding novel sugarcane clones for biomass. *International Society of Sugar Cane Technologists*, 625-637.

RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Informação Tecnológica. Colombo: Embrapa Florestas, 2002.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. (2007) Precisão e controle experimental de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3): 182-194.

RESENDE, M. D. V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16: 330-339.

SANTOS L. V.; BARROS, G.; M.; C.; GALLARDO J. C. M.; PIROLA R. A. S.; CALDERÓN L. L.; CARVALHO-NETTO O. V.; PARREIRAS, L. S.; CAMARGO, E. L. O.; DREZZA, A. L.; MISSAWA, S. K.; TEIXEIRA, G. S.; LUNARDI, I.; BRESSIANI, J.; PEREIRA, G. A. G. (2016) Second-Generation Ethanol: The Need is Becoming a Reality. *Industrial Biotechnology*, 12(1): 40-57.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. (2015) Selection strategy in families of energy cane based on biomass production and quality traits. *Euphytica*, 204(2): 443-455a.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A. (2015) Genetic diversity and coefficient of kinship among potential genitors for obtaining cultivars of energy cane. *Revista Ciência Agronômica*, 46(2): 358-368b.

SMITH, H. F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7: 240-250.

TEW, T. L.; COBILL, R. M. Genetic improvement of sugarcane (*Saccharum* spp.) as an energy crop. *Genetic improvement of bioenergy crops*. pp. 273-294. 2008. Springer New York.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H.; SOUZA, G. M. (2010) Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. *Plant Biotechnology Journal*, 8(3): 263-276.

WILLIAMS, J. S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, 18, 375-393.

ZHOU, M.; JOSHI, S. (2012) Trends in broad sense heritability and implications for sugarcane breeding in South Africa. *Sugar Tech*, 14(1): 40-46.

CAPÍTULO 2

INTELIGÊNCIA COMPUTACIONAL APLICADA À SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA DIFERENTES FINALIDADES

RESUMO

Os programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar devem dar atenção aos diferentes ideótipos durante o processo de seleção clonal, levando em consideração as relações entre os teores de sacarose e fibra, e a produção de biomassa. Para isso, os programas devem manejar com eficiência a seleção dos clones obtidos entre cruzamentos envolvendo genitores de diferentes espécies do gênero *Saccharum*. O objetivo desse trabalho foi desenvolver um controlador fuzzy capaz de selecionar clones de cana-de-açúcar para diferentes finalidades. Uma população de 220 clones de cana-de-açúcar obtidos através de cruzamentos envolvendo variedades atuais e acessos com elevado teor de fibra foi submetida a uma nova metodologia de seleção clonal através de um controlador fuzzy programado para classificar os clones em três ideótipos: os clones convencionais, de elevado teor de sacarose e biomassa; os clones para cogeração de energia elétrica, com maior teor de fibra e biomassa; e os clones multipropósito, com médias satisfatórias para os teores de fibra, sacarose e produção de biomassa. Além do teste com dados reais o controlador fuzzy foi submetido a testes em 26 populações simuladas, visando verificar o seu desempenho. O controlador fuzzy mostrou-se eficiente na seleção de clones para os três ideótipos com os dados reais e simulados. Dentre os clones selecionados pelo controlador, destacam-se: PRBIO198, PRBIO37, PRBIO110, PRBIO217 e PRBIO221, como clones convencionais; PRBIO53, PRBIO143, PRBIO2, PRBIO230 e PRBIO149, como clones de cogeração de energia; PRBIO203, PRBIO116, PRBIO148, PRBIO139 e PRBIO89, como clones para multipropósito.

Palavras-chave: *Saccharum* spp., bioenergia, etanol 2G, cana energia, lógica fuzzy.

1. INTRODUÇÃO

A produção de biocombustíveis a partir da cana-de-açúcar pode ser aumentada com a utilização da lignocelulose do bagaço na produção de etanol de segunda geração (DIAS et al., 2012; SANTOS et al., 2016). Programas de melhoramento genético de todo o mundo tem conduzido experimentos com o intuito de desenvolver variedades com maior teor de fibra (CRESTE, PINTO E XAVIER, 2014; SILVEIRA et al., 2016).

Os clones de cana-de-açúcar, denominados de cana energia, apresentam maior rendimento de biomassa, podendo atender de forma mais eficiente as demandas do setor sucroenergético (MATSUOKA, 2017). Todavia, no decorrer das últimas décadas, tradicionalmente, o foco dos programas de melhoramento genético foi o desenvolvimento de variedades comerciais com elevado teor de sacarose e produtividade de colmos por hectare, o que parece estar relacionado com a dificuldade de se obter clones que apresentem simultaneamente maior rendimento de fibra e tonelada de colmos por hectare, ou que apresentem um equilíbrio na produção de sacarose, fibra e tonelada de colmos por hectare (CRESTE, PINTO e XAVIER, 2014).

O melhorista deve olhar para a população disponível no programa de melhoramento genético pensando em selecionar clones para diferentes finalidades, onde os níveis de fibra, sacarose, e tonelada de colmos por hectare, podem determinar a seleção de um clone. A inteligência computacional pode ser utilizada com objetivo de auxiliar a tomada de decisão sobre quais clones devem avançar para as próximas etapas do programa. A inteligência computacional pode ser definida como uma ciência multidisciplinar que procura por meio de técnicas computacionais simular o comportamento humano em atividades específicas (GOLDSCHMIDT, 2010).

O melhorista durante o processo da tomada de decisão de selecionar ou não um clone, é capaz de lidar com particularidades mensuráveis acerca de caracteres agrônômicos que apresentam limites subjetivos tais como: baixo, alto, sadio, doente, satisfatório, insatisfatório, todavia, computadores não são capazes de executar diretamente esses limites indefinidos ou conceitos vagos, tendo-se a alternativa do uso da abordagem denominada fuzzy (SIVANANDAM, SUMATHI e DEEPA, 2007).

Os computadores trabalham com a lógica bivalente (booleana) que em alguns casos é inadequada, devido a parcialidade da verdade, da possibilidade e da incerteza. Por essa razão, a lógica bivalente é inadequada para servir de base para as teorias da linguagem natural, sendo a lógica fuzzy a melhor escolha para mecanizar

computacionalmente algumas habilidades humanas como conversar, raciocinar e tomar decisões (Zadeh, 2008).

Pesquisas têm abordado novas aplicações de controladores fuzzy em diversas áreas como na avaliação de saneamento ambiental, orientação de implementos agrícolas e automação em casas de vegetação (CRESTE, PINTO e XAVIER, 2014; MENG et al. 2015; ARDABILI et al. 2016). Todavia, até o presente momento não foi encontrada na literatura científica informações sobre a utilização da lógica fuzzy para tomada de decisão em programas de melhoramento genético.

Diante do exposto, o objetivo desse trabalho é desenvolver e validar um controlador fuzzy capaz de selecionar clones de cana-de-açúcar para diferentes finalidades na indústria sucroenergética.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material Vegetal

O programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), tem atuado no desenvolvimento de variedades de cana energia e iniciou esse trabalho em 50 famílias de irmãos completos, oriundas de cruzamentos entre acessos de *Saccharum spontaneum*, *S. robustum*, variedades República Brasil (RB) (*Saccharum*. spp.) e variedades de outros programas de melhoramento genético do Brasil e de outros países.

Ao final da primeira fase de teste, foram avançados 220 clones descendentes de 39 famílias para a segunda fase de teste. A segunda fase foi instalada na Estação Experimental da Universidade Federal do Paraná (UFPR), localizada no município de Paranavaí, Paraná, Brasil. Para tal, foi adotado o delineamento em blocos incompletos composto por 43 famílias. Cada um dos 10 blocos foi constituído por 22 parcelas, cada uma composta por duas linhas de 5 m, espaçadas em 1,4 m entre linhas e com plantio de 18 gemas por metro.

2.2 Avaliação Fenotípica

Os caracteres avaliados em todas as parcelas foram: número de colmos (NC), contando-se os colmos de toda a parcela; massa média de um colmo sem palha MC (kg), determinada por meio da pesagem de 10 colmos da parcela sem palha e ponteiro, coletados de forma aleatória.

Com base em uma amostra por parcela de 5 colmos sem palha e ponteiro, foram obtidos os caracteres: teor de fibra (FIB) e teor de sacarose aparente (PC), estimados seguindo as normas técnicas de determinação da qualidade da cana-de-açúcar, conforme estabelece o Conselho de Produtores de Cana-de-Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (CONSECANA, 2006).

A partir dos caracteres supracitados foi estimado a tonelada de colmos por hectare sem palha (TCH): $TCH = (MC \times NC \times 10)/14$. Em que, 14 corresponde a área da parcela em m² e 10 é a constante usada para a obtenção da tonelada por hectare.

2.3 Análise Estatística

A estimativa dos componentes de variância e a predição dos valores genéticos foi realizada usando o procedimento da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP) conforme o modelo ajustado:

$$y = Xr + Zf + Wb + Sc + e$$

Em que: y é o vetor de dados; r é o vetor dos efeitos fixos (repetição) somados à média geral; f é o vetor dos efeitos de famílias de irmãos completos (aleatórios); b é o vetor dos efeitos de blocos incompletos (aleatórios); c é o vetor dos efeitos de clone dentro de família de irmãos completos (aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X , Z , W e S) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos, respectivamente. Para esta análise foi utilizado o modelo 182 do programa Selegen-REML/BLUP (RESENDE, 2016).

A herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2) é dada por:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_{fam}^2 + \sigma_{clo/fam}^2}{\sigma_f^2}$$

Em que: σ_{fam}^2 é a variância total entre famílias de irmãos completos; $\sigma_{clo/fam}^2$ é a variância de clones dentro das famílias de irmãos completos; σ_f^2 é a variância fenotípica.

O diferencial de seleção (DS) é obtido pela seguinte fórmula:

$$DS = \bar{X}S - \bar{X}O$$

Em que: $\bar{X}S$ é a média original da população selecionada; $\bar{X}O$ é a média de toda a população (população original). Em posse do diferencial de seleção foi possível calcular o ganho de seleção (GS) predito para a população selecionada:

$$GS = h_g^2 \times DS$$

Logo, foi possível prever a média para o cultivo ($\bar{X}m$):

$$\bar{X}_m = \bar{X}_0 + GS$$

2.4 Estrutura do Controlador Fuzzy

Para o desenvolvimento do controlador fuzzy definiram-se os conjuntos fuzzy apenas em insatisfatório e satisfatório, nas formas de “Z” (zmf) e “S” (smf), respectivamente, relacionando as variáveis fuzzy de entrada: FIB, TCH e PC (Apêndice 1). Posteriormente, especificou-se um conjunto de regras ‘SE-ENTÃO’, para relacionar os caracteres para a constituição do mecanismo de inferência. Os operadores utilizados foram o mínimo (min) para a conjunção e o máximo (max) para a disjunção (Apêndice 1). O sistema utilizou o método de inferência de Mandani e o processador das saídas foi o método do centróide (Apêndice 1). As variáveis fuzzy de saída do controlador foram seleciona cana-de-açúcar convencional (CA), seleciona cana-de-açúcar multipropósito (CM) e seleciona cana-de-açúcar para cogeração de energia elétrica (CE), foi utilizada apenas dois valores fuzzy, forma de “Z” e “S”, nomeados de “não” e “sim”, respectivamente, para cada uma das variáveis fuzzy de saída (Apêndice 1).

Para o desenvolvimento do controlador foi utilizado a ferramenta Fuzzy do software Matlab (MATLAB, 2015). Os gráficos foram elaborados no Plotly (PLOTLY TECHNOLOGIES Inc., 2015). Para melhor visualização das relações entre os clones selecionados para CA, CM e CE, foi construído um gráfico de redes utilizado o programa Gephi (BASTIAN, HEYMANN e JACOMY, 2009).

2.5 Simulação

Para verificar se o controlador fuzzy desenvolvido pode ser aplicado em outros programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, foram simulados novos experimentos sendo acrescido aos valores mensurados nos 220 clones avaliados, diferentes níveis de FIB (0, 2,5 e 5%), PC (0, 1,5 e 3%) e TCH (0, 15 e 30 ton/ha), resultando em 26 novas populações mais os dados reais da população original (F0P0T0), totalizando 27 tratamentos submetidos a seleção via controlador fuzzy (Tabela 3).

Foram mantidas as herdabilidades estimadas na população original, e a média da população original (\bar{X}_0) foi corrigida para a nova média simulada (\bar{X}_{ms}) no cálculo do GS(%) (Tabela 3).

Tabela 3 – Populações simuladas (Código) a partir do acréscimo de diferentes teores de fibra (FIB) (0, 2,5 e 5%), sacarose aparente (PC) (0, 1,5 e 3%) e tonelada de colmos por hectare (TCH) (0, 15 e 30 ton/ha) às médias da população original.

| População | FIB (%) | PC (%) | TCH (ton/ha) | Código |
|-----------|---------|--------|--------------|-------------|
| 1 | 0 | 0 | 0 | F0S0T0* |
| 2 | 0 | 0 | 15 | F0S0T15 |
| 3 | 0 | 0 | 30 | F0S0T30 |
| 4 | 0 | 1,5 | 0 | F0S1,5T0 |
| 5 | 0 | 1,5 | 15 | F0S1,5T15 |
| 6 | 0 | 1,5 | 30 | F0S1,5T30 |
| 7 | 0 | 3 | 0 | F0S3T0 |
| 8 | 0 | 3 | 15 | F0S3T15 |
| 9 | 0 | 3 | 30 | F0S3T30 |
| 10 | 2,5 | 0 | 0 | F2,5S0T0 |
| 11 | 2,5 | 0 | 15 | F2,5S0T15 |
| 12 | 2,5 | 0 | 30 | F2,5S0T30 |
| 13 | 2,5 | 1,5 | 0 | F2,5S1,5T0 |
| 14 | 2,5 | 1,5 | 15 | F2,5S1,5T15 |
| 15 | 2,5 | 1,5 | 30 | F2,5S1,5T30 |
| 16 | 2,5 | 3 | 0 | F2,5S3T0 |
| 17 | 2,5 | 3 | 15 | F2,5S3T15 |
| 18 | 2,5 | 3 | 30 | F2,5S3T30 |
| 19 | 5 | 0 | 0 | F5S0T0 |
| 20 | 5 | 0 | 15 | F5S0T15 |
| 21 | 5 | 0 | 30 | F5S0T30 |
| 22 | 5 | 1,5 | 0 | F5S1,5T0 |
| 23 | 5 | 1,5 | 15 | F5S1,5T15 |
| 24 | 5 | 1,5 | 30 | F5S1,5T30 |
| 25 | 5 | 3 | 0 | F5S3T0 |
| 26 | 5 | 3 | 15 | F5S3T15 |
| 27 | 5 | 3 | 30 | F5S3T30 |

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Desenvolvimento do Controlador Fuzzy

Tew e Cobil (2008) classificaram os clones de cana-de-açúcar em três ideótipos: cana-de-açúcar convencional, com valores aproximados de 13% para açúcar e 12% para fibra; cana-energia tipo I, teor de açúcar pouco menor ou igual aos clones convencionais, todavia com maior teor de fibra (~17%); cana-energia tipo II, baixa produção de açúcar (~5%) e com elevado teor de fibra (~30%). Santchurn et al. (2014) propuseram uma classificação com 4 ideótipos: tipo 1 (13% de sacarose e 12% de fibra), tipo 2 (13% de sacarose e $\geq 14\%$ de fibra), tipo 3 ($< 12\%$ de sacarose e $\leq 22\%$ de fibra) e tipo 4 ($< 5\%$ de sacarose e $\geq 22\%$ de fibra).

Silveira et al. (2015) enfatizaram que no programa de melhoramento genético para seleção de clones convencionais e para outros propósitos, os esforços devem ser direcionados também para seleção de famílias que apresentam produtividade elevada, uma vez é ineficaz possuir elevados teores de sacarose e/ou fibra se a produtividade de biomassa for baixa. Portanto, em função da importância da produção de biomassa na seleção de cana-de-açúcar, o caráter toneladas de colmos por hectare também foi incluído como variável de entrada no controlador fuzzy (Figura 9).

O controlador fuzzy foi desenvolvido com três funções de entrada, sendo essas funções os próprios caracteres: teor de fibra (FIB), teor de sacarose aparente (PC) e toneladas de colmos por hectare (TCH) e três funções de saída: seleção convencional (CA), seleção multipropósito (MP) e seleção para cogeração de energia elétrica (CE) (Figura 9).

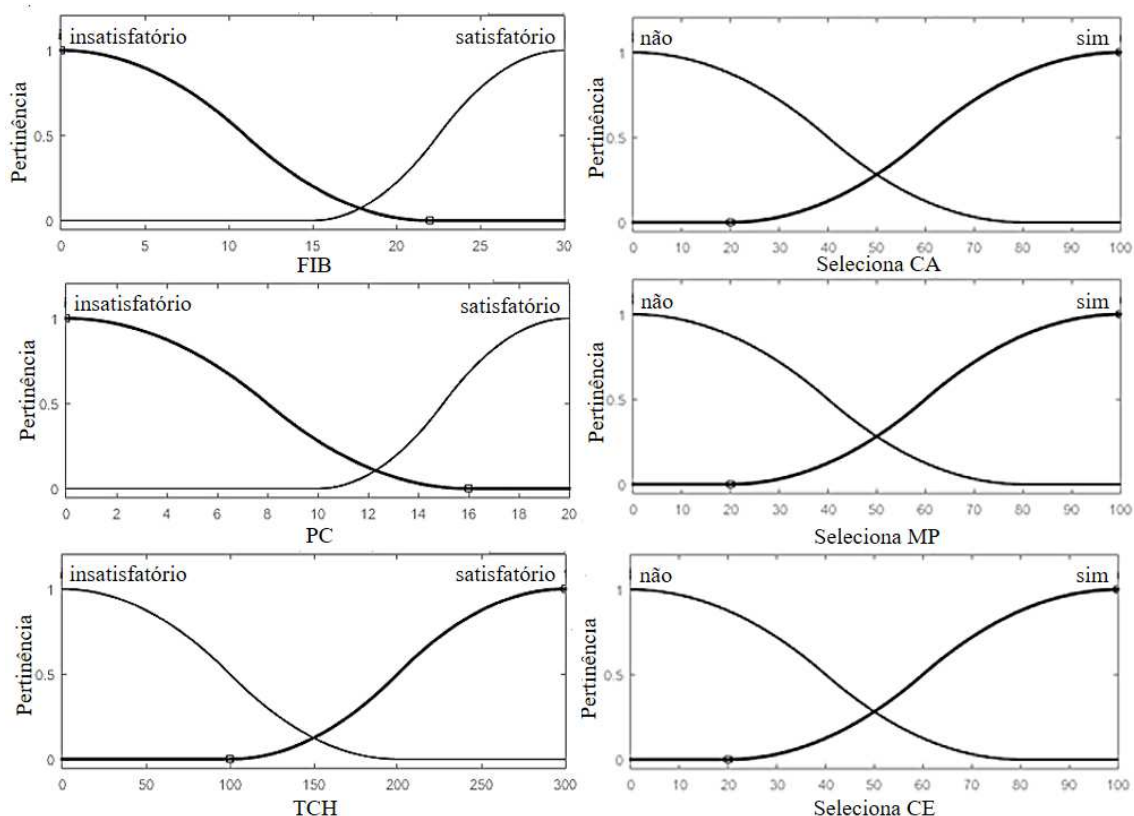


Figura 9 – Funções das variáveis linguísticas de entrada: teor de fibra (FIB) e teor de sacarose aparente (PC) e toneladas de colmos por hectare (TCH). E as funções de saída: seleciona convencional (CA), seleciona multipropósito (MP) e seleciona cogeração de eletricidade (CE).

A pertinência está relacionada com quanto que o valor obtido de uma determinada variável de entrada pertence a uma determinada função, podendo pertencer a duas funções ao mesmo tempo, ou seja, se o teor de fibra for 17% ele pode pertencer, com níveis iguais

ou diferentes de pertinência, a função insatisfatório e satisfatório simultaneamente. As regras foram elaboradas não somente para associar um teor de fibra, sacarose ou produtividade a um determinado propósito, e sim para relacionar as funções de cada variável linguística de entrada conforme os critérios das regras para a variável de saída (Tabela 4).

O controlador fuzzy para a seleção multipropósito tem como regra associar as variáveis fibra, sacarose aparente e toneladas de colmos por hectare, procurando selecionar por meio do ordenamento dos clones que possuam os maiores valores de desfuzzificação, uma vez que os maiores valores das funções de saída favorável seleciona multipropósito, da função “sim”, estarão relacionadas aos clones de melhor desempenho (Tabelas 3 e 4). Considerando as outras duas finalidades, o controlador fuzzy, além da variável tonelada de colmos por hectare, considera as variáveis sacarose aparente, para convencional, e fibra, para cogeração de energia elétrica (Tabela 4).

Tabela 4 – Regras utilizadas para a estruturação do controlador fuzzy.

| Regras |
|--|
| 1- Se (FIB é satisfatório) e (PC é satisfatório) e (TCH é satisfatório) Então (Seleciona MP é sim) |
| 2- Se (FIB é insatisfatório) ou (PC é insatisfatório) ou (TCH é insatisfatório) Então (Seleciona MP é não) |
| 3- Se (PC é insatisfatório) ou (TCH é insatisfatório) Então (Seleciona CA é não) |
| 4- Se (PC é satisfatório) e (TCH é satisfatório) Então (Seleciona CA é sim) |
| 5- Se (FIB é insatisfatório) ou (TCH é insatisfatório) Então (Seleciona CE é não) |
| 6- Se (FIB é satisfatório) e (TCH é satisfatório) Então (Seleciona CE é sim) |

TCH = tonelada de colmos por hectare, FIB = teor de fibra, PC = teor de sacarose aparente, CA = cana-de-açúcar convencional, CE = cana-de-açúcar para cogeração de energia elétrica, MP = cana-de-açúcar multipropósito.

Durante o desenvolvimento do controlador foram testados controladores com até três funções para cada variável de entrada e três funções para cada variável de saída. Ao final dos testes, o controlador com apenas duas funções para cada variável de entrada (satisfatório e insatisfatório) e duas funções uma variável de saída (sim e não) foi o de melhor desempenho (Figura 9 e Tabela 4).

Seis regras foram elaboradas para associar as variáveis de entrada e de saída do controlador (Tabela 4). Uma das vantagens de se elaborar um controlador com poucas funções para as variáveis de entrada/saída e poucas regras, é a facilidade de se acrescentar novas variáveis de entrada ao modelo, permitindo que o melhorista possa trabalhar com

a seleção para um número maior de caracteres agrônômicos sem que ocorra problemas na associação das variáveis de entrada e saída durante o processo de elaboração das regras (Tabela 4).

3.2 Avaliação dos Ganhos de Seleção via Fuzzy

A variância genotípica apresentou efeito significativo para todos os caracteres estudados conforme a análise de Deviance, indicando a presença de variabilidade genética na população. As estimativas de acurácia variaram de moderada a alta (65-76%) e com herdabilidades no sentido amplo variando de 37% a 46%, indicando a possibilidade de ganhos genéticos com a seleção clonal (RESENDE, 2002; RESENDE e DUARTE, 2007; ZHOU e JOSHI, 2012) (Tabela 5).

Tabela 5 – Ganhos por seleção em porcentagem GS(%), somatório dos GS(%) (Soma GS(%)) e parâmetros genéticos para os caracteres: tonelada de colmos por hectare (TCH), teor de sacarose aparente (PC) e teor de fibra (FIB), em 220 clones de cana-de-açúcar considerando a seleção de 22 clones para cada carácter.

| Seleção | FIB(%) | | PC(%) | | TCH(Ton/ha) | | Soma** |
|-----------------------|-------------|-------|-------------|-------|-------------|-------|--------|
| | \bar{X}_s | GS(%) | \bar{X}_s | GS(%) | X_s | GS(%) | GS(%) |
| Fuzzy CA [‡] | 12,92 | -3,24 | 12,29 | 16,75 | 157,74 | 12,49 | 29,24 |
| Fuzzy MP | 15,10 | 2,47 | 10,98 | 10,04 | 139,88 | 6,89 | 19,4 |
| Fuzzy CE | 16,44 | 5,95 | 8,88 | -0,65 | 142,23 | 7,62 | 13,57 |
| SD FIB | 17,47 | 8,66 | 8,25 | -3,9 | 107,81 | -3,17 | - |
| SD PC | 13,2 | -2,5 | 12,63 | 18,7 | 137,57 | 6,16 | - |
| SD TCH | 13,15 | -2,62 | 9,13 | 0,63 | 188,9 | 22,27 | - |
| \bar{X}_o | 14,16 | | 9,01 | | 117,93 | | |
| σ_g^2 | 1,10* | | 2,06* | | 549,43* | | |
| AC_{gen} | 0,65 | | 0,69 | | 0,76 | | |
| h_g^2 | 0,37 | | 0,46 | | 0,37 | | |

[‡]CA = cana-de-açúcar convencional, CE = cana-de-açúcar para cogeração de energia elétrica, MP = cana-de-açúcar multipropósito. Seleção direta (SD) para FIB, PC e TCH. Herdabilidade no sentido amplo (h_g^2), acurácia genética (AC_{gen}), média da população original (\bar{X}_o) e selecionada \bar{X}_s ; *significativo a 5% de significância de acordo com a análise de Deviance; **Para o cálculo da Soma GS(%) para CA e CE foi desconsiderado o GS(%) de FIB e PC, respectivamente.

De acordo com o GS(%) para cada um dos três caracteres isoladamente, é possível observar que os maiores ganhos em ordem crescente foram na seleção direta (SD) para FIB (8,66%), PC (18,7%) e TCH (22,27%) (Tabela 5). Esse resultado era esperado uma vez que a SD considera apenas o ordenamento das maiores médias para o caráter de interesse, sendo aplicado nesse estudo apenas como referência para os valores máximos

de GS(%) para cada caráter de interesse (Tabela 5). Tanto a seleção direta para PC, quanto para TCH apresentaram ganhos negativos para FIB (Tabela 5).

Na soma GS(%) dentro dos diferentes propósitos que o controlador fuzzy foi configurado, o maior valor foi obtido para a seleção de cana-de-açúcar convencional (CA) (29,24%), com ganhos para PC (16,75%) e TCH (12,49%). A seleção de cana-de-açúcar multipropósito (MP) (soma GS(%) = 19,4%) possibilitou ganhos positivos para os três caracteres de interesse (Tabela 5). A seleção simultânea para FIB e PC é uma tarefa complexa. Diversos autores relataram que não existe uma correlação fenotípica ou genética positiva entre fibra e sacarose, todavia, isso não impede que indivíduos com maior teor de fibra e níveis aceitáveis de sacarose sejam selecionados, sendo a parte mais complexa da seleção associar esses caracteres com outros de interesse agrônômico, a exemplo da produção de biomassa (RAMDOYAL e BADALOO, 2002; SILVEIRA et al., 2015; AZEREDO et al., 2017; RAMOS et al., 2017).

Segundo Kennedy (2008) a fibra e a sacarose utilizam os fotoassimilados em épocas distintas, uma vez que primeiramente ocorre o acúmulo de fibra para a estruturação dos colmos durante estação chuvosa, na fase de crescimento, sendo cessado na estação seca com a interrupção do crescimento e dando início ao acúmulo de sacarose.

A seleção de cana-de-açúcar para a cogeração de energia (CE) apresentou o menor resultado para soma GS(%) (13,57%) entre as saídas do controlador, porém, apresentou GS(%) positivos para os caracteres FIB (5,95%) e TCH (7,62%) (Tabela 5). O menor valor para a soma do GS(%) para CE pode estar associado ao fato do teor de fibra ter sido o de menor magnitude, quando considerado o ganho de seleção isoladamente, com ganho máximo de 8,66% na seleção direta (Tabela 5). Considerando o desempenho do controlador fuzzy para cada propósito de seleção, observa-se que foi possível obter GS(%) positivos em todas as saídas para os caracteres de interesse (Tabela 5).

Por meio da dispersão gráfica dos valores fenotípicos da população combinando par a par os caracteres TCH, FIB e PC é possível observar o comportamento dos clones selecionados para um ou mais propósitos simultaneamente e saber se o controlador está executando a seleção de maneira correta (Apêndice 2).

Considerando a dispersão entre os caracteres PC e TCH pode ser observado que os clones de maiores valores para os dois caracteres foram selecionados somente para CA enquanto que outros de valores intermediários foram selecionados simultaneamente para multipropósito ou nos dois controladores (CA/MP) (Apêndice 2a).

Na dispersão gráfica envolvendo os caracteres FIB e TCH, os clones selecionados para cogeração estão localizados em locais do gráfico onde os maiores valores são obtidos. Os clones selecionados simultaneamente para cogeração e multipropósito podem ser observados mais próximos que os clones que foram selecionados para cana-de-açúcar convencional, uma vez que para cana-de-açúcar convencional a variável fibra não é levada em consideração (Apêndice 2b).

Por meio da dispersão entre os caracteres FIB e PC, é possível observar o comportamento intermediário dos clones selecionados para multipropósito, ocupando a parte central superior, enquanto os clones selecionados para cogeração e convencional ocupam lados opostos no gráfico (Apêndice 2c).

Para observar o desempenho do controlador fuzzy, foram simuladas 26 populações mantendo a mesma taxa de seleção (10%) (Figura 10). Considerando os GS(%) na saída do controlador para seleção de clones CA, apenas o teor de fibra, que não é considerada principal para esta finalidade, teve o valor máximo de ganho próximo de 0. Em todas as simulações os ganhos foram positivos para PC e para TCH (Figura 10).

Na saída do controlador para a seleção de clones CE, os caracteres de interesse TCH e PC, apresentaram ganhos positivos em todas as populações, os menores valores foram observados para FIB nas populações simuladas com acréscimo de 5% para o caráter (F5) e sem acréscimo para TCH (T0) (Figura 10).

Os GS(%) para as saídas das populações simuladas na seleção de clones MP, foram positivos para os três caracteres de interesse em quase todas as populações simuladas, ocorrendo ganhos negativos ou próximo de zero apenas nas populações com acréscimo de FIB (F5) e sem acréscimo para TCH e PC (Figura 10).

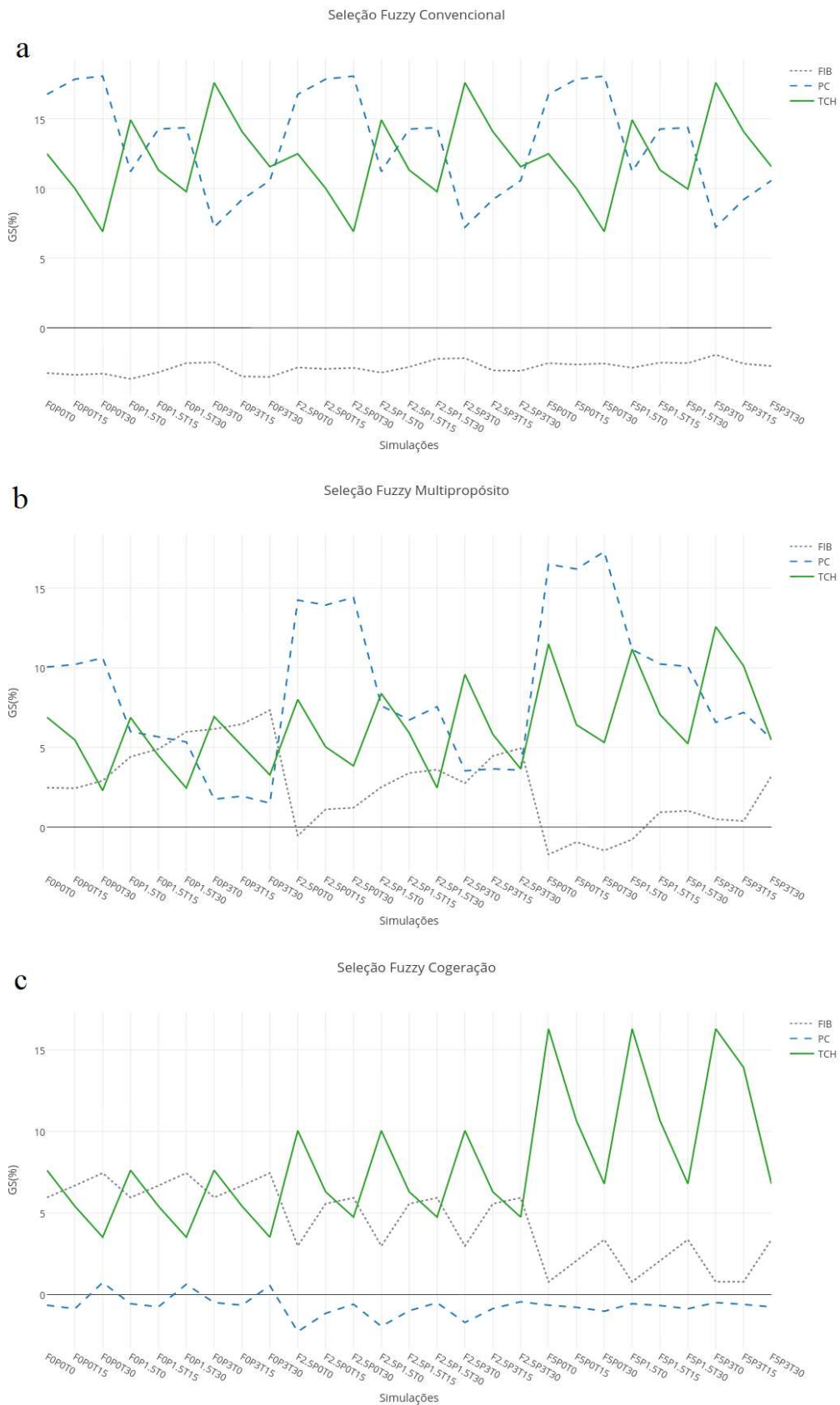


Figura 10 – Ganho por seleção (GS%) em 26 populações simuladas para seleção de clones convencionais (a), multipropósito (b) e de cogeração de energia (c) sob a adição de diferentes teores de fibra (0, 2,5 e 5%), sacarose aparente (0, 1,5 e 3%) e tonelada de colmos por hectare (0, 15 e 30 t/ha) acrescidos aos dados reais.

Considerando a saída do controlador para os três propósitos, o menor ganho por seleção para o caráter isoladamente é observado quando o valor máximo é acrescido ao caráter, ou seja, uma vez que a média da população é elevada para o caráter, são os caracteres menos favorecidos na população (Figura 10).

O bom desempenho do controlador nesse estudo pode ser o ponto de partida para o desenvolvimento de controladores mais complexos utilizados para auxiliar o melhorista na seleção animal e vegetal. Com a constante modernização da agricultura de precisão, além da utilização de dados quantitativos e qualitativos, imagens podem ser incorporadas ao controlador buscando maior eficiência.

3.2 Desempenho dos Clones Selecionados

As espécies que originaram os clones selecionados, é possível observar que na seleção fuzzy para clones convencionais oito dos vinte e dois clones selecionados são de cruzamento envolvendo variedades comerciais (*Saccharum* spp.) (Figura 11). No cruzamento envolvendo as espécies *S. robustum* e *S. spontaneum* apenas um clone foi selecionado na seleção fuzzy para clones convencionais (Figura 11).

Ao contrário dos clones selecionados no controlador fuzzy para clones de cana-de-açúcar convencional, a seleção de clones para cogeração de eletricidade não selecionou nenhum descendente envolvendo o cruzamento entre duas variedades comerciais e nove descendentes do cruzamento entre as espécies *S. robustum* e *S. spontaneum* foram selecionados (Figura 11).

Os cruzamentos envolvendo variedades comerciais e *S. spontaneum*, além de apresentarem descendentes selecionados para clones convencionais (8 clones) e para cogeração de eletricidade (9 clones), geraram mais da metade dos clones selecionados para multipropósito (12 clones) (Figura 11).

A dificuldade de se obter clones com elevados teores de fibra ao utilizar o cruzamento entre variedades convencionais (*Saccharum* spp.) como genitores, está relacionada ao fato dos programas de melhoramento genético terem priorizado ao longo dos anos a seleção de clones com elevados teor de sacarose e produtividade de colmos por hectare (CRESTE, PINTO e XAVIER, 2014), o que provavelmente contribuiu para a eliminação gradual dos genes favoráveis ao aumento do teor de fibra. Todavia, cruzamentos entre as variedades convencionais com acessos e descendentes de *S. spontaneum* e *S. robustum* podem gerar clones para diferentes finalidades (MING et al. 2006) (Figura 11).

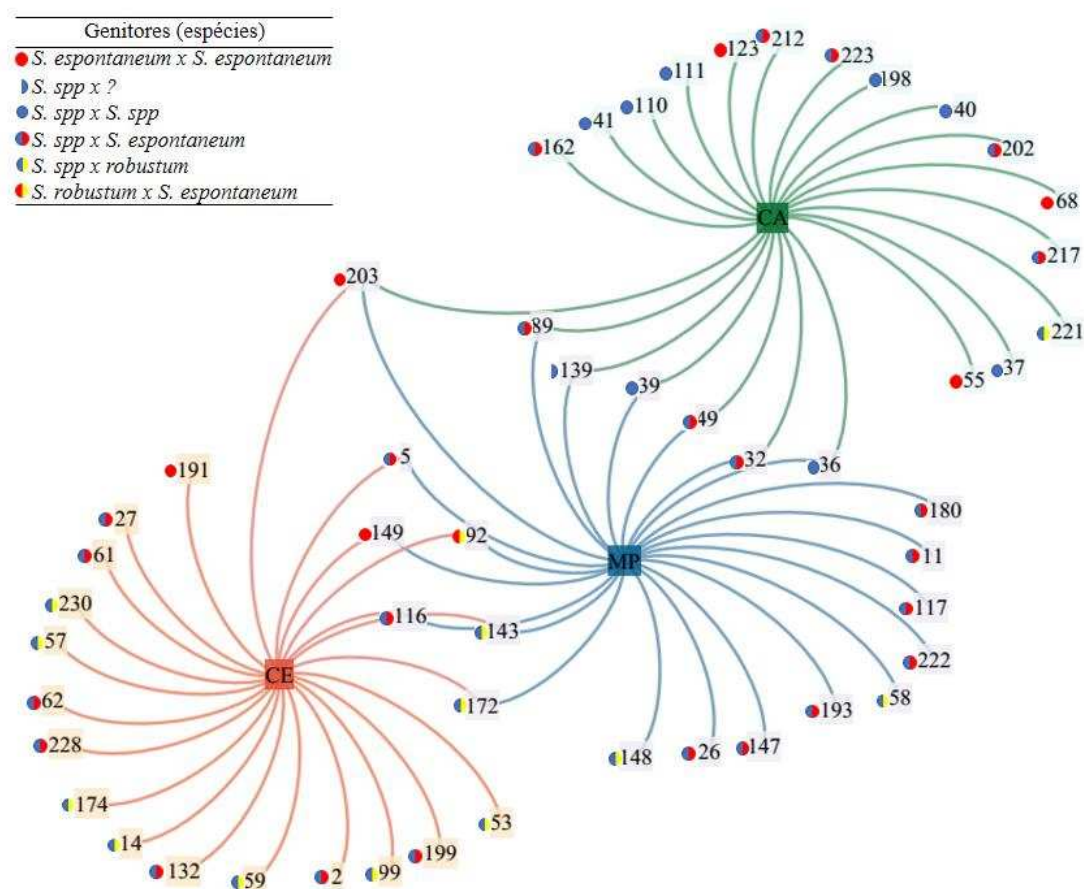


Figura 11 - Gráfico de redes mostrando a relação dos clones PRBIO selecionados para clones convencionais, multipropósito e para cogeração de energia, com a identificação das espécies dos genitores.

Considerando o desempenho dos clones selecionados para CA, podemos destacar os seguintes: PRBIO198 (PC = 12,48% e TCH = 165,74), PRBIO37 (PC = 12,11% e TCH = 199,98), PRBIO110 (PC = 12,02% e TCH = 199,18), PRBIO217 (PC = 11,59% e TCH = 189,26) e PRBIO221 (PC = 11,43% e TCH = 285,57) (Figura 12a).

Os clones PRBIO53 (FIB = 17,15% e TCH = 181,85), PRBIO143 (FIB = 16,78% e TCH = 169,38), PRBIO2 (FIB = 16,49% e TCH = 171,58), PRBIO230 (FIB = 15,81% e TCH = 161,32) e PRBIO149 (FIB = 20,8% e TCH = 125,32) obtiveram desempenho satisfatório na seleção de clones CE (Figura 12b).

Matsuoka et al. (2010) relataram resultados semelhantes aos obtidos nesse trabalho ao avaliar o comportamento dos clones selecionados para cogeração de energia e oriundos de cruzamentos entre variedades convencionais com *S. spontaneum*, os clones apresentaram valores entre 15,35 e 19,90% nos teores de fibra e entre 155 e 236 t/ha para produtividade de colmos. Isso se deve ao fato das espécies *S. spontaneum* e *S. robustum*

apresentarem elevados teores de fibra, em contraste com variedades convencionais, de maior teor de sacarose (BULL e GLASZIOU, 1963).

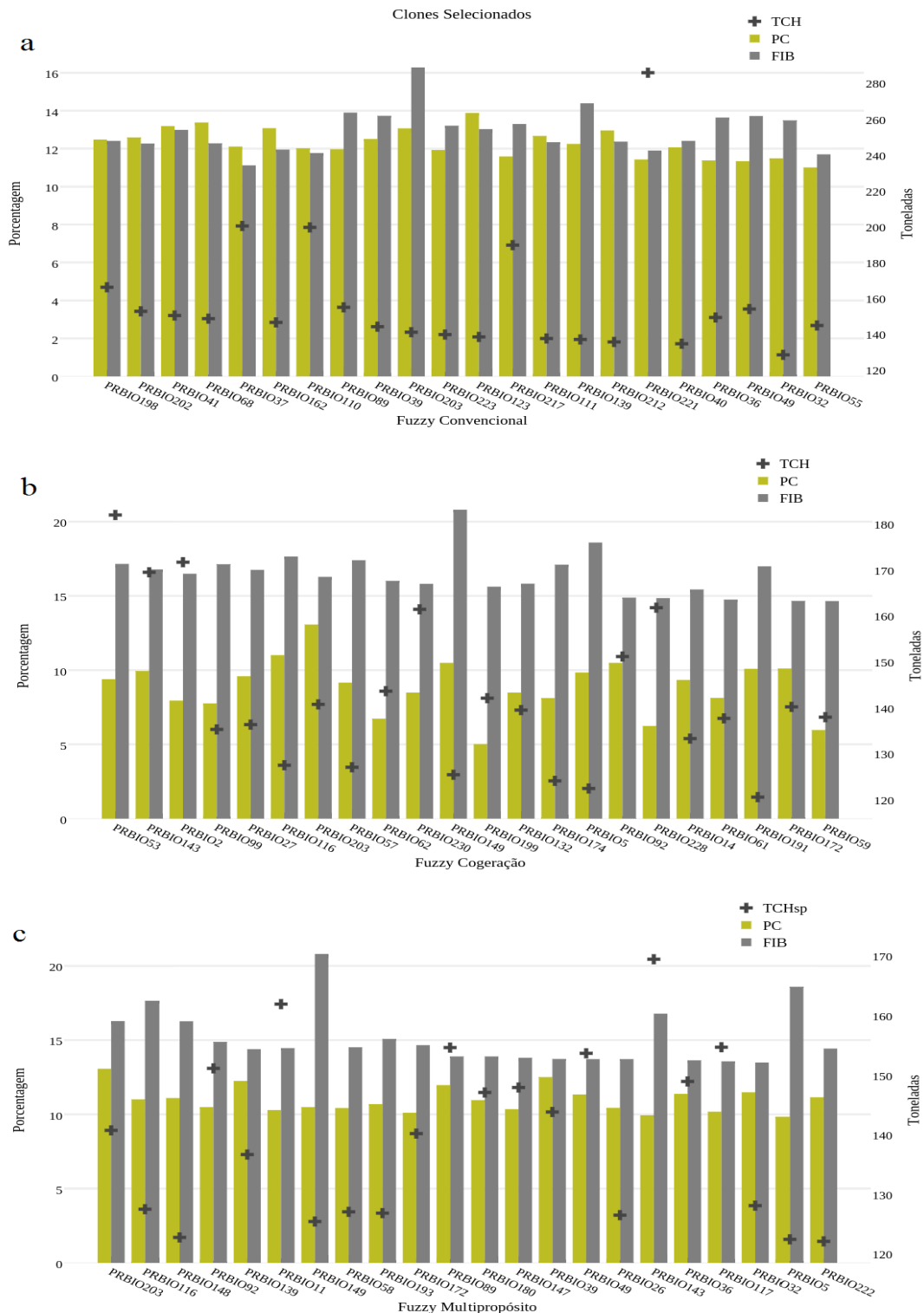


Figura 12 - Média para os caracteres toneladas de colmos por hectare (TCH), teor de sacarose aparente (PC) e teor de fibra (FIB), nos clones selecionados para cana-de-açúcar convencional (a), cana-de-açúcar para cogeração de energia (b) e cana-de-açúcar multipropósito (c).

Na seleção de clones MP, os indivíduos PRBIO203 (FIB = 16,28%, PC = 13,07% e TCH = 140,63), PRBIO116 (FIB = 17,65%, PC = 11,01% e TCH = 127,39), PRBIO148 (FIB = 16,27%, PC = 11,1% e TCH = 122,65), PRBIO139 (FIB = 14,39%, PC = 12,35% e TCH = 136,57) e PRBIO89 (FIB = 13,9%, PC = 11,97% e TCH = 154,4), conseguiram manter teores de fibra e sacarose aceitáveis (Figura 12c).

Todos os clones selecionados devem ser conduzidos para a terceira fase de teste (T3). Assim, de posse dos valores de cultivo e uso (VCU) de forma acurada, uma vez que os clones são avaliados em mais de um local e com repetições, ocorrerá maior eficiência na seleção e no planejamento dos próximos cruzamentos (AZEREDO et al., 2017).

Do ponto de vista prático, o melhorista deve levar a campo a saída de dados do controlador e verificar se o clone selecionado apresenta algum patógeno ou outra característica indesejável (Apêndice 3).

Os clones de maior teor de fibra devem ser recomendados principalmente para os ambientes de baixa fertilidade e precipitação, para isso, devem ser testados em ambientes restritivos, e a relação da sua resposta às condições devem ser observadas, uma vez que, clones de maior teor de lignina, apresentam maior resistência física ao estresse, devido a sua parede celular evitar a perda excessiva de água (JUNG et al., 2012). Outra qualidade dos clones a serem selecionados foi discutida por Inman-Bamber et al. (2009), que observaram que clones com menor teor de sacarose apresentam maior perfilhamento. Essa característica pode facilitar a multiplicação dos clones, ao demandar menor área para fornecer os colmos a serem utilizados na implantação ou renovação do canavial.

Após as fases de seleção os clones que obtiverem desempenho satisfatório, além da possibilidade de tornar-se uma nova variedade, devem ser explorados como genitores em futuras hibridações, buscando obter a complementariedade entre os caracteres de interesse para as diferentes finalidades de uso na indústria sucroenergética. Os clones CE que tiveram maior teor de fibra e menor toneladas de colmos por hectare devem ser cruzados com clones CE que apresentam teor de fibra menor e maior produção de colmos por hectare, assim como clones CE com maior teor de sacarose e menor toneladas de colmos por hectare devem ser cruzados com clones de menor teor de sacarose e maior produção de colmos por hectare.

Os clones selecionados simultaneamente para multipropósito e cogeração e multipropósito e convencional devem ser utilizados para elaborar os futuros cruzamentos entre clones que com o objetivo de se obter clones com desempenho satisfatório entre o teor de sacarose, teor de fibra e toneladas de colmos por hectare. Conforme observado

na literatura, retrocruzamentos e autofecundações podem ser exploradas afim de se obter clones transgressivos de desempenho satisfatório, além de gerar mais informações sobre o comportamento da população para os caracteres de interesse (SANTCHURN et al., 2014; AZEREDO et al., 2016).

4. CONCLUSÃO

A seleção baseada no controlador fuzzy obteve desempenho satisfatório na seleção de clones para todas as finalidas programadas.

Dentre os clones selecionados pelo controlador, destacam-se: PRBIO198, PRBIO37, PRBIO110, PRBIO217 e PRBIO221, como clones convencionais; PRBIO53, PRBIO143, PRBIO2, PRBIO230 e PRBIO149, como clones de cogeração de energia; PRBIO203, PRBIO116, PRBIO148, PRBIO139 e PRBIO89, como clones para multipropósito.

REFERÊNCIAS

ARDABILI, S. F.; MAHMOUDI, A.; GUNDOSHMIAN, T. M.; BEHFAR, H. (2016). Simulation of Control System in Environment of Mushroom Growing Rooms using Fuzzy Logic Control. *Agriculture Science Developments*, 5(1): 1-5.

AZEREDO, A. A. C.; BHERING, L. L.; BRASILEIRO, B. P.; CRUZ, C. D.; BARBOSA, M. H. P. (2016) Selection in sugarcane based on inbreeding depression. *Genetics and Molecular Research*, 15(2): 1-11.

AZEREDO, A. A. C.; BHERING, L. L.; BRASILEIRO, B. P.; CRUZ, C. D., SILVEIRA, L.C.I.; OLIVEIRA, R.A.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E. (2017) Comparison between different selection indices in energy cane breeding. *Genetics and Molecular Research*, 16(1): 1-12.

BASTIAN, M.; HEYMANN, S.; JACOMY, M. (2009) Gephi: an open source software for exploring and manipulating networks. *Proceedings of the Third International ICWSM Conference*, 8: 361-362.

BULL, T. A.; GLASZIOU, K. T. (1963) The evolutionary significance of sugar accumulation in *Saccharum*. *Australian Journal of Biological Sciences*, 16: 737-742.

CANAVESE, D.; ORTEGA, N. R. S.; QUEIRÓS, M. (2014) The assessment of local sustainability using fuzzy logic: An expert opinion system to evaluate environmental sanitation in the Algarve region, Portugal. *Ecological Indicators*, 36: 711-718.

CONSELHO DOS PRODUTORES DE CANA-DE-AÇÚCAR E ÁLCOOL DO ESTADO DE SÃO PAULO - CONSECANA. *Manual de Instruções*. Piracicaba. (2006). 112p.

CRESTE, S.; PINTO, L. R.; XAVIER, M. A. The importance of the germplasm in developing agro-energetic profile sugarcane cultivars, p.353-358. In: Luis Augusto Barbosa Cortez (Coord.). *Sugarcane bioethanol — R&D for Productivity and Sustainability*, São Paulo: Editora Edgard Blücher, 2014.

DIAS, M. O.; JUNQUEIRA, T. L.; CAVALETT, O.; CUNHA, M. P.; JESUS, C. D.; ROSSELL, C. E.; MACIEL FILHO, R. B.; BONOMI, A. (2012) Integrated versus stand-alone second generation ethanol production from sugarcane bagasse and trash. *Bioresource Technology*, 103: 152-161.

GOLDSCHMIDT, R. R. (2010). *Uma Introdução à Inteligência Computacional: fundamentos, ferramentas e aplicações*. Rio de Janeiro Brasil: IST-Rio.

INMAN-BAMBER, N. G.; BONNETT, G. D.; SPILLMAN, M. F.; HEWITT, M. L.; XU, J. (2009) Source–sink differences in genotypes and water regimes influencing sucrose accumulation in sugarcane stalks. *Crop and Pasture Science*, 60: 316-27.

JUNG, J. H.; FOUAD, W.M.; VERMERRIS, W.; GALLO, M.; ALTPETER, F. (2012) RNAi suppression of lignin biosynthesis in sugarcane reduces recalcitrance for biofuel production from lignocellulosic biomass. *Plant Biotechnology Journal*, 10: 1067-1076.

KENNEDY, A. J.; GEORGE, S. (2008). Prospects for combining high sucrose content with increased fibre to generate multi-purpose cane varieties. In *Proceedings of the Conference of West Indies Sugar Technologists*, 1-9.

MATHWORKS, C. (2015). *Fuzzy Logic Toolbox™ User's Guide R 2015 a*. Natick: Mathworks.

MATSUOKA, S.; BRESSIANI, J.; MACCHERONI, W.; FOUTO, I. Bioenergia de cana. In: SANTOS, F.; BORÉM, A.; CALDAS, C. (Eds.). *Cana-de-açúcar: Bioenergia, Açúcar e Álcool – Tecnologias e Perspectivas*. Viçosa: Editora UFV, 2010. p. 487-517.

MATSUOKA S. (2017) Free Fiber Level Drives Resilience and Hybrid Vigor in Energy Cane. *Journal of Scientific Achievements*; 2(1): 1–35.

MENG, Q., QIU, R., HE, J., ZHANG, M., MA, X., LIU, G. (2015). Development of agricultural implement system based on machine vision and fuzzy control. *Computers and Electronics in Agriculture*, 112, 128-138.

MING, R.; MOORE, P. H.; WU, K. K.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C.; TEW, T. L.; MIRKOV, T. E.; DA SILVA, J.; JIFON, J.; RAI, M.; SCHNELL, R. J.; BRUMBLEY, S. M.; LAKSHMANAN, P.; COMSTOCK, J. C.; PATERSON, A. H. (2005) *Sugarcane Improvement through Breeding and Biotechnology*, in *Plant Breeding Reviews*, v.27 (ed J. Janick), John Wiley & Sons, Inc.

PLOTLY TECHNOLOGIES INC. (2015). *Collaborative data science*. Montréal, QC. <https://plot.ly>.

RAMDOYAL, K.; BADALOO, M. G. H. (2002) Prebreeding in sugarcane with an emphasis on the programme of the Mauritius Sugar Industry Research Institute. In: Engels JMMM, Rao VR, Brown AHD, Jackson MT, editors. *Managing Plant Genetic Diversity*. IPGRI, Oxon, UK: CAB International Publishers; p.307-321.

RAMOS, R. S.; BRASILEIRO, B. P.; SILVEIRA, L. C. I.; KIST, V.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. (2017). Selection of parents, families and clones to obtain energy cane. *Agronomy Journal*, 109: 1-7.

RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Informação Tecnológica. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. (2007) Precisão e controle experimental de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37: 182-194.

RESENDE, M. D. V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16: 330-339.

SANTCHURN, D.; RAMDOYAL, K.; BADALOO, M. G. H.; LABUSCHAGNE, M. T. (2014) From sugar industry to cane industry: Evaluation and simultaneous selection of different types of high biomass canes. *Biomass and Bioenergy*, 61: 82-92.

SANTOS L. V.; BARROS, G.; M.; C.; GALLARDO J. C. M.; PIROLLA R. A. S.; CALDERÓN L. L.; CARVALHO-NETTO O. V.; PARREIRAS, L. S.; CAMARGO, E. L. O.; DREZZA, A. L.; MISSAWA, S. K.; TEIXEIRA, G. S.; LUNARDI, I.; BRESSIANI, J.; PEREIRA, G. A. G. (2016) Second-Generation Ethanol: The Need is Becoming a Reality. *Industrial Biotechnology*, 12: 40-57.

SILVEIRA, L. C. I.; BRASILEIRO, B. P.; KIST, V.; WEBER, H.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. (2015) Selection strategy in families of energy cane based on biomass production and quality traits. *Euphytica*, 204: 443-455.

SIVANANDAM, S. N.; SUMATHI, S.; DEEPA, S. N. *Introduction to fuzzy logic using MATLAB*. v.1. Berlin: Springer, 2007.

TEW, T. L.; COBILL, R. M. Genetic improvement of sugarcane (*Saccharum* spp.) as an energy crop. *Genetic improvement of bioenergy crops*. pp. 273-294. 2008. Springer New York.

ZADEH, L. A. (2008) Is there a need for fuzzy logic?. *Information Sciences*, 178: 2751–2779.

ZHOU, M.; JOSHI, S. (2012) Trends in broad sense heritability and implications for sugarcane breeding in South Africa. *Sugar Tech*, 14(1): 40-46.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

- Foi possível selecionar clones com desempenho satisfatório para FIB PC e TCH, tanto com índices de seleção quanto através do controlador fuzzy.
- O controlador desenvolvido neste estudo foi um “primeiro passo” para que outras pesquisas possam ser desenvolvidas permitindo que controladores cada mais complexos possam ser elaborados a fim de se obter maior eficiência na seleção no melhoramento animal e vegetal.
- Com o desenvolvimento das ferramentas de fenotipagem de próxima geração (Fenômica), além dos parâmetros tradicionalmente avaliados, o processo de tomada de decisão estará cada vez mais computadorizado e a inteligência computacional será um grande aliado em todas as fases do programa de melhoramento.

APÊNDICES

Apêndice 1 – Comandos gerados para o controlador fuzzy no programa Matlab.

```
[System]
Name='SugarFuzzyController'
Type='mamdani'
Version=2.0
NumInputs=3
NumOutputs=3
NumRules=6
AndMethod='min'
OrMethod='max'
ImpMethod='min'
AggMethod='max'
DefuzzMethod='centroid'

[Input1]
Name='FIB'
Range=[0 30]
NumMFs=2
MF1='insatisfatorio':'zmf',[0 22]
MF2='satisfatorio':'smf',[15 30]

[Input2]
Name='PC'
Range=[0 20]
NumMFs=2
MF1='insatisfatorio':'zmf',[0 16]
MF2='satisfatorio':'smf',[10 20]

[Input3]
Name='TCH'
Range=[0 300]
NumMFs=2
MF1='satisfatorio':'smf',[100 300]
MF2='insatisfatorio':'zmf',[0 200]

[Output1]
Name='Selecciona CA'
Range=[0 100]
NumMFs=2
MF1='sim':'smf',[20 100]
MF2='nÃ£o':'zmf',[0 80]

[Output2]
Name='Selecciona MP'
Range=[0 100]
NumMFs=2
MF1='sim':'smf',[20 100]
MF2='nÃ£o':'zmf',[0 80]

[Output3]
Name='Selecciona CE'
Range=[0 100]
NumMFs=2
MF1='sim':'smf',[20 100]
MF2='nÃ£o':'zmf',[0 80]

[Rules]
2 2 1, 0 1 0 (1) : 1
1 1 2, 0 2 0 (1) : 2
0 1 2, 2 0 0 (1) : 2
0 2 1, 1 0 0 (1) : 1
1 0 2, 0 0 2 (1) : 2
2 0 1, 0 0 1 (1) : 1
```



Apêndice 2 – Dispersão gráfica entre os caracteres fibra (FIB), teor de sacarose aparente (PC) e toneladas de colmos por hectare (TCH) nos clones de cana-de-açúcar. Clones selecionados via controlador fuzzy para cana-de-açúcar convencional (CA), Multipropósito (MP), Cogeração de energia (CE) e não selecionados (NS). A “/” significa clones selecionados mais de um critério.

Apêndice 3 – Famílias, clones e caracteres avaliados utilizados como variáveis de entrada. Variáveis de saída do controlador fuzzy com o ordenamento para seleção de clones convencionais (CA), multipropósito (MP) e para cogeração de energia (CE).

| Família | Clone | PRBIO | Variáveis de entrada | | | Saída controlador fuzzy | | | Ordem da seleção Fuzzy | | |
|------------|-----------|----------|----------------------|-------|--------|-------------------------|---------|---------|------------------------|----|----|
| | | | FIB(%) | PC(%) | TCH | CA | MP | CE | CA | MP | CE |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO198 | 12.41 | 12.48 | 165.74 | 52.7856 | 28.717 | 28.717 | 1 | | |
| RB867515 | US85-1008 | PRBIO202 | 12.27 | 12.59 | 152.3 | 51.9627 | 28.5673 | 28.5673 | 2 | | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO41 | 12.99 | 13.19 | 149.95 | 49.9515 | 29.3377 | 29.3377 | 3 | | |
| Co453 | IAC50/134 | PRBIO68 | 12.28 | 13.38 | 148.19 | 48.2707 | 28.5779 | 28.5779 | 4 | | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO37 | 11.12 | 12.11 | 199.98 | 46.7464 | 27.3657 | 27.3657 | 5 | | |
| RB01649 | IN84-58 | PRBIO162 | 11.95 | 13.08 | 146.11 | 46.3591 | 28.2292 | 28.2292 | 6 | | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO110 | 11.77 | 12.02 | 199.18 | 45.3347 | 28.0409 | 28.0409 | 7 | | |
| B70710 | RB72910 | PRBIO89 | 13.9 | 11.97 | 154.54 | 44.5723 | 30.3275 | 30.3275 | 8 | 11 | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO39 | 13.73 | 12.51 | 143.72 | 44.2781 | 30.1431 | 30.1431 | 9 | 14 | |
| Co453 | IAC50/134 | PRBIO203 | 16.28 | 13.07 | 140.63 | 41.791 | 33.8086 | 33.8086 | 10 | 1 | 7 |
| RB928064 | US74-103 | PRBIO223 | 13.21 | 11.93 | 139.32 | 40.5118 | 29.5769 | 29.5769 | 11 | | |
| Co62175 | IAN 48-21 | PRBIO123 | 13.03 | 13.88 | 137.99 | 39.8587 | 29.3803 | 29.3803 | 12 | | |
| RB93509 | Co453 | PRBIO217 | 13.30 | 11.59 | 189.26 | 39.4142 | 29.6726 | 29.6726 | 13 | | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO111 | 12.34 | 12.67 | 137.12 | 39.2614 | 28.6426 | 28.6426 | 14 | | |
| RB867515 | US7614 | PRBIO139 | 14.39 | 12.25 | 136.57 | 38.8939 | 30.8686 | 30.8686 | 15 | 5 | |
| RB93509 | Co453 | PRBIO212 | 12.37 | 12.96 | 135.19 | 38.006 | 28.6752 | 28.6752 | 16 | | |
| RB867515 | IM76-228 | PRBIO221 | 11.90 | 11.43 | 285.57 | 37.6169 | 28.177 | 28.177 | 17 | | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO40 | 12.41 | 12.07 | 134.19 | 37.3926 | 28.717 | 28.717 | 18 | | |
| RB946022 | RB92579 | PRBIO36 | 13.64 | 11.38 | 148.85 | 37.1015 | 30.0428 | 30.0428 | 19 | 18 | |
| RB93509 | Co285 | PRBIO49 | 13.72 | 11.34 | 153.58 | 36.7067 | 30.1318 | 30.1318 | 20 | 15 | |
| CTC9 | UM69-001 | PRBIO32 | 13.49 | 11.49 | 127.99 | 34.1277 | 29.881 | 29.881 | 21 | 20 | |
| Co62175 | IAN 48-21 | PRBIO55 | 11.7 | 11.01 | 144.39 | 33.98 | 27.9671 | 27.9671 | 22 | | |
| RB93509 | Co285 | PRBIO116 | 17.65 | 11.01 | 127.39 | 32.263 | 32.263 | 33.858 | | 2 | 6 |
| RB867522 | IM76-235 | PRBIO148 | 16.27 | 11.1 | 122.65 | 31.8553 | 31.0223 | 31.0223 | | 3 | |
| IM76-228 | US85-1008 | PRBIO92 | 14.88 | 10.49 | 151.05 | 31.339 | 30.9056 | 31.4158 | | 4 | 16 |
| RB867515 | US85-1008 | PRBIO11 | 14.46 | 10.29 | 161.84 | 30.7406 | 30.6014 | 30.9459 | | 6 | |
| Co453 | IAC50/134 | PRBIO149 | 20.8 | 10.49 | 125.32 | 30.586 | 30.586 | 32.9836 | | 7 | 11 |
| RB867520 | IM76-233 | PRBIO58 | 14.52 | 10.43 | 126.95 | 30.7018 | 30.3993 | 30.3993 | | 8 | |
| RB011941 | US85-1008 | PRBIO193 | 15.08 | 10.69 | 126.73 | 31.1774 | 30.3766 | 30.3766 | | 9 | |
| RB867523 | IM76-236 | PRBIO172 | 14.66 | 10.11 | 140.09 | 30.3473 | 30.3289 | 31.1686 | | 10 | 21 |
| CTC9 | UM69-001 | PRBIO180 | 13.9 | 10.96 | 147 | 33.6445 | 30.3275 | 30.3275 | | 12 | |
| RB011941 | US85-1008 | PRBIO147 | 13.81 | 10.35 | 147.83 | 30.9013 | 30.2296 | 30.2296 | | 13 | |
| RB867515 | US7614 | PRBIO26 | 13.72 | 10.44 | 126.39 | 30.6444 | 30.1318 | 30.1318 | | 16 | |
| IM76-228 | RB867515 | PRBIO143 | 16.78 | 9.94 | 169.38 | 30.0732 | 30.0732 | 38.3824 | | 17 | 2 |
| RB93509 | Co285 | PRBIO117 | 13.57 | 10.18 | 154.6 | 30.4876 | 29.9665 | 29.9665 | | 19 | |
| RB01649 | IN84-58 | PRBIO5 | 18.59 | 9.84 | 122.33 | 29.8442 | 29.8442 | 31.8667 | | 21 | 15 |
| RB928064 | US74-103 | PRBIO222 | 14.43 | 11.15 | 121.99 | 31.7495 | 29.8025 | 29.8025 | | 22 | |
| RB83102 | IM76-229 | PRBIO53 | 17.15 | 9.39 | 181.85 | 29.2541 | 29.2541 | 41.7136 | | | 1 |
| RB011941 | US85-1008 | PRBIO2 | 16.49 | 7.95 | 171.58 | 27.173 | 27.173 | 36.3334 | | | 3 |
| RB92579 | IM76-229 | PRBIO99 | 17.13 | 7.76 | 135.19 | 26.9162 | 26.9162 | 35.7221 | | | 4 |
| RB867515 | US7614 | PRBIO27 | 16.75 | 9.59 | 136.23 | 29.5511 | 29.5511 | 34.4932 | | | 5 |
| RB867519 | IM76-232 | PRBIO57 | 17.4 | 9.16 | 126.95 | 28.9139 | 28.9139 | 33.6646 | | | 8 |
| RB011941 | US85-1008 | PRBIO62 | 16.01 | 6.73 | 143.51 | 25.7251 | 25.7251 | 33.582 | | | 9 |
| RB92579 | IM76-229 | PRBIO230 | 15.81 | 8.49 | 161.32 | 27.9396 | 27.9396 | 33.1924 | | | 10 |
| IAC87-3396 | US85-1008 | PRBIO199 | 15.62 | 5.02 | 141.99 | 24.3149 | 24.3149 | 32.6467 | | | 12 |
| RB867515 | US7614 | PRBIO132 | 15.82 | 8.49 | 139.39 | 27.9396 | 27.9396 | 32.5885 | | | 13 |
| RB867525 | IM76-238 | PRBIO174 | 17.1 | 8.12 | 123.99 | 27.4121 | 27.4121 | 32.4661 | | | 14 |
| CB38-22 | B70710 | PRBIO228 | 14.85 | 6.24 | 161.68 | 25.2567 | 25.2567 | 31.3836 | | | 17 |
| RB92579 | IM76-229 | PRBIO14 | 15.43 | 9.34 | 133.19 | 29.1787 | 29.1787 | 31.3093 | | | 18 |
| RB867515 | US7614 | PRBIO61 | 14.75 | 8.13 | 137.59 | 27.4263 | 27.4263 | 31.2687 | | | 19 |
| Co453 | IAC50/134 | PRBIO191 | 16.99 | 10.09 | 120.45 | 29.6296 | 29.6296 | 31.2445 | | | 20 |
| RB867521 | IM76-234 | PRBIO59 | 14.65 | 5.97 | 137.85 | 25.0217 | 25.0217 | 31.1577 | | | 22 |

FIB = teor de fibra, PC = teor de sacarose aparente, TCH = toneladas de colmos por hectare, CA = cana-de-açúcar convencional, MP = cana-de-açúcar multipropósito e CE = cana-de-açúcar para cogeração de energia elétrica.