

# SELEÇÃO PARA PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM TRÊS AMBIENTES NO ESTADO DO PARANÁ VIA MODELOS MISTOS

## SELECTION FOR YIELD, ADAPTABILITY AND STABILITY OF SUGARCANE CLONES IN THREE ENVIRONMENTS OF PARANÁ STATE VIA MIXED MODELS

Hugo ZENI-NETO<sup>1</sup>  
Ricardo Augusto de OLIVEIRA<sup>2</sup>  
Edelclaiton DAROS<sup>3</sup>  
João Carlos BESPALHOK-FILHO<sup>3</sup>  
José Luis Camargo ZAMBON<sup>3</sup>  
Oswaldo Teruyo IDO<sup>3</sup>  
Heroldo WEBER<sup>4</sup>

### RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e selecionar clones de cana-de-açúcar na fase T3 no estado do Paraná, utilizando a metodologia REML/BLUP. O trabalho foi realizado em três ambientes de produção no Estado do Paraná (Colorado, Paranavaí e Mandaguaçu), em fase T3 com 236, 243 e 202 clones, respectivamente, e duas variedades padrões (RB72454 e RB835486). O experimento foi em blocos aumentados com duas repetições, sendo a variável analisada toneladas de brix por hectare (TBH). Os clones foram selecionados via modelos mistos, utilizando o critério MHPRVG (média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos). Os clones mais adaptados, estáveis e produtivos pela metodologia MHPRVG foram: RB9371, RB975245 e RB975316. O uso do critério MHVG (média harmônica dos valores genéticos) deve ser empregado com cautela quando se faz seleção para estabilidade e produtividade em experimentos desbalanceados, isto é, quando todos os clones não estão presentes em todos os ambientes testados.

**Palavras-chaves:** *Saccharum spp*; REML/BLUP; seleção clonal

### ABSTRACT

The objective of this study was to estimate genetic parameters and predict genotypic values of sugarcane clones in T3 stage in the state of Parana using the REML/BLUP methodology. This work was carried out in three environments of production in State of Paraná (Colorado, Paranavaí and Mandaguaçu), on T3 stage with 236, 243 and 202 clones, respectively, and two standard varieties. The design of the experiment was an augmented block with two repetitions and the variable evaluated was tones of brix per hectare (TBH). The clones were selected via mixed models, using the MHPRVG method (harmonic mean of the relative performance of genetic values). The most adapted, stable and productivity clones according to MHPRVG method were: RB9371, RB975245 e RB975316. The use of MHVG method (harmonic mean of genetic values) must be employed with caution in unbalanced experiments, when the tested clones are not presented in all environments.

**Key-words:** *Saccharum spp*; REML/BLUP; clonal selection.

<sup>1</sup> Eng. Agrônomo, doutorando, UFPR. \*Autor para correspondência. E-mail: zeni@ufpr.br

<sup>2</sup> Eng. Agr. Dr. Pesquisador do PMGCA/UFPR/RIDESA

<sup>3</sup> Prof. Dr. Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, UFPR.

<sup>4</sup> Eng. Agr. Dr. Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, UFPR.

## INTRODUÇÃO

Um dos principais problemas na seleção e na recomendação de genótipos de qualquer programa de melhoramento é a interação genótipos x ambientes. A escolha de genótipos com alta produtividade, adaptabilidade e estabilidade é uma das alternativas para minimizar os efeitos da interação genótipos x ambientes (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

No contexto dos modelos mistos, uma alternativa para selecionar genótipos para produtividade, estabilidade e adaptabilidade é a utilização do método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG), preconizado por RESENDE (2004). Este procedimento, além de permitir a seleção simultânea para os três atributos mencionados, apresenta as seguintes vantagens: considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos preditos e não de valores fenotípicos; permite lidar com desbalanceamento; permite lidar com delineamentos não-ortogonais; permite lidar com heterogeneidade de variâncias; permite considerar erros correlacionados dentro de locais; fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade; pode ser aplicado com qualquer número de ambientes; permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie; elimina os ruídos da interação genótipos x ambientes à semelhança da técnica AMMI; e gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado (OLIVEIRA et al., 2005; BASTOS et al., 2007).

Este trabalho teve como objetivos estimar os parâmetros genéticos através do procedimento REML, prever os valores genotípicos dos clones para cada local através do procedimento BLUP e selecionar clones de cana-de-açúcar na fase de T3 com alta produtividade, estabilidade e adaptabilidade via método MHPRVG, em três ambientes no estado do Paraná.

## MATERIAL E MÉTODOS

A análise e seleção foram realizadas utilizando-se dados provenientes de experimentos de competição de clones promissores das séries RB89, RB93, RB96 e RB97, na terceira fase de seleção (fase T3), do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Universidade Federal do Paraná (PMGCA/UFPR). Para maiores informações sobre as diferentes fases de melhoramento de cana-de-açúcar ver MATSUOKA et al. (2005).

Os experimentos foram conduzidos em três ambientes localizados nos municípios de Colorado (22°50' S, 51°54' W, 400 m), Paranavaí (23°05' S, 52°27' W, 503 m) e Mandaguaçu (23°21' S, 52°05' W, 580 m), no estado do Paraná. Foram testados

238, 242 e 202 clones promissores em Colorado, Paranavaí e Mandaguaçu, respectivamente, mais duas variedades padrões, RB72454 e RB835486. No total foram avaliados 255 clones, sendo que 193 clones estavam presentes nos três ambientes, 42 clones em dois ambientes e 20 clones em apenas um ambiente.

O delineamento experimental utilizado foi o de Blocos Aumentados ou Blocos de Federer (FEDERER, 1956) com duas repetições (Campo "A" e "B"). Cada bloco foi composto por 18 clones promissores mais duas variedades, RB72454 e RB835486 utilizadas como variedades padrões. Cada parcela era composta por dois sulcos de 5 m, espaçados entre si por 1,40 m na localidade de Colorado e Paranavaí, e 1,10 m em Mandaguaçu.

O plantio foi realizado em maio de 2003, sendo utilizados toletes contendo três gemas, somando 18 gemas m<sup>-1</sup> de sulco, de forma que em cada parcela foram distribuídos 60 toletes. A adubação foi realizada na implantação utilizando-se 500 kg ha<sup>-1</sup> da formulação comercial 04-25-25 (N-P-K), na proporção de 20 kg ha<sup>-1</sup> de N, 100 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O e 100 kg ha<sup>-1</sup> de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>; e, após o primeiro corte, foi realizada uma adubação de cobertura de 600 kg ha<sup>-1</sup> da formulação comercial 20-00-20 (N-P-K), na proporção de 120 kg ha<sup>-1</sup> de N e 120 kg ha<sup>-1</sup> de K<sub>2</sub>O.

A primeira colheita (cana-planta) foi realizada em maio de 2004 (dados não mostrados) e a segunda colheita (cana-soca) no mês de junho de 2005, de onde provêm os dados utilizados neste trabalho. A variável analisada foi tonelada de Brix por hectare (TBH em t ha<sup>-1</sup>).

A estimativa de componentes de variância e predição de valores genéticos foi realizada usando o procedimento REML/BLUP (melhor predição linear não tendenciosa/máxima verossimilhança restrita). A seleção conjunta por produtividade, estabilidade e adaptabilidade dos materiais genéticos baseou-se na estatística denominada média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) preditos, conforme descrito por RESENDE (2004). Todas as análises foram realizadas por meio do software Selegen-REML/BLUP, empregando o modelo 75 (RESENDE, 2002). Os dados dos clones que estavam presentes apenas em um ambiente não foram considerados na análise.

Utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação de clones no delineamento de blocos aumentados com uma observação por parcela e em vários ambientes:  $y = Xf + Zg + Wb + Ti + e$

Em que:  $y$ : vetor de dados;  $f$ : vetor dos efeitos assumidos como fixos;  $g$ : vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);  $b$ : vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios);  $i$ : vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios);  $e$ : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

$X$ ,  $Z$ ,  $W$  e  $T$  = representam as matrizes de incidência para os efeitos de  $r$ ,  $f$ ,  $b$  e  $i$ , respectivamente.

Nesse modelo, os valores genotípicos preditos livres da interação considerando todos os locais são dados por  $u + g$ , em que  $u$  é a média de todos os locais. Para cada local  $j$ , os valores genotípicos são preditos por  $u_j + g + g_e$ , em que  $u_j$  é a média do local  $j$ .

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados para os componentes de variância e outros parâmetros genéticos para os três locais no estado do Paraná (Colorado, Paranavaí e Mandaguaçu) e para a análise conjunta para a característica TBH (t ha<sup>-1</sup>) são apresentados na Tabela 1.

TABELA 1 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ( $\hat{h}_g^2$ ), herdabilidade ajustada da média de clone ( $\hat{h}_{mc}^2$ ), variância genotípica ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), variância da ambiental entre blocos ( $\hat{\sigma}_{bloc}^2$ ), variância da interação genótipo x ambiente ( $\hat{\sigma}_c^2$ ), variância residual ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância fenotípica individual ( $\hat{\sigma}_f^2$ ), correlação genotípica através dos locais ( $\hat{r}_{gloc}$ ), acurácias na seleção de clones ( $\hat{r}_{g\hat{g}}$ ), média geral, coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>%) e coeficiente de variação experimental (CV<sub>e</sub>%), para o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH) em clones de cana-de-açúcar da série RB97, em três ambientes no Estado do Paraná.

Estimativas	Ambiente 1 (Colorado)	Ambiente 2 (Paranavaí)	Ambiente 3 (Mandaguaçu)	Análise Conjunta
$(\hat{h}_g^2)$	0,163 ± 0,051	0,203 ± 0,057	0,491 ± 0,093	0,124 ± 0,026
$(\hat{h}_{mc}^2)$	0,197	0,210	0,532	-----
$(\hat{\sigma}_g^2)$	1,517	3,458	0,513	1,166
$(\hat{\sigma}_{bloc}^2)$	1,473	0,516	0,0814	0,147
$(\hat{\sigma}_c^2)$	-----	-----	-----	0,668
$(\hat{\sigma}_e^2)$	6,273	12,995	0,450	7,421
$(\hat{\sigma}_f^2)$	9,264	16,970	1,044	9,403
$\hat{r}_{gloc}$	-----	-----	-----	0,635
$\hat{r}_{g\hat{g}}$	0,404	0,451	0,701	-----
Média geral	10,970	15,250	19,739	15,323
(CV <sub>g</sub> %)	11,22	12,19	3,63	7,04
(CV <sub>e</sub> %)	22,95	23,66	3,41	5,34

A presença de significativa variabilidade genética entre os clones testados foi verificada, como demonstrado pela estimativa de herdabilidade e seu erro padrão (Tabela 1). O coeficiente de variação genotípico apresentou valores baixos em Mandaguaçu (3,63%) e altos em Colorado (11,22%) e Paranavaí (12,19%), confirmando a presença de considerável variabilidade genética nesses dois últimos ambientes. A presença dessa variabilidade genética mostra a possibilidade de seleção efetiva entre os clones.

A correlação genotípica dos clones entre os ambientes foi 0,63, apresentando um nível moderado de interação genótipo x ambiente, mostrando que não necessariamente o melhor clone em um ambiente seja o melhor em outra localidade e justificando a necessidade de se considerar a adaptabilidade e a estabilidade para fins de seleção. Este resultado é semelhante ao encontrado por OLIVEIRA et al. (2005).

A Tabela 2 apresenta o ranking dos valores genotípicos dos 20 melhores clones e dos 2 padrões usados no experimento para TBH em cada ambiente

e para a análise conjunta. O clone RB9371 se destacou em Colorado e Paranavaí (não foi testado em Mandaguáçu), sendo que na análise conjunta ficou em primeiro lugar apresentando um ganho de

13,25% em relação à média geral dos ambientes. Os cinco melhores clones pela análise conjunta para TBH foram RB9371, RB975245, RB975102, RB975299 e RB975244.

TABELA 2 – Valores genotípicos ( $u_i + g + ge$ ) de 22 genótipos de cana-de-açúcar em estudo e ganhos genéticos (%) preditos dos dez melhores para o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH), em três ambientes, Colorado, Paranavaí e Mandaguáçu e na Análise Conjunta, da série RB97, no Estado do Paraná.

Clones	Ambiente 1 (Colorado)		Clones	Ambiente 2 (Paranavaí)		Clones	Ambiente 3 (Mandaguáçu)		Clone	Análise Conjunta	
	Valores genéticos	Ganho genético		Valores genéticos	Ganho genético		Valores genéticos	Ganho genético		Valores genéticos	Ganho genético
	$u_1 + g + ge$	(%)		$u_2 + g + ge$	(%)		$u_3 + g + ge$	(%)		(u + g)	(%)
RB975245	13,56	23,63	RB9371	18,00	18,06	RB975102	21,13	7,04	RB9371	17,35	13,25
RB9371	13,46	22,71	RB975102	17,79	16,67	RB975299	21,12	7,01	RB975245	17,06	11,32
RB975299	13,12	19,61	RB975343	17,61	15,49	RB975244	21,08	6,81	RB975102	16,86	10,04
RB975316	12,77	16,44	RB975317	17,48	14,60	RB975343	21,06	6,69	RB975299	16,78	9,51
RB975269	12,73	16,02	RB975244	17,36	13,87	RB975080	21,02	6,50	RB975244	16,70	8,99
RB975038	12,72	15,99	RB975019	17,33	13,66	RB975038	20,97	6,24	RB975316	16,70	8,98
RB975198	12,57	14,56	RB976339	17,22	12,89	RB976339	20,86	5,70	RB975343	16,66	8,72
RB975102	12,55	14,35	RB975153	17,18	12,66	RB975269	20,86	5,67	RB975019	16,63	8,56
RB975019	12,54	14,30	RB975245	17,14	12,42	RB975110	20,85	5,61	RB975038	16,63	8,55
RB975079	12,52	14,09	RB975296	17,11	12,19	RB975317	20,85	5,60	RB975080	16,61	8,39
RB975080	12,48		RB975080	17,06		RB977533	20,81		RB975307	16,57	
RB975307	12,47		RB975316	17,01		RB975019	20,78		RB975317	16,56	
RB975244	12,44		RB977533	17,00		RB975083	20,72		RB975269	16,50	
RB975164	12,35		RB975307	16,97		RB976331	20,71		RB976339	16,49	
RB975117	12,33		RB976331	16,96		RB975175	20,61		RB977533	16,44	
RB977566	12,29		RB975038	16,95		RB975078	20,60		RB975296	16,43	
RB975153	12,28		RB975299	16,93		RB976319	20,57		RB975110	16,33	
RB975005	12,27		RB975227	16,88		RB975115	20,56		RB975117	16,31	
RB975082	12,22		RB976306	16,74		RB976324	20,49		RB975082	16,30	
RB977533	12,13		RB975110	16,80		RB975227	20,48		RB976331	16,29	
RB72454*	12,29		RB72454*	16,15		RB835486*	20,38		RB72454*	15,55	
RB835486*	12,05		RB835486*	15,57		RB72454*	20,09		RB835486*	15,28	

\* Padrões: cultivares em uso no Estado do Paraná.

Dentre os 5 melhores materiais classificados em cada um dos três ambientes e na análise conjunta, os clones RB9371, RB975102, RB975299 e RB975244 ficaram entre os cinco melhores em dois ambientes, sendo que o clone RB975245 apareceu entre os cinco melhores somente em Colorado.

Na Tabela 3, estão apresentados os resultados sobre a estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG), e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (MHPRVG), para o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH) dos 20

melhores clones e duas variedades padrões.

No contexto dos modelos mistos, um método para classificar os genótipos simultaneamente para seus valores genotípicos (produtividade) e estabilidade é a média harmônica dos valores de BLUP - MHVG (RESENDE, 2002). Quanto menor o desvio padrão do desempenho genotípico entre os ambientes, maior será a média harmônica dos valores genotípicos entre ambientes (MHVG). Isto significa que a seleção pela MHVG implica simultaneamente em seleção para produtividade e estabilidade (OLIVEIRA et al. 2005).

TABELA 3 – Estabilidade de valores genotípicos (MHVG), adaptabilidade de valores genotípicos (PRVG), estabilidade e adaptabilidade de valores genotípicos (MHPRVG) para o caráter tonelada de Brix por hectare (TBH) dos 20 melhores clones e dos duas variedades padrões, série RB97, Paraná.

Genótipo	MHVG	Genótipo	PRVG	PRVG*MG	Genótipo	MHPRVG	MHPRVG*MG
RB975299	16,43	RB9371	1,20	18,43	RB9371	1,20	18,42
RB975102	16,37	RB975245	1,18	18,07	RB975245	1,18	18,03
RB975038	16,19	RB975316	1,14	17,45	RB975316	1,14	17,44
RB975244	16,18	RB975102	1,13	17,26	RB975102	1,12	17,24
RB975019	16,17	RB975299	1,13	17,24	RB975307	1,12	17,22
RB975080	16,10	RB975307	1,12	17,22	RB975299	1,12	17,20
RB975269	16,06	RB975244	1,11	17,06	RB975244	1,11	17,04
RB975343	16,03	RB975038	1,11	17,02	RB975038	1,11	17,00
RB975317	15,96	RB975019	1,11	17,01	RB975019	1,11	16,99
RB976339	15,87	RB975343	1,11	16,96	RB975296	1,11	16,95
RB977533	15,85	RB975080	1,11	16,96	RB975080	1,11	16,95
RB975153	15,78	RB975296	1,11	16,95	RB975343	1,11	16,94
RB855511	15,71	RB975269	1,10	16,87	RB975117	1,10	16,85
RB975110	15,68	RB975317	1,10	16,87	RB975317	1,10	16,85
RB975198	15,67	RB975117	1,10	16,86	RB975269	1,10	16,85
RB975227	15,67	RB975082	1,10	16,82	RB975082	1,10	16,82
RB975005	15,64	RB935581	1,09	16,77	RB935581	1,09	16,77
RB975164	15,63	RB976339	1,09	16,77	RB976339	1,09	16,76
RB976331	15,60	RB977533	1,09	16,72	RB977533	1,09	16,71
RB975079	15,60	RB975153	1,08	16,59	RB975110	1,08	16,56
RB72454*	14,95	RB72454*	1,03	15,72	RB72454*	1,02	15,70
RB835486*	14,52	RB835486*	1,00	15,33	RB835486*	1,00	15,30

\* Padrões: cultivares em uso no Estado do Paraná.

Dos cinco melhores clones para MHVG (RB975299, RB975102, RB975038, RB975244 e RB975019) apenas três estão entre os cinco clones melhores classificados pela análise conjunta dos valores genotípicos (RB975299, RB975102 e RB975244). Os clones RB9371 e RB975245, que foram os primeiros colocados na análise conjunta, foram classificados somente nas posições 44 e 54 para o parâmetro MVHG, respectivamente. A posição ruim para MHVG desses dois clones foi devido à penalização sofrida por eles por serem testados em dois ambientes (Colorado e Paranavaí) e não estarem presentes no ambiente com maior média geral (Mandaguaçu). Por isso, em experimentos desbalanceados, a seleção baseada somente no critério MHVG deve ser empregada com cautela, visto que clones podem ser privilegiados ou penalizados por não serem testados em todos os ambientes.

BASTOS et al. (2007) afirmam que, de maneira genérica, o método MHVG é uma opção segura para seleção para estabilidade e produtividade. Os resultados observados neste trabalho (Tabela 3) mostram que o MHVG não pode ser considerado como seguro quando se analisa

experimentos desbalanceados, isto é, quando todos os clones não estão presentes em todos os ambientes testados.

Em termos de adaptabilidade, uma simples e efetiva medida no contexto dos modelos mistos é a performance relativa dos valores genotípicos (PRVG) através dos ambientes. Neste caso, os valores genotípicos preditos (ou dados originais) são expressos como uma proporção da média geral em cada local e em seguida o valor médio dessa proporção através dos ambientes é obtida.

Os dois melhores clones pelo critério MHPRVG apresentaram uma superioridade de 20% (RB9371) e 18% (RB975245) sobre a média geral dos três ambientes (Tabela 3). Os valores de PRVG e MHPRVG indicam exatamente a superioridade média do genótipo em relação à média do ambiente em que ele é plantado, então o genótipo RB9371 tem uma superioridade de 1,20 vezes sobre a média do ambiente em que ele está sendo cultivado. O valor de MHPRVG\*MG dá um valor do valor genotípico médio do clone no ambiente avaliado, incluindo a penalização pela instabilidade e capitalizando a adaptabilidade.

A classificação dos dez melhores clones pelo critério do MHPRVG\*MG (Tabela 3) não são exatamente os dez melhores clones pela análise conjunta dos valores genotípicos (Tabela 2). Isto evidencia que o uso de novos critérios de seleção podem melhorar a seleção.

### CONCLUSÕES

Os clones mais adaptados, estáveis e produtivos pela metodologia MHPRVG foram: RB9371, RB975245 e RB975316.

O uso do critério MHVG (média harmônica dos valores genéticos) deve ser empregado com cautela quando se faz seleção para estabilidade e produtividade em experimentos desbalanceados, isto é, quando todos os clones não estão presentes em todos os ambientes testados.

### AGRADECIMENTOS

À FUNPAR, usinas e destilarias do setor sucroalcooleiro do Paraná, pelo suporte financeiro ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar (PMGCA-UFPR).

### REFERÊNCIAS

1. BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.
2. CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2003. 585 p.
3. FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, v. 55, p. 191-208, 1956.
4. MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da Cana-de-açúcar. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 225-274.
5. OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK F., J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, n. 4, p. 426-434, 2005.
6. RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
7. RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo. Embrapa Florestas, 2004. 57 p.

Recebido em 18/05/2007

Aceito em 03/09/2008