

CARACTERIZAÇÃO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA (BAG) DE ACESSOS DO COMPLEXO *SACCHARUM* DA EMBRAPA CLIMA TEMPERADO

ALEXANDRE KLEIN PARNOFF¹; JULYANA VASCONCELOS BARBOSA²; JOÃO
GABRIEL SCHWANZ GÖEBEL³; ADÍLSON HÄRTER⁴;
LUIZE SILVA MASCARENHAS⁵; SÉRGIO DELMAR DOS ANJOS E SILVA⁶

¹Universidade Federal de Pelotas - alexandreklein2000@yahoo.com.br

²Universidade Federal de Pelotas - julyana97@outlook.com

³Universidade Federal de Pelotas-joao.goebel@gmail.com

⁴Universidade Federal do Paraná- adilsonharter@gmail.com

⁵Universidade Federal de Pelotas luizemascarenhas@hotmail.com

⁶Embrapa Clima Temperado – sergio.anjos@embrapa.br

1. INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma espécie gramínea, perene, nativa das regiões tropicais do sul da Ásia e da Melanésia, utilizada principalmente para a produção de açúcar e etanol. O Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo, com área estimada de 8,4 milhões de hectares na safra 2019/2020 e produtividade média de 76,3 t ha⁻¹ (CONAB, 2020). No estado Rio Grande do Sul (RS) a área cultivada é de 12,769 hectares com produtividade média de 34,9 t ha⁻¹ (IBGE 2017).

No RS a cana-de-açúcar assume grande relevância na agricultura familiar, principalmente na industrialização de açúcar mascavo, melado, rapadura, cachaça, bem como para o fornecimento na alimentação animal (IBGE 2017). Nos últimos 13 anos a Embrapa Clima Temperado em parceria com a Universidade Federal do Paraná (UFPR) /RIDESA, vem desenvolvendo clones e variedades de cana-de-açúcar adaptadas para o RS, proporcionando a indicação de 12 variedades adaptadas as diversas regiões do estado (SILVA et al., 2016).

Considerando que a variabilidade genética é fundamental para o desenvolvimento de novos genótipos através de cruzamentos artificiais, os bancos ativos de germoplasma (BAG) são importantes fontes de variabilidade genética para os programas de melhoramento. Dessa forma, o objetivo deste trabalho é a caracterização fenotípica de acessos do complexo *Saccharum* para as condições ambientais de Pelotas, RS.

2. METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no campo experimental da Embrapa Clima Temperado, em Pelotas/RS. Foram avaliados 128 acessos de espécies do complexo *Saccharum* e demais espécies silvestres associadas a este gênero. A coleção avaliada tem duas origens, sendo um grupo de acessos da Coleção mundial da USDA. Os acessos importados, gêneros e espécies silvestres parentes da cana-de-açúcar deram entrada no Brasil em 2014 e passaram por quarentena no IAC até setembro de 2015. O segundo grupo de acessos foi uma coleção proveniente da Embrapa Tabuleiros Costeiro, com acessos oriundos do BAG Cana da Embrapa. A coleção de 128 acessos foi constituída por: 15-*Erianthus arundinaceus*; 1-*Erianthus kanashiro*; 3-*Erianthus kue*; 30-HIBR; 1-*Miscanthus*.spp; 4-*Saccharum sinense*; 8-*Saccharum barberi*; 36-*Saccharum officinarum*; 3-*Saccharum robustum*; 19-*Saccharum spontaneum*; 8-*Saccharum* spp;

Os acessos foram transplantados para o campo experimental em dezembro de 2018, em linhas de 3 m de comprimento, com espaçamento de 1,40 m entre linhas e 0,50 m entre plantas. A coleção foi caracterizada em ciclo primeira soca, na safra 2019/2020, avaliando as seguintes variáveis: número de perfilhos por metro (NPM), obtido através da contagem de perfilhos totais em um metro linear; peso total da parte aérea da planta (PTO); peso de folhas (PFO); peso de colmo (PCO) usando balança digital, medido em gramas (g); altura de planta (ALT) medida com régua graduada em cm; diâmetro do colmo (DIA), medida com paquímetro digital e expressa em mm; número de entrenós (NEN), a partir da contagem do número total de entrenós da base do colmo até a base do palmito; teor de sólidos solúveis totais do caldo (SST, °Brix), mensurado em refratômetro digital.

As análises estatísticas foram executadas no ambiente estatístico “RStudio” (RStudioTeam, 2020), utilizando o pacote “cluster.datasets” para análise de agrupamento dos acessos avaliados, pela distância Euclidiana média via método de Ward. Para cada grupo formado foi realizada análise descritiva com histogramas, no mesmo ambiente estatístico utilizando o pacote “ggplot2”.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da distância média Euclidiana revelou a formação de cinco grupos distintos, confirmando a existência de elevada variabilidade genética na população avaliada (Figura 1A). Os 38 acessos agrupados no primeiro cluster (grupo 1) apresentaram maior dissimilaridade, tendo como principais características, elevado número de perfilhos por metro (NPM) e menores valores médios de peso total de planta (PTO), peso de folhas (PFO), peso de colmo (PCO), diâmetro do colmo (DIA) e sólidos solúveis totais (SST). Este grupo, constituído pelos 38 acessos é formado pelas espécies: *E. kanashiro* (2,6%); *E. kue* (2,6%); *Miscanthus* spp (2,6%); *S. spontaneum* (10,5%); *S. sinense* (5,3%); *Saccharum* spp. (2,6%) *E. arundinaceus* (10,53%); *S. barberi* (13,2%); HIBR (23,7%); *S. officinarum* (26,3%); sendo que as duas últimas predominaram com 50%.

Em contrapartida, no grupo 3 que contém 9 acessos, predominam as espécies *E. arundinaceus* (22,2%); HIBR (22,2%); *S. spontaneum* (22,2%); *S. officinarum* (33,3%), apresentando valores médios de 881,6 g (PTO), 743,7 g (PCO), 137,9 g (PFO), 28,7 mm (DIA), 16,9 °Brix (SST), representando elevada superioridade comparado ao grupo 1.

O grupo 2 com 18 acessos apresentou maior valor médio de SST, indicando maior frequência de genótipos com características importantes para uso em blocos de hibridação visando aumento do teor de sacarose. Este grupo foi constituído por *E. arundinaceus* (5,6%); *S. robustum* (5,6%); HIBR (11,1%); *Saccharum* spp (16,7%); *S. officinarum* (27,8%); *S. spontaneum* (33,3%); predominando as duas últimas com 61%.

Os grupos 4 e 5 agruparam 25 e 38 acessos, respectivamente, com valores próximos a média da população, sendo constituídos pelos gêneros *Saccharum* e *Erianthus*.

As atuais variedades de cana-de-açúcar são híbridas interespecíficas de *S. spontaneum* e *S. officinarum*. O gênero *Saccharum* juntamente com os gêneros *Erianthus* e *Miscanthus* formam um grupo de inter cruzamento muito próximo denominado “Complexo *Saccharum*” o que sugere a hipótese de um ancestral comum para todas essas espécies (DANIELS E ROACH, 1987), tal proposição é

confirmado neste trabalho pela distribuição das espécies em todos os grupos formados.

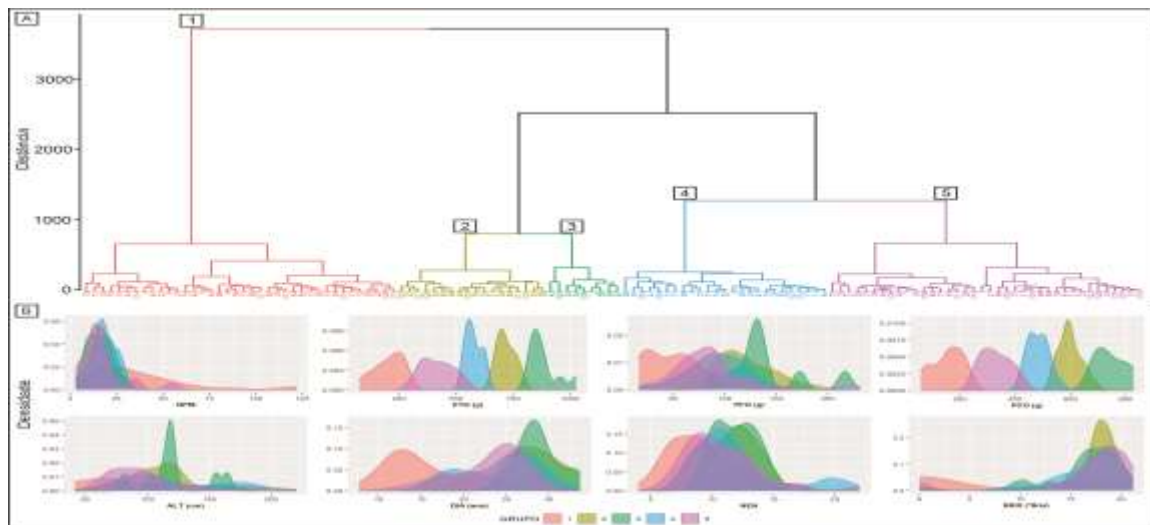


Figura 1. Dendrograma da distância média Euclidiana via método de Ward (A) e histograma para cinco grupos formados para 128 acessos do complexo *Saccharum* spp. avaliados quanto ao número de perfilhos por metro (NPM), peso total (PTO, g), peso de folhas (PFO, g), peso de colmo (PCO, g), altura de planta (ALT, cm), diâmetro do colmo (DIA, mm), número de entrenós (NEN) e teor de sólidos solúveis totais do caldo (SST, °Brix).

4. CONCLUSÕES

Neste Banco de germoplasma há grande variabilidade genética importante para uso em programas de melhoramento visando o desenvolvimento de variedades para região sul do Brasil.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acomp. safra bras. cana, v. 7 - Safra 2019/20**, n. 2 – Segundo levantamento, Brasília, p. 1-64, agosto 2020. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cana/boletim-da-safra-de-cana-de-acucar>>. Acesso em: 06 set. 2020.

DANIELS, J.; ROACH, B. T.. Taxonomy and evolution in sugarcane. In: HEINZ, D. J. **Sugarcane Improvement through Breeding**, Amsterdam: Ed. Elsevier, 1987. p.7-84

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE.- **SIDRA Censo Agropecuário 2017**. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/21814-2017-censo-agropecuário.html>>. Acesso em 12 set. 2020.

RStudio Team (2020). RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, Boston, MA URL HYPERLINK "<http://www.rstudio.com/>" <http://www.rstudio.com/>.