

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar



Tese

**Caracterização genotípica e fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar
coletados no sul do Brasil.**

Elis Daiani Timm Simon

Pelotas, 2019.

Elis Daiani Timm Simon

**Caracterização genotípica e fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar
coletados no sul do Brasil.**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutora em Agronomia.

Orientador: Sérgio Delmar dos Anjos e Silva

Co-Orientador: Luís Antônio Veríssimo Corrêa

Pelotas, 2019.

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

S594c Simon, Elis Daiani Timm

Caracterização genotípica e fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar coletados no sul do Brasil / Elis Daiani Timm Simon ; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva, orientador ; Luis Antônio Veríssimo Corrêa, coorientador. — Pelotas, 2019.

95 f. : il.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2019.

1. Saccharum spp. 2. Variabilidade. 3. Melhoramento genético. 4. Recursos genéticos. 5. Microssatélites. I. Silva, Sérgio Delmar dos Anjos e, orient. II. Corrêa, Luis Antônio Veríssimo, coorient. III. Título.

CDD : 633.6


Elis Daiani Timm Simon

Caracterização genotípica e fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar coletados no sul do Brasil.

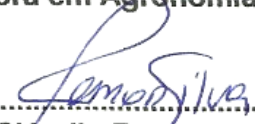
Tese aprovada, como requisito parcial, para obtenção do grau de Doutor em Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

Data da Defesa: 08 de março de 2019.


Banca examinadora:


.....
Dr. Sérgio Delmar dos Anjos e Silva (Orientador)
Doutor em Fitotecnia pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul.


.....
Dr.ª Camila Pegoraro
Doutora em Agronomia pela Universidade Federal de Pelotas.


.....
Dr.ª Claudia Fernanda Lemons e Silva
Doutora em Fitotecnia pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul.


.....
Dr. Éberson Dietrich Eicholz
Doutor em Fitotecnia pela Universidade Federal de Pelotas.


.....
Dr.ª Cândida Raquel Scherrer Montero
Doutora em Fitotecnia pela Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Agradecimentos

À Deus, em primeiro lugar, pois a Ele devo tudo o que sou e o que tenho, e também porque, sem Ele, nada valeria a pena.

Aos meus pais, José Luiz e Evani, pelo apoio e compreensão durante esta etapa, por nunca medirem esforços para minha vida e formação, pelos exemplos e ensinamentos que levarei para sempre em minha vida.

À Universidade Federal de Pelotas e ao Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar pela oportunidade e aos professores do curso pela ajuda na construção do conhecimento.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pela bolsa de estudos concedida.

À FINEP pelo recurso financeiro.

À Embrapa Clima Temperado, pela infraestrutura, recursos financeiros e humanos cedidos para realização deste trabalho.

Ao Dr. Sérgio Delmar dos Anjos e Silva, por ter me recebido em sua equipe de trabalho e oportunizado a realização deste projeto. Pela orientação, incentivo e ensinamentos que me permitiram aprendizado e crescimento profissional e pessoal. Desejo contribuir à ciência e ao universo acadêmico com a mesma dedicação, perseverança e ética que me transmitiu.

Ao Prof. Dr. Luís Antônio Veríssimo Corrêa, pela coorientação, disponibilidade e auxílio sempre que necessário.

Aos funcionários da Embrapa Clima Temperado, Cândida R. S. Montero e Vilmar Gonçalves, pela dedicação, disponibilidade e boa vontade de ajudar no que fosse preciso.

Aos colegas do setor de Agroenergia da Embrapa Clima Temperado: Adilson Härter, Anita Avancini, Alexssandra Soares, Ester S. Matoso, Francis Tatto, Jorge Moraes, Juliana Lemoes, Luize Mascarenhas, Liliane Varnes, Lucas Lemoes, Marcel Eicholz, Mateus Funary, Mariana T. da Silva, Thais Köller, Thainã Rodrigues, William Antunes e William Osterkamp pelo auxílio na condução e avaliações dos experimentos, troca de conhecimentos e pelos bons momentos de convivência e descontração. Meus votos de sucesso a todos!

Em especial à Mariana Teixeira da Silva e Ester Schiavon Matoso pela amizade, momentos de alegrias e risos e apoio nos momentos difíceis. Como diz um provérbio bíblico “Algumas amizades não duram nada, mas um verdadeiro amigo é mais chegado que um irmão! “.

À equipe do laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Clima Temperado pelo auxílio nas análises moleculares, em especial à Raquel Kneib, pela ajuda e conhecimentos repassados, disponibilidade e paciência em sempre esclarecer as minhas dúvidas.

Aos meus familiares e amigos que estando perto ou não, torceram por mim.

Aos colegas de curso pela saudável convivência e coleguismo.

Muito obrigada!

Seja você quem for, seja qual for a posição social que você tenha na vida, a mais alta ou a mais baixa, tenha sempre como meta muita força, muita determinação e sempre faça tudo com muito amor e com muita fé em Deus, que um dia você chega lá. De alguma maneira você chega lá.

(Ayrton Senna)

RESUMO

SIMON, Elis Daiani Timm. **Caracterização genotípica e fenotípica de genótipos de cana-de-açúcar coletados no sul do Brasil**. 2019. 95 f. Tese (Doutorado) – Programa de pós-Graduação em Sistemas de produção Agrícola Familiar. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

Os agricultores do Rio Grande do Sul utilizam genótipos de cana-de-açúcar que foram introduzidos no início do século XVIII, do exterior e de outras regiões do Brasil nas últimas décadas e muitos destes genótipos já apresentam grande adaptação à região de clima temperado. Estes podem ser considerados recursos genéticos, em uso pelos agricultores e que podem e usados em programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, visando o seu desenvolvimento nesta região. Neste sentido, objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética de uma coleção de genótipos de cana-de-açúcar coletados no Rio Grande do Sul e Santa Catarina. No experimento I foi realizado na Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS no qual foram caracterizados 192 genótipos de cana-de-açúcar com uso de marcadores moleculares do tipo SSR e marcadores fenotípicos de forma separada e conjunta. No experimento II foram avaliados 50 genótipos desta coleção em dois ambientes do município de Pelotas, RS durante as safras 2015/2016 e 2016/2017. As características avaliadas foram: tonelada de colmos por ha⁻¹; tonelada de Brix por ha⁻¹; reação a doenças, maturação e resistência ao frio. No experimento I, os marcadores SSR amplificaram 47 bandas, sendo 96,61 % polimórficas, havendo a formação de 21 grupos distintos. Com a análise conjunta dos marcadores houve a formação de 22 grupos distintos. No experimento II foi observada a interação genótipo X ambiente X ciclo de cultivo. Os genótipos apresentaram maior produtividade no ambiente 2 e no ciclo de cana soca. Em relação ao frio, os genótipos apresentaram dano baixo. Quanto às doenças, os genótipos apresentaram boa e alta resistência à ferrugem marrom e mancha parda, embora existam poucos genótipos suscetíveis. Em relação à maturação, 17 dos genótipos comportaram-se como precoce, 9 como médio e 24 como tardios. Há variabilidade genética na coleção de genótipos de cana-de-açúcar da Embrapa Clima Temperado, a qual é muito importante para uso no melhoramento, uma vez que estes genótipos são cultivados no Rio Grande do Sul e Santa Catarina há muitos anos, apresentado adaptação a este ambiente.

Palavras-chave: *Saccharum* spp.; variabilidade; melhoramento genético; recursos genéticos; microssatélites.

ABSTRACT

SIMON, Elis Daiani Timm. **Genotypic and phenotypic characterization of sugarcane genotypes collected in southern Brazil**. 2019. 95 f. Tese (Doutorado) – Programa de pós-Graduação em Sistemas de produção Agrícola Familiar. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

Rio Grande do Sul producers use sugarcane genotypes that were introduced in the early eighteenth century which come from abroad and from other regions of Brazil in the last decades. Many of these genotypes already show great adaptation to temperate climate region. These can be considered genetic resources in use by the farmers and that can be used in sugarcane breeding programs, aiming its development in this region. Therefore, the objective of this work was to characterize the genetic variability of a collection of sugarcane genotypes collected in Rio Grande do Sul and Santa Catarina. Experiment I was carried out at Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, in which 192 sugarcane genotypes were characterized with the use of molecular markers SSR type and phenotypic markers separately and jointly. In experiment II 50 genotypes of this collection were evaluated in two environments localized in Pelotas, RS during the 2015/2016 and 2016/2017 crops. The evaluated characteristics were: tons of sugarcane stalks per hectare; ton of Brix per hectare; reaction to diseases, maturation and cold resistance. In the experiment I, the SSR markers amplified 47 bands, being 96.61% polymorphic, with the formation of 21 different groups. The joint analysis of the markers resulted in the formation of 22 distinct groups. In experiment II the interaction genotype X environment X crop cycle was observed. The genotypes presented higher productivity in environment 2 and in the first ratoon cycle. Concerning cold, the genotypes presented low damage. As for diseases, genotypes showed good to high resistance to brown rust and brown spot, although there are few susceptible genotypes. Regarding maturation, 17 genotypes behaved as early, 9 as medium and 24 as late maturing genotypes. There is genetic variability in the Embrapa Clima Temperado sugarcane collection, which is very important for use in breeding, since these genotypes are cultivated in Rio Grande do Sul and Santa Catarina for many years and are adapted to this environment.

Key-words: *Saccharum* spp.; variability; plant breeding; genetic resources; microsatellites.

Sumário

1	Introdução geral	10
2	Revisão bibliográfica	12
2.1	Importância econômica e social da cana-de-açúcar no Brasil.	12
2.2	Importância econômica e social da cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul.	13
2.3	Origem, botânica, taxonomia e base genética da cana-de-açúcar.	15
2.4	Origem das variedades atuais.....	18
2.5	Variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Rio Grande do Sul	20
2.6	Os recursos genéticos e sua importância no melhoramento.....	21
2.7	Caracterização e divergência genética	23
2.7.1	Caracterização utilizando descritores morfológicos e agronômicos em cana-de-açúcar.....	24
2.7.2	Caracterização molecular de cana-de-açúcar.....	25
3	Capítulo 1 Caracterização de genótipos de cana-de-açúcar com uso de marcadores moleculares tipo ssr e fenotípicos.	27
3.1	Introdução	27
3.2	Material e métodos.....	29
3.2.1	Genótipos avaliados.....	29
3.2.3	Caracterização fenotípica.....	31
3.3	Resultados e discussão	33
3.3.1	Caracterização com base em marcadores moleculares SSR	33
3.3.1	Análise conjunta de marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos...38	
3.2.5	Conclusão	45

4	Capítulo 2 Caracterização agrônômica de genótipos de cana-de-açúcar em dois ambientes.....	46
4.1	Introdução	46
4.2.	Material e métodos.....	48
4.3.	Resultados e discussão	55
4.3.1	Reação dos genótipos frente à ocorrência espontânea das principais doenças que afetam a cultura.....	55
4.3.2	Maturação e reação dos genótipos de cana-de-açúcar ao estresse por frio.....	59
4.3.3	Produtividade de genótipos de cana-de-açúcar em dois ambientes	65
4.4	Conclusão	73
5	Considerações finais	74
6	Referências bibliográficas.....	75
	Apêndice	88

1 Introdução geral

A cana-de-açúcar é uma planta originária da Ásia e pertence à família Poaceae e ao gênero *Saccharum*, que abrange várias espécies. Adaptada ao clima tropical e subtropical, seus colmos são ricos em sacarose e apesar de sua multiplicidade de usos é cultivada principalmente para produção de açúcar e álcool. As variedades atualmente cultivadas no mundo, na sua maioria, são híbridos interespecíficos entre as espécies *S. Officinarum* e *S. spontaneum* oriundos de programas de melhoramento genético, recebendo a designação *Saccharum* spp. (CLAYTON; DANIELIS, 1975; apud FERRARI, 2010; LANDELL BRESSIANI 2008).

No Brasil, seu cultivo começou na época da colonização. Com o sucesso dos programas de melhoramento no desenvolvimento de variedades com excelente potencial produtivo e adaptação às diferentes condições edafoclimáticas, o Brasil se tornou o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, e também o maior produtor e exportador de açúcar e o segundo maior produtor de etanol (CONAB, 2018). No Estado do Rio Grande do Sul a cana-de-açúcar assume grande importância na agricultura familiar, associada ao processamento de produtos como: melado, rapadura, açúcar mascavo, cachaça e utilizada na alimentação animal, representando para muitas famílias a única ou a principal fonte de renda (IBGE 2017).

A maioria dos agricultores no Estado utilizam variedades crioulas que foram introduzidas no início do século XVIII vindas do exterior, e variedades antigas oriundas dos programas de melhoramento genético criados no Brasil a partir do século XX que desenvolveram cultivares adaptadas para outras regiões do país (BARROSO, 2006; RUGERI, 2015). Muitas destas variedades já estão adaptadas às suas regiões de cultivo, outras, no entanto, podem apresentar degenerescência varietal ou ser impróprias às condições de solo e clima da região.

A principal demanda dos agricultores gaúchos é por variedades de cana-de-açúcar mais precoces e com maior período útil de industrialização, mais produtivos e tolerantes a estresses. Faz-se necessário o desenvolvimento de variedade adaptadas ao solo e clima da região e indicadas para os mais diversos fins como a produção de cachaça, melado, açúcar mascavo e também cultivares com características desejáveis para utilização na alimentação animal.

O melhoramento de plantas depende da exploração sustentável dos recursos genéticos vegetais e que esse germoplasma disponível tenha grande variabilidade genética. Os recursos genéticos constituem parte essencial da biodiversidade, que é usada pelo homem para promoção do desenvolvimento sustentável da agricultura e produção de alimentos (BORÉM et al., 2017).

A grande diversidade de genótipos de cana-de-açúcar cultivada no Estado é uma excelente base a ser utilizada para a ampliação da variabilidade genética em programas de melhoramento da cultura. A Embrapa Clima Temperado, possui uma coleção de genótipos de cana-de-açúcar que foram coletados em diversos locais do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. Estudos de caracterização e divergência genética desta coleção são importantes para o conhecimento da variabilidade genética, possibilita a organização e agrupamento dos mesmos, além de gerar informações úteis para a conservação e o uso futuro dos genótipos ou ainda a possível indicação de genótipos que se destacarem para uso direto pelos produtores.

Este trabalho tem por objetivo geral caracterizar a variabilidade fenotípica e genotípica da coleção de genótipos de cana-de-açúcar da Embrapa Clima Temperado. E como específicos: (i) caracterizar os genótipos de cana-de-açúcar através de descritores morfo-agronômicos quantitativos e qualitativos; (ii) realizar a caracterização molecular dos genótipos de cana-de-açúcar; (iii) verificar a incidência e severidade doenças nos genótipos de cana-de-açúcar; (iv) identificar o nível de tolerância dos genótipos de cana-de-açúcar as baixas temperaturas; (v) determinar o tipo de maturação dos genótipos de cana-de-açúcar; (vi) estimar a distância genética dos genótipos de cana-de-açúcar visando agrupá-los de maneira conveniente para o uso.

2 Revisão bibliográfica

2.1 Importância econômica e social da cana-de-açúcar no Brasil.

A cana-de-açúcar foi introduzida no Brasil pelos portugueses no período da colonização na então Capitania de São Vicente, atual estado de São Paulo. Com a excelente adaptação da planta ao clima brasileiro, logística de produção, demanda de mercado, e com o sucesso dos programas de melhoramento genético da cultura, o cultivo expandiu-se no país se tornando uma das mais importantes cadeias produtivas do agronegócio brasileiro (FIGUEIREDO, 2008, CONAB, 2018).

A cana-de-açúcar possui uma multiplicidade de usos como a produção de aguardente, açúcar mascavo, rapadura e melado (SANTOS, 2016), o vinhoto, resíduo do processo de produção do álcool, que é transformado em adubo (ANDREOTTI et al., 2015), o bagaço é utilizado principalmente na co-geração de energia (COELHO et al., 2016), a produção de bioplástico (Plástico verde) (TELLES et al., 2011), é utilizada na alimentação animal (CRUZ et al., 2014), entre outras. Mas o açúcar e o álcool combustível são os principais produtos gerados a partir desta planta (CONAB, 2018).

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar e também o primeiro produtor e exportador de açúcar sendo responsável por 27,7% da produção mundial e 43,4% das exportações. É o segundo maior produtor mundial de etanol (ranking liderado pelos Estados Unidos) responsável por 20,3% da produção e 20% das exportações mundiais. Com 430 unidades produtoras (usinas e destilarias) gera 1,2 milhão de empregos diretos e um PIB setorial de US\$ 48 bilhões. Na safra 2017, foram produzidas 38,1 milhões de toneladas de açúcar e 27,7 bilhões de litros de etanol total (ÚNICA, 2018; CONAB, 2018).

O álcool combustível e a cogeração de energia elétrica a partir do bagaço são a segunda maior fonte de energia renovável do Brasil, representando 18% de toda energia consumida no país. Com referência somente à bioeletricidade da cana, o setor sucroenergético detém hoje 11.373 MW, em torno de 7% da potência outorgada pela ANEEL no Brasil e 77% da fonte biomassa, sendo a 4ª fonte de geração mais importante da matriz elétrica do país em termos de capacidade instalada, atrás da fonte hídrica e das termelétricas a gás natural e das eólicas (ÚNICA, 2018).

O etanol brasileiro possui vantagens econômicas e ambientais em relação ao etanol produzido nos Estados Unidos, que tem a cultura do milho como fonte de matéria prima. Por não competir com a produção de alimentos e ter um balanço energético positivo cinco vezes maior, o etanol brasileiro é apontado como uma das principais alternativas energéticas do mundo (ÚNICA, 2014).

A área colhida de cana-de-açúcar no Brasil na safra 2017/2018 foi de 8,7 milhões de hectares, com rendimento médio nacional de 72,5 t ha⁻¹ e uma produção de 633,2 milhões de toneladas (CONAB, 2018). A Região Centro-Sul responde por 90% deste volume, enquanto os 10% restantes cabem aos Estados da região Norte-Nordeste, de acordo com dados divulgados pela Unica (União da Indústria de Cana-de-Açúcar). Os principais estados produtores são: São Paulo com 54% da área plantada, Minas Gerais com 10,1 % e Goiás com 10,7% (CONAB, 2018).

Segundo o Ministério da Agricultura Pecuária e Desenvolvimento (MAPA), o Brasil possui disponibilidade de terras cultiváveis para o plantio da cana, sem prejudicar a produção de outros alimentos. O governo federal lançou uma política para orientar a expansão sustentável da cana-de-açúcar no País, que tem como base critérios ambientais, econômicos e sociais. As regiões Sul e Centro-Oeste do Brasil são consideradas novas fronteiras agrícolas para a cultura.

2.2 Importância econômica e social da cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul.

No estado de Rio Grande do Sul (RS), o cultivo da cana-de-açúcar foi introduzido por imigrantes das Ilhas dos Açores em 1725, no litoral norte, nos atuais

municípios de Torres, Osório e Santo Antônio da Patrulha. Diferente dos demais Estados da Federação, onde o cultivo se dá em grandes latifúndios, no RS, o clima, o tipo de relevo mais abrupto e o diferencial no processo histórico de colonização vinculam à produção de cana à agricultura familiar (SEPLAG, 2014).

Segundo Barroso (2006), no início o cultivo era para atender o consumo na propriedade, mas o Ciclo do Tropeirismo de mulas desencadeado na primeira metade do século XVIII até o século XIX, que vinha do norte da Argentina (passava por Santo Antônio da Patrulha, Campos de Cima da Serra/RS e Santa Catarina), rumo ao centro brasileiro ou vice-versa, proporcionou um mercado favorável à produção de açúcar mascavo, rapadura, melado e principalmente aguardente que eram vendidos para estes tropeiros.

No início do século XX, houve várias tentativas de industrialização da cana no RS através da iniciativa privada. Contudo, por entraves burocráticos, políticos e a falta de zoneamento edafoclimático para a cultura, a industrialização sucroalcooleira não evoluiu. O que existe atualmente são pequenas indústrias caseiras e de alguns alambiques de pequena e média capacidade (BARROSO, 2006).

O cultivo da cana-de-açúcar teve seu ponto forte no Estado no período em que a Açúcar Gaúcho S/A - AGASA esteve em operação entre 1963 a 1990, neste tempo, foram introduzidas novas variedades de cana-de-açúcar, vindas de outras regiões do Brasil, com a finalidade de atender a produção de açúcar, mas a usina encerrou suas atividades na década de 90 (BARROSO, 2006).

O Estado conta atualmente com uma única usina produtora de etanol, a Coopercana, uma cooperativa de agricultores familiares instalada em 1999 no município de Porto Xavier, que produz em média menos de 1% do consumo anual do Estado. A empresa GRANDESPE, situada em Salto do Jacuí, na década de 80, tinha um projeto inicial de produção de etanol, mas dificuldades burocráticas fizeram com esta que optasse pela produção de aguardente (AVILA, 2011).

Atualmente, a produção de cana-de-açúcar no RS tem grande importância para a agricultura familiar como mais uma alternativa de renda dentro da propriedade, contribuindo para a manutenção das famílias no campo. A cana-de-açúcar está presente em 31.215 propriedades gaúchas, onde cerca de 90% são propriedades de agricultura familiar. Cerca de 20.000 propriedades declaram produzir derivados de cana como aguardente, rapadura e melado, sendo que 70%

da produção de melado e 30% da produção de rapadura do país estão no RS. Também, 7.267 propriedades de agricultores familiares utilizam a cana, principalmente no inverno e em épocas de estiagens, para auxiliar na alimentação dos animais (IBGE, 2017; IBGE 2006).

Segundo dados preliminares do censo agropecuário do IBGE (2017), a área plantada com cana-de-açúcar no RS na safra 2017/18 foi de 17.472 hectares, com uma produção de 686.015 toneladas de cana e produtividade média de 42.8 t ha⁻¹. O cultivo está distribuído nas regiões das Missões, Médio Alto Uruguai e Depressão Central. Os maiores produtores são os municípios de Roque Gonzales e Porto Xavier.

O estado possui potencial para ampliação de sua produção tanto em área como em produtividade. O zoneamento agroclimático da cana-de-açúcar (ZAECaná) apontou 1,5 milhões de hectares com aptidão ao cultivo no RS e considera 182 municípios aptos para o cultivo com fins de produção de etanol e açúcar e 216 municípios autorizados a plantar cana para outros fins (MANZATTO et al., 2010).

Entre os principais gargalos para a expansão do cultivo desta planta no RS, está a necessidade de cultivares mais produtivas e resistentes a insetos-praga e doenças e tolerantes ao frio. Além disso, o ajuste de tecnologias de manejo e a recomendação adequada de plantios de cultivares para cada local de cultivo visando aperfeiçoar a expressão do potencial genético de novos cultivares.

2.3 Botânica, taxonomia, origem e base genética da cana-de-açúcar.

A cana-de-açúcar é uma espécie perene em seu estado natural e semi perene quando cultivada. A parte aérea da planta é formada por colmos, folhas e inflorescência e a parte subterrânea por raízes e rizomas. Geralmente se desenvolve na forma de touceiras. Os colmos são cilíndricos, formados por sucessivos nós e entrenós (que armazenam sacarose), cada nó possui gemas axilares que são utilizadas no cultivo extensivo para propagação vegetativa. As folhas estão fixadas à base dos nós e divididas em duas partes: bainha e lâmina foliar (SCARPAI e

BEAUCLAIR, 2008). É uma espécie alógama cuja inflorescência é do tipo panícula aberta em forma sagitada (WALLKER, 1987).

A propagação da cana-de-açúcar se dá de forma vegetativa com o uso de colmos (toletes). Somente na natureza (com baixa incidência) ou para fins de melhoramento genético a cana-de-açúcar é propagada por semente (MATSUOKA et al., 2005). A inflorescência da cana-de-açúcar é indesejada em cultivos comerciais pois causa perda de sacarose e alterações na qualidade da matéria prima. Ela pode ser inibida ou induzida por meio de uso de maturadores ou inibidores do florescimento, manejo de adubação, irrigação, fotoperíodo, época de plantio e de corte, localização das áreas de cultivo, entre outros (SCARPAI e BEAUCLAIR, 2008).

A cana é uma planta do tipo C4, com alta eficiência fotossintética, quanto maior a captação de radiação solar, maiores serão a fotossíntese realizada pela cultura, e o acúmulo de açúcares (BRUNINI, 2008).

A classificação taxonômica da cana-de-açúcar descrita por Cronquist (1981) é: divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, ordem Cyperales, família Poaceae, tribo Andropogoneae, Subtribo Saccharinae, e gênero *Saccharum*. Há pelo menos seis espécies do gênero: *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. sinense*, *S. barberi* e *S. edule*. (SCARPAI; BEAUCLAIR, 2008).

A seguir serão apresentadas as principais características de cada uma das espécies envolvidas no gênero *Saccharum* conforme a descrito por Matsuoka et. al. (2005):

S. spontaneum ($2n=40$ a 128), espécie altamente polimórfica. As plantas podem se desenvolver em pequenas touceiras em forma de tufo (tipo “capim”) com ou sem colmos ou em touceiras de hábito ereto. Existem plantas pequenas e outras com mais de cinco metros de altura e diâmetro de colmo entre 3 a 15 mm. Seus colmos são ricos em fibras e pobres em sacarose, por isso é utilizada visando o desenvolvimento de cultivares para produção de biomassa. Apresenta alta adaptabilidade a diferentes ambientes e condições climáticas. É encontrada em desertos, solos encharcados, áreas salinas, em altitudes desde o nível do mar até nas montanhas do Himalaia, e em regiões de clima tropical à local de inverno nevado Havaí. É a espécie que tem contribuído ao melhoramento com suas

características de rusticidade: vigor, dureza, perfilhamento, capacidade de rebrota e resistência a estresses bióticos e abióticos.

S. robustum ($2n = 60$ a 200) tem plantas de interesse para o melhoramento pelo seu alto teor de fibra e pelo vigor de seus colmos (20-45 mm). No entanto, é frequentemente descrita como susceptível ao vírus do mosaico da cana-de-açúcar. Mesmo tendo potencial para utilização no melhoramento, praticamente não é utilizada, exceto em híbridos produzidos pelo programa de melhoramento no Havaí.

S. sinense ($2n = 116$ a 120) e *S. barberi* ($2n = 81$ a 124) são morfologicamente parecidas. Apresentam colmos finos a médios e não são de interesse para o melhoramento atual, principalmente pela dificuldade de florescimento e a sua esterilidade.

S. edule ($2n = 60$ a 122) apresenta inflorescência comestível abortiva e por isso não há participação de *S. edule* em programas de melhoramento. Já nas regiões de origem, a espécie tem sido cultivada em jardins e utilizada como alimentação.

S. officinarum ($2n = 80$) não é conhecida no estado selvagem, compreende as chamadas “canas nobres”, termo utilizado para se referir a espécie pelo seu elevado teor de açúcar, com porcentagem de sacarose. Morfologicamente apresenta-se com colmos largos com diâmetro variando de 14 a 46 mm, e boas características para industrialização. As touceiras são com poucos perfilhos e colmos com diversidade de cores. Esta espécie constitui majoritariamente a base genética para os atuais genótipos de cana cultivados no mundo. As atuais variedades de cana-de-açúcar são híbridos interespecíficos de *S. spontaneum* e *S. officinarum*.

O centro de origem do gênero *Saccharum* é o sudeste asiático, porém há muitas divergências em relação aos países. A Índia, Indonésia, Papua, Nova Guiné, China e ilhas da Polinésia, Fiji e Salomão estão entre as regiões mais citadas (FIGUEIREDO, 2008; MATSUOKA, 1996). Os centros de diversidade de algumas espécies são a Nova Guiné para *S. officinarum* e *S. robustum*, a China para *S. sinense* e o norte da Índia para *S. barberi* (DANIELS E ROACH, 1987).

A espécie *S. officinarum* e *S. edule* surgiram a partir de *S. robustum*. E foram domesticadas provavelmente antes de 2.500 a.C por nativos da região de Nova Guiné. Os acessos de *S. officinarum* foram disseminados pela Indonésia, China, Índia, Micronésia e Polinésia durante os tempos pré-históricos. Sua distribuição da

polinésia para o Havaí entre 500 e 1.000 d.C. e da Indonésia para o sul da Arábia e leste da África provavelmente antes de 500 anos d.C. de onde foi levada por conquistadores árabes para a Espanha (LANDELL e BRESSIANI, 2008).

Os ancestrais de *S. sinense* são cultivados na China e Índia, e de *S. barberi* no norte da Índia. Essas duas espécies são provavelmente derivadas da hibridação natural de *S. officinarum* e *S. spontaneum* e atualmente, não são mais cultivadas, existem apenas em bancos de germoplasma (LANDELL e BRESSIANI, 2008).

Os membros do gênero *Saccharum* possuem uma base genética complexa, com indivíduos altamente poliploides e aneuplóides, oscilando de $2n= 40$ até $2n= 205$. Até o momento não é conhecido nenhum diploide $2n= 20$ cromossomos (MOURA, 1990).

O gênero *Saccharum* juntamente com os gêneros *Erianthus* seção *Ripidium*; *Sclerostachya*; *Narenga*; e *Miscanthus* seção *Diandra* formam um grupo de intercruzamento muito próximo denominado “Complexo *Saccharum*” o que sugere a hipótese de um ancestral comum para todas essas espécies (DANIELS E ROACH, 1987).

Atualmente, o seu cultivo existe em todas as regiões tropicais e subtropicais numa extensa área territorial compreendida entre os paralelos 35° de latitude Norte e Sul do equador. (FERRARI, 2010).

2.4 Origem das variedades atuais

Até o início do século XX, *S. officinarum* foi a espécie predominantemente cultivada em várias regiões do mundo. Nesse período, variedades de *S. officinarum* eram selecionadas de acordo com sua produtividade. Espalhando-se para o Novo Mundo a cana chegou às Américas na época das grandes navegações através de Cristóvão Colombo em 1493. Na mesma época também foi levada para a costa africana do Atlântico. (DEERR, 1921 apud FERRARI, 2010).

No Brasil, a cana foi introduzida oficialmente em 1532 pelos portugueses no período da colonização na Capitania de São Vicente (atual estado de São Paulo) com mudas vindas da Ilha da Madeira (FIGUEIREDO, 2008). As variedades que

predominaram eram: Creoula, Manteiga, Caiana Bourbon, Imperial, Crystalina, Kavengirie, Rajada, Mapou Rouge, Rosa, Preta, Riscada, Bois Rouge, Sem Pêlo, etc. (LANDELL e ALVAREZ 1993).

A partir das primeiras décadas do século XX essas variedades deixaram de ser cultivadas extensivamente no mundo por suscetibilidade a doenças como sereh, mosaico e gomose, o que impulsionou a organização de programas de melhoramento genético em dezenas de países como Índia (sigla Co), Java (sigla POJ), Argentina (sigla NA e TUC) e Estados Unidos (sigla CP e LCP) (MING et al., 2006).

A espécie *S. officinarum* tornou-se a espécie base nos programas de melhoramento genético, juntamente com *S. spontaneum*, para a formação das atuais variedades de cana-de-açúcar (MING et al., 2006). O cruzamento interespecífico entre estas duas espécies seguido de sucessivos retrocruzamentos das progênes com *S. officinarum*, proporcionou conservar nos híbridos a riqueza em açúcar e manter apenas algumas características de rusticidade, originadas de *S. spontaneum*. Este processo ficou conhecido como nobilitação, em referência ao nome dado às plantas de *S. officinarum*, cana nobre (ARCENEUX, 1967).

No Brasil em 1916, foi criada a Estação Experimental de Campos no Rio de Janeiro que produziu variedades com a sigla CB (Campos do Brasil), além da introdução e avaliação de variedades estrangeiras. Na década de 50 as variedades CB passaram a ter participação efetiva nos canaviais brasileiros destacando-se a CB41-76 e a CB45-3. Esta estação teve seus trabalhos encerrados em 1971 (MATSUOKA et. al., 2005).

Após, vieram os programas de melhoramento do Instituto agrônomo de Campinas (1933) que produz variedades com a sigla IAC. O Centro de Tecnologia Coopersucar foi criado na década de 70 que originou as variedades com prefixo SP que em 2004 passou a se denominar Centro de Tecnologia Canavieira originando as variedades com o prefixo CTC, ambos estão em atividade até hoje. Também na década de 70, foi criado o Programa Nacional de Melhoramento de Cana Planalsucar que originou variedades com a sigla RB (República do Brasil) que em 1992 foi transferido para uma rede de Universidades Federais passando a se chamar RIDESA (Rede Universitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético), que está em atividade até os dias de hoje (FERRARI, 2010). As

variedades desenvolvidas pela RIDESA (RB) foram muito bem aceitas e dominam as áreas de plantio comercial no país (OLIVERIA et al., 2015).

Atualmente existe no mundo 82 programas de melhoramento genético da cultura distribuídos em 56 países (ISST, 2015). Os programas de melhoramento genético, Canal Point (CP) da Flórida e Lousiana (L), ambos dos Estados Unidos da América, estão entre os mais importantes que fornecem genitores para os programas brasileiros (FERRARI, 2010).

2.5 Variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Rio Grande do Sul

No Rio Grande do Sul, as primeiras variedades de cana-de-açúcar foram introduzidas no início do século XVIII, vindas dos canaviais de São Vicente, como a cana Ripa, Caiana, Manteiga, Listrada, Cana Rosa entre outras. Estas variedades eram trazidas ao estado do RS principalmente por tropeiros que vinham do norte da Argentina (passavam por Santo Antônio da Patrulha, Campos de Cima da Serra/RS e Santa Catarina), rumo ao centro brasileiro ou vice-versa, na primeira metade do século XVIII até o século XIX (BARROSO, 2006).

No início do século XX, os canaviais do Estado, assim como do restante do Brasil, encontravam-se em franca degeneração por causa de doenças e pragas. Foi então fundada pelo Governo Federal, vinculada inicialmente ao Ministério da Agricultura, a Estação Experimental de Cana-de-Açúcar de Conceição do Arroio (Município de Osório, RS) com objetivo de apoiar e dinamizar a região canvieira do estado do Rio Grande do Sul. Mais tarde esta estação foi transferida a Secretaria da Agricultura Estadual, a qual desenvolveu por muitos anos ensaios de competição com variedades de cana criadas por programas de melhoramento de outras regiões do país (BARROSO, 2006).

Em 1926, foram importadas mais de 20 variedades Javanesas ainda hoje cultivadas no Estado como a “POJ 213” (chamada de variedade Argentina). Na década de 50, foram introduzidas variedades dos programas de melhoramento genético criados no Brasil e que se destacam principalmente na região sudeste do país, como as variedades CB 4176 (a mais utilizada, na época, em São Paulo), a CB 4069 e CB 3822, vindas da Estação Experimental de Araras, em São Paulo, as

quais foram confirmadas pela Estação Experimental, como as melhores (BARROSO, 2006).

Segundo Rugeri (2015), os agricultores familiares do RS, ainda utilizam essas variedades antigas de cana, as quais são cultivadas nas propriedades por muitos anos e passam de geração em geração. Os nomes populares são atribuídos aos genótipos pelos produtores, com base geralmente, nas características morfológicas da planta e variam de um lugar para o outro. É comum algumas variedades de cana denominadas pelo mesmo nome popular, às vezes, serem completamente diferentes, mas também pode acontecer de a mesma variedade ser atribuído nomes diferentes. Ainda segundo o autor, também é tradição no modelo agrícola familiar a forma de distribuição de materiais, caracterizada pela solidariedade entre eles, como troca-troca de materiais, sejam de mudas ou sementes, sendo comum a troca de variedades entre vizinhos e parentes.

Os programas de melhoramento da cultura no Brasil desenvolvem variedades adaptadas à região sudeste do país, com foco na produção de álcool e açúcar. Assim, há uma demanda dos agricultores gaúchos por variedades adaptadas às condições edafoclimáticas do estado, principalmente com tolerância a geadas, maior período útil de industrialização e aptas a utilização na alimentação animal para atender a demanda de pequenos e médios produtores, agroindústrias, como também oferecer alternativa de diversificação para a agricultura gaúcha.

Pesquisas nesse sentido já estão sendo desenvolvidas pela Embrapa Clima Temperado em parceria com a RIDESA. Doze variedades de cana-de-açúcar aptas ao cultivo no Rio Grande do Sul já foram indicadas, sendo elas: RB855156, RB966928, RB946903, RB925345, RB965902 e BR036088 de maturação precoce; e RB867515, RB925268, RB935744, RB845210, RB987935 e RB92579 de maturação médio-tardia (SILVA et al., 2016).

2.6 Os recursos genéticos e sua importância no melhoramento

Recursos genéticos são definidos como componentes da biodiversidade (plantas, animais e microrganismos) com potencial de uso atual e futuro para a

humanidade. Os recursos genéticos vegetais estão reduzidos à flora, fonte indispensável para o sucesso de um programa de melhoramento de qualquer cultura. Compreendem as variedades tradicionais, variedades melhoradas, linhas avançadas, espécies nativas ou crioulas e as silvestres (NASS et al., 2008; BOREM et al., 2017).

As variedades de cana-de-açúcar provem de cruzamentos realizados entre genitores de interesse que já apresentam um conjunto de genes relacionados a caracteres tidos como importantes componentes de produção (DUTRA FILHO et al., 2011). Entretanto, as variedades têm ciclo de degenerescência devido a ataques de pragas e doenças causando queda de produtividade e precisam ser substituídas por novos materiais mais estáveis e geneticamente superiores. Segundo Neitzke et al. (2010), muitas vezes é preciso recorrer a variedades ou populações primitivas, em busca de genes específicos para utilização em determinadas circunstâncias. Como por exemplo, espécies silvestres portadoras de genes de resistência a doenças na busca de cultivares mais adaptados, através da manipulação de genes por métodos convencionais ou técnicas biotecnológicas.

Quando se iniciaram os trabalhos de melhoramento genético da cana no Brasil, (final do século XIX início do século XX) foram realizadas inúmeras coletas nos centros de diversidade tanto para serem utilizadas diretamente como variedades ou para utilização em cruzamentos dirigidos (MATSUOKA, et al., 1999). Atualmente, existem inúmeras coleções e bancos de germoplasma do gênero *Saccharum* no mundo sendo a Índia e Estados Unidos os principais países repositórios mundiais do germoplasma, os quais são reconhecidos pela International Society of Sugar Cane Technologists (ISSCT) como detentores da coleção mundial de acessos do complexo *Saccharum* e outros gêneros relacionados (MORAIS et al., 2015).

No Brasil, três programas de melhoramento de cana possuem banco de germoplasma: o Instituto Agrônomo de Campinas, o Centro de Tecnologia Canavieira com germoplasma situado em Camamu-BA e a RIDESA (Rede Universitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético) com germoplasma situado em Murici-AL.

Os genótipos de cana-de-açúcar cultivados no Rio Grande do Sul há mais de três séculos são recursos genéticos (em uso pelos agricultores) que podem ser utilizados como base para a ampliação da variabilidade genética em programas de

melhoramento da cultura para a região Sul do país, visto que muitos já apresentam adaptação à região de cultivo.

2.7 Caracterização e divergência genética

Para que a diversidade genética disponível seja utilizada é importante a introdução, intercâmbio, coleta, avaliação, documentação e conservação dos recursos genéticos com objetivo principal de ampliar e disponibilizar a variabilidade nos programas de melhoramento (NASS, 2008). Dessa forma o melhorista pode identificar os genótipos úteis e planejar os cruzamentos, explorando de forma mais eficiente os recursos genéticos (BORÉM et al., 2017).

A existência de variabilidade e o conhecimento da divergência entre os genótipos de um banco de germoplasma ou de uma coleção de trabalho são essenciais para o sucesso de programas de melhoramento. A caracterização fornece informações sobre a divergência genética e de características, que podem ser ou não desejáveis para possíveis genitores, e o que pode possibilitar maior efeito heterótico na progênie e assim a possibilidade de selecionar genótipos superiores nas populações segregantes (PEDROZO et al., 2009).

A caracterização da divergência genética pode ser quantificada através de métodos preditivos a partir de caracteres agronômicos, botânicos, morfológicos, agroindustriais, químicos, fisiológicos, moleculares ou conforme o objetivo e a necessidade do melhorista (SILVA et.al., 2011; LANDELL e BRESSIANI, 2008; CRUZ e REGAZZI, 1997). As medidas desses caracteres podem ser consideradas conjuntamente por meio da análise descritiva, multivariada de dados, pelo método de componentes principais e de agrupamento. Estes tipos de métodos estatísticos são capazes de analisar de forma simultânea, diversas medidas em cada objeto analisado (CRUZ e REGAZZI, 1997).

2.7.1 Caracterização utilizando descritores morfológicos e agronômicos em cana-de-açúcar

A caracterização de genótipos por meio de parâmetros agronômicos e morfológicos para avaliar a divergência genética em plantas tem sido realizados por diversos autores com diferentes culturas de importância econômica, como a pimenta (NEITZKE et. al. 2010; COSTA et. al., 2015), o feijão (RODRIGUES et. al., 2002; ALMEIDA et. al, 2014;), a batata doce (RITSCHHEL e HUAMÁN, 2002; NEIVA et. al., 2011), mandioca (CAMPOS et. al., 2010; VIEIRA et. Al., 2013) entre outras.

No caso da cana-de-açúcar, Tai et. al. (1995) avaliaram 125 clones de cana-de-açúcar da coleção mundial, USDA-ASR National Clonal Germoplasm Repository, Miami Flórida utilizando cinco descritores morfológicos e quatro relacionados a composição química do caldo e encontraram significativa variabilidade entre os genótipos. Lopes et. al., (2014), encontraram variabilidade entre os genótipos ao avaliar 138 clones de cana-de-açúcar da Série RB97 do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Universidade Federal do Paraná, sendo a característica que mais contribuiu foi a tonelada de Brix por hectare. Melloni (2014) também encontrou variabilidade entre genótipos de cana-de-açúcar utilizando descritores agronômicos.

Nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar diferentes características morfológicas, fisiológicas e agronômicas são avaliadas em cada etapa (COSTA et al., 2013). Entre as principais e de maior interesse estão a tonelada de colmos por hectare, reação a doenças, maturação e período útil de industrialização, ausência de florescimento e a tolerância a seca (DINARDO e MIRANDA, 2010). O conhecimento destas características é importante para se conhecer o comportamento agrônomo dos genótipos em campo.

Para a produção de cachaça artesanal, rapadura, melado, características como hábito de crescimento ereto, despalha natural ou fácil, são muito importantes para os agricultores familiares que, diferentemente do manejo que é realizado por usinas de açúcar e etanol com colheita mecanizada, realizam o corte manual e sem queima da cana (LAVANHOLI, 2008).

Os trabalhos de Artschwager e Brandes (1958) ainda são muito utilizados como referência para a descrição botânica da cana-de-açúcar em países como EUA, Austrália e Brasil. Estes trabalhos serviram de base para a criação de um documento denominado “Descritores Botânicos da Cana-de-açúcar” publicado no Diário Oficial da União, no dia 05/3/98 (n43 seção I, página 95 a 98) com um conjunto dos principais descritores para touceira, colmo e folhas de cana. Segundo Landell e Bressiani (2008) um estudo metuculoso do conjunto destas características permite a individualização de um genótipo.

2.7.2 Caracterização molecular de cana-de-açúcar

Estudos moleculares são importantes ferramentas para a caracterização da variabilidade genética de plantas por detectarem diferenças em nível de DNA e por exibirem suficiente polimorfismo para discriminar os genótipos, além de não sofrerem interferência ambiental (BORÉM e MIRANDA, 2009).

Diversos métodos de análise molecular estão disponíveis, atualmente, para utilização em estudos de variabilidade genética em plantas. Dentre eles está a utilização de marcadores moleculares que segundo Ferreira e Grattapaglia (1998), podem ser definidos como todo e qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso, ou de segmento específico do DNA.

Atualmente nos programas de melhoramento genético de plantas, os marcadores são utilizados para auxiliar na identificação de clones, híbridos ou linhagens, na determinação da diversidade genética dos genótipos dentro dos bancos de germoplasma, na identificação de duplicatas, na caracterização de cultivares, e na criação de padrão único (“fingerprinting”) para cada cultivar, facilitando o registro e a proteção de novas cultivares (BROWN et al., 2007; CORDEIRO et al., 2003; CRESTE et al., 2010; AZEVEDO, 2010; XAVIER et al., 2014).

Existem várias classes de marcadores moleculares e a diferença entre os tipos está principalmente na tecnologia utilizada, no custo, na facilidade de uso, na repetibilidade e reprodutibilidade dos dados gerados (AZEVEDO, 2010).

Os marcadores microssatélites, também denominados SSR (Simple Sequence Repeat) são amplamente usados, na caracterização de germoplasma vegetal e identificação de cultivares (AZEVEDO, 2010). São baseados em pequenas sequências simples repetidas de 1 a 6 pares de bases, cuja as regiões genômicas que as flanqueiam são conservadas dentro de uma espécie, permitindo o desenho de pares de primers entre 20 e 30 pb que são utilizados para amplificar os microssatélites (GUIMARÃES et al., 2009).

Os marcadores microssatélites atendem as principais características para serem utilizados como descritores da divergência genética em plantas. Possuem natureza multialélica (presença de vários alelos) e são polimórficos, seguem herança mendeliana sendo transmitido entre gerações, são codominantes, podendo diferenciar os homozigotos dos heterozigotos, transferibilidade entre espécies, são amplificados via PCR e amplamente distribuídos no genoma, podendo estar associados a sequencias expressas (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998, AZEVEDO, 2010). Porém essa técnica tem como limitação a necessidade de primers específicos, requerendo a construção de bibliotecas genômicas, sequenciamento e desenho dos primers. Mas isso tem sido superado com o avanço nas técnicas moleculares, incluindo o sequenciamento em grande escala. Existe uma grande quantidade de pares de primers SSR com sequências publicamente disponíveis para várias espécies vegetais e animais (GUIMARÃES et al., 2009).

Diversos trabalhos com marcadores moleculares tipo SSR foram realizados em cana-de-açúcar. Queme et al. (2005) caracterizaram 48 variedades de cana-de-açúcar. Creste et al. (2010), avaliaram a variabilidade genética entre os genótipos utilizados como pais no programa de melhoramento do IAC (Instituto Agrônomo de Campinas). Santos et al. (2012) avaliaram a diversidade genética dos principais progenitores da cana-de-açúcar do banco de germoplasma da RIDESA. Nayak et al. (2014) avaliaram a diversidade e a divergência genética de todos os acessos presentes na coleção de germoplasma de Miami. Melloni et al. (2014) caracterizou acessos do Complexo *Saccharum* e de genitores e clones elites utilizados em cruzamentos. Todos esses autores concluíram que esse tipo de marcador pode ser utilizado para caracterização e identificação da variabilidade genética de uma forma rápida em cana-de-açúcar.

3 Capítulo 1: Caracterização de genótipos de cana-de-açúcar com uso de marcadores moleculares tipo SSR e fenotípicos.

3.1 Introdução

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) apresenta grande importância econômica, sendo cultivada em diversos países de clima tropical e subtropical. Ao longo da história do Brasil é uma das mais importantes culturas no cenário agrícola do país, tornando-o líder na produção de cana-de-açúcar onde os principais derivados são o açúcar, o etanol e mais recentemente a produção de energia (FAO, 2018). O desenvolvimento de cultivares geneticamente superiores, que combinem o máximo de caracteres desejáveis, pelos programas de melhoramento da cultura tem sido à base da expansão da cana-de-açúcar em várias regiões do país (Morais et al., 2015).

Os recursos genéticos são primordiais para o sucesso de um programa de melhoramento e está condicionado à correta avaliação quanto a diversidade e a divergência genética dos acessos para sua utilização no desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar (MORAIS et al., 2015; BORÉM et al., 2017). Essa divergência genética pode ter aplicações em estudos evolutivos, avaliação de amplitude genética, monitoramento de cruzamentos e descarte de variáveis (CRUZ et al., 2004). A divergência genética caracteriza-se pelo grau em que uma população ou planta se afasta da outra, quanto ao conjunto de caracteres que lhe são peculiares (MOREIRA et al., 1994).

A caracterização da variabilidade genética vegetal pode ser realizada a partir de caracteres morfológicos, botânicos, agronômicos ou moleculares (CRUZ e REGAZI, 1997).

A caracterização através de perfil agrônomo como produtividade, teor de sólidos solúveis totais, resistência a doenças e tolerância a estresse bióticos e abióticos de cada genótipo são bastante utilizadas para avaliação da divergência genética e escolha de genitores com potencial de uso no melhoramento (LANDEL e BRESSIANI, 2008), no entanto, estes são fortemente influenciados pelo ambiente (SALLA *et al.*, 2002). Os descritores botânicos da cultura são muito utilizados para avaliação da divergência genética em cana-de-açúcar e segundo Landel e Bressiani (2008), um estudo minucioso do conjunto destas variáveis permite a individualização de um genótipo.

Os marcadores moleculares também são amplamente usados, na caracterização de germoplasma vegetal e identificação de cultivares de cana-de-açúcar e possuem a vantagem de não sofrer interferência ambiental. Os marcadores do tipo microssatélite também denominados SSR (Simple Sequence Repeat) estão entre os principais utilizados no melhoramento da cana (QUEME *et al.*, 2005; YOU, *et al.* 2013; DUTRA FILHO, 2013, NAYAK *et al.* 2014; MELLONI *et al.*, 2014). São baseados em pequenas sequências simples repetidas de 1 a 6 pares de bases, e atendem as principais características para serem utilizados como descritores da divergência genética em plantas. Possuem natureza multialélica (presença de vários alelos) e são polimórficos, seguem herança mendeliana sendo transmitido entre gerações, são codominantes, podendo diferenciar os homozigotos dos heterozigotos, transferibilidade entre espécies, são amplificados via PCR e amplamente distribuídos no genoma (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998, AZEVEDO, 2010).

Já a análise conjunta de diferentes tipos de variáveis (morfológicas, agrônômicas, químicas e moleculares) pode fornecer uma melhor compreensão quanto a diversidade dos genótipos avaliados (GOUVÊA, 2009). Contudo, poucos trabalhos têm utilizado esta estratégia para quantificação da dissimilaridade genética.

Segundo Cruz e Regazi (1997), para caracterização da diversidade genética tanto de espécies vegetais como animais ou microrganismos, os pesquisadores visam o agrupamento de indivíduos similares e as técnicas multivariadas como análise discriminante, componentes principais, análise de coordenadas e de agrupamento, são as mais aplicadas neste tipo de estudo. A escolha da técnica

varia de acordo com o padrão de resultado desejado e com as informações disponíveis. A análise de agrupamento que é muito utilizada pelos pesquisadores tanto da área de melhoramento genético vegetal como na caracterização morfológica de coleções geralmente mantidas em bancos de germoplasma e ainda pouco conhecidas pelos melhoristas (KOPP et al., 2007)

No estado do Rio Grande do Sul, diferentemente do restante do país a cana-de-açúcar está ligada à agricultura familiar como uma alternativa de renda para muitas famílias na produção de derivados como a aguardente, rapadura, melado, açúcar mascavo e utilizada na alimentação animal. Os agricultores ainda utilizam variedades antigas que foram introduzidas no estado no início do século XVIII como a Caiana, Ripa, Cana rosa entre outras. Estes genótipos podem ser considerados recursos genéticos, em uso pelos agricultores, com potencial de uso no melhoramento genético da cultura, visto que muitos podem possuir adaptação a região de cultivo.

O objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética da coleção de genótipos de cana-de-açúcar da Embrapa Clima Temperado por meio de marcadores moleculares e descritores morfo-agronômicos de forma isolada e conjunta.

3.2 Material e métodos

3.2.1 Genótipos avaliados

Foram avaliados 192 genótipos que pertencem a uma coleção da Embrapa Clima Temperado e são oriundos de coletas realizadas pela Emater – RS, Fepagro e Embrapa Clima Temperado, em diversos locais do Rio Grande do Sul e Santa Catarina. (Apêndice 1). Os nomes populares são atribuídos aos genótipos pelos produtores, e variam de um lugar para o outro. É comum algumas variedades de cana denominadas pelo mesmo nome popular, às vezes, serem completamente diferentes, mas também pode acontecer de a mesma variedade ser atribuído nomes

diferentes. Foram utilizadas como referência duas cultivares precoces a RB855156 e a RB966928 e duas tardias a RB867515 e a RB92579 que são recomendadas para o cultivo no Rio Grande do Sul.

3.2.2 Caracterização molecular

O trabalho foi realizado no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Clima Temperado. A extração do DNA foi realizada a partir de folhas jovens dos genótipos de cana-de-açúcar segundo a metodologia descrita por Ferreira & Grattapaglia (1996). A quantificação e qualidade do DNA foram avaliadas por análise comparativa com marcador λ DNA/ Hind III em eletroforese em gel de agarose 1% (p/v) corados com Gel Red (Biotium).

Os seis pares de *primers* empregados no estudo foram do tipo SSR selecionados previamente como os mais polimórficos dentre os 31 pares de *primers* sintetizados para o genoma da cana-de-açúcar do artigo apresentado por SINGH et al (2010).

A reação de amplificação foi realizada utilizando GoTaq Green Master Mix (Promega) a partir do protocolo desenvolvido pelo fabricante. Os parâmetros de amplificação utilizados foram: 94°C por 5', seguido de 40 ciclos de 94°C por 15", 52°C por 10", 72°C por 15", e uma extensão final de 72°C por 5'. Após os produtos da reação foram separados em eletroforese em gel de agarose 3 % em Tampão TBE 1x, e corados com Gel Red (Biotium) e fotografados sob luz UV.

Os produtos de reação de amplificação do SSR-PCR foram classificados independentemente conforme presença (1) e ausência (0) de bandas. O peso molecular de cada fragmento foi estimado com base no Marcador de DNA 1kb Ladder Plus (Invitrogen).

A partir dos dados gerados da análise de todos os indivíduos testados foi construída uma matriz de dados binários com o auxílio do programa NTSYS PC 2.10m (ROHLF, 2000). Os marcadores SSR foram considerados como marcadores dominantes, podendo, neste caso, utilizar o coeficiente de Jaccard, conforme Amorim et al. (2008), para o cálculo da similaridade genética, e com base nas

matrizes de similaridade geradas, foi construído um dendrograma por meio do método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages). Para a verificação do ajuste entre a matriz de similaridade e o respectivo dendrograma, foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (r), conforme SOKAL & ROHLF (1962).

3.2.3 Caracterização fenotípica

A caracterização fenotípica dos genótipos foi realizada em experimento conduzido na sede da Embrapa Clima Temperado. As características agronômicas: tonelada de colmos por hectare (TCH), tonelada de sólidos solúveis totais por hectare (TSSTH), nível de dano da gema apical, acamamento, perfilhamento, maturação, comprimento de entrenó, diâmetro de colmo e altura de planta foram avaliadas na safra 2013/2014 (cana planta) e as características morfológicas: arquitetura foliar, saliência da gema, largura da folha, hábito de crescimento, despalha, joçal e rachadura, foram avaliadas na safra 2015/2016 (cana 1ª soca). Todas as variáveis quantitativas foram transformadas em qualitativas, através de escala de classes. Na tabela 1 estão descritas as características avaliadas e as respectivas classes e na tabela 2 estão descritas as metodologias de avaliação das variáveis.

Cada classe foi considerada um marcador fenotípico onde foi avaliada a presença ou ausência. Foi criada uma matriz binária para as variáveis morfo-agronômicas em conjunto com os marcadores moleculares. Com o auxílio do programa NTSYS PC 2.10m (ROHLF, 2000), foi calculada a similaridade genética com uso do coeficiente de Jaccard, e com base nas matrizes de similaridade geradas, foi construído um dendrograma por meio do método de agrupamento UPGMA. Para a verificação do ajuste entre a matriz de similaridade e o respectivo dendrograma, foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (r), conforme SOKAL & ROHLF (1962).

Tabela 1 - Classes morfológicas avaliadas em genótipos de cana-de-açúcar.

Classes	Arquitetura foliar	Saliência da gema	Compr. Entrenó (cm)	Largura folha	Hábito Crescimento	Despalha	Joçal	Rachadura	Tombamento	Perfilhamento	Maturação	Diametro de colmo	Altura de palmta (m)	TCH	TBH
1	Ereta	Pouca	Curto	Estreita	Ereto	Natural	Ausente	Ausente	Ereta	Baixo	Super precoce	Fino	< 1,20	> 120	> 25
2	Curva na ponta	Média	Médio	Média	Levemente Decumbente	Média a fácil	Presente	Rasa	<10% Acamada	Médio	Precoce	Médio	1,20 - 160	100 - 120	20 - 25
3	Arqueada	Muita	Longo	Larga	Decumbente	Difícil		Profunda	10-25% Acamada	Alto	Média	Grosso	1,60 - 180	75 - 100	15 - 20
4	Curvada na base								25-50% Acamada		Tardia		> 1,80	50 - 75	10 à 15
5									> 50 % Acamada					< 50	>10

Tabela 1 - Métodos de avaliação das características morfo-agronômicas qualitativas e quantitativas avaliadas em genótipos de cana-de-açúcar.

Características	Descrição
Maturação (% de sólidos solúveis totais no caldo)	Obtido através de leitura da % de SST, no caldo medida através do °Brix em amostra de três colmos na parcela, com uso de refratômetro digital portátil corrigida para temperatura padrão de 20°C a cada trinta dias.
Diâmetro de Colmo (DC)	Medido com o auxílio de um paquímetro com graduação em mm. Obtida no centro do entrenó mediano do colmo. Foram medidos três colmos da parcela.
. Altura de Planta (AP)	Medida da base do colmo até a base do palmito com ajuda de uma trena. Foram medidos três colmos por parcela.
Comprimento de entrenó	Medido no entrenó mediano do colmo em três diferentes colmos da parcela.
Tonelada de Colmos por ha ⁻¹ (TCH)	Foram pesados dez colmos da parcela e transformados em TCH, Baseada na fórmula TCH= (P10C(kg)/10) x NCM x (10/E), onde; P10C, massa de dez colmos; NCM, número de colmos por metro linear; E, espaçamento entre linhas de plantio (1,4m).
Tonelada de sólidos solúveis totais por ha ⁻¹ (TSSTH)	Estimativa por meio da fórmula: TBH= (TCH x Brix) / 100.
Largura de folha	Medida com auxílio de uma régua em cinco folhas +3 aleatórias na parcela
Nível de dano do meristema apical	Realizado um corte longitudinal no meristema apical em três diferentes colmos na parcela e avaliados conforme escala de notas proposta por Antunes (2015).
Habito de crescimento, Saliência da gema, Joçal, Rachadura do colmo, tombamento, perfilhamento	Observação visual na parcela conforme escala de notas (Tabela 1).

3.3 Resultados e discussão

3.3.1 Caracterização com base em marcadores moleculares SSR

A partir da avaliação dos produtos das reações de amplificação do DNA dos 196 genótipos com os seis primers utilizados, foram geradas 47 bandas com 96,6 % de polimorfismo. O número de bandas por primer variou de 5 a 10 com média de 8,16 bandas por primer. Os primer UGSM296 produziu o menor número de bandas e o SCM32 o maior número (Tabela 3 e figura 1).

Tabela 3 - Total de bandas e polimorfismo gerado por meio de marcadores SSR.

Primers	Nº de bandas	Tamanho (pb)	% de polimorfismo
SCM27	9	350-1500	88,88
SCM32	10	290-2192	90,90
SOMS148	7	250-1800	100,00
SOMS156	7	477-1851	100,00
UGSM296	5	512-700	100,00
UGSM575	9	430-1830	100,00
Total	47	-	96,61

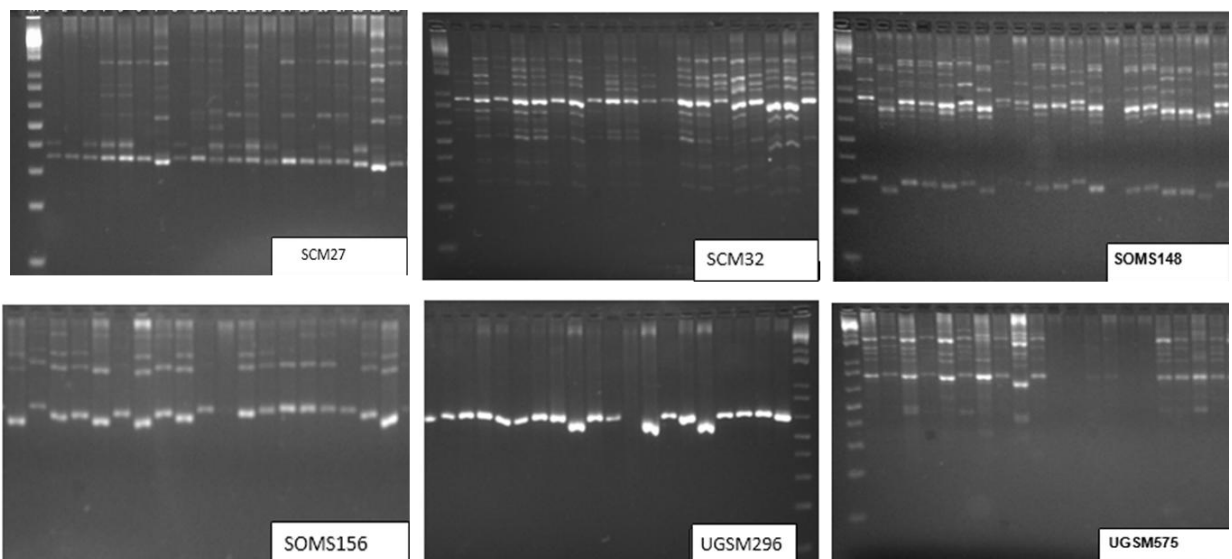


Figura 1 - Padrão de bandas geradas a partir dos marcadores SSR utilizados.

O alto polimorfismo destes marcadores os tornou possíveis de serem utilizados para caracterização da diversidade genética em cana-de-açúcar. Dutra Filho et al. (2013) também encontrou resultados semelhantes ao estudar a variabilidade genética em cana-de-açúcar com o uso de marcadores SSR.

O coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de similaridade obtida pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard e a matriz cofenética foi de 0,73, revelando moderado ajuste em relação a consistência. Bussab et al. (1990), considera aceitável a análise de agrupamento com coeficiente de correlação cofenético a partir de 0,80. Entretanto são encontrados na literatura trabalhos aceitos apresentando coeficiente com valores a partir de 0,60, justificado pelo fato de que a quantidade dados obtidos e a quantidade de variáveis, podem influenciar nos resultados (SANTOS et al., 2010; VIEIRA, 2013; CONCEIÇÃO et al., 2014). Vaz Patto et al. (2004), consideram que coeficientes de correlação cofenética maiores ou iguais a 0,56 refletem boa concordância com os valores de similaridade genética.

O dendrograma de similaridade genética com base nos marcadores moleculares gerados, assumindo-se como ponto de corte o ponto médio da matriz de similaridade (0,46) foi utilizado como referência para a discussão dos agrupamentos formados, o que possibilitou a separação dos genótipos em 21 grupos (Figura 2 e 3 e quadro 1).

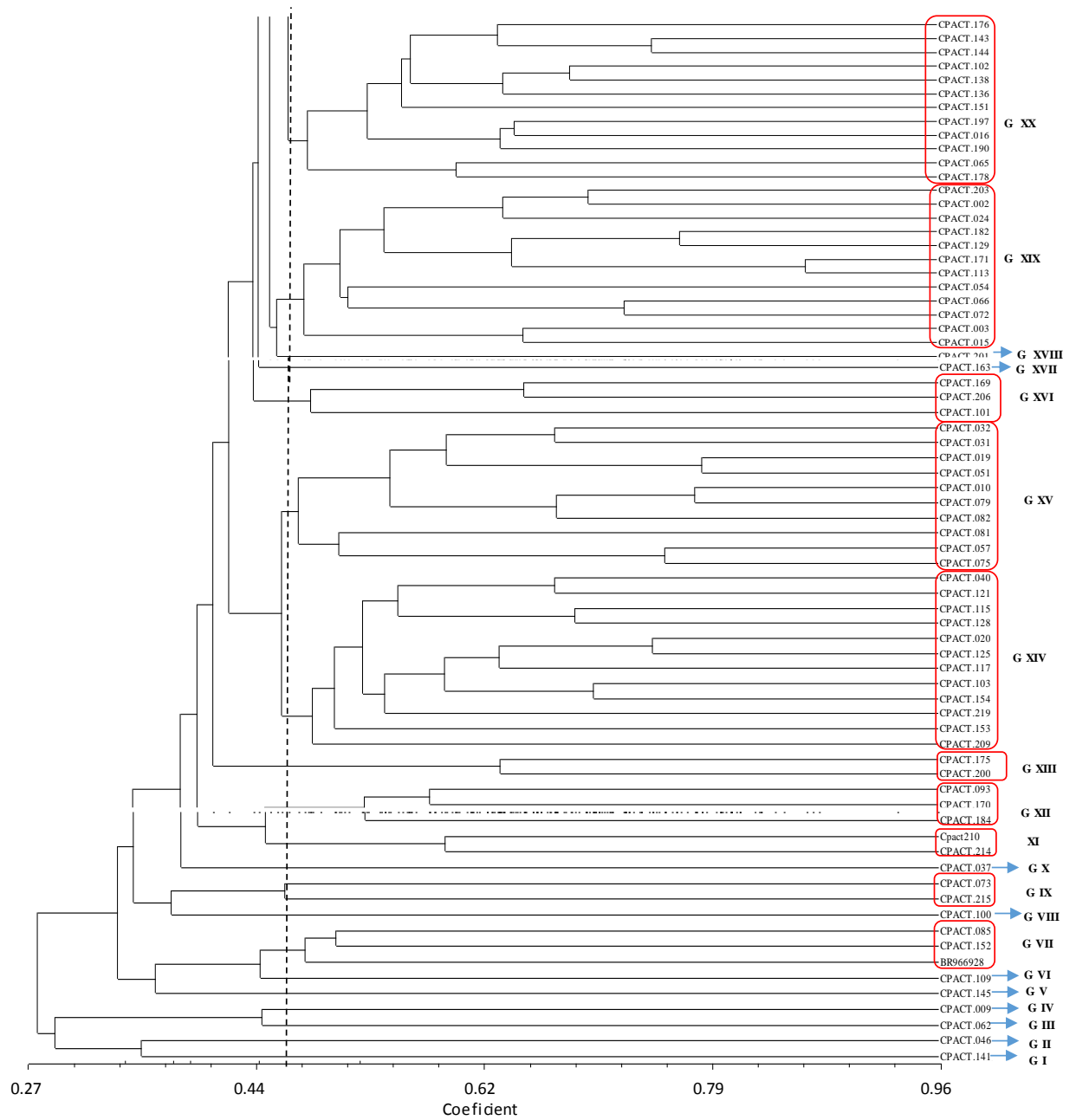


Figura 2 - Parte 1 do dendrograma dos grupos I à XX com agrupamento do genótipos de cana-de-açúcar obtidos a partir da análise molecular de microssatélites, utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método de agrupamento UPGMA.

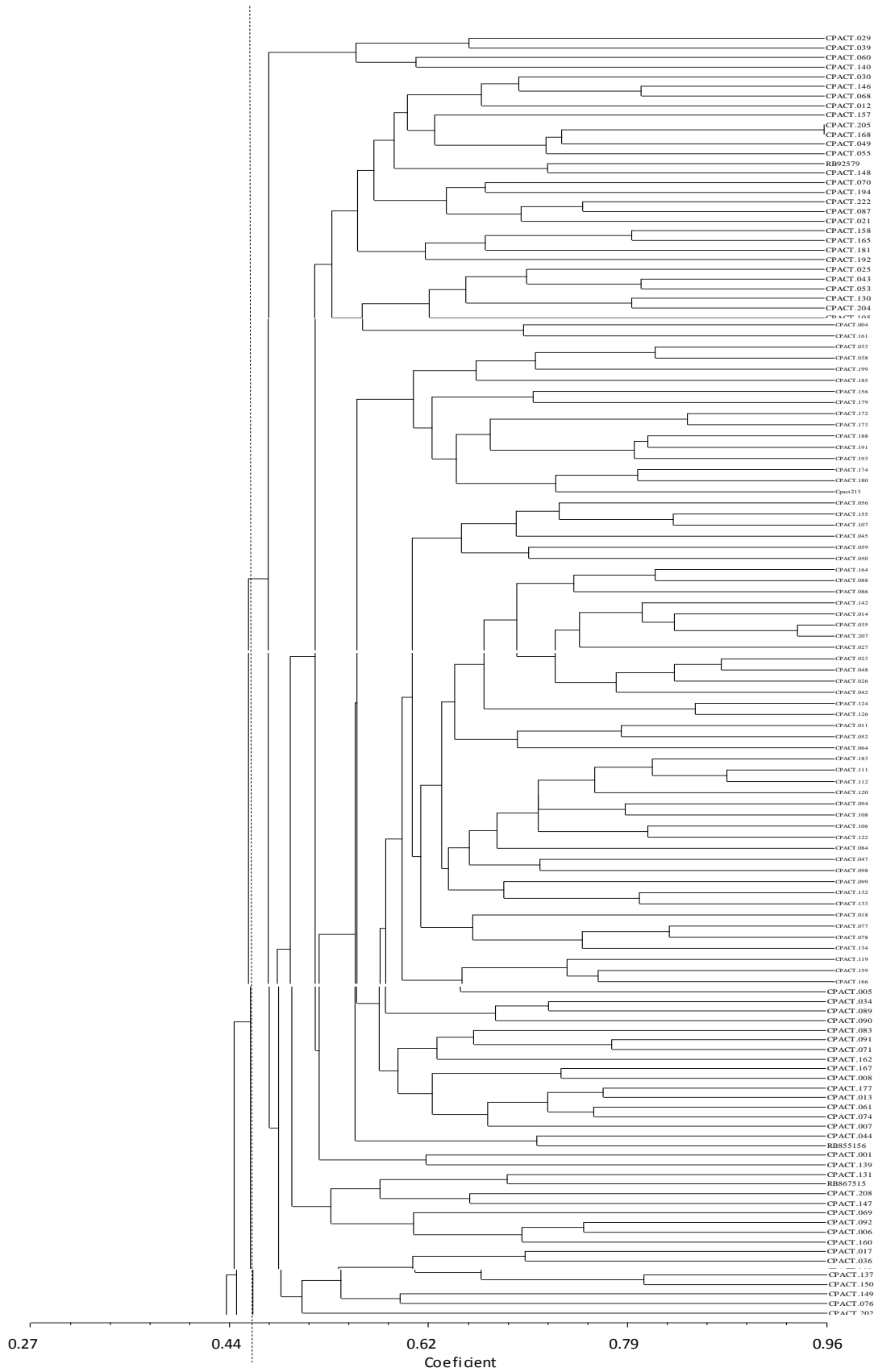


Figura 3 - Parte 2 do dendrograma com o grupo XXI com agrupamento genótipos de cana-de-açúcar obtidos a partir da análise molecular de microssatélites, utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método de agrupamento UPGMA.

Quadro 1 - Grupos obtidos através da análise molecular com marcadores SSR em 196 genótipos de cana-de-açúcar.

Grupo	ID genótipo	Nome Popular	Grupo	ID genótipo	Nome Popular	Grupo	ID genótipo	Nome Popular	Grupo	ID genótipo	Nome Popular
I	CPACT 141	Vermelha Fina Macia	XIX	CPACT 015	Branca	XXI	CPACT 045	Chocolate	XXI	CPACT 134	Sem nome branca
II	CPACT 046	RB785750		CPACT 054	IAC-311		CPACT 047	Cana ripa		CPACT 137	Sem nome (fundos)
III	CPACT 062	Pingo de Mel		CPACT 066	IAC 873396		CPACT 048	Tucumã 19,8		CPACT 139	Verde Escura Grossa
IV	CPACT 009	NAPA Paulista		CPACT 072	Amarela Doce		CPACT 049	Caiana		CPACT 140	Roxa Grossa Macia
V	CPACT 145	Tambo FEPAGRO		CPACT 113	Casa Buco		CPACT 050	Escola		CPACT 142	Roxa Fina
VI	CPACT 109	Vermelha		CPACT 129	Uruguai		CPACT 052	OCHZ 1		CPACT 146	Variedade Argentina
VII	CPACT 085	Ijuí		CPACT 171	RB 855536		CPACT 053	Curana		CPACT 147	-
	CPACT 152	IAC 822045		CPACT 203	CB4176		CPACT 055	Taquara		CPACT 148	-
	BR966928	Testemunha		CPACT 024	Desconhecida		CPACT 056	RB855450		CPACT 149	Cana I
VIII	CPACT 100	Foca ou oca		CPACT 182	Roxa mole		CPACT 059	Branca Verde		CPACT 150	Cana II
IX	CPACT 073	Roxa	XX	CPACT 016	-		CPACT 060	Branquinha do Osmar		CPACT 155	LIGEIRINHA
	CPACT 215	Branca grossa		CPACT 065	RB 822040		CPACT 061	RB 851011		CPACT 156	TUCUMÃ GROSSA
X	CPACT 037	OC 45 2 19,2		CPACT 102	Vermelha		CPACT 064	Manchini		CPACT 157	IAC 873396
XI	CPACT 214	Fininha		CPACT 136	Roxa		CPACT 068	Napa Preta		CPACT 158	NAPA FINA
	CPACT 210	Cana joaquim		CPACT 138	Cana Roxa		CPACT 069	Verde		CPACT 159	IAC 311
XII	CPACT 093	Parcela 1		CPACT 143	Cana Branca		CPACT 070	Roxa		CPACT 160	RB 785750
	CPACT 170	SP 803250		CPACT 144	Vermelha Fina Macia		CPACT 071	Roxa		CPACT 161	BRANCA MOLE
	CPACT 184	Cana Sal		CPACT 151	RB 806043		CPACT 074	Roxa		CPACT 162	RB 871011
XIII	CPACT 175	Bandeira		CPACT 176	3X		CPACT 076	Ripa		CPACT 164	RB 855156
	CPACT 200	Roxa Vila Nova		CPACT 178	Tijucã		CPACT 077	São Cristóvão		CPACT 165	CB 4176
XIV	CPACT 020	Ligueirinha (Precoce)		CPACT 190	Cana Selbach		CPACT 078	-		CPACT 166	RB 765418
	CPACT 040	Crioula(do Nelcindo)		CPACT 197	RB955970		CPACT 083	18		CPACT 167	RB 855035
	CPACT 103	Catarinense	XXI	CPACT 001	Chocolate		CPACT 084	Americana		CPACT 168	NAPA PRETA
	CPACT 115	Cana rosa		CPACT 004	Gota de Mel		CPACT 086	Pingo de Mel		CPACT 172	NAPA
	CPACT 117	Caiana		CPACT 005	Branquinha		CPACT 087	Ligueirinha (Precoce)		CPACT 173	Banderinha
	CPACT 121	Cana Roxa		CPACT 006	Cana do Jato		CPACT 088	Branquinha		CPACT 174	Cana PR
	CPACT 125	Variedade Argentina		CPACT 007	Roxinha		CPACT 089	Branca Duração		CPACT 177	Cai folha
	CPACT 128	-		CPACT 008	Branca Mole		CPACT 090	Sananduva		CPACT 179	Três olhos
	CPACT 153	SP 701143		CPACT 011	Mel		CPACT 091	Litro (Ijuí)		CPACT 180	Havaiana
	CPACT 154	3X		CPACT 012	Pêra, Pereira ou Uva		CPACT 092	-		CPACT 181	Cana de Goiás
	CPACT 219	Amarela Fumagina		CPACT 013	Roxa		CPACT 094	Roxa		CPACT 033	CP 65-357
	CPACT 209	Verde fina		CPACT 014	Branca Dura		CPACT 098	Mulet		CPACT 183	Touça
XV	CPACT 010	Branca Mole		CPACT 017	NAPA		CPACT 099	Zamim Branca		CPACT 185	Perna de moça
	CPACT 019	Branca Dura		CPACT 018	Vinho ou Roxa sem folha		CPACT 105	Quebradeira		CPACT 188	Grossa roxa
	CPACT 032	LCP 85 384		CPACT 021	RB855453		CPACT 106	Montenegrina		CPACT 191	Cana Monte Bonito
	CPACT 031	MT		CPACT 023	R18		CPACT 107	Capanema		CPACT 192	Doce
	CPACT 051	SP 701145		CPACT 025	IAC		CPACT 108	Branca		CPACT 193	Roxa Morro Redondo
	CPACT 057	Angelo Vieira		CPACT 026	-		CPACT 110	Branca duração		CPACT 194	Verde Morro Redondo
	CPACT 075	Caiana		CPACT 027	-		CPACT 111	Branca de casca dura		CPACT 199	Branca Vila Nova
	CPACT 079	-		CPACT 029	NA 6390		CPACT 112	-		CPACT 202	Sem nome
	CPACT 081	Nata		CPACT 030	L91-281		CPACT 119	Cana branca		CPACT 204	Sem nome1
	CPACT 082	Tucumã		CPACT 044	Bilibio		CPACT 120	Cana roxa		CPACT 205	Sem nome2
XVI	CPACT 101	Branca		CPACT 034	NAPA Fina		CPACT 122	Roxa grossa		CPACT 207	Napa Caçapava
	CPACT 169	AMERICANA		CPACT 035	Branca Mole		CPACT 124	Tambo FEPAGRO		CPACT 208	Cana energia
	CPACT 206	Sem nome3		CPACT 036	Sem Folha		CPACT 126	Roxa		CPACT 222	(entre 72-73)
XVII	CPACT 163	RB 876045		CPACT 038	Fina Amarela		CPACT 130	Branca Dura		CPACT 213	Catarina roxa esverdeada
XVIII	CPACT 201	Sem nome		CPACT 039	Amarela		CPACT 131	Cana Roxa		RB92579	Testemunha
XIX	CPACT 002	3 x		CPACT 042	Verde Fina		CPACT 132	Sem nome (branca)		RB855156	Testemunha
	CPACT 003	Bento Gonçalves		CPACT 043	Torta sem ponta		CPACT 133	Roxa		BR867515	Testemunha

Os valores de similaridade genética entre os genótipos variaram de 0,27 a 0,96. A maior similaridade foi observada entre os genótipos CPACT168 e CPACT205 (96 %).

Os genótipos CPACT141, CPACT046, CPACT062, CPACT009, CPACT145, CPACT109, CPACT100, CPACT037, CPACT163 e CPACT201 foram os mais divergentes, alocaram-se em grupos isolados, grupo I, II, III, IV, V, VI, VIII, X, XVII e XVIII respectivamente. O grupo VII é formado pelos genótipos CPACT085 e CPACT152 e a testemunha RB966928. O grupo IX é formado pelos genótipos CPACT073 e CPACT215. O grupo XI pelo CPACT093 e CPACT170 e CPACT184. O Grupo XIII pelos CPACT175 e 200. No grupo XIV alocaram-se 12 genótipos e no XV, 10 genótipos. O grupo XIX, 10 genótipos e o XX, 12 genótipos. No Grupo XXI alocaram-se 125 genótipos, o que representa 63,7 % da coleção avaliada, sendo observados vários subgrupos e genótipos bastante divergentes.

3.3.1 Análise conjunta de marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos.

O coeficiente de correlação cofenético entre a matriz de similaridade obtida pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard e a matriz cofenética foi de 0,62, revelando moderado ajuste em relação a consistência.

O dendrograma de similaridade genética com base na análise conjunta, assumindo-se como ponto de corte o ponto médio da matriz de similaridade (0,38) foi utilizado como referência para a discussão dos agrupamentos formados, o que possibilitou a separação dos genótipos em 22 grupos (Figuras 4, 5 e 6 e quadro 2). No apêndice 1 estão descritos detalhadamente as características de cada grupo e o local de origem.

Os valores de similaridade genética entre os genótipos variaram de 0,27 a 0,77. A maior similaridade foi observada entre os genótipos CPACT180 e CPACT156 (77 %) e entre os genótipos CPACT126 e 124 (77%) tendo os dois últimos a mesma cidade de origem e características morfo-agronômicas muito similares.

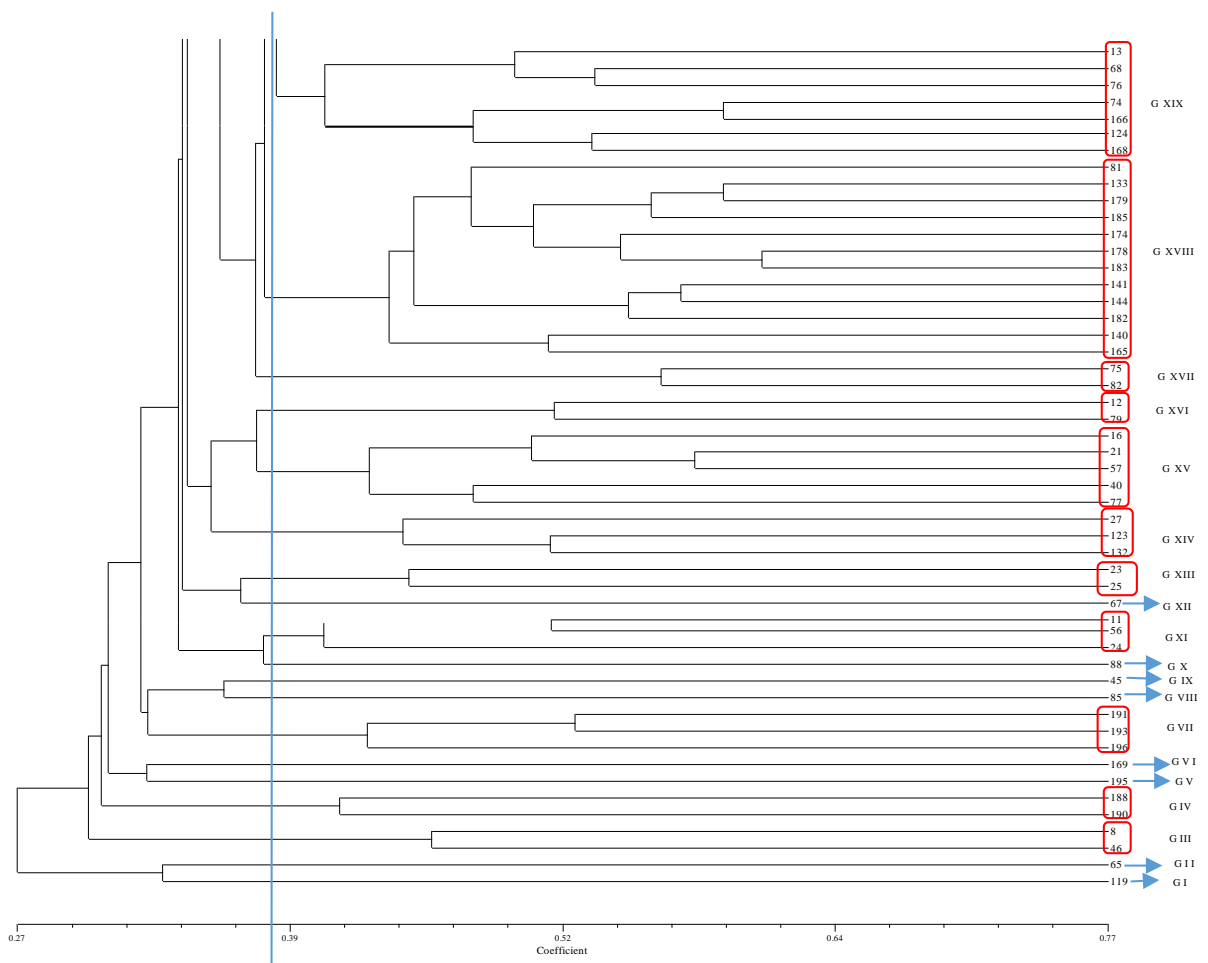


Figura 4 - Parte 1 do dendrograma com os agrupamentos dos genótipos de cana-de-açúcar obtidos a partir da análise conjunta com marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos, utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método de agrupamento UPGMA.

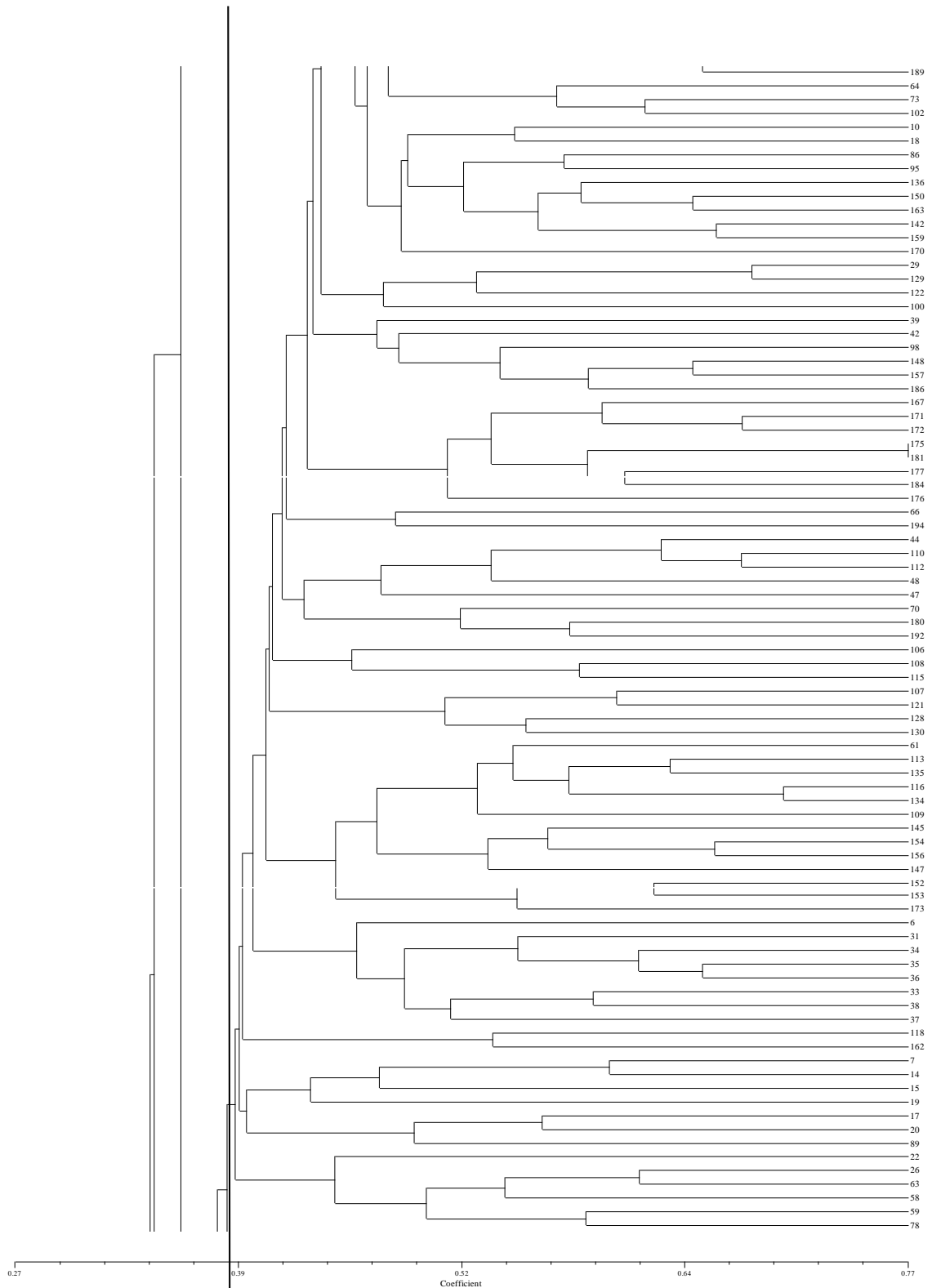


Figura 5 - Parte 2 do dendrograma com o grupo XX formado a partir do agrupamento dos genótipos de cana-de-açúcar obtidos a partir da análise conjunta com marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos, utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método de agrupamento UPGMA.

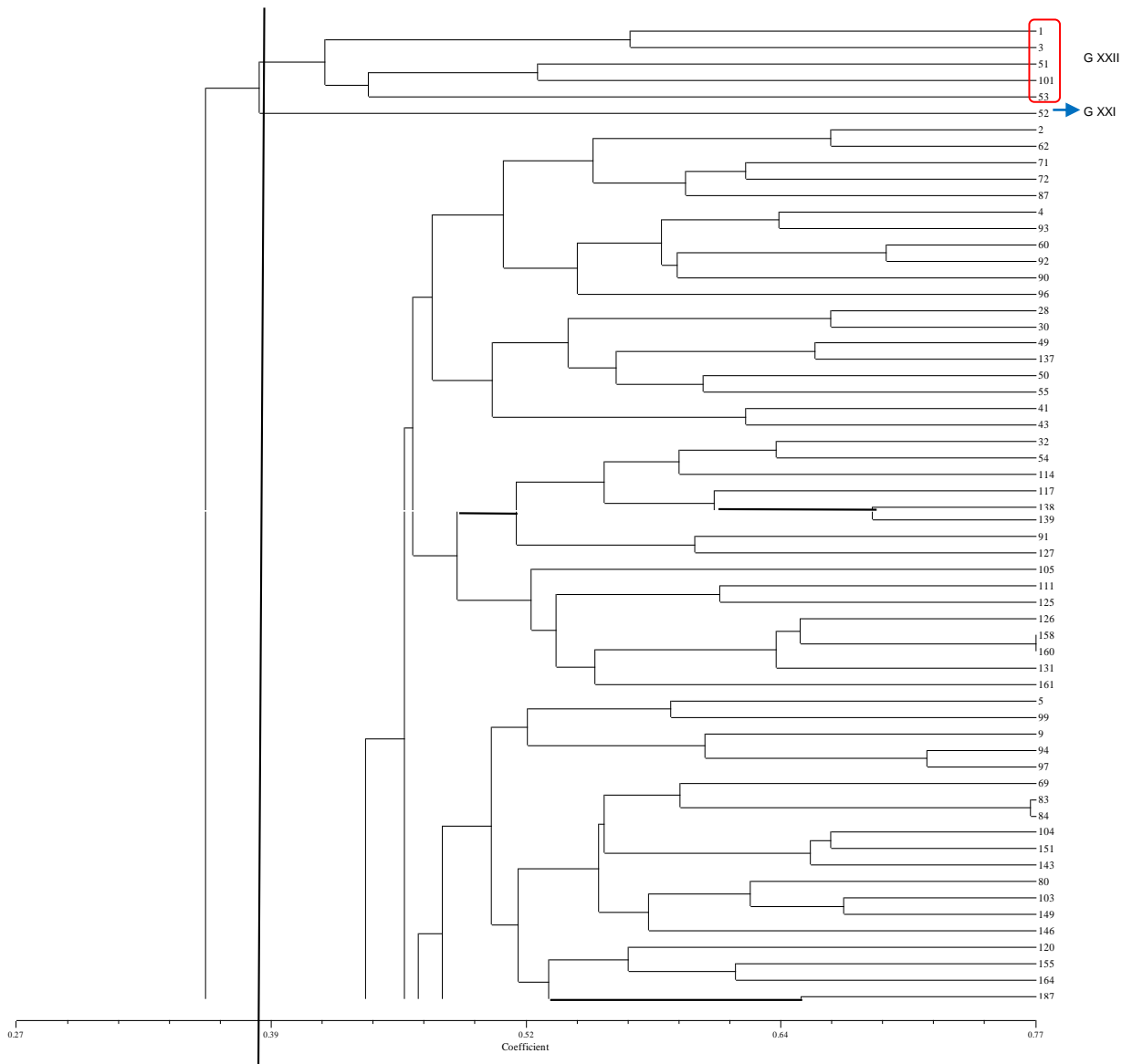


Figura 6 - Parte 3 do dendrograma com a continuação do grupo XX, grupo XXI e XXII formados a partir do agrupamento dos genótipos de cana-de-açúcar obtidos a partir da análise conjunta com marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos, utilizando o índice de similaridade de Jaccard e o método de agrupamento UPGMA.

Quadro 2 - Grupos obtidos através da análise conjunta com marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos com 196 genótipos de cana-de-açúcar.

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum
I	119	CPACT 046	RB785750		166	CPACT 136	Roxa	XX	71	CPACT 148		XX	135	CPACT 082	Tucumã
II	65	CPACT 167	RB 855035		168	CPACT 140	Roxa Grossa Macia		72	CPACT 159	IAC 311		136	CPACT 084	Americana
III	8	CPACT 085	Juí	XX	2	CPACT 030	L91-281		73	CPACT 178	Tijucã		137	CPACT 086	Pingo de Mel
	46	CPACT 110	Branca durona		4	CPACT 033	CP 65-357		78	CPACT 062	Pingo de Mel		138	CPACT 088	Branquinha
IV	188	CPACT 145	Tambo FEPA GRO		5	CPACT 038	Fina Amarela		80	CPACT 037	OC 45 2 19,2		139	CPACT 089	Branca Durona
	190	CPACT 051	SP 701145		6	RB92579	Testemunha		83	CPACT 078			142	CPACT 094	Roxa
V	195	CPACT 215	Branca grossa		7	CPACT 056	RB855450		84	BR966928	Testemunha		143	CPACT 098	Mulet
VI	169	CPACT 141	Vermelha Fina Macia		9	CPACT 025	IAC		86	CPACT 139	Verde Escura Grossa		145	CPACT 100	Foca ou oca
VII	191	CPact210	Cana joaquim		10	CPACT 083	18		87	CPACT 142	Roxa Fina		146	CPACT 102	Vermelhana
	193	CPACT 214	Fininha		14	CPACT 203	CB4176		89	CPACT 171	RB 855536		147	CPACT 103	Catarinense
	196	CPact209	Verde fina		15	CPACT 101	Branca		90	CPACT 027			148	CPACT 106	Montenegrina
VIII	85	CPACT 081	Nata		17	CPACT 043	Torta sem ponta		91	CPACT 014	Branca Dura		149	CPACT 108	Branca
IX	45	CPACT 109	Vermelha		18	CPACT 044	Bilibio		92	CPACT 035	Branca Mole		150	CPACT 111	Branca de casca dura
X	88	CPACT 149	Cana I		19	CPACT 024	Desconhecida		93	CPACT 207	Napa Caçapava		151	CPACT 112	
XI	11	CPACT 131	Cana Roxa		20	CPACT 053	Curana		94	CPACT 023	R18		152	CPACT 113	Casa Buco
	24	BR867515	Testemunha		22	CPACT 206	Sem nome3		95	CPACT 026			153	CPACT 115	Cana rosa
	56	CPACT 021	RB855453		26	CPACT 176	3X		96	CPACT 042	Verde Fina		154	CPACT 117	Caiana
XII	67	CPACT 016			28	CPACT 205	Sem nome2		97	CPACT 048	Tucumã 19,8		155	CPACT 120	Cana roxa
XIII	23	CPACT 069	Verde		29	CPACT 162	RB 871011		98	CPACT 050	Escola		156	CPACT 121	Cana Roxa
	25	CPACT 157	IAC 873396		30	CPACT 168	NAPA PRETA		99	CPACT 105	Quebradeira		157	CPACT 122	Roxa grossa
XIV	27	CPACT 019	Branca Dura		31	CPACT 049	Caiana		100	CPACT 160	RB 785750		158	CPACT 124	Tambo FEPA GRO
	123	CPACT 057	Angelo Vieira		32	CPACT 055	Taquara		102	CPACT 166	RB 765418		159	CPACT 125	Variedade Argentina
	132	CPACT 075	Caiana		33	CPACT 073	Roxa		103	CPACT 177	Cai folha		160	CPACT 126	Roxa
XV	16	CPACT 130	Branca Dura		34	CPACT 158	NAPA FINA		104	CPACT 183	Touça		161	CPACT 128	Roxa Liberato
	40	CPACT 017	NAPA		35	CPACT 165	CB 4176		105	CPACT 192	Doce		162	CPACT 129	Uruguai
	57	CPACT 065	RB 822040		36	CPACT 181	Cana de Goiás		106	CPACT 201	Sem nome		163	CPACT 132	Sem nome (branca)
	77	CPACT 001	Chocolate		37	CPACT 004	Gota de Mel		107	CPACT 002	3 x		164	CPACT 133	Roxa
XVI	12	CPACT 009	NAPA Paulista		38	CPACT 012	Pêra, Pereira ou Uva		108	CPACT 003	Bento Gonçalves		167	CPACT 138	Cana Roxa
	21	CPACT 204	Sem nome1		39	RB855156	Testemunha		109	CPACT 005	Branquinha		170	CPACT 143	Cana Branca
	79	CPACT 018	Vinho ou Roxa sem folha		41	CPACT 036	Sem Folha		110	CPACT 006	Cana do Jato		171	CPACT 144	Vermelha Fina Macia
XVII	75	CPACT 190	Cana Selbach		42	CPACT 040	Crioula do Nelcindo		111	CPACT 007	Roxinha		172	CPACT 151	RB 806043
	82	CPACT 077	São Cristóvão		43	CPACT 070	Roxa		112	CPACT 008	Branca Mole		173	CPACT 153	SP 701143
XVIII	81	CPACT 045	Chocolate		44	CPACT 092	Verde		113	CPACT 010	Branca Mole		175	CPACT 156	TUCUMÃ GROSSA
	133	CPACT 076	Ripa		47	CPACT 137	Sem nome		114	CPACT 013	Roxa		176	CPACT 170	SP 803250
	140	CPACT 090	Sananduva		48	CPACT 150	Cana II		115	CPACT 015	Branca		177	CPACT 172	NAPA
	141	CPACT 020	Ligueirinha (Precoce)		49	CPACT 155	LIGERINHA		116	CPACT 011	Mel		180	CPACT 179	Três olhos
	144	CPACT 099	Zamim Branca		50	CPACT 175	Bandeira		117	CPACT 034	NAPA Fina		181	CPACT 180	Havaiana
	165	CPACT 134	Sem nome branca		54	CPACT 222	entre 72-73		118	CPACT 039	Amarela		184	CPACT 188	Grossa roxa
	174	CPACT 154	3X		55	CPACT 208	Cana energia		120	CPACT 047	Cana ripa		186	CPACT 193	Roxa Morro Redondo
	178	CPACT 173	Banderinha		58	CPACT 161	Branca mole		121	CPACT 052	OCHZ 1		187	CPACT 199	Branca Vila Nova
	179	CPACT 174	Cana PR		59	CPACT 164	RB 855156		122	CPACT 054	IAC-311		189	CPACT 147	
	182	CPACT 184	Cana Sal		60	CPACT 031	MT		125	CPACT 061	RB 851011		192	CPACT213	Catarina roxa esverdeada
	183	CPACT 185	Perna de moça		61	CPACT 068	Napa Preta		126	CPACT 091	Litro (Juj)		194	CPACT 219	Amarela Fumagina
	185	CPACT 191	Cana Monte Bonito		62	CPACT 087	Ligueirinha Precoce)		127	CPACT 064	Manchini	XXI	52	CPACT 200	Roxa Vila Nova
XIX	13	CPACT 169	AMERICANA		63	CPACT 119	Cana branca		128	CPACT 066	IAC 873396	XII	1	CPACT 029	NA 6390
	68	CPACT 059	Branca Verde		64	CPACT 152	IAC 822045		129	CPACT 071	Roxa		3	CPACT 032	LCP 85 384
	74	CPACT 182	Roxa mole		66	CPACT 197	RB955970		130	CPACT 072	Amarela Doce		51	CPACT 194	Verde Morro Redondo
	76	CPACT 202	Sem nome		69	CPACT 093	Parcela 1		131	CPACT 074	Roxa		53	CPACT 146	Variedade Argentina
	124	CPACT 060	Branquinha do Osmar		70	CPACT 107	Capanema		134	CPACT 079			101	CPACT 163	RB 876045

Os genótipos CPACT 046, CPACT167, CPACT215, CPACT141, CPACT081, CPACT109, CPACT016 e CPACT200 alocaram-se em grupos isolados, grupo I, II, V, IV, VIII, IX, X, XII, e XXII respectivamente (Quadro 2) todos possuem como característica a média ou baixa produtividade de TCH e SSTH.

O grupo III é formado pelos genótipos CPACT085 e CPACT110, o grupo IV pelo CPACT145 e CPACT051, o grupo VII pelos CPACT2010, CPACT214 e CPACT209. Estes grupos têm característica de baixa produtividade de TCH e SSTH e a presença de joçal (característica não desejada em genótipos pois dificulta o manejo manual) porém tem como característica desejada o baixo nível de tombamento das touceiras e a despalha fácil, que é desejada principalmente para agricultura familiar, que faz uso de mão de obra manual.

O grupo XI agrupou a RB867515 e os genótipos de maturação precoce CPACT131, CPACT021 sendo último com alto valor de TCH e TSSTH. O grupo XIII agrupou os genótipos CPACT069 e o CPACT157 que tem altos valores de TCH, TSSTH e ausência de joçal e maturação média. O grupo XIV agrupou o CPACT019, CPACT057, CPACT075 também genótipos com altos valores de TCH e TSSTH. O grupo XV alocou os genótipos CPACT130, CPACT017, CPACT065 e CPACT001. O grupo XVI alocou o CPACT009, CPACT204 e o CPACT018. Em ambos os grupos os genótipos apresentam bons valores de TCH e TSSTH. Genótipos destes grupos possuem boas condições de serem usados no melhoramento visando a obtenção de maior produtividade. Já o grupo XVII alocou o CPACT190 e o CPACT077 com valores médios de TCH.

Os grupos XVIII e XIX agruparam 12 e 7 genótipos, respectivamente, que podem ser visualizados no quadro 2. Estes genótipos apresentam baixos valores de TCH e TSSTH, característica não desejada no melhoramento, uma vez que se busca sempre desenvolver variedades que tenham potencial produtivo maior do que as já cultivadas atualmente.

O grupo XX alocou 139 genótipos, 70,9 % da população. Neste grupo é possível visualizar vários subgrupos e diversidade entre eles. Se observa que no grupo XX alocaram-se tanto genótipos com alta produtividade como também com baixo potencial produtivo. A maioria dos genótipos neste grupo são de maturação tardia, uma vez que são a maioria na coleção.

O grupo XXII agrupou cinco genótipos com médio e baixo valor de TCH e TSSH.

Não foi observada correlação entre os tipos de marcadores, sugerindo que os marcadores moleculares utilizados, provavelmente não estejam ligados a nenhuma característica morfo-agronômica avaliada.

Também não foi observada correlação entre o local de origem dos genótipos nos agrupamentos, o que mostra que mesmo muitos genótipos tendo o mesmo nome comum em cidades diferentes, estes podem ser cultivares distintos.

Os grupos formados a partir do uso dos marcadores moleculares e morfo-agronômicos, apresentam variabilidade tanto entre como dentro dos grupos para as características morfológicas e agronômicas.

A utilização de características moleculares e fenotípicas de forma conjunta foi eficiente para a verificação da diversidade genética dos genótipos de cana-de-açúcar.

Segundo Gouvêa (2009), a utilização de caracteres fenotípicos e de marcadores moleculares pode fornecer uma visão mais completa acerca da diversidade genética dos materiais avaliados. Entretanto Gonçalves et al. (2008) alerta que o tipo e a quantidade podem comprometer a eficiência da análise, pois algumas variáveis podem ter maior influência na divergência.

Em um programa de melhoramento genético de uma cultura, a escolha de genitores é uma das etapas mais importantes e os critérios para a seleção destes variam conforme o objetivo do programa (BORÉM, et al., 2017). No caso da cana-de-açúcar, quando se busca desenvolver variedades novas o principal objetivo pode se dizer que é criação de genótipos mais produtivos dos já utilizados pelos produtores, além de tolerância a estresses bióticos e abióticos. Assim, escolhe-se os genitores agronomicamente superiores e adaptados a região de cultivo.

Com base nos resultados obtidos, pode-se afirmar que há variabilidade genética na coleção de cana-de-açúcar avaliada a qual é muito importante para uso no melhoramento, uma vez que estes genótipos são cultivados no Rio Grande do Sul e Santa Catarina há muitos anos, apresentado adaptação a este ambiente. Há genótipos tanto de maturação precoce como média e tardia com potencial produtivo e variabilidade genética e que podem ser explorados no melhoramento genético da cultura.

3.2.5 Conclusão

O uso conjunto de marcadores moleculares e fenotípicos são eficientes na identificação de variabilidade genética em cana-de-açúcar.

Há variabilidade genética entre os genótipos de cana-de-açúcar da coleção da Embrapa Clima Temperado, os quais apresentam potencial para uso em programas de melhoramento genético da cultura.

4 Capítulo 2: Caracterização agrônômica de genótipos de cana-de-açúcar em dois ambientes.

4.1 Introdução

A cana-de-açúcar é de origem asiática e pertence à família Poaceae e ao gênero *Saccharum*, que abrange várias espécies. Porém, as variedades atualmente cultivadas no Brasil são híbridos interespecíficos entre *S.Officinarum* e *S. spontaneum* oriundos de programas de melhoramento genético, recebendo a designação *Saccharum* spp. (CLAYTON; DANIELIS, 1975). O seu cultivo assume importante papel no cenário agrícola do Brasil onde o país lidera a produção mundial e apesar de sua multiplicidade de usos, os principais derivados são o açúcar e o etanol.

No estado do Rio Grande do Sul, diferentemente do restante do país, a produção de cana está tradicionalmente associada às atividades desenvolvidas em pequenas propriedades, relacionadas a criação de gado e ao processamento artesanal de produtos e subprodutos, assumindo grande importância na agricultura familiar (CONAB 2018, IBGE, 2017).

A área plantada com cana-de-açúcar no RS na safra 2017/18 foi de 17.472 hectares, com uma produção de 686.015 toneladas de cana e produtividade média de 42.8 t ha⁻¹ (IBGE, 2017). Estudos agroclimáticos (MALUF et al., 2008; MANZATTO et al., 2010), e socioeconômicos (KUIAWINSKI, 2008), indicam que o Estado possui potencial para ampliação da produção de cana-de-açúcar em termos de área e produtividade, tanto para álcool como para açúcar.

Uma das principais demandas dos agricultores gaúchos é por variedades tolerantes a geada, visto que cana-de-açúcar é considerada uma cultura sensível as baixas temperaturas (HALE et al., 2016), o que torna um fator limitante para o seu

cultivo em latitudes superiores de 30°, como é o caso do Rio Grande do Sul. Também se busca variedades mais produtivas e com diferentes ciclos de maturação que permitam um escalonamento da colheita e garantindo assim maior período de matéria prima disponível para a indústria (SILVA et al., 2012). Outro fator de grande importância no desempenho agrônômico dos genótipos é a resistência às doenças. O principal método de controle de doença na cultura da cana-de-açúcar é o uso de variedades resistentes ou tolerantes (MATSUOKA et al., 2005). Neste sentido, os programas de melhoramento genético buscam cruzamentos entre genitores com resistência às principais doenças, assim como a seleção de genótipos superiores nas progênes destes cruzamentos.

No estado do RS, a maioria dos agricultores ainda utilizam variedades crioulas e antigas que foram introduzidas no início do século XVIII, vindas do exterior e dos programas de melhoramento genético criados no Brasil, mas que desenvolveram cultivares para outras regiões do país, e que são cultivadas na propriedade por muitos anos e passam de geração em geração (BARROSO, 2006; RUGERI, 2015). Muitas destas variedades já estão adaptadas às suas regiões de cultivo no Estado, outras, no entanto, podem apresentar degenerescência varietal ou ser impróprias às condições de solo e clima da região.

O melhoramento genético de plantas depende dos recursos genéticos vegetais disponíveis e que esse germoplasma disponível tenha grande variabilidade genética (BOREM et al., 2017). Os genótipos de cana-de-açúcar cultivada no Sul do Brasil podem ser considerados recursos genéticos, em uso pelos agricultores, e que podem ser utilizados em programas de melhoramento da cultura.

O objetivo deste trabalho foi caracterizar genótipos de cana-de-açúcar da coleção da Embrapa Clima Temperado quanto à maturação, tolerância ao frio, reação à doenças e produtividade em dois ambientes do município de Pelotas, RS.

4.2. Material e métodos

O experimento foi realizado em dois ambientes, localizados em propriedades particulares no interior do município de Pelotas, RS (Figura 7). O ambiente 1 (A1) cujas coordenadas são 31°39'S 52°27'O, e altitude de 70m, com histórico de cultivo consecutivo de soja por dez anos. O ambiente 2 (A2) cujas coordenadas são 31° 36' S, 52° 23' O e altitude de 30m, com histórico de cultivo de milho e hortaliças de modo alternado.



Figura 7 - Localização das áreas experimentais. Google imagens 2019.

O clima da região que abrange os ambientes analisados é do tipo Cfa, segundo a classificação de Köppen (KUINCHTNER e BURIOL, 2001). Neste tipo de clima a temperatura é moderada com chuvas bem distribuídas e verão quente. Nos meses de inverno há ocorrência de geadas, sendo a média de temperatura neste período inferior a 16,0 °C. No mês mais quente as máximas são superiores a 30,0 °C.

Foram avaliados 50 genótipos de cana-de-açúcar que fazem parte uma coleção de trabalho da Embrapa Clima Temperado e que foram coletados em diferentes locais do estado do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina pela Embrapa,

Fepagro e Emater. Estes genótipos foram previamente selecionados de um experimento conduzido na sede da Embrapa Clima Temperado com toda a coleção de genótipos na safra 2013/2014 (SIMON, 2015), com base nos critérios de produtividade, maturação precoce, maturação média-tardia, com boa tolerância ao frio e resistência a doenças. Como testemunhas foram utilizadas duas variedades precoces (RB855156 e RB966928) e duas tardias (RB865156 e RB92579) que estão entre as mais plantadas no Brasil e são recomendadas para plantio no estado do RS.

Para obtenção das mudas, na segunda quinzena do mês de julho de 2015, foi efetuada coleta de colmos a campo de cada um dos genótipos em estudo, após realizada a limpeza dos colmos e posteriormente o corte dos mini-toletes com o auxílio de uma guilhotina, para individualização das gemas de aproximadamente 3 cm. O plantio dos mini-toletes foi realizado em tubetes de 175 cm³ contendo substrato comercial Turfa Fértil[®]. Estes foram mantidos em casa de vegetação climatizada para brotação, crescimento e desenvolvimento por aproximadamente 45 dias, e após as mudas foram transferidas para tela de sombreamento (sombrite), para fase de aclimatação por mais 20 dias.

O solo das duas áreas experimentais foi preparado com uma aração e duas gradagens e em seguida procedeu-se a formação de canteiros de aproximadamente 30 cm de altura e 90 cm de largura, sendo o espaçamento de centro a centro dos canteiros igual a 1,40 metros. Foram coletadas amostras de solo para realização da análise química nos dois ambientes, porém não foi realizada correção de solo. A adubação de base foi realizada de maneira igual nos dois ambientes, com a utilização de 60 kg de N ha⁻¹, 120 kg de P₂O₅ ha⁻¹, 120 kg de K₂O ha⁻¹ incorporada com enxada rotativa na formação dos canteiros.

Na primeira semana de outubro de 2015, as mudas foram transplantadas no campo, sobre os canteiros com espaçamento de 0,50 m entre plantas e 1,4 m entre linhas (Figura 8). O transplante foi realizado com auxílio de plantadeira manual do tipo “saraquá” que é utilizada para o plantio de mudas de fumo e hortaliças. Aproximadamente 90 dias após o transplante, foi realizada adubação de cobertura com 90 kg de N ha⁻¹.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso com duas repetições e a unidade experimental (parcela) foi composta por uma linha de 4 m de

comprimento. Adotou-se o esquema trifatorial entre: os genótipos de cana-de-açúcar, os ambientes e o ciclo de produção (cana planta e cana soca).



Figura 8 - Experimento ambiente A1 (A). Experimento ambiente A2 (B) (Foto: Elis Daiani T. Simon)

Aos 60 dias após a colheita da cana planta foi realizada a adubação de manutenção com 30 kg de N ha⁻¹, 120 kg de P₂O₅ ha⁻¹ e 120 kg de K₂O ha⁻¹ incorporada com enxada rotativa, e aproximadamente 120 dias após foi aplicado 90 kg de N ha⁻¹ em cobertura, nos dois ambientes.

O manejo das plantas daninhas foi realizado através da passagem de enxada rotativa entre as linhas de plantio, capinas nas linhas e aplicação de herbicidas recomendados para cultura.

Os dados meteorológicos de temperatura média, máxima e mínima do ar, e da umidade relativa do ar foram coletados com o uso datalogger instalado a 1,5 m de altura do solo nos dois ambientes. No A1, foram utilizados os dados de precipitação coletados pela estação meteorológica da Embrapa Clima Temperado que fica próxima ao local. Já no A2 foram coletados com uso de pluviômetro instalado no local.

Os genótipos foram avaliados em dois ciclos de cultivo: cana planta (Safrá 2015/2016) e cana soca (Safrá 2016/2017). As variáveis utilizadas para avaliação da diversidade genética foram: maturação, produtividade de colmos, produtividade de sólidos solúveis totais por hectare, doenças e tolerância ao frio.

O parâmetro utilizado para avaliação da curva de maturação dos genótipos foi o teor de sólidos solúveis totais (SST), medido em graus brix (°brix) em três diferentes colmos da parcela, com amostragem em dois pontos por colmo, no terceiro entre nó abaixo do ponto de quebra do palmito e no terceiro entre nó acima

do solo, com utilização de um calador (coleta) com a leitura feita em refratômetro digital portátil marca Atago® modelo Pal-1, com compensação automática da temperatura. As amostragens foram realizadas aproximadamente a cada 30 dias iniciando-se no mês de maio até setembro em cana planta e no mês de abril até outubro em cana soca. Os valores foram utilizados para posterior classificação dos genótipos conforme metodologia proposta por Silva et al. (2012) (Figura 9), onde os genótipos precoces: atingem 18° brix em maio e junho; Genótipos médios: atingem 18° brix em agosto; tardios atingem 18° brix a partir de setembro.

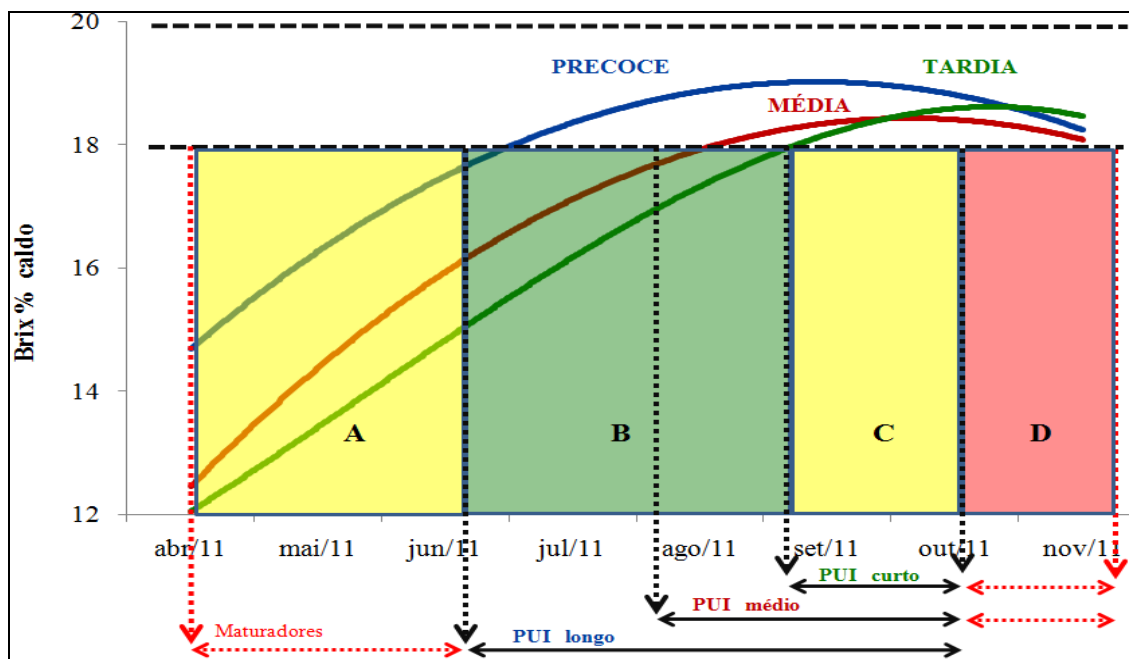


Figura 9 - Proposta de curva de maturação para as condições do Rio Grande do Sul, com identificação dos PUIs. Silva et al. (2012).

Para produtividade de colmos, expressa em toneladas de colmo por hectare (TCH), foi utilizada a equação:

$$TCH = (PT \times ((100/E) \times 100) \quad (1).$$

Onde:

PT: Massa de colmos de duas touceiras (kg)

E: Espaçamento (1,4 m).

No ciclo de cana planta, os genótipos precoces foram avaliados, quanto a produtividade, na segunda quinzena de agosto e os médios-tardios na primeira

quinzena de outubro. Já no ciclo de cana soca, os genótipos precoces foram avaliados na segunda quinzena de julho e os médios-tardios na segunda quinzena de setembro.

Para obtenção da produtividade de sólidos solúveis totais por hectare (TSSTH), o parâmetro utilizado foi o teor de sólidos solúveis totais médio do genótipo no momento da colheita. Para cálculo foi utilizada a seguinte equação:

$$\text{TSSTH} = (\text{SSTM} \times \text{TCH}) / 100 \quad (2).$$

Onde:

SSTM: teor de sólidos solúveis totais médio do colmo no momento da colheita.

TCH: Tonelada de colmos por hectare

A ocorrência de doenças espontâneas nos genótipos foi avaliada através da presença ou ausência dos sintomas, sob condição natural de campo, em inspeção nos experimentos aos 3, 6 e 9 meses após o transplante das mudas, segundo o diagnóstico direto pelo quadro sintomatológico das doenças. Quando necessário, estruturas da planta foram coletadas e encaminhadas para o Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Clima Temperado para identificação ou confirmação do agente fitopatogênico.

A severidade de doenças como, ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*), foi avaliada conforme escala de notas realizada na folha "+ 3" de cinco plantas por parcela através de escala de notas por Amorin et al. (1987), e níveis de reação à ferrugem proposto por Purdy e Dean (1981) (Figura 10). Manchas foliares (*Cercospora longipes*) e (*Leptosphaeria sachari* e *Bipolaris sachari*) atribuindo-se notas de 1, 2, 3 e 4 referentes aos valores de 25, 50, 75 e 100%, de área foliar atacada respectivamente conforme metodologia de Zambom e Daros (2005) (Figura 11).

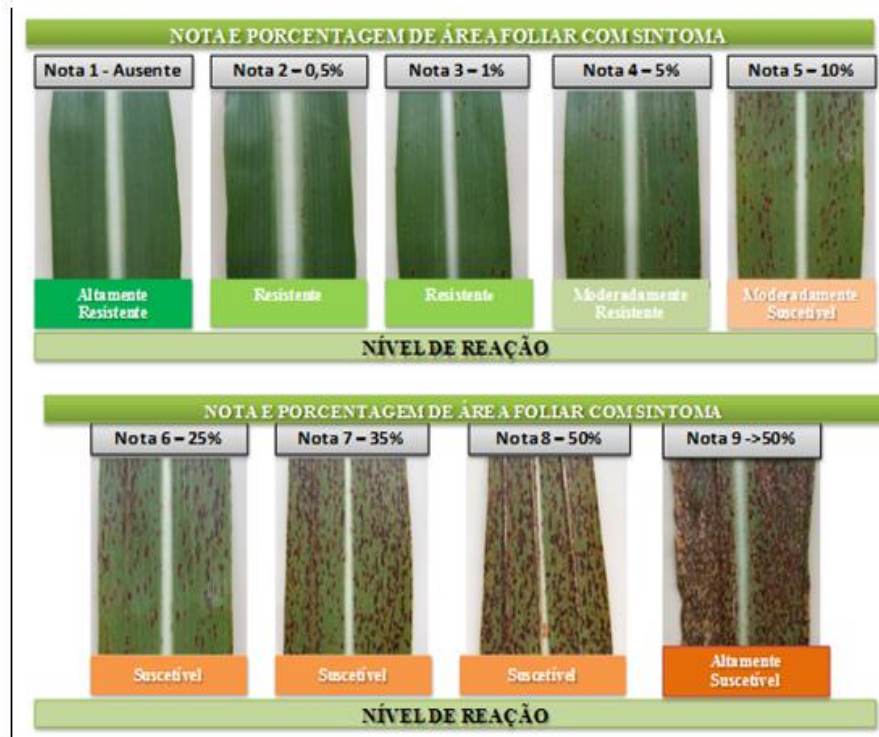


Figura 10 - Escala de notas e níveis de severidade da ferrugem marrom e mancha parda na cana-de-açúcar elaborada a partir da proposta por Amorim et al. (1987) e Purdy e Dean (1981).

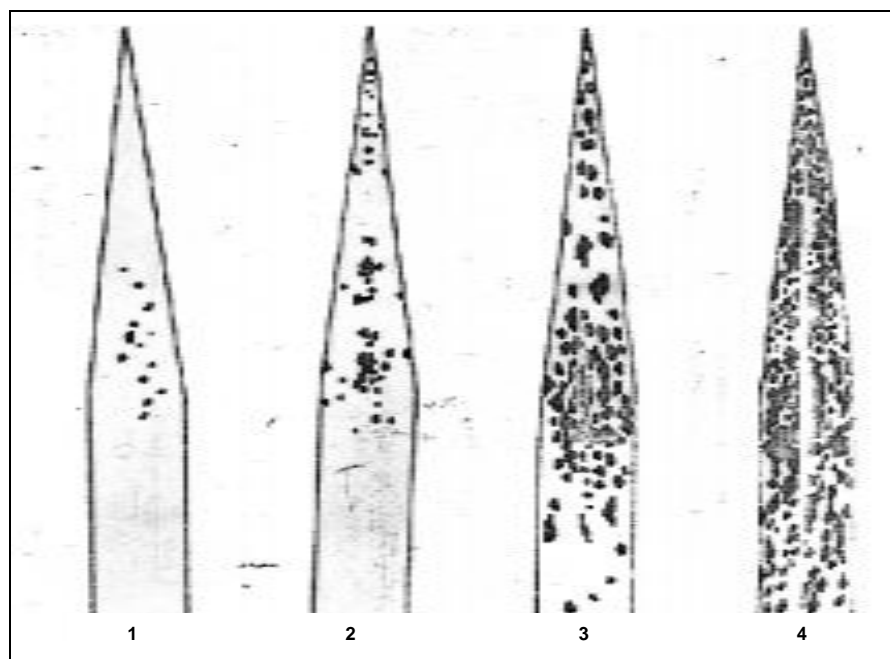


Figura 11 - Escala de notas para manchas foliares em cana-de-açúcar proposta Zambom e Daros (2005).

A avaliação de tolerância ao frio foi realizada no momento da colheita, efetuando-se um corte longitudinal das gemas apicais, com o auxílio de um canivete, em três colmos aleatórios na parcela, para a visualização do nível de dano do meristema apical (NDMA), conforme escala de notas proposta por Antunes (2015), a partir de observação visual do dano da gema variando de 1 – meristema vivo a 5 - meristema morto (Figura 12).

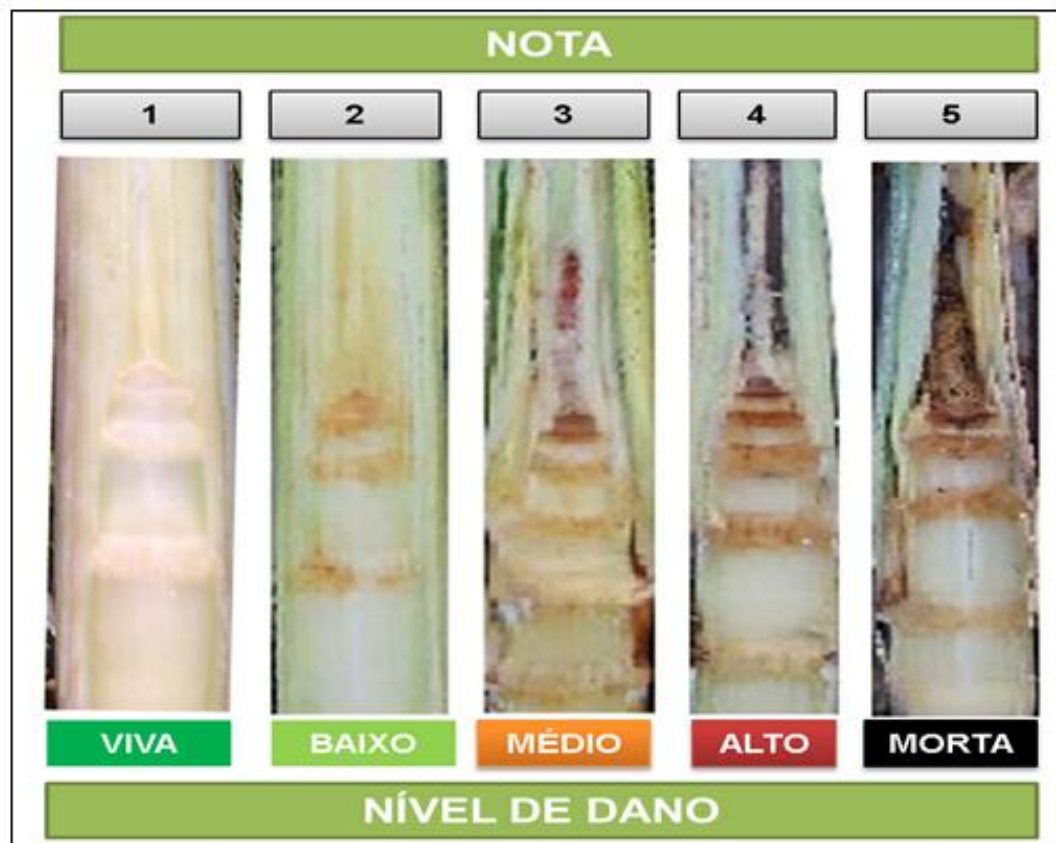


Figura 12 - Escala de nota visual do nível de dano da gema apical (NDGA). Pelotas – RS 2019. Fonte: Antunes (2015)

Os dados de TCH e TSST foram submetidos à análise de variância ($p \leq 0,05$) e em caso de significância, os efeitos de foram analisados pelo teste de agrupamento de médias Scott Knott ($p \leq 0,05$).

4.3. Resultados e discussão

4.3.1 Reação dos genótipos frente à ocorrência espontânea das principais doenças que afetam a cultura.

Em relação a ocorrência espontânea de doenças nos ciclos de cana planta e soca, nos dois ambientes estudados, as doenças observadas foram ferrugem marrom (*Puccinia melanocephala*), mancha foliar (*Leptosphaeria sachari* e *Bipolaris sachari*), mancha parda (*Cercospora longipes*), Pokkah Boeng (*Fusarium moniliformis*) e escladadura das folhas (*Xanthomonas albilineans*) (Tabela 4 e Figura 13). Para as demais doenças avaliadas não foram observados sintomas durante o período de avaliação.

Tabela 4 - Número de genótipos sintomáticos em relação às doenças da cana-de-açúcar, avaliadas por local nas safras 2015/2016 (cana planta) e 2016/2017 (Cana soca) em dois ambientes e Pelotas, RS.

Doenças	Cana planta		Cana soca	
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
Mancha Foliar (MF)	30	1	18	1
Mancha Parda (MP)	10	2	11	20
Ferrugem marrom (FER)	38	22	24	19
Pokkah Boeng (PK)	18	15	8	7
Escaldadura (ESC)	1	1	1	1

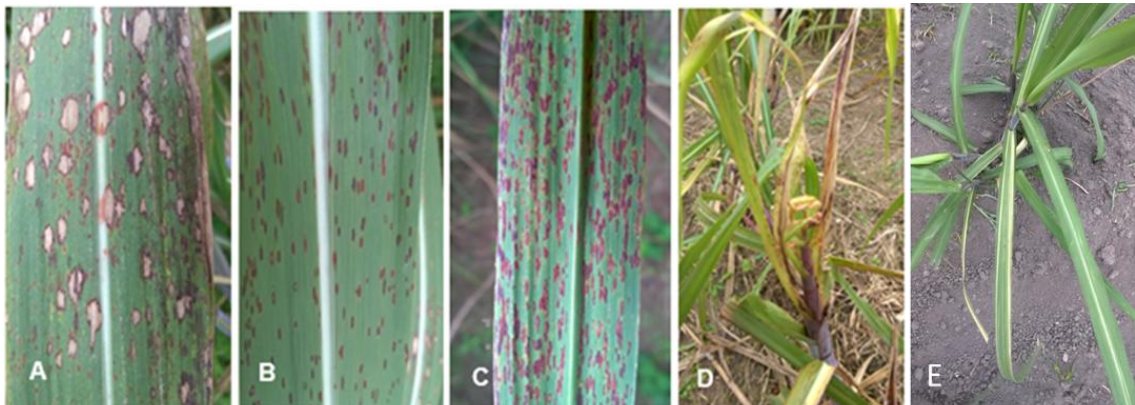


Figura 13 - Doenças observadas nos genótipos em estudo durante as safras 2015/2016 e 2016/2017 em dois ambientes de Pelotas, RS. Mancha foliar (A), Mancha parda (B), Ferrugem marrom (C), Pokkah Boeng (D) e Escaldadura da folha (E). (Foto: Elis Daiani Timm Simon).

Os genótipos apresentaram variabilidade e interação ambiental para a reação a estas doenças. A ferrugem marrom foi observada nos dois ambientes, sendo a maior incidência no A1 em ambos os ciclos. Os sintomas da ferrugem foram observados em avaliações aproximadamente seis meses após o transplântio das mudas ao campo, no período entre abril e maio quando as temperaturas estavam mais amenas. Plantas em estado juvenil, entre dois e oito meses, são mais suscetíveis ao patógeno que é favorecido em temperaturas amenas entre 21°C e 26°C e alta umidade do ar, sob altas temperaturas os esporos tornam-se inviáveis (SAGUINO e TOLEDO, 1983; GARCIA et al., 2007; GIGLIOTI et al., 2009). Nesse período não houve diferença significativa da temperatura entre os ambientes nos dois ciclos de cultivo (Figura 14). Vale considerar que no A2 não havia histórico de cultivo de cana e assim, provavelmente menos inóculo do patógeno, o que pode explicar uma menor ocorrência dessa doença em cana planta neste ambiente, uma vez que no A1 havia um canal próximo a área do experimento.

A ferrugem marrom possui ampla distribuição geográfica no Brasil e pode provocar grandes perdas no campo, que dependendo do grau e da fase de desenvolvimento da cultura pode comprometer significativamente a produção. Essa doença afeta o tecido foliar e prejudica a taxa fotossintética e vias correlatas, ocasionando reduções na produção final de biomassas, por isso genótipos suscetíveis são descartados nos programas de melhoramento da cultura (MATSUOKA et al., 2005; HOY et. al., 2009).

Mesmo a incidência de ferrugem marrom sendo alta, na avaliação de níveis de severidade da doença, verificou-se que os genótipos CPACT056, CPACT025, CPACT024, CPACT053, CPACT206, CPACT069, CPACT040, CPACT109 e CPACT146 não apresentam sintomas para esta doença nos dois ambientes e nos dois ciclos de cultivo (Tabela 5 e Quadro 3). Ainda se observou genótipos com baixa severidade da doença. Poucos genótipos apresentaram notas acima de 6, que os define como suscetíveis à ferrugem.

Nota-se também que os genótipos que apresentaram notas altas para ferrugem foram os que apresentaram sintomas nos dois ambientes e dois ciclos de cultivo (Quadro 3). As testemunhas RBs não apresentaram sintomas de ferrugem, visto que estas passaram por rigorosa seleção no programa de melhoramento.

Tabela 5 - Severidade de ferrugem marrom em genótipos de cana-de-açúcar, cana soca, Safra 2015/2016 (cana planta) e 2016/2017 (cana soca) em dois ambientes de Pelotas, RS.

Nível de reação ¹	Notas ²	Nº de genótipos			
		Ambiente 1		Ambiente 2	
		Cana planta	Cana soca	Cana planta	Cana soca
AR	1	16	25	30	36
R	2	18	9	9	7
R	3	10	1	6	3
MR	4	3	4	4	1
MR	5	4	3	3	3
S	6	2	4	4	3
S	7	1	7	1	0
S	8	0	1	2	1
AS	9	0	0	0	0

1 - Níveis de reação à ferrugem proposto por Purdy e Dean (1981), onde: AR- altamente resistente; R- resistente; MR moderadamente resistente; MS moderadamente suscetível; S-suscetível e AS- altamente suscetível. 2 - Escala de notas para avaliação da severidade da ferrugem marrom e da mancha parda, Amorin et al. (1987).

A doença Pokkah Boeng teve uma maior incidência no ciclo de cana planta nos dois ambientes (Tabela 4 e quadro 3). No geral 24 genótipos apresentaram algum nível de sintoma da doença em algum ciclo ou ambiente. Nota-se que os genótipos com maior número de colmos afetados por parcelas em cana planta foram os que apresentaram os sintomas da doença também em cana soca (Quadro 3), sugerindo uma maior suscetibilidade destes genótipos. Esta é uma doença bastante comum nos canaviais brasileiros no período em que as plantas estão em intensa vegetação. Pode provocar a morte de colmos em variedades suscetíveis ou deformações no colmo (TOKESHI; RAGO, 2016).

A mancha parda foi encontrada em 10 genótipos no A1 em cana planta e 11 em cana soca (Tabela 4 e Quadro 3). No ambiente A2, no ciclo de cana planta somente dois genótipos apresentaram a doença, já em cana soca 20 genótipos apresentaram sintomas, provavelmente por haver mais inóculo na soqueira. Esta é considerada uma doença secundária que se manifesta já no final do ciclo da cultura e normalmente não tem importância econômica, visto que não há relatos de danos na produtividade causado pela doença (TOKESHI; RAGO, 2016). No Quadro 3 observa-se que a maioria dos genótipos com sintomas desta doença, obtiveram

notas 1 e 2, com baixo nível de dano foliar conforme escala proposta por Zambon e Daros (2005).

Quadro 3 - Reação de genótipos de cana-de-açúcar quanto a ocorrência espontânea de doenças nas safras 2015/2016 (Cana planta) e 2016/2017 (Cana soca) em dois ambientes de Pelotas, RS.

Genótipo	Ferrugem Marron				Mancha Parda				Mancha foliar				Pokkah Boeng			
	A1		A2		A1		A2		A1		A2		A1		A2	
	P*	S*	P	S	P	S	P	S	P	S	P	S	P	S	P	S
CPACT 029	3	4	2	2					2							
CPACT 030		2		2					2	1						
CPACT 032	3	2		2												
CPACT 033	5	4	4	4												
CPACT 038	2	2	3	2				1								
RB92579					1	1		2		1						
CPACT 056					1			1	1	1			1			
CPACT 085	2		2			1		1					1			
CPACT 025									1	1	1		2		2	
CPACT 083	2	2	3		1				1	1						
CPACT 131	4	4	4	3												
CPACT 009	2			2	1				2	2						
CPACT 169	3	2				1		1								
CPACT 203	2												3			
CPACT 101	2					1		1	1	1			1		2	
CPACT 130	5	5	4	5												
CPACT 043			2					1	2	1						
CPACT 044	3					2		1							1	
CPACT 024					1				1	1						
CPACT 053									1	1					3	
CPACT 204		2	2						1	1						
CPACT 206					1											
CPACT 069								1	2	1				2	14	4
RB867515													6		5	
CPACT 157	2	2	3												1	
CPACT 176	2												7	3	10	1
CPACT 019	2								1	1			3	2		
CPACT 205	2								1	1			2			2
CPACT 162	3	4	2	5									1	1		3
CPACT 168	2					1		1	1	3						
CPACT 049	2					2		1	1							
CPACT 055	7	6	3	8											1	
CPACT 073	3									3						
CPACT 158		5							2							
CPACT 165	2								2	2			2	2	7	3
CPACT 181	2								2	1			6	3	8	2
CPACT 004	4	2	7	3	3	3	2	3					2	2	10	2
CPACT 012	3		4		2	2		3	1	1			3			
RB855156								1							2	
CPACT 017	6	6	6	6												
CPACT 036	2	6	6	3	1	1		1	1				1			
CPACT 040					1	2		2	1				1		2	
CPACT 070	3	5	4	2				2	2				1	1	1	
CPACT 092	6	8	7	6					3	1			2			
CPACT 109									2	1						
RB966928								1								
CPACT 110	5	8	4						2							
CPACT 137	4	7	4						2							
CPACT 150	2		3	5						1						
CPACT 155	2		3	2					1	1						
CPACT 175	5	3	8	2												
CPACT 194		2	2	6					3	3						
CPACT 200		6	3													
CPACT 146									1	1			1			

* P (Cana planta); S (Cana soca); A1 (Ambiente 1); A2 (Ambiente 2)

A mancha foliar é uma doença comum em todas as regiões de cultivo no Brasil, mas de pouca importância econômica, uma vez que sua ocorrência sempre esteve associada às folhas velhas e senescentes da planta (TOKESHI; RAGO, 2016). Entretanto, nos programas de melhoramento tem sido considerada a eliminação de genótipos suscetíveis. Mesmo com alta incidência da doença no A1, a maioria dos genótipos que apresentaram sintomas, não demonstraram altos níveis de severidade pois obtiveram notas 1 e 2 (Quadro 3).

Os genótipos CPACT053, CPACT206 e CPACT205 foram os que apresentaram menos incidência e severidade de doenças.

Os genótipos avaliados no estudo são cultivados há muitos anos por agricultores do RS e podem estar adaptados a região. Muitos destes genótipos são variedades oriundas dos primeiros programas de melhoramento da cultura e deduz-se que passaram por alguma seleção visando a resistência, no entanto, esta pode ter sido quebrada.

4.3.2 Maturação e reação dos genótipos de cana-de-açúcar ao estresse por frio.

As temperaturas do ar observadas nos dois ambientes de estudo obtiveram quedas gradativas nas duas safras (Figura 14) a partir de março até a colheita ocasionando o repouso fisiológico e favorecendo a maturação da cana-de-açúcar. Segundo Silva et al. (2012), na região sul do Brasil a maturação da cana-de-açúcar é induzida principalmente pelo frio, enquanto que nas demais regiões do país é induzida pelo déficit hídrico. Segundo Câmara (1993), é necessário que a temperatura média diária fique abaixo de 21,0 °C, para que ocorra repouso fisiológico e aumento na concentração de sacarose. A cana-de-açúcar armazena sacarose da base para o topo, portanto no início da safra, o terço basal do colmo mostra um teor mais elevado de sacarose do que o terço apical. A medida que a maturação progride, o teor de sacarose tende a se igualar nas partes do colmo e é considerada madura fisiologicamente e pronta para ser processada quando contiver um caldo que contenha no mínimo 18°brix (FERNADES, 2003).

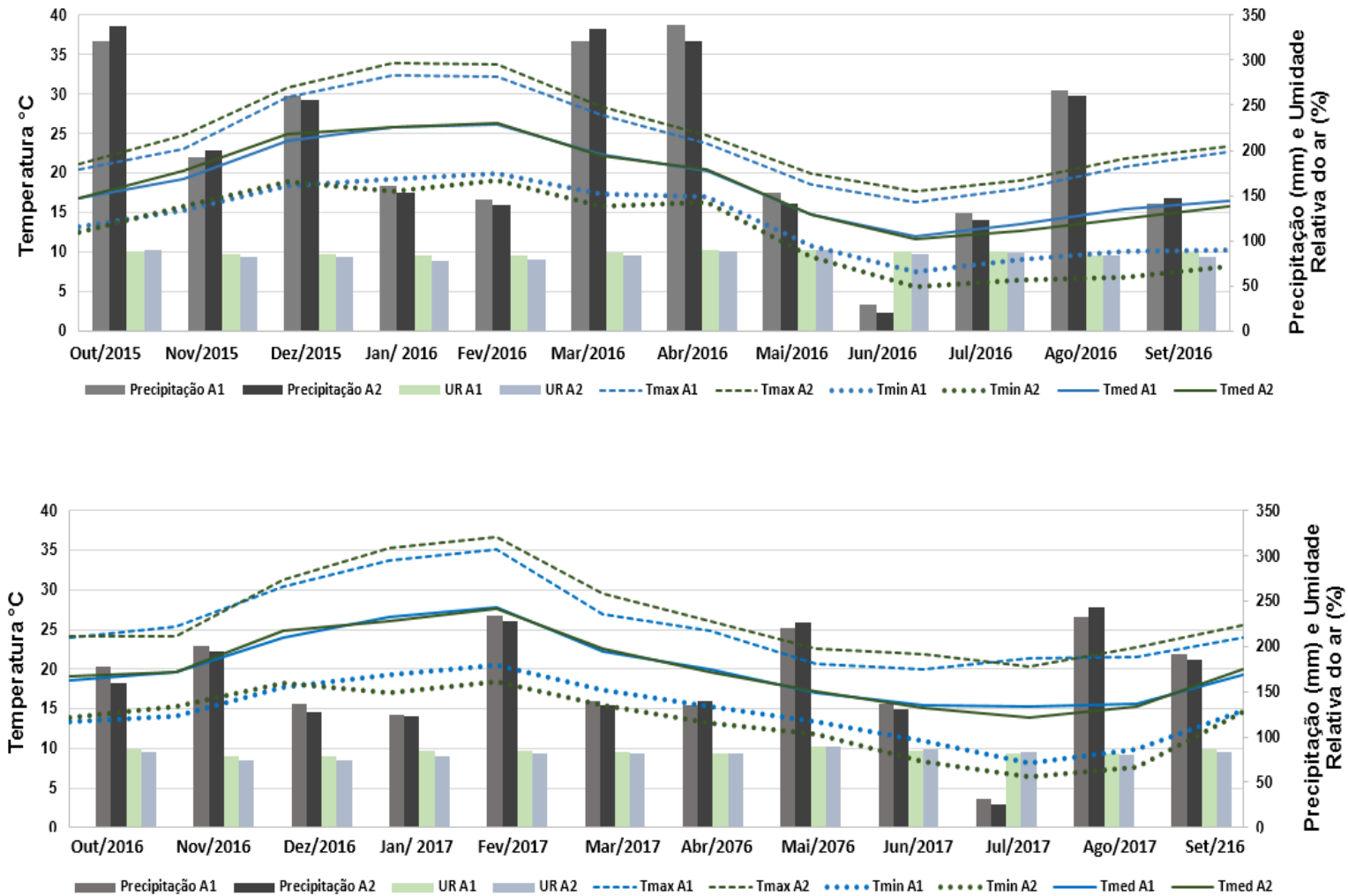


Figura 14 - Médias mensais das temperatura máximas (Tmax), temperaturas mínimas (Tmim) temperaturas médias (Tmed) do ar, precipitação e umidade relativa do ar (UR) mensais coletados nos dois locais de experimento.

Os genótipos apresentaram comportamento distinto em relação ao acúmulo de sólidos solúveis totais, mas não houve interação com os ambientes testados e os ciclos de cana planta e soca. Um grupo de 17 genótipos foram classificados como precoces, nove genótipos como médios e 24 genótipos como tardios (Quadro 4).

Essa variabilidade para o ciclo de maturação encontrada nesta população é uma característica importante para uso no melhoramento da cultura. O conhecimento do potencial de maturação de cada genótipo deve ser considerado na seleção de genitores visando o desenvolvimento de cultivares para o Sul do Brasil. A combinação de genótipos precoces, médios e tardios é fundamental para um escalonamento da colheita proporcionando por mais tempo matéria prima suficiente para o funcionamento da indústria.

A cana-de-açúcar é considerada uma cultura sensível a temperaturas baixas, incluindo resfriamento (baixas temperaturas acima de 0°C) e congelamento (temperaturas abaixo de 0°C induzindo formação de gelo extracelular) (XIN e BROWSE, 2000). Segundo Bacchi e Souza (1978) e Brinholi (1972), a gema apical da cana-de-açúcar congela sob temperatura inferior a 0°C. O dano depende, além da temperatura mínima atingida, do tempo de duração do evento. De forma geral, a morte da gema apical da cana-de-açúcar ocorre quando a temperatura atinge níveis entre -1°C a - 3,3°C. Os danos nas folhas ocorrem com temperaturas entre -2,2 e - 5,0 °C, ocasionando graves prejuízos ou morte das mesmas, no meristema apical os danos ocorrem com temperaturas entre -1,0 e -3,3 °C, levando à morte, enquanto que as gemas laterais morrem com temperaturas em torno de -6,0 °C (BACCHI; SOUZA, 1978; BRINHOLI, 1972).

Nos meses de junho, julho e agosto ocorreram dias em que as temperaturas mínimas do ar ficaram abaixo de 4°C no abrigo e em alguns dias houve a formação de geadas nos dois ambientes e nos dois ciclos de cultivo (Tabela 6 e figura 15). Segundo Wrege et al. (2005), há uma diferença de 3 a 4 graus, entre o abrigo situado a 1,5 metros da superfície, e a relva, ao nível do solo. Assim as temperaturas mínimas no abrigo em torno de 4°C, representam na relva, temperaturas aproximadamente entre 0 e -1°C, sendo capazes de ocasionar geadas e danos à cana-de-açúcar.

O A2 registrou o menor valor de temperatura mínima do ar, - 0,5°C e - 1,0°C nos ciclos de cana planta e cana soca respectivamente e o maior número de dias com temperaturas abaixo de 4 °C (Tabela 6). Neste ambiente, a topografia do

terreno, estando o experimento instalado em uma área baixa e plana, contribuiu para essa situação, já que o ar frio é drenado de locais mais altos para locais mais baixos onde fica acumulado (PEREIRA FILHO et al., 2007).

Tabela 6 - Dias em que ocorreram temperaturas mínimas \leq de 4°C nos dois ambientes de estudo nas safras 2015/2016 (Cana planta) e 2016/2017 (Cana soca).

Data	Cana Planta		Cana Soca	
	Ambiente 1	Ambiente2	Ambiente 1	Ambiente2
04/jun	-	3,5	-	-
06/jun	-	3,4	-	-
07/jun	-	1,8	-	-
08/jun	2,8	2,9	-	-
09/jun	1,1 *	0,3 *	-	-
10/jun	4,0	3,7	-	-
11/jun	4	3,4	-	-
12/jun	3,2	2	-	-
13/jun	2,5 *	-0,5 *	-	-
15/jun	-	3	-	-
17/jun	-	2,6	-	-
18/jun	3,4	1,2	-	-
19/jun	1,6 *	-0,3 *	3	2,4
20/jun	-	2,3	1,7 *	0,8 *
21/jun	-	4	3,8	1,2
02/jul	-	-	2,7	1,2
13/jul	4	2,4	-	-
17/jul	3,2	3,3	3,7	3
18/jul	3,8	2,2	1,2 *	0 *
19/jul	2,7	0,8	2 *	-1 *
20/jul	2 *	0,3 *	3,4 *	0,7 *
21/jul	4	1,5	3,7	0,1
22/jul	2,5 *	-0,4 *	-	-
23/jul	-	2,9	-	-
28/jul	4,2	1,6	-	-
07/ago	-	3,6	-	3,9
08/ago	-	3,8	-	3,3
18/ago	-	2,5	-	3,1
19/ago	-	2	-	-
21/ago	-	-	3,3 *	1 *
23/ago	1,4 *	-0,4 *	-	-
Mínima	1,1	-0,5	1,2	-1
Nº dias	17	29	10	13

*Dias em que ocorreram geadas visíveis; - Temperaturas mínimas acima de 4 °C.



Figura 15 - (A) geada no A1 dia 19 de junho de /2016; (B e C) geada no A2 dia 19 de junho de 2016; (D) geada no A1 dia 19 de julho de 2017; (E e F) geada no A2 dia 19 de julho de 2017.

Conseqüentemente, no ambiente A2 ocorreu o maior número de genótipos com danos no meristema apical (Quadro 4). Muitos genótipos que não apresentaram dano no A1, tiveram danos no A2 em temperaturas mais baixas. Entretanto, a maioria dos genótipos apresentou baixo dano do meristema apical (Nota 2) onde ocorre danos do primórdio foliar, mas não afeta o meristema apical, com exceção para os genótipos CPACT033, CPACT168 e a testemunha tardia RB92579 que apresentaram dano médio (Nota 3, onde já ocorre dano do meristema apical), na safra 2016/2017 no A2, sugerindo maior suscetibilidade desses materiais. Desatacam-se os genótipos CAPCT146, CPACT150, CPACT017 (maturação tardia) e CPACT157 (maturação média) e CPACT032 (maturação precoce) que não apresentaram danos no meristema apical em nenhum dos ciclos nos dois ambientes.

Quadro 4 - Nível de dano do meristema apical e maturação de genótipos de cana de açúcar nas safras 2015/16 (cana planta) e 2016/17 (Cana soca) em dois ambientes de Pelotas, RS.

Genótipo	Dano do meristema apical				Maturação				Genótipo	Dano do meristema apical				Maturação			
	A 1		A2		A 1		A2			A 1	16/17	A2	16/17	A 1		A2	
	15/16	16/17	15/16	16/17	15/16	16/17	15/16	16/17						15/16	16/17	15/16	16/17
CPACT 029	2	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 205	1	2	2	1	T	T	T	T
CPACT 030	1	1	1	2	P	P	P	P	CPACT 162	2	2	2	2	M	M	M	M
CPACT 032	1	2	1	1	P	P	P	P	CPACT 168	2	2	2	3	M	M	M	M
CPACT 033	1	1	2	3	P	P	P	P	CPACT 049	1	1	1	2	T	T	T	T
CPACT 038	1	1	2	2	P	P	P	P	CPACT 055	1	2	1	2	T	T	T	T
RB855156	1	1	2	1	P	P	P	P	CPACT 073	1	2	1	2	T	T	T	T
CPACT 056	2	2	2	1	P	P	P	P	CPACT 158	1	1	2	2	T	T	T	T
CPACT 085	1	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 165	2	1	2	2	T	T	T	T
CPACT 025	2	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 181	1	1	2	2	T	T	T	T
CPACT 083	1	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 004	1	2	1	2	T	T	T	T
CPACT 131	2	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 012	1	2	2	1	T	T	T	T
CPACT 009	2	2	2	2	P	P	P	P	RB92579	2	2	2	3	T	T	T	T
CPACT 169	1	2	1	2	P	P	P	P	CPACT 017	1	1	1	1	T	T	T	T
CPACT 203	1	1	2	2	P	P	P	P	CPACT 036	1	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 101	1	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 040	2	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 130	2	1	2	2	P	P	P	P	CPACT 070	1	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 043	1	2	2	2	M	M	M	M	CPACT 092	1	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 044	1	2	1	2	P	P	P	P	CPACT 109	1	1	2	1	T	T	T	T
CPACT 024	1	2	2	2	P	P	P	P	RB867515	2	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 053	2	2	2	2	M	M	M	M	CPACT 110	1	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 204	1	2	1	2	M	M	M	M	CPACT 137	2	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 206	2	2	1	1	M	M	M	M	CPACT 150	1	1	1	1	T	T	T	T
CPACT 069	2	2	1	2	M	M	M	M	CPACT 155	2	2	2	1	T	T	T	T
BR966928	2	2	2	2	P	P	P	P	CPACT 175	2	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 157	1	1	1	1	M	M	M	M	CPACT 194	1	2	2	2	T	T	T	T
CPACT 176	2	2	2	2	T	T	T	T	CPACT 200	1	F	2	2	T	T	T	T
CPACT 019	2	1	2	2	M	M	M	M	CPACT 146	1	1	1	1	T	T	T	T

P (Precoce); M (Médio); T (Tardio)

A testemunha precoce RB926928 e a tardia RB867515 apresentaram nota 2 em ambos os ambientes nas duas safras, já a testemunha tardia RB925759 obteve nota 2 nos dois ambientes, no entanto na safra 16/17 apresentou nota 3 no A2. A testemunha precoce RB855156 apresentou dano no meristema apical somente no A2 na safra 15/16, sugerindo boa tolerância ao frio, conforme citada por Veríssimo et al. (2012) e Silva et al. (2012) como sendo de alta tolerância ao estresse por frio.

Para a região Sul do Brasil, é importante que genótipos de ciclo médio e tardio tenham boa tolerância ao frio, pois são estes que enfrentarão por mais tempo as baixas temperaturas. Neste sentido, destacam-se os genótipos CPACT 017, 146, 150, 157 de maturação tardia e não tiveram dano no meristema apical nos dois ambientes. Maior atenção deve ser dada na seleção destes grupos de genótipos, tanto por parte dos produtores, quanto dos programas de melhoramento da cultura.

Esses resultados não são suficientes para classificar os genótipos em estudo como tolerantes ou sensíveis ao frio. As temperaturas mínimas registradas neste estudo não causaram danos altos nos genótipos, entretanto, é necessário avaliar o comportamento destes genótipos em outras regiões do estado onde as temperaturas mínimas costumam ser inferiores as registradas no município de Pelotas durante as safras avaliadas, além da avaliação de outros parâmetros como a qualidade do caldo.

4.3.3 Produtividade de genótipos de cana-de-açúcar em dois ambientes

Os genótipos de maturação precoce, foram avaliados quanto à produtividade separadamente dos genótipos com maturação média e tardia, uma vez que a colheita foi realizada em épocas diferentes. Com a aplicação do teste F na análise da variância, identificou-se a significância da interação trifatorial (Genótipos x Ambiente x Ciclos de produção) para as duas variáveis avaliadas (TCH e TBH) em ambos os grupos de maturação. Assim, os efeitos isolados dos fatores foram desconsiderados e analisaram-se detalhadamente as interações.

As temperaturas médias do ar durante o período de perfilhamento e crescimento da cana-de-açúcar estiveram dentro da faixa ideal para crescimento vegetativo da cultura que é entre 20,0 e 30,0 °C conforme Marin et al. (2009), nos

dois ambientes estudados e nos dois ciclos de cultivo principalmente entre os meses de novembro a março. Em geral as temperaturas máximas do ar, não ultrapassaram os limites térmicos da cultura nos dois ambientes e nos dois ciclos de cultivo (Figura 14). Já as temperaturas mínimas do ar foram mais baixas no A2 nos dois ciclos de cultivos avaliados, enquanto que a temperatura máxima foi mais alta no A2, portanto uma maior amplitude de variação.

Não houve grandes diferenças de precipitação entre os ambientes (Figura 14), no entanto, na safra 2015/2016 ocorreu uma maior precipitação (A1 2.462 mm e A2 2.433 mm) em relação à safra 2016/2017 (A1 1.962 mm e A2 1.918 mm) principalmente nos meses de outubro, dezembro, fevereiro, março e abril onde a cana estava em crescimento vegetativo. Os meses com menor ocorrência de precipitação foram junho em cana planta e julho em cana soca, o que não interferiu na produtividade dos genótipos visto que estavam já em fase de maturação e a escassez de água pode favorecer este processo. Os dois ambientes tiveram precipitações dentro do recomendado para a cultura que conforme Ometto (1980), é em média de 1.500 a 2.500 mm de chuva (dependendo da variedade e região de cultivo ao redor da Terra), os quais devem ser subdivididos de acordo com a demanda durante o crescimento.

Na tabela 7 estão apresentados os valores de TCH e TSSTH dos genótipos de maturação precoce. Verifica-se que em ciclo de cana planta, no A1, os valores de TCH variaram de 36,2 a 102,8 t ha⁻¹ e no A2, variaram de 50,8 a 136,8,1 t ha⁻¹. No A1 os genótipos CPACT033, CPACT025, CPACT203 e a testemunha RB855156 constituíram o grupo de maior produtividade, acima de 90 t ha⁻¹, para este parâmetro. No A2 os genótipos CPACT033, CPACT025, CPACT203, CPACT029, CPACT030, CPACT056, CPACT025 e a testemunha RB855156 constituíram o grupo de maior produtividade, acima de 125 t ha⁻¹ no A2. A testemunha RB966928 juntamente com os genótipos CPACT056 e CPACT009 no A1 e com o CPACT083, CPACT130 e CPACT044 no A2 formaram o segundo grupo mais produtivo com produtividade igual ou acima da média nacional que é de 72,5 t há⁻¹.

Tabela 7 - Produtividade de genótipos de cana-de-açúcar de ciclo precoce cultivados em dois ambientes no município de Pelotas, RS na safra 2015/1016 (cana planta) e 2016/2017 (cana soca).

Genótipo	Tonelada de colmos por hectare				Tonelada de sólidos solúveis totais por hectare			
	Cana Planta		Cana Soca		Cana Planta		Cana Soca	
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
RB966928	77,83 b B	111,88 b A	138,87 a B	180,64 c A	15,36 c B	22,63 a A	28,20 a B	34,74 c A
RB855156	102,85 a B*	125,10 a A	108,46 b B	241,15 a A	20,66 a A*	22,64 a A	21,52 b B	47,13 a A
CPACT 029	65,27 c B	134,87 a A	84,25 c B	210,45 b A	13,05 c B*	25,54 a A	16,51 c B	41,26 b A
CPACT 030	69,63 c B	122,49 a A	124,24 a B	181,18 c A	14,85 b B	24,02 a A	25,31 a B	36,30 c A
CPACT 032	59,48 c B*	90,59 c A*	73,90 c B	104,07 f A	10,05 d B*	15,70 c A*	14,60 c B	19,09 f A
CPACT 033	92,67 a B	126,87 a A	112,10 b B	206,71 b A	18,14 a B	22,78 a A	22,59 b B	40,04 b A
CPACT 038	54,45 d A	64,48 d A	101,21 b B	163,37 d A	10,16 d A	10,33 d A	20,01 b B	31,31 c A
CPACT 056	86,26 b B	127,68 a A	111,92 b B	178,15 c A	21,29 a A*	25,01 a A	21,88 b B	34,89 c A
CPACT 085	49,72 d B	84,92 c A	110,85 b B	154,41 d A	9,49 d B	16,53 c A	21,90 b B	28,73 d A
CPACT 025	90,09 a B	136,86 a A	112,64 b B	217,95 b A	18,08 a B	23,96 a A	23,35 b B	42,07 b A
CPACT 083	36,20 e B	101,75 b A	126,16 a B	191,53 c A	7,05 e B	19,64 b A	25,31 a B	36,97 c A
CPACT 131	65,18 c B*	91,26 c A	67,44 d B	115,49 f A	12,77 c B*	17,69 c A	12,92 d B	22,68 e A
CPACT 009	78,84 b B	131,85 a A	134,41 a B	177,20 c A	15,46 b B	24,56 a A	26,55 a B	32,24 c A
CPACT 169	57,87 c A	62,19 d A	107,10 b B	150,34 d A	10,59 d A	12,35 d A	21,20 b B	29,60 d A
CPACT 203	91,09 a B	126,37 a A	126,38 a B	178,65 c A	19,46 a B	25,13 a A	26,17 a B	35,88 c A
CPACT 101	66,23 c B	96,78 c A	137,48 a A	139,05 e A	12,53 c B	17,91 c A	28,76 a A	26,96 d A
CPACT 130	68,86 c B	107,45 b A	103,71 b B	181,89 c A	12,99 d B	19,77 b A	21,26 b B	34,46 c A
CPACT 044	69,23 c B	106,13 b A	113,17 b B	152,62 d A	11,71 c B	17,60 c A	21,45 b A	25,33 d A
CPACT 024	44,45 e A*	50,88 d A	57,12 d B	88,15 f A	8,89 e A*	10,98 d A	11,44 d B	17,58 f A
Média	69,80	105,28	107,97	169,10	13,82	19,72	21,63	32,48
C.V. %	9,05				7,37			

Médias seguidas por letras minúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de scott Knott a 5%. Médias seguidas por letras maiúsculas na linha não diferem entre os ambientes no mesmo ciclo pelo teste de scott Knott a 5%. * não diferem entre si entre os ciclos dentro do mesmo ambiente pelo teste de scott Knott a 5%.

No ciclo de cana soca, no A1 os valores de TCH variaram de 52,12 a 138,87 t ha⁻¹. Os genótipos CPACT030, CPACT083, CPACT009, CPACT203 e CPACT101 e a testemunha RB966828 constituíram o grupo mais produtivo, acima de 112 t ha⁻¹. Já no A2, a testemunha RB8551556 superou todos os demais genótipos com produtividade de 241,15 t ha⁻¹. Os genótipos CPACT029, CPACT033, e CPACT025 formaram o segundo grupo de genótipos mais produtivos superando a testemunha RB966928, com produtividade acima de 206 t ha⁻¹. Os demais genótipos variaram de 88,15 a 191,53 t ha⁻¹.

A maioria dos genótipos de ciclo precoce foram mais produtivos no A2, nos dois ciclos de cultivo, exceto os genótipos CPACT038, CPACT169 e CPACT024 que não diferenciaram entre os ambientes no ciclo de cana planta e o genótipo CPACT101 que não diferiu entre os ambientes em cana soca. Também se observa que para a maioria dos genótipos a maior produtividade ocorreu em ciclo de cana soca, exceto o CPACT032, CPACT131 e o CPACT024 que não diferiram entre os ciclos no A1. O CPACT024 apresentou a menor produção nos dois ambientes e nos dois ciclos de cultivo. No A2, em cana soca todos os genótipos, com exceção do CPACT024 obtiveram produtividade acima e 100 t ha⁻¹ o que evidencia o grande potencial destes materiais.

Os genótipos precoces também apresentaram variabilidade para a produtividade de tonelada de sólidos solúveis totais (TSST), sendo que os que obtiveram maior produção de TCH também foram os que apresentaram maiores médias para TSST. Em ciclo de cana planta no A1, o TSSTH variou de 8,89 a 20,66 t h⁻¹ e no A2 variou de 10,33 a 25,13 t h⁻¹. Em ciclo de cana soca, no A1 variou de 11,44 a 28,76 t h⁻¹ e no A2 de 17,58 a 47,13 t ha⁻¹. Observa-se que no A2 no ciclo de cana soca foi onde obteve-se os maiores valores para esse parâmetro. Antunes (2015), obteve produtividades entre 16,2 e 23,4 t ha⁻¹ para TSSTH, avaliando 12 clones precoces em nove ambientes da região noroeste do estado do Rio Grande do Sul.

Na tabela 8 estão apresentados os valores de TCH e TSSTH dos genótipos de maturação médio e tardia.)

Tabela 8 - Produtividade de genótipos de cana-de-açúcar de médio-tardio cultivados em dois ambientes no município de Pelotas, RS na safra 2015/2016 (cana planta) e 2016/2017 (cana soca).

Genótipo	Tonelada de colmos por hectare				Tonelada de sólidos solúveis totais por hectare			
	Cana Planta		Cana Soca		Cana Planta		Cana Soca	
	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2	Ambiente 1	Ambiente 2
RB92579	88,75 b B*	170,52 a A	193,00 c B	229,55 c A	16,42 b B*	24,01 b A	34,98 d B	41,74 b A
RB867515	76,55 c B	111,03 d A*	205,28 c A	215,63 c A	13,93 c B	20,24 c A	37,61 c A	39,05 c A
CPACT 043 M	73,85 c B	109,34 d A	185,11 d B	260,61 b A	13,80 c B	19,13 c A	35,86 c A	38,82 c A
CPACT 053 M	101,35 a B	139,95 b A	156,72 e B	225,45 c A	18,91 a B	28,20 a A	30,76 d B	40,86 b A
CPACT 204 M	69,08 c B*	127,99 c A	81,93 h B	152,87 f A	13,38 c B*	27,28 a A*	16,55 f B	28,78 e A
CPACT 206 M	110,64 a A	126,74 c A	193,49 c A	186,36 d A	20,71 a A	24,75 b A	39,97 b A	36,45 c A
CPACT 069 M	75,86 c B	107,85 d A	159,87 e B	195,64 d A	12,62 c B	18,22 c A	27,24 e B	35,82 d A
CPACT 157 M	99,45 a A	104,25 d A	218,49 b B	256,15 b A	18,73 a A	18,36 c A	43,24 b A	45,63 b A
CPACT 176 T	79,79 b B	148,51 b A	192,96 c A	161,01 f B	14,20 c B	26,49 a A	37,68 c A	39,36 c A
CPACT 019 M	73,19 c A	78,54 f A	190,82 c A	179,32 e A	12,78 c A	14,40 d A	38,46 c A	34,00 d A
CPACT 205 T	91,39 b A	87,65 e A	376,99 a A	292,15 a B	16,15 b A	13,91 e A	75,55 a A	42,41 b B
CPACT 162 M	68,01 c B	108,24 d A	106,89 g B	127,63 g A	13,31 c B	20,61 c A	20,03 f B	25,97 f A
CPACT 168 M	79,97 b B	98,71 e A	146,91 f A	155,65 f A	15,39 b B	20,05 c A	30,76 d A	31,83 d A
CPACT 049 T	115,05 a A*	115,35 d A	116,03 g B	219,02 c A	20,48 a A*	17,99 d A	22,42 e B	44,01 b A
CPACT 055 T	52,84 d B	91,39 e A	94,61 h B	193,14 d A	9,57 d B	17,58 d A	16,70 f B	38,41 c A
CPACT 073 T	106,57 a A*	106,03 d A	105,50 g B	152,44 f A	18,93 a A*	20,14 c A	19,68 f B	27,01 e A
CPACT 158 T	102,46 a A	119,60 c A	143,34 f B	180,32 e A	18,62 a A	21,06 c A	24,69 e B	29,05 e A
CPACT 165 T	103,35 a B	144,05 b A	196,71 c B	219,02 c A	18,39 a B	26,10 a A	36,28 c A	37,57 c A
CPACT 181 T	82,29 b B	142,45 b A	171,01 d A	162,44 f A	15,32 b B	24,60 b A	32,88 d A	30,03 e A
CPACT 004 T	101,85 a A	85,15 e A	130,13 f B	178,32 e A	17,61 b A	15,93 d A	25,44 e B	32,30 d A
CPACT 012 T	96,03 b A*	98,89 e A	106,57 g B	138,88 g A	16,94 b B*	20,47 c A*	19,38 f B	24,72 f A
CPACT 017 T	56,55 d B	74,62 f A	81,79 h B	114,95 h A	8,92 d B	12,19 e A	16,54 f B	20,48 g A
CPACT 036 T	62,12 c B	99,61 e A*	110,49 g A	113,71 h A	10,98 d B	15,39 d A	19,24 f A	20,54 g A
CPACT 040 T	65,15 c B	123,70 c A	160,83 e B	299,88 a A	13,09 c B	25,66 a A	32,43 d B	62,52 a A
CPACT 070 T	75,15 c A	65,51 f A	112,64 g A	110,67 h A	11,86 c A	11,69 e A	18,88 f A	19,37 g A
CPACT 092 T	73,72 c B	124,60 c A	105,68 g B	220,99 c A	12,71 c B	19,45 c A	21,98 e B	38,58 c A
CPACT 109 T	114,60 a A	73,54 f B	179,57 d A	159,94 f B	20,48 a A	13,77 e B	34,86 d A	29,52 d B
CPACT 110 T	67,55 c A	87,93 e A	117,46 g B	139,95 g A	10,07 d B	14,67 d A	21,01 f B	26,62 e A
CPACT 137 T	67,30 c B	104,78 d A	134,41 f B	231,87 c A	11,00 d B	16,90 d A	23,15 e B	39,48 c A
CPACT 150 T	79,26 b B	176,00 a A	164,94 e B	228,48 c A	15,18 b B	27,03 a A	30,85 d B	40,37 b A
CPACT 155 T	53,02 d B	114,17 d A	117,81 g B	188,14 d A	8,81 d B	20,25 c A	22,98 e B	31,70 d A
CPACT 175 T	106,50 a A	123,49 c A	179,68 d A	193,85 d A	18,73 a A	18,82 c A	33,96 d A	35,24 d A
CPACT 194 T	53,91 d B	98,18 e A	105,14 g B	152,80 f A	9,57 d B	16,49 d A	18,86 f B	28,11 e A
CPACT 200 T	45,96 d B	140,30 b A*	94,32 h B	147,08 f A	7,26 d B	24,41 b A*	18,32 f B	27,61 e A
CPACT 146 T	108,89 a A	100,50 d A	224,38 b A	218,34 c A	19,39 a A	17,84 d A	42,71 b A	39,79 c A
Média	82,43	112,32	150,35	186,32	14,69	19,83	29,20	34,39
CV %			8,51				11,65	

Médias seguidas por letras minúsculas iguais na coluna não diferem entre si pelo teste de scott Knott a 5%. Médias seguidas por letras maiúsculas na linha não diferem entre os ambientes no mesmo ciclo pelo teste de scott Knott a 5%. * não diferem entre si entre os ciclos dentro do mesmo ambiente pelo teste de scott Knott a 5%.

M (médio) T (Tardio).

Em ciclo de cana planta, os valores de TCH variaram de 45,96 a 115,05 no A1 e de 65,51 a 176,00 no A2. Os genótipos CPACT053, CPACT206, CPACT157, CPACT049, CPACT073, CPACT158, CPACT165, CPACT004, CPACT109, CPACT175 e CPACT146 constituíram o grupo mais produtivo para este parâmetro, acima de 99,45 t h⁻¹ no A1, superando as testemunhas. Somente cinco genótipos tiveram produtividade abaixo das testemunhas neste ambiente. Já no A2, o genótipo CPACT150 e a testemunha RB92579 foram os mais produtivos em TCH, acima de 170,52 t h⁻¹. Também se observa que 18 genótipos não diferenciaram ou superaram a testemunha RB867515 com valores entre 100,50 e 224,38 t h⁻¹. Um grupo de 19 genótipos (57%) teve maior produtividade no A2, inclusive as duas testemunhas e 13 genótipos não diferenciaram entre os ambientes.

Em ciclo de cana soca, os valores de TCH variaram de 81,79 a 376,99 no A1 e de 110,67 a 299,88 no A2. O genótipo CPACT205 foi mais produtivo para este parâmetro no A1 e juntamente com os genótipos CPACT157 e CPACT146 (segundo grupo mais produtivo) superaram as testemunhas com produtividade acima de 218,49 t h⁻¹. Os genótipos CPACT206, CPACT176, CPACT019 e CPACT165 não diferiram das testemunhas. No A2, os genótipos CPACT205 e o CPACT040 foram os mais produtivos em TCH e juntamente com o CPACT053 e CPACT157 superaram as testemunhas com produtividade acima de 256,15 t h⁻¹. Os genótipos CPACT053, CPACT049, CPACT165, CPACT092, CPACT137 e CPACT150, CPACT146 não diferiram das testemunhas. Os genótipos CPACT176 e CPACT205 foram mais produtivos no A1, oito genótipos não diferiram entre os ambientes e 22 (66%) foram mais produtivos no A2. Destaca-se o genótipo CPACT109 que foi mais produtivo no A1 nos dois ciclos de cultivo.

Os genótipos CPACT206, CPACT019, CPACT070, CPACT175 e CPACT146 que não diferiram entre os ambientes nos dois ciclos de produção evidenciando uma maior estabilidade destes materiais.

Os genótipos médios e tardios também apresentaram variabilidade para a produtividade de tonelada de sólidos solúveis totais (TSSTH). Em ciclo de cana planta no A1, o TSSTH variou de 7,26 a 20,71 t h⁻¹ e no A2 variou de 11,69 a 28,20 t h⁻¹. Em ciclo de cana soca, no A1 variou de 16,54 a 75,55 t h⁻¹ e no A2 de 19,37 a 62,52 t ha⁻¹. Os genótipos que obtiveram maior produção de TCH também foram os que apresentaram maiores médias para TSSTH.

Em cana soca nos dois ambientes todos os genótipos apresentaram boa ou excelente produção de TCH e TSSTH, muito acima da média nacional, evidenciando o potencial produtivo destes materiais embora havendo diversidade entre eles. Antunes et al. (2016) obteve produtividades entre 106,8 e 130,6 t ha⁻¹ para TCH e entre 20,1 e 23,8 t ha⁻¹ para TSSTH, avaliando 12 clones médio-tardios em nove ambientes na região noroeste do estado do Rio Grande do Sul.

A maioria dos genótipos tanto precoces como médios e tardios, apresentaram maior produtividade de TCH e TSSTH em ciclo de cana soca. Segundo Matsuoka (1996), a produtividade em cana soca tende a ser maior do que em cana planta, devido à maior reserva nas soqueiras, o que acelera a velocidade de brotação e formação de perfilhos. Vale ressaltar que no mês de outubro de 2015, logo após o transplante das mudas ocorreu um excesso de água no solo devido à grande quantidade de chuva que ocorreu na região (Figura 14) e o excesso de água pode ter prejudicado desenvolvimento radicular ou a falta de aeração adequada para o sistema radicular da cultura. A falta adequada de oxigênio no sistema radicular da cana-de-açúcar pode promover menor desenvolvimento radicular e redução na absorção de água e nutrientes prejudicando o desenvolvimento e crescimento (HUMBRET, 1968). Também é importante ressaltar que, houve atrasos na limpeza dos experimentos, nos primeiros meses após o transplante das mudas (Figura 16), causando competição com as plantas daninhas e atrasando o desenvolvimento inicial da cana o que pode ter ocasionado uma menor produtividade em relação ao ciclo de cana soca.

Conforme o resultado da análise química do solo nos ambientes (Tabelas 9 e 10), no A1 a adubação que foi realizada estava de acordo com o recomendado para a cultura, no entanto, no A2 não havia necessidade de adubação de fósforo e potássio, visto que a quantidade residual no solo estava alta, mesmo assim a adubação foi realizada de forma igual ao A1. Assim, esse fato pode ter influenciado na maior produtividade da maioria dos genótipos neste ambiente, visto que estes são macro nutrientes que mais influenciam na produção de cana-de-açúcar depois do nitrogênio (VITTI e MAZZA, 2002; MALAVOLTA, 2006). Outros fatores como tipo de solo e temperatura podem ter influenciado no melhor desempenho de genótipos neste ambiente.

De forma geral a maioria dos genótipos de ciclo precoce médio ou tardio apresentaram bom ou excelente potencial produtivo, principalmente em cana soca no A2, existindo variabilidade entre eles e que pode ser explorada para fins de melhoramento da cultura. Segundo Borém et al. (2017), a produtividade de um genótipo está em função da genética, ambiente e interação genética X ambiente. A busca por genótipos mais produtivos e tolerantes a estresses biótico e a abióticos são as principais características buscadas em programas de melhoramento genético de uma cultura.

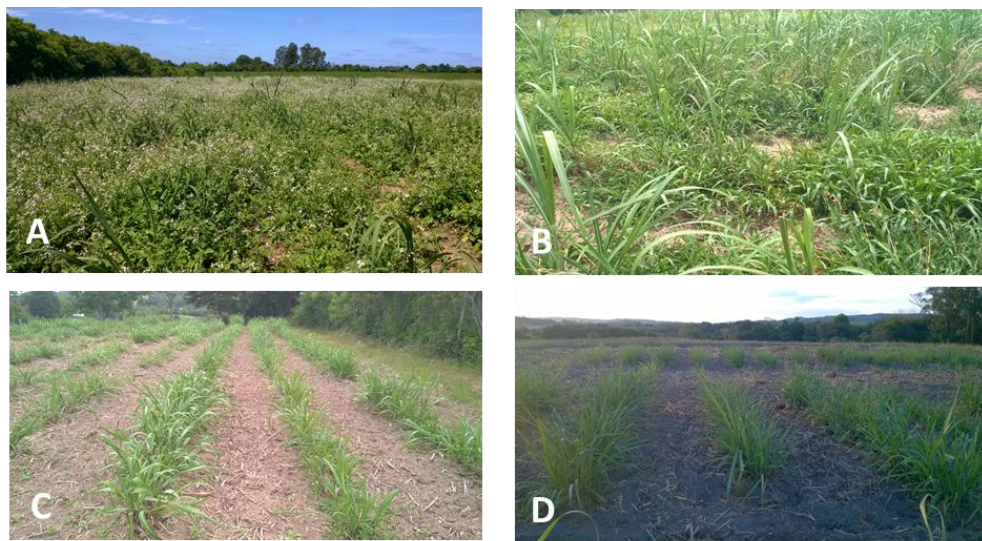


Figura 16 - Experimento A1 (A) e A2 (B) aos três meses após o transplante das mudas ao campo. Experimento A1 (C) e A2 (D) aos três meses após a colheita da cana planta.

Tabela 9 - Análise química do solo no ambiente 1.

pH água	índice SMP	Classe Textural	Argila %	M.O.	P	K	Na	S	Ca	Mg	H+Al	Al
		%.....	mg.dm ⁻³cmol _c .dm ⁻³				
5,32	6,03	3	26	2,7	7,7	35,2	-	-	2,8	1,5	4,2	4,6

Tabela 10 - Análise química do solo no ambiente 2.

pH água	índice SMP	Classe Textural	Argila %	M.O.	P	K	Na	S	Ca	Mg	H+Al	Al
		%.....	mg.dm ⁻³cmol _c .dm ⁻³				
5,34	5,93	4	11	1,8	82,7	189,7	-	-	1,9	0,8	4,7	11,1

4.4 Conclusão

Há variabilidade entre os genótipos de cana-de-açúcar da coleção da Embrapa Clima Temperado para características de interesse agrônomo como tolerância a estresses bióticos e abióticos, ciclo de maturação e produtividade. Há genótipos com excelente potencial produtivo os quais superam as testemunhas RBs, podendo ser indicados para uso direto pelos agricultores.

5 Considerações finais

A caracterização desta coleção de genótipos de cana-de-açúcar mostra que há variabilidade para todas as características avaliadas. Estes genótipos podem ser utilizados para a formação de um banco de germoplasma e para utilização em futuros trabalhos de melhoramento genético da cultura. Entretanto, sugere-se que essa coleção seja avaliada em mais ambientes do estado do Rio Grande do Sul, a fim de uma melhor caracterização da adaptação, potencial produtivo e estabilidade, visto que a maioria das variáveis avaliadas sofrem interferência ambiental.

Os dados gerados neste trabalho podem auxiliar na identificação de possíveis genitores para serem utilizados em cruzamentos a fim de desenvolver genótipos superiores, proporcionar maiores ganhos de seleção e rendimento. Além de contribuir para a conservação de variedades antigas de cana-de-açúcar, uma vez que são cultivadas há muitos anos no Sul do Brasil e são recursos genéticos importantes ainda em uso pelos agricultores. A medida que novas variedades de cana são introduzidas no mercado a tendência é de os agricultores deixarem de cultivar as variedades antigas, perdendo-se assim importantes recursos genéticos.

6 Referências Bibliográficas

ALMEIDA, C.M.C.V.; DIAS, L.A.S.; OKABE, E.T.; MEDEIROS, J.R.P. Variability in genetic resources of cacao. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Rondonia. V.5, n.3, p. 318-324. 2005.

ALMEIDA, S. N. C.; THIEBAUT, J. T. L.; GRAVINA, G. de A.; ARAÚJO, L. C.; DAHER, R. F. Avaliação de características morfológicas e agronômicas de linhagens de feijão-de-vagem em Bom Jesus do Itabapoana-RJ, com potencial de recomendação. **Vértices**, v.16, n.1, p. 39-50, 2014.

ANDREOTTI, M.; SORIA, J. E.; COSTA, N. R.; GAMEIRO, R. A.; REBONATTI, M. D. Acumulo de nutrientes e decomposição do palhiço de cana em função de doses de vinhaça. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 31, n. 2, p. 563-576, 2015.

ANTUNES, William Rodrigues. **Desempenho de genótipos de cana-de-açúcar em cinco locais do Rio Grande do Sul**. 2015. 88 f. Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2015.

ANTUNES, W. R.; SCHÖFFEL, E. R.; DOS ANJOS, S. D.; EICHOLZ, E.; HÄRTER, A. Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 2, p. 142-148, 2016.

AMORIM, L.; BERGAMIN-FILHO, A.; SANGUINO, A.; CARDOSO, C.; MORAES, V.A.; FERNANDES, C.R. Metodologia de avaliação da ferrugem da cana-de-açúcar (*Puccinia melanocephala*). **Boletim Técnico Copersucar**. São Paulo:Copersucar, v.39, n.1, p.13-16, 1987.

AMORIM, E. P.et al. Variabilidade genética estimada entre diplóides de banana por meio de marcadores microssatélites. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 08, p. 1045-1052, 2008.

ANP – Agência Nacional do Petróleo. Anuário **Estatístico Brasileiro de Petróleo, Gás Natural e Biocombustíveis** de 2010. Disponível em: <http://www.anp.gov.br/?pg=31286#Se__o_4>. Acesso em: 21 dez. 2014.

ARCENEUX, G. Cultivated sugarcane of the world and their botanical derivation. In: Congress of the international society of sugar cane technologists. San Juan, Amsterdam, Ed. **Elsevier**, 1967, p.844-854.

ARTSCHWAGER, E.; BRANDES, E.W. Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.): origin, classification, characteristics, and descriptions of representative clones. **Agriculture Handbook** Washington: Agricultural Research Service, Crops Research Division. n.122.1958.

AVILA, R. da R. **Produção de cana-de-açúcar para o desenvolvimento econômico do RS**. 2011. Disponível em: <<https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/49170/000826065.pdf?sequence=1>>. Acesso em: 18 abr. 2018.

AZEVEDO, V. C. R. Manual de curadores de germoplasma – Vegetal: Caracterização molecular. **Documentos, 314**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2010. 17p.

BARROSO, V.L. M. **Moendas caladas: Açúcar Gaúcho S.A. – AGASA: um projeto popular silenciado: Santo Antônio da Patrulha e Litoral Norte do Rio Grande do Sul (1957-1990)**. 2006. 733 f. Tese (Doutorado em história) Programa de Pós-Graduação em História, Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul. Porto ALEGRE, 2006.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 5.ed. Viçosa: UFV, 2009. 529p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7ª ed. Viçosa: Ed. UFV, 2017. 543 p.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. Introdução à Análise de Agrupamentos. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, **Anais...**, 105p. 1990.

BACCHI, O. O. S.; SOUZA, J. A. G. C. Minimum threshold temperature for sugarcane growth. In: Congress of the international society of sugarcane technologists, London. **Anais**. v. 2, p.1733-1741. 1978.

BRINHOLI, O. **Resistência ao frio de diferentes variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*)**. 1972. 92 f. Tese (Doutorado) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, 1972.

BROWN, J. S.; SCHNELL, R.; POWER, E.; DOUGLAS, S. L.; KUHN, D. N. Analysis of clonal germplasm from five *Saccharum* species: *S. barberi*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. sinense* and *S. spontaneum*. A study of inter-and intra species relationships using microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, n. 3, p. 627-648, 2007.

BRUNINI, O. Ambientes climáticos e exploração agrícola da cana-de-açúcar. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas: IAC, 2008. p.205-218.

CAMPOS, A. L. de, ZACARIAS, A. J. I. et al. Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso. **Revista Trópica**. V. 4, N. 2, p. 44, 2010.

CÂMARA, G. M. S. Ecofisiologia da cana-de-açúcar. In: CÂMARA, G. M. S.; OLIVEIRA, E. A. M. **Produção de cana-de-açúcar**. Piracicaba: FEALQ, 1993. p.31-64.

CLAYTON, W. D.; DANIELS, C. A> Geographical, historical and cultural aspect of the Indian and Chinese sugarcane *S. barberi* ad *S. sinensis*. **ISSCI Sugarcane Breeding Newsletter**, Mackknade, v. 36, p4-23, 1975.

COELHO, W. L. V.; SILVA, F. S.; DALLACORT, R.; CARNEIRO, P. A. V. Análise do potencial de geração de energia elétrica a partir dos resíduos do setor sucroenergético no estado de Mato Grosso em diferentes cenários produtivos. **Revista Brasileira de Energias Renováveis**, v.5, n.2, p.332-351, 2016.

CONAB |2018 **acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar** | v. 5 - Safra 2018/19, n.1 - Primeiro levantamento, mai. de 2018. Disponível em www.conab.gov.br acesso em out. 2018. ISSN: 2318-7921.

CONCEIÇÃO, A. L. da S.; SILVA, M. dos S.; SANTOS, C.C. dos.; ARAUJO, G. de M.; MOREIRA, R. F. C. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de tabaco (*Nicotiana tabacum* L.) tipo broad leaf por meio de

marcadores fenotípicos. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.10, n.19; p. 2014.

CORDEIRO, G.M., PAN, Y.B., HENRY, R.J. Sugarcane microsatellites for the assessment of genetic diversity in sugarcane germplasm. **Plant Science** . v. 165, n. 1, p. 181–189, 2003.

COSTA LV; BENTES JLS; LOPES MTG; ALVES SRM; VIANA JÚNIOR JM. Caracterização de acessos de pimentas do Amazonas. **Horticultura Brasileira**, v. 33. n.3. 2015.

CRESTE, S.; SANSOLI, D.; TARDIANI, A.; SILVA, D.; GONÇALVES, F.; FAVERO, T.; MEDEIROS, C.; FESTUCCI, C.; CARLINI-GARCIA, L.; LANDELL, M. Comparison of AFLP, TRAP and SSRs in the estimation of genetic relationships in sugarcane. **Sugar Tech**, v. 12, n. 2, p. 150-154, 2010.

CRONQUIST, A. **Na integrated system of classification of flowering plants**. New York: Columbia University Press, 1981. 1262 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2 Ed.** Viçosa: Ed. UFV, 1997. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª ed.** Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, L. R., GERASEEV, L. C., do CARMO, T. D., SANTOS, L. D. T., BARBOSA, E. A., COSTA, G. A., dos SANTOS JUNIOR, A. Características agrônômicas e composição bromatológica de variedades de cana-de-açúcar **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 30, n. 6, p. 1779-1786, 2014

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

DICE, L.R.. Measures of the amount of ecological association between species. **Ecology**, Washington, v.26, n.3, p.297-307, 1945.

DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. de A. **Canade-açúcar**. Campinas: Instituto Agronômico. 2008.

DUTRA FILHO, J. de A.; MELO, L. J. O. T.de.; RESENDE, L. V.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J. da A.; BASTOS, G. Q. Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. **Ciência Agrônômica**, v. 42, n. 1, p. 185-192, 2011.

DUTRA FILHO, J. A.; RESENDE, L. V. BASTOS, G.Q.; SIMÕES NETO, D. E.; MACHADO, P. R. Utilização de marcadores moleculares RAPD e EST's SSR para estudo da variabilidade genética em cana-de-açúcar. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 44, n. 1, p. 141-149, 2013.

FAOSTAT. Food and agriculture data. Disponível em <<http://www.fao.org/faostat/en/>>, 2018. Acesso em: janeiro de 2018.

FERRARI, F. **Caracterização cromossômica em cana de açúcar (Saccharum spp., Poaceae)**. 2010. 94 f. Dissertação (Mestrado), Programa de Pós-Graduação em Biologia Vegetal. Universidade Federal de Campinas, Campinas. 2010.

FERREIRA, M. E.; GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220 p.

FERREIRA, M.E.; GRATAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2.ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEM, 1996.

FERNANDES, A.C. **Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar**. 2.ed. Piracicaba: STAB, 2003. 240p.

FIGUEIREDO, P. Breve história da cana-de-açúcar e do papel do instituto agrônomo no seu estabelecimento no Brasil. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Ribeirão Preto: Ed. IAC. 2008. p.31-44.

GARCIA, E. O.; CASAGRANDE, M. V.; RAGO, A. M.; MASSOLA JÚNIOR, N. S.; Preservação de urediniósporos de Puccinia melanocephala, agente causal de ferrugem em cana de açúcar. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 33, n. 2, p. 152-156, 2007.

GIGLIOTI, E. A.; CANTERI, M. G.; FRANÇA, J. A.; CARDIM, M.; DEL PONTE, E. M.; ABI SAAD, O. Informações básica para o monitoramento, diagnóstico e manejo da ferrugem alaranjada da cana-de-açúcar. **Boletim técnico SCORALERT**, Adamantina, v. 25, n 1, p. 1-6, 2009.

GOUVÊA, L. R. L. **Divergência genética em seringueira estimada através de técnicas multivariadas e marcadores moleculares microssatélites**. 2009. 100f. Dissertação (Mestrado) - Instituto Agrônomo IAC.

GONÇALVES, L. S. A. et al. Divergência genética em tomate estimada por marcadores RAPD em comparação com descritores multicategóricos. **Horticultura Brasileira**. v. 26, n. 3, p. 362 – 368, 2008.

GUIMARÃES, C. T.; MAGALLIÃES J. V. de.; LANZA, M. A.; SCHUSTER, I. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.30, n.253. 2009.

HALE, A.L.; VIATOR, R.P.; EGGLESTON, G.; HODNETT, G.; STELLY, D.M.; MILLER, D.K. Estimating broad-sense heritability and investigating the mechanism of genetic transmission of cold tolerance using mannitol as a measure of post-freeze juice degradation in sugarcane and energycane (*Saccharum* spp.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 64, p.1657-1663, 2016.

Hoy, J.W.; Hollier, C.A. Effect of brown rust on yield of sugarcane in Louisiana. **Plant Disease**. v.93, p.1171-1174, 2009.

HUMBRET, R.P. The growing of sugar cane. New York: **Elsevier**, 1968. 779p.

INSTITUTO Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE. **Censo agropecuário de 2006**. Disponível em: <www.ibge.gov.br/>. Acesso em: 12 fev. 2015.

IBGE Sistema IBGE de Recuperação Automática - SIDRA Censo Agropecuário 2017 resultados preliminares <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/6618#resultado> acesso em 15 out. 2018.

ISST – **International Society of Sugarcane Technologists 2015**. Disponível em: <http://www.issct.org/index.html>. Acesso em 17 nov.

KUINCHTNER, A.; BURIOL, G.A. Clima do Estado do Rio Grande do Sul segundo a classificação climática de Köppen e Thornthwaite. **Disciplinarum Scientia**, v.2, p.171-182, 2001.

KUIAWINSKI, D. L. **Limites e possibilidades de desenvolvimento da cadeia produtiva do álcool: um estudo de caso no Rio Grande do Sul**. 2008. 184 f.

Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Engenharia de Produção e Sistemas - Universidade do Vale do Rio dos Sinos, São Leopoldo, 2008.

KOPP, M. M.; SOUZA, V.Q.; COIMBRA, J.L.M. ; LUZ, V.K. ; MARINI, N. ; OLIVEIRA, A.C. Melhoria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendrogramas. **Revista da Faculdade de Zootecnia, Veterinária e Agronomia**. Uruguaiana, v. 14, p. 46-53, 2007.

LANDELL, M. G. A.; ALVAREZ, R. Cana-de-açúcar. In: FURLANI, A. M. C.; VIÉGAS, G. P. **O melhoramento de plantas no Instituto Agrônomo**. Campinas, Ed. IAC, 1993. p.77-93.

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**. Ribeirão Preto: IAC. 2008. p.101-155.

LAVANHOLI, M. G. D. P. Qualidade da cana-de-açúcar como matéria-prima para produção de açúcar e álcool. In: Dinardo-Miranda, L.L; Vasconcelos, A.C.M.; Landell, M.G.A. (Ed.). **Cana-de-açúcar**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. 882p. p 697-721.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 1, p. 125-134, 2014.

MANZATTO, C. V.; BACA, J. F. M.; PEREIRA, S. E. M. Zoneamento agroecológico da cana-de-açúcar: abordagem metodológica para integração temática de grandes áreas territoriais. In: PRADO, R. B.; TURETTA, A. P. D.; ANDRADE, A. G. **Manejo e conservação do solo e da água no contexto das mudanças ambientais**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2010. p. 193-214.

MATSUOKA, S. 1999. Hibridação da Cana-de-açúcar In: Borém **A hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 221-254.

MATSUOKA, S. Botânica e ecofisiologia da cana-de-açúcar. **Apostila: Curso de qualificação em plantas industriais – Cana-de-açúcar**. Maringá: UFPR/Senar,1996. 34p.

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

- MALUF, J. R. T.; WESTPHALEN, S. L.; MATZENAUER, R.; MALUF, D. E. Zoneamento agroclimático atualizado para acultura da cana-de-açúcar no Estado do Rio Grande do Sul, visando à produção de açúcar e álcool. (Boletim técnico, 18). Porto Alegre: FEPAGRO, 2008. 78p.
- MALAVOLTA, E. **Manual de Nutrição de Plantas**. São Paulo: Ceres, 2006. 638 p.
- MARIN, F. R.; PELLEGRINO, G. Q.; ASSAD, E. D.; PINTO, H. S.; JUNIOR, J. Z. Cana-de-açúcar. In: MONTEIRO, J. E. B. A. **Agrometeorologia dos Cultivos: o fator meteorológico na produção agrícola**. Brasília, DF: INMET, 2009. 530p.
- MELLONI, M.; SCARPARI, M.; PINTO, L.; PERECIN, D.; XAVIER, M.; LANDELL, M. Selfing rate estimation in sugarcane under unfavorable natural conditions of crossing by using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 1, p. 2278, 2014.
- MING, R.; MOORE, P. H.; WU, K.; D'HONT, A.; GLAZMANN, 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. Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. **Plant Breeding Reviews**, v.27. 2006. p.15-118.
- MORAIS, L. K.; AGUIAR, M. S.; SILVA, P. A.; CÂMARA, T. M.M.; CURSI, D. E.; FERNANDES JUNIOR, A. R.; CHAPOLA, R. G.; CARNEIRO, M. S.; BESPALHOK FILHO, J. C. Breeding of Sugarcane, In: CRUZ, V. M. V.; DIERIG, D. A. (Ed.). **Industrial Crops: breeding for bioenergy and bioproducts**. New York, USA: Springer, 2015. 444 p.
- MOURA, M. M. **Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres industriais em híbridos de cana-de-açúcar (*Scchacarum spp.*)**. 1990. 137 f. Dissertação (mestrado) Universidade Federal de Pernambuco, Recife PE.
- NASS, L. L. Pré-melhoramento vegetal. In: LOPES, A. P.; FÁVERO, A. P.; FERREIRA, M. A. J. da F.; FALEIRO, F. G.; FOLLE, S. M.; GUIMARÃES, E. P. **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p.25-38.
- NASS, L. L.; NISHIKAWA, M. A. N.; FÁVERO, A. P.; LOPES, M. A. Pré-melhoramento de germoplasma vegetal. In: NASS, L. L. **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2008. p. 683-716.

NAYAK, S. N.; SONG, J.; VILLA, A.; PATHAK, B.; AYALA-SILVA, T.; YANG, X.; TODD, J.; GLYNN, N. C.; KUHN, D. N.; GLAZ, B. Promoting Utilization of *Saccharum spp.* Genetic Resources through Genetic Diversity Analysis and Core Collection Construction. **PloS one**, v. 9, n. 10, p. e110856, 2014.

NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; RODRIGUES, W. F.; CORRÊA, I. V.; CARVALHO, I. F. de C. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**. vol.28, n.1, Brasília. 2010.

NEIVA IP; ANDRADE JÚNIOR VC; VIANA DJS; FIGUEIREDO JA; MENDONÇA FILHO CV; PARRELLA RAC; SANTOS JB. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, Diamantina. **Horticultura Brasileira**. V. 29. p 537-541, 2011.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; HOFFMANN, H. P. **Liberção nacional de variedades RB de cana-de-açúcar**. Curitiba: Graciosa, 1ª Ed. 2015. 72 p.

OMETTO, J. C. Parâmetros meteorológicos e a cultura da cana-de-açúcar. Piracicaba: **ESALQ**, 1980. 17 p.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; DA SILVA, F. L. Eficiência de Índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agrária**, Curitiba, v.10, n.01, p. 31-36, 2009.

PEREIRA FILHO, A. J.; MASSAMBANI, O.; MARTINS, P.; CAZENAVE, F. An operational mobile XPOL for hidrometeorological applications in Brazil. 33rd **Conference on Radar Meteorology**, Paper P10.14, 2007.

PURDY, L. H.; DEAN, J. L. A system for recording data about the sugarcane roost/host interactions. **Sugarcane Pathologist's Newsletter**, v.27, n. 1, p. 35-40, 1981.

QUEME, J. L.; MOLINA, M. Alalysis of genetic similarity among 48 sugarcane vaietes using microsatellite DNA sequences. IN. XXV ISSCT. **Proceedings**, V.2, Atagua-Guatemala city, 2005. P.592-596.

RITSCHHEL, P. S.; HUMÀN, Z. Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 4, p. 485-492. 2002.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I> F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. Divergência genética entr cultivares locais e melhoradas de feijão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, V. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.

ROHLF, F.J. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. **Exeter Software**, New York, 2000. 98p.

RUGERI, A. P. **Identificação do uso e desempenho de genótipos de cana-de-açúcar no Estado do Rio Grande do Sul**. 2015. 91 f. Dissertação (Mestrado) Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2015.

SANTOS, D. B. **Procedimentos Multivariados no Agrupamento de Genótipos de Maracujazeiro com Base em Matriz de Distância Conjunta e em Separado para Características Quantitativas e Categóricas**. 2010. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias), Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA, Brasil. Maio, 2010.

SCARPAI, M. S., BEAUCLAIR, E. G. F. Anatomia e botânica. In: DINARDO-MIRANDA, L. L., VASCONCELOS A. C. M.; LANDELL M. G. A. **Cana de açúcar** Campinas: Ed. IAC, 2008 p.47-5 .

SELVI, A.; NAIR, N. V.; NOYER, J. L.; SINGH, N. K.; BABASUNDARAM, N.; BANSAL, K. C.; KOUNDAL, K. R; MOHAPATRA, T. Genomic constitution and genetic relationship among the tropical and subtropical Indian sugarcane cultivars revealed by AFLP. **Crop Science**, Madison, v.45, p.1750-1757. 2005.

SALLA, M. F. S. et al. Uso de marcadores moleculares na análise da variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* d.c.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 24, n. 01, p. 015-022, 2002.

SANTOS, J. M. dos.; DUARTE FILHO, L. S. C.; SORIANO, M. L.; SILVA, P. P. da.; NASCIMENTO, V. X.; BARBOSA, G. V. de S.; TODARO, A. R.; RAMALHO NETO, C. E. Genetic diversity of the main progenitors of sugarcane from the RIDESA germplasm bank using SSR markers. **Elsevier**. V. 40 p. 145–150. 2012

SANTOS, R. C. Enfoques Tecnológicos na Produção do açúcar mascavo, melado e rapadura em propriedades rurais de agricultores familiares. In: SILVA, S. D. A.; MONTERO, C. R. S.; SANTOS, R. C.; NAVA, D. E.; GOMES, C. B.; ALMEIDA, I. R. **Sistema de produção da cana-de-açúcar para o Rio Grande do Sul**. Pelotas, RS: Embrapa Clima Temperado, 2016. 151-205.

SANGUINO, A.; TOLEDO, A. C. D. Considerações sobre a ferrugem da cana-de-açúcar. **Boletim técnico Copersucar**, São Paulo, v. 22, p. 25-31, 1983.

SEPLAG – Secretaria do Planejamento, Gestão e Participação Cidadã/RS. **Atlas socioeconômico Rio Grande do Sul**. Disponível em: <http://www.scp.rs.gov.br/>
Acesso em: 20 nov. 2014.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J. de.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J. da.; SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L.J. O. T. de. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. Recife, PE, v.6, n.1, p.52-58, 2011.

SILVA, S. D. dos A.; BAUER, C. B., UENO, B., NAVA, D.E., ALMEIDA, I.R. THEISEN, G., DUTRA, L.F, VERÍSSIMO, M. A. A, PANZIERA, W., DAROS, E., OLIVEIRA, R. A. de, BESPALHOK FILHO, J. Recomendação de Variedades de Cana-de-açúcar para o Estado do Rio Grande do Sul. **Comunicado Técnico 292**. Pelotas, RS, 22 p. 2012.

SILVA, S. D. A.; VERÍSSIMO, M. A. A.; HARTEK, A.; MONTERO, C. R. S.; DAROS, E.; BARBOSA, G. V. de S.; WEBER, H. BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBOM, J. L. C.; SILVEIRA, L. C. I.; OLIVEIRA, R. A.; PANZIERA, W. ANTUNES, W. R. Variedades de cana-de-açúcar recomendadas para o Rio Grande do Sul. *In*: SILVA, S. D. A.; MONTERO, C. R. S.; SANTOS, R. C.; NAVA, D. E.; GOMES, C. B.; ALMEIDA, I. R. (ed.) Sistema de produção da cana-de-açúcar para o Rio Grande do Sul. **Sistemas de Produção/Embrapa Clima Temperado**. 247 p. 2016.

SIMON, E. D. T. **Caracterização de genótipos crioulos de cana-de-açúcar**. 2015. 69 f. Dissertação (Mestrado) Programa de Pós-Graduação em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2015.

SINGH, R.K.; MISHRA, S.K.; SINGH, S.P.; MISHRA, N.; SHARMA, M.L.. Evaluation of microsatellite markers for genetic diversity analysis among sugarcane species and commercial hybrids. **Australian Journal of Crop Science**. Australia, v.4, n.2, p.116-125, 2010.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J.. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, Berlin, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

TAI, P> Y. P.; MILLER, J. D.; LEGENDRE, B. L. Evaluation of the world collection of sugarcane *Saccharum spontaneum* L. In: XXII Congress ISSCT, **Proceedings**, v.2, Colombia, 1995, p. 250-259.

TELLES, M.R.; SARAN, L.M.; UNÊDA-TREVISOLLI, S.H. Produção, propriedades e aplicações de bioplástico obtido a partir da cana-de-açúcar. **Ciência & Tecnologia: FATEC-JB, Jaboticabal**, v. 2, n. 1, p. 52-63, 2011. ISSN 2178-9436

TOKESHI, H; RAGO, A. Doenças da cana-de-açúcar. In: AMORIM, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A. (Ed.). Manual de fitopatologia: v. 2. Doenças das plantas cultivadas. 5.^a ed. Ouro Fino: **Agronômica Ceres**, 2016. p. 219-231.

UNICA, **União da Indústria de Cana-de-Açúcar**. 2014, Disponível em: <<http://www.unica.com.br>> Acesso em: 14 de outubro, 2014.

UNICA, **União da Indústria de Cana-de-Açúcar**. 2018, Disponível em: <<http://www.unica.com.br>> Acesso em: 14 de novembro, 2018.

VAZ PATTO, M.C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germoplasm using microsatellite markers. **Euphytica, Wageningen**, v.137, n.1, p.63-72, 2004.

VIEIRA, E.A.; FIALHO, J. de F.; FALEIRO, F.G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G. da.; SILVA, M. S.; MORAES, S.V.de P.; L. J. C. B. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 2, p. 567-582. 2013.

VITTI, G. C., MAZZA, J. A. Planejamento, estratégias de manejo e nutrição da cultura de cana-de-açúcar. **Encarte técnico/Informações Agronômicas**, 97 Piracicaba: POTAFOS, 2002. 16 p.

VERISSIMO, M. A. A; SILVA, S. D. dos A e; AIRES, R. F; DAROS, E; PANZIERA, W. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos precoces de cana-de-açúcar no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, p.561-568. 2012.

XAVIER, M.A. PINTO, L.R. FÁVERO, T.M. CARLINI-GARCIA, L.A. LANDELL, M.G.A. Paternity identification in sugarcane polycrosses by using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 1, p. 2268-2277, 2014.

XIN, Z.; BROWSE, J. Cold comfort farm: the acclimation of plants to freezing temperatures. **Plant Cell and Environment**. v. 23, n. 9, p.893-902, 2000.

WALKER, D. I. T. Trends in sugarcane breeding. In: ABBOTT. A. J.; ATKIN, R. K. (ed). Improving vegetative propagated crops. Bristol: Academic Press, p. 3-26. 1987.

WREGE, M.S; CARAMORI, P.H.; GONÇALVES, A.C.A.; BERTONHA, A.; FERREIRA, R.C; CAVIGLIONE, J.H.; FARIA, R.T.; FREITAS, P.S.L.; GONÇALVES, S.L. Regiões Potenciais Para Cultivo da Cana-de-açúcar no Paraná, com Base na Análise do Risco de Geadas. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, Santa Maria, v.13, n.1, p.113-122, 2005.

YOU, Q.; XU, L. ZHENG, Y.; QUE, Y. Genetic Diversity Analysis of Sugarcane Parents in Chinese Breeding Programmes Using gSSR Markers. **The Scientific World Journal**, v. 2013, 2013

ZAMBON, J. L. C.; DAROS, E. **Manual de experimentação para a condução de experimentos 3.**, Curitiba:UFPR, 2005. 49 p.

Apêndices

Apêndice 1 Grupos obtidos através da análise conjunta de 192 genótipos de cana-de-açúcar formados a partir de marcadores moleculares SSR e morfo-agronômicos e suas respectivas características morfo-agronômicas conforme avaliadas na safra 2013/2014 por Simon (2015). Pelotas – RS, 2018.

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
1	119	CPACT 046	RB785750	3	3	3	3	2	1	2	3	2	2	2	1	1	4	2	4	Bossano - RS
2	65	CPACT 167	RB 855035	1	3	3	3	2	2	1	3	1	1	2	2	1	2	1	3	*
3	8	CPACT 085	Ijuí	3	3	4	4	2	2	2	2	1	2	3	2	1	2	1	1	Jaboticaba - RS
3	46	CPACT 110	Branca durona	1	3	3	4	2	2	3	3	3	2	2	2	2	2	2	4	Bento Gonçalves - RS
4	188	CPACT 145	Tambo FEPAGRO	2	3	2	3	1	2	2	2	1	2	2	2	2	3	2	4	São Borja - RS
4	190	CPACT 051	SP 701145	3	4	4	5	2	2	2	2	2	1	2	2	2	3	2	4	Bossano - RS
5	195	CPACT 215	Branca grossa	1	3	3	3	2	2	2	1	2	2	2	2	2	2	2	3	*
6	169	CPACT 141	Vermelha Fina Macia	2	4	4	4	2	2	2	3	2	2	2	2	2	3	3	4	Manoel Viana - RS
7	191	Cpact210	Cana joaquim	2	3	4	3	2	3	2	3	3	2	2	2	1	2	2	4	*
7	193	CPACT 214	Fininha	3	3	4	4	2	1	2	3	1	2	2	2	1	2	1	3	*
7	196	Cpact209	Verde fina	3	3	4	4	2	3	2	3	1	1	2	2	1	5	3	4	Pelotas - RS
8	85	CPACT 081	Nata	3	3	4	3	2	1	2	3	3	1	2	2	1	2	2	3	Constantina - RS
9	45	CPACT 109	Vermelha	2	3	3	3	2	3	2	3	3	1	3	2	1	1	2	4	Bento Gonçalves - RS
10	88	CPACT 149	Cana I	3	3	3	3	2	1	2	2	3	2	2	1	2	2	2	3	Pelotas - RS
11	11	CPACT 131	Cana Roxa	3	2	3	3	2	3	2	2	2	1	3	2	2	2	1	1	Santana do Livramento - RS
11	24	BR867515	Testemunha	2	2	1	2	1	2	2	2	1	2	2	2	2	3	3	2	Pelotas - RS
11	56	CPACT 021	RB855453	3	2	2	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	2	1	2	Crissiumal - RS
12	67	CPACT 016		1	4	3	3	1	2	1	2	2	2	3	2	1	4	2	3	Itaara - RS
13	23	CPACT 069	Verde	1	3	1	1	1	2	3	3	2	2	2	1	2	3	1	3	Sto. Amaro da Imperatriz - SC
13	25	CPACT 157	IAC 873396	2	3	1	1	2	2	3	2	2	2	3	1	1	4	2	3	*

Continuação

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
14	27	CPACT 019	Branca Dura	2	2	2	2	2	3	3	1	2	2	2	2	1	3	2	3	Itati - RS
14	123	CPACT 057	Angelo Vieira	3	3	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	1	3	1	4	Bossano - RS
14	132	CPACT 075	Caiana	1	3	3	2	1	3	2	2	1	2	2	1	2	3	1	4	Vacaria - RS
15	16	CPACT 130	Branca Dura	3	3	2	2	2	3	2	3	1	2	2	1	2	2	2	2	Hulha Negra - RS
15	40	CPACT 017	NAPA	2	1	2	2	1	2	1	3	1	2	2	2	2	3	1	4	Sto. Antonio da Patrulha
15	57	CPACT 065	RB 822040	2	2	4	4	2	2	2	3	3	2	2	2	1	2	2	2	Bossano - RS
15	77	CPACT 001	Chocolate	2	3	4	4	2	2	2	1	1	2	1	1	1	4	2	3	Julio de Castilhos - RS
16	12	CPACT 009	NAPA Paulista	2	2	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	Sto. Antonio da Patrulha - RS
16	21	CPACT 204	Sem nome1	2	3	2	2	2	2	2	2	1	1	3	2	1	1	1	2	Antônio Carlos-SC
16	79	CPACT 018	Vinho ou Roxa sem folha	2	2	2	2	2	2	2	3	3	1	1	2	1	1	2	3	Itati-RS
17	75	CPACT 190	Cana Selbach	2	3	3	3	2	2	3	2	1	2	3	2	2	3	2	3	Selbach-RS
17	82	CPACT 077	São Cristóvão	2	3	3	3	1	2	2	1	3	1	3	2	1	2	2	3	Pinhal da Serra - RS
18	81	CPACT 045	Chocolate	3	3	5	5	1	2	2	2	2	3	2	1	1	5	2	3	Bossano - RS
18	133	CPACT 076	Ripa	3	3	4	4	1	3	3	2	2	2	3	1	1	2	2	4	Pinhal da Serra - RS
18	140	CPACT 090	Sananduva	3	3	3	3	1	3	3	2	1	1	3	2	1	3	2	4	Paim Filho - RS
18	141	CPACT 020	Ligueirinha (Precoce)	3	3	5	5	1	3	3	1	2	1	3	1	1	1	1	4	Itati - RS
18	144	CPACT 099	Zamim Branca	3	3	4	5	1	3	3	2	2	2	3	2	1	2	2	4	Porto Lucena - RS
18	165	CPACT 134	Sem nome branca	2	3	2	2	1	3	3	1	1	2	1	2	1	3	3	4	Santana do Livramento - RS
18	174	CPACT 154	3X	2	3	3	3	2	3	2	2	2	2	3	1	1	2	3	4	*
18	178	CPACT 173	Banderinha	3	3	4	4	2	3	2	3	2	2	3	1	1	2	3	4	Antônio Carlos-SC
18	179	CPACT 174	Cana PR	3	3	3	3	2	3	2	2	2	2	3	2	1	2	2	4	Antônio Carlos-SC
18	182	CPACT 184	Cana Sal	3	3	5	5	1	3	3	1	2	2	3	1	1	2	3	4	São Pedro de Alcantra-SC
18	183	CPACT 185	Perna de moça	2	3	3	3	2	2	2	3	3	2	3	1	1	2	3	4	Palhoça-SC
18	185	CPACT 191	Cana Monte Bonito	3	3	4	4	1	3	3	2	2	1	3	2	1	2	2	4	Pelotas-RS
19	13	CPACT 169	Americana	3	4	5	5	2	2	1	2	1	2	3	2	1	2	2	2	*
19	68	CPACT 059	Branca Verde	2	4	3	3	2	3	2	1	2	1	3	2	1	2	2	3	Bossano - RS
19	74	CPACT 182	Roxa mole	2	3	4	5	2	2	2	2	2	3	2	1	2	4	1	3	São Pedro de Alcantra-SC
19	76	CPACT 202	Sem nome	3	3	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	1	2	3	3	Salto do Jacuí-RS
19	124	CPACT 060	Branquinha do Osmar	2	4	4	4	1	2	2	2	3	2	2	1	2	1	2	4	Bossano - RS
19	166	CPACT 136	Roxa	2	3	4	4	3	2	2	2	3	2	2	2	2	3	2	4	Rosário do Sul - RS
19	168	CPACT 140	Roxa Grossa Macia	2	3	4	4	2	2	2	2	3	1	1	2	1	1	3	4	Manoel Viana - RS

Continuação

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
20	2	CPACT 030	L91-281	3	2	3	3	2	3	2	2	1	2	3	1	1	2	2	1	Crissiumal - RS
20	4	CPACT 033	CP 65-357	3	2	3	3	1	3	2	3	2	2	3	1	2	1	3	1	Crissiumal - RS
20	5	CPACT 038	Fina Amarela	3	3	3	3	1	2	2	2	2	2	2	2	1	2	3	1	Bossano - RS
20	6	RB92579	Testemunha	1	2	1	2	2	2	2	1	3	1	3	1	1	3	3	4	Pelotas - RS
20	7	CPACT 056	RB855450	2	3	3	3	2	2	2	3	3	2	3	2	3	4	2	1	Bossano - RS
20	9	CPACT 025	IAC	2	3	5	5	1	2	3	2	2	3	2	2	1	3	1	1	Crissiumal - RS
20	10	CPACT 083	18	3	3	4	3	1	2	2	3	2	1	2	2	3	2	2	1	Constantina - RS
20	14	CPACT 203	CB4176	2	2	3	3	2	2	2	3	2	2	3	2	3	3	2	2	Júlio de Castilhos-RS
20	15	CPACT 101	Branca	2	2	3	3	2	2	2	3	2	1	3	2	1	2	2	2	Porto Lucena - RS
20	17	CPACT 043	Torta sem ponta	3	3	2	2	2	1	3	3	2	2	1	1	1	2	3	3	Bossano - RS
20	18	CPACT 044	Bilibio	2	3	4	4	1	2	2	2	2	2	2	2	3	3	1	2	Bossano - RS
20	19	CPACT 024	Desconhecida	3	3	1	2	2	1	2	3	1	2	2	2	1	2	2	2	Crissiumal - RS
20	20	CPACT 053	Curana	3	3	4	4	2	1	3	3	2	2	2	2	1	3	2	3	Bossano - RS
20	22	CPACT 206	Sem nome3	3	3	4	4	1	2	2	2	1	2	2	1	1	3	2	2	Antônio Carlos-SC
20	26	CPACT 176	3X	1	2	4	4	2	2	3	3	1	2	2	2	1	4	2	3	Antônio Carlos-SC
20	28	CPACT 205	Sem nome2	3	3	3	3	2	2	2	3	1	2	2	1	1	2	2	3	Antônio Carlos-SC
20	29	CPACT 162	RB 871011	3	3	4	4	1	2	2	2	1	2	2	1	1	3	3	3	*
20	30	CPACT 168	NAPA PRETA	3	3	4	4	2	2	2	3	1	1	2	2	1	4	1	3	*
20	31	CPACT 049	Caiana	2	1	1	1	1	2	2	3	2	1	2	1	1	2	3	4	Bossano - RS
20	32	CPACT 055	Taquara	3	3	3	3	2	2	3	3	2	2	2	2	2	3	2	4	Bossano - RS
20	33	CPACT 073	Roxa	1	3	1	1	2	3	2	2	2	2	2	2	1	3	2	3	Palhoça - SC
20	34	CPACT 158	NAPA FINA	2	3	1	1	2	2	2	3	3	1	2	2	2	2	2	4	*
20	35	CPACT 165	CB 4176	1	1	1	1	2	2	2	3	2	2	2	1	3	3	2	4	*
20	36	CPACT 181	Cana de Goiás	2	1	1	1	1	2	2	3	2	2	2	2	2	3	2	4	São Pedro de Alcantra-SC
20	37	CPACT 004	Gota de Mel	1	1	1	1	2	3	2	2	2	1	3	2	1	3	2	4	Marcelino Ramos - RS
20	38	CPACT 012	Pêra, Pereira ou Uva	1	3	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	2	4	Itati - RS
20	39	RB855156	Testemunha	2	1	1	1	2	3	2	2	2	2	2	2	2	3	3	2	Pelotas - RS
20	41	CPACT 036	Sem Folha	3	3	4	4	1	2	2	3	2	2	1	2	1	1	2	4	Bossano - RS
20	42	CPACT 040	Crioula do Nelcindo	2	3	3	2	2	1	2	3	3	2	2	1	1	1	3	4	Bossano - RS
20	43	CPACT 070	Roxa	3	3	4	4	2	2	2	2	3	2	1	2	1	3	2	4	Palhoça - SC
20	44	CPACT 092	Verde	1	1	1	2	1	2	2	3	3	2	1	2	2	3	2	4	Paim Filho - RS
20	47	CPACT 137	Sem nome	1	3	2	3	1	3	2	3	3	2	1	2	2	3	3	4	Rosário do Sul - RS
20	48	CPACT 150	Cana II	3	3	3	3	2	2	2	3	1	2	2	2	1	2	2	4	Pelotas - RS
20	49	CPACT 155	LIGERINHA	2	3	3	3	2	2	2	1	2	2	2	2	1	3	2	4	*
20	50	CPACT 175	Bandeira	2	3	3	3	2	2	2	3	1	2	3	1	2	2	2	4	São Pedro de Alcantra-SC

Continuação

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
20	54	CPACT 222	entre 72-73	3	2	3	3	1	2	2	3	2	2	3	2	1	3	2	3	*
20	55	CPACT 208	Cana energia	2	3	3	2	2	1	2	2	2	1	3	2	1	2	3	4	Pelotas T1
20	58	CPACT 161	Branca mole	3	2	4	4	2	2	2	3	1	2	3	1	1	2	2	2	*
20	59	CPACT 164	RB 855156	3	3	4	4	1	2	1	3	1	2	2	1	1	2	3	2	*
20	60	CPACT 031	MT	3	3	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	1	2	2	2	Crissiumal - RS
20	61	CPACT 068	Napa Preta	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	2	3	Bossano - RS
20	62	CPACT 087	Ligueirinha Precoce)	2	3	4	4	1	3	2	1	1	2	2	2	1	3	2	3	Campo Alegre - SC
20	63	CPACT 119	Cana branca	2	1	4	3	1	2	2	2	1	3	2	2	1	4	2	2	Manoel Viana - RS
20	64	CPACT 152	IAC 822045	3	3	4	4	1	3	2	3	2	3	2	1	2	4	1	2	*
20	66	CPACT 197	RB955970	2	2	2	2	2	2	2	3	2	1	2	1	1	3	1	2	São Luiz Gonzaga-RS
20	69	CPACT 093	Parcela 1	1	3	2	2	1	2	2	3	2	2	2	2	2	4	2	3	Paiol Novo -RS
20	70	CPACT 107	Capanema	3	3	2	2	1	3	2	1	1	2	2	2	2	4	2	3	Porto Lucena - RS
20	71	CPACT 148		2	3	4	5	2	2	2	1	1	2	2	2	1	3	2	3	São Borja - RS
20	72	CPACT 159	IAC 311	2	2	4	4	1	2	3	2	1	3	3	2	1	5	1	3	*
20	73	CPACT 178	Tijucã	3	3	4	4	2	2	2	2	3	2	3	2	2	3	2	3	São Pedro de Alcantra-SC
20	78	CPACT 062	Pingo de Mel	3	2	2	2	3	2	2	1	1	2	2	2	2	3	2	3	Bossano - RS
20	80	CPACT 037	OC 45 2 19,2	2	3	3	3	1	3	2	2	2	2	3	1	1	1	2	3	Bossano - RS
20	83	CPACT 078		2	3	3	3	2	2	2	2	2	1	3	2	1	1	2	3	Pinhal da Serra - RS
20	84	BR966928	Testemunha	2	1	1	2	2	2	2	3	2	1	2	2	2	2	2	2	Pelotas - RS
20	86	CPACT 139	Verde Escura Grossa	3	3	4	4	2	2	2	2	2	2	3	2	1	2	2	3	Manoel Viana - RS
20	87	CPACT 142	Roxa Fina	2	2	2	2	2	2	2	1	1	2	2	2	1	3	3	3	Manoel Viana - RS
20	89	CPACT 171	RB 855536	3	3	4	4	2	1	3	3	3	2	2	2	1	2	2	3	*
20	90	CPACT 027		3	3	4	4	1	2	2	3	1	2	3	1	1	2	2	2	Crissiumal - RS
20	91	CPACT 014	Branca Dura	3	3	3	4	2	3	3	2	3	2	3	2	2	3	1	3	Sto. Antonio da Patrulha - RS
20	92	CPACT 035	Branca Mole	3	3	3	3	2	2	1	2	1	2	2	1	2	3	2	3	Bossano - RS
20	93	CPACT 207	Napa Caçapava	2	3	3	2	1	2	2	3	1	2	2	1	1	4	2	3	Caçapava-RS
20	94	CPACT 023	R18	2	3	4	4	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	2	4	Crissiumal - RS
20	95	CPACT 026		1	2	3	3	1	2	2	2	3	1	2	2	1	2	2	4	Crissiumal - RS
20	96	CPACT 042	Verde Fina	1	1	2	2	2	2	3	2	1	2	2	1	1	2	2	4	Bossano - RS
20	97	CPACT 048	Tucumã 19,8	2	2	2	3	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	2	4	Bossano - RS
20	98	CPACT 050	Escola	2	3	2	2	2	3	2	3	2	2	2	1	1	3	2	4	Bossano - RS
20	99	CPACT 105	Quebradeira	3	3	3	3	1	2	2	3	2	2	2	2	1	5	3	3	Porto Lucena - RS
20	100	CPACT 160	RB 785750	3	3	5	5	2	1	2	3	2	2	2	1	1	4	2	4	*

Continuação

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
20	102	CPACT 166	RB 765418	2	3	5	5	2	2	2	2	2	3	3	2	1	5	1	4	*
20	103	CPACT 177	Caí folha	3	3	3	3	2	2	2	3	3	2	1	2	1	3	2	4	São Pedro de Alcantra-SC
20	104	CPACT 183	Touça	3	4	5	5	2	2	2	3	2	3	2	2	1	2	2	4	São Pedro de Alcantra-SC
20	105	CPACT 192	Doce	2	2	4	4	1	3	3	3	2	2	2	2	3	3	3	4	Campinas do Sul-RS
20	106	CPACT 201	Sem nome	3	1	2	2	1	2	2	3	2	2	2	2	1	3	2	3	Salto do Jacuí-RS
20	107	CPACT 002	3 x	3	3	4	4	2	2	2	3	3	2	2	1	1	2	3	4	*
20	108	CPACT 003	Bento Gonçalves	2	2	2	3	1	1	2	3	2	1	2	2	1	2	3	4	*
20	109	CPACT 005	Branquinha	3	3	4	4	2	2	2	1	2	1	2	2	1	2	2	4	Marcelino Ramos - RS
20	110	CPACT 006	Cana do Jato	3	2	2	2	2	2	2	1	2	2	1	2	2	3	2	4	Jaboticaba-RS
20	111	CPACT 007	Roxinha	2	3	4	4	2	1	2	2	2	2	2	2	3	3	1	4	Jaboticaba-RS
20	112	CPACT 008	Branca Mole	2	1	2	2	2	2	2	3	3	2	1	2	2	3	3	4	Sto. Antonio da Patrulha - RS
20	113	CPACT 010	Branca Mole	3	3	3	4	2	2	2	1	2	1	2	2	1	3	2	4	Três Forquilhas - RS
20	114	CPACT 013	Roxa	2	3	3	3	2	3	2	1	2	2	2	2	2	3	2	4	Sto. Antonio da Patrulha - RS
20	115	CPACT 015	Branca	1	3	2	2	1	2	3	3	2	1	2	2	1	2	2	4	Itati - RS
20	116	CPACT 011	Mel	2	3	4	4	2	2	2	2	2	2	3	1	1	2	2	4	Três Forquilhas - RS
20	117	CPACT 034	NAPA Fina	2	2	3	2	1	2	1	3	1	2	2	1	2	3	2	3	Bossano - RS
20	118	CPACT 039	Amarela	2	3	3	3	3	2	2	1	2	2	2	2	3	1	3	4	Bossano - RS
20	120	CPACT 047	Cana ripa	2	3	2	2	2	2	2	3	3	1	2	2	1	2	3	4	Bossano - RS
20	121	CPACT 052	OCHZ 1	2	4	4	4	1	3	2	3	3	2	2	1	1	2	2	4	Bossano - RS
20	122	CPACT 054	IAC-311	3	3	3	3	3	2	2	2	1	2	2	2	1	3	2	4	Bossano - RS
20	125	CPACT 061	RB 851011	2	2	4	4	2	1	2	2	2	2	2	1	1	3	2	4	Bossano - RS
20	126	CPACT 091	Litro (Ijuí)	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	Paim Filho - RS
20	127	CPACT 064	Manchini	3	3	3	3	1	3	2	2	2	1	3	1	2	1	1	4	Bossano - RS
20	128	CPACT 066	IAC 873396	3	2	4	4	1	2	1	3	1	2	2	1	1	3	2	4	Bossano - RS
20	129	CPACT 071	Roxa	3	3	4	4	1	2	3	2	1	2	2	2	1	3	2	4	Sto. Amaro da Imperatriz - SC
20	130	CPACT 072	Amarela Doce	2	2	3	3	2	2	2	3	3	2	2	1	3	3	1	4	Palhoça - SC
20	131	CPACT 074	Roxa	2	3	4	4	2	2	3	2	2	2	1	2	3	2	2	4	Palhoça - SC
20	134	CPACT 079		3	4	4	4	2	2	2	2	2	2	3	2	1	2	2	4	Pinhal da Serra - RS
20	135	CPACT 082	Tucumã	2	3	4	4	1	2	2	3	3	1	2	2	1	2	2	4	Constantina - RS
20	136	CPACT 084	Americana	3	4	4	4	3	2	2	2	2	2	2	2	3	3	1	4	Jaboticaba - RS
20	137	CPACT 086	Pingo de Mel	2	3	3	3	3	2	2	3	3	2	2	2	1	3	2	4	Campo Alegre - SC
20	138	CPACT 088	Branquinha	2	3	3	4	1	3	3	2	1	2	2	2	2	3	2	4	Campo Alegre - SC
20	139	CPACT 089	Branca Durona	3	3	3	3	2	3	3	3	1	2	2	2	2	3	3	4	Campo Alegre - SC
20	142	CPACT 094	Roxa	3	3	4	4	2	2	2	2	3	2	3	2	1	2	2	4	Paíol Novo -RS

Continuação

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
20	143	CPACT 098	Mulet	3	4	5	5	1	2	2	1	2	1	3	2	2	2	2	4	Cândido Godoi - RS
20	145	CPACT 100	Foca ou oca	2	3	3	3	2	2	3	2	2	2	2	2	1	2	2	4	Porto Lucena - RS
20	146	CPACT 102	Vermelhona	3	3	3	3	2	2	2	3	2	2	2	2	1	3	2	4	Porto Lucena - RS
20	147	CPACT 103	Catarinense	2	3	4	4	2	2	1	2	2	2	2	2	2	5	2	4	Porto Lucena - RS
20	148	CPACT 106	Montenegrina	1	3	2	2	1	2	2	3	3	2	1	2	3	3	3	4	Porto Lucena - RS
20	149	CPACT 108	Branca	2	3	3	3	2	2	2	3	3	1	3	2	2	2	2	4	Bento Gonçalves - RS
20	150	CPACT 111	Branca de casca dura	3	3	4	4	2	3	2	1	1	2	2	2	1	2	2	4	Santa Teresa - RS
20	151	CPACT 112		2	4	4	4	1	2	2	3	2	1	3	2	1	2	3	4	Bento Gonçalves - RS
20	152	CPACT 113	Casa Buco	2	3	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	3	2	2	4	Cotiporã - RS
20	153	CPACT 115	Cana rosa	3	3	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	3	3	2	4	Santana do Livramento - RS
20	154	CPACT 117	Caiana	3	3	4	4	2	2	3	3	2	2	2	2	1	2	2	4	Rosário do Sul -RS
20	155	CPACT 120	Cana roxa	3	3	3	3	2	2	2	2	1	1	2	2	1	2	1	4	Manoel Viana - RS
20	156	CPACT 121	Cana Roxa	2	3	3	3	1	2	3	3	2	2	2	2	1	3	2	4	Manoel Viana - RS
20	157	CPACT 122	Roxa grossa	3	3	4	4	2	2	2	3	3	2	1	1	1	3	2	4	Manoel Viana - RS
20	158	CPACT 124	Tambo FEPAGRO	2	3	2	2	1	2	2	2	2	2	2	2	1	3	2	4	São Borja - RS
20	159	CPACT 125	Variedade Argentina	3	4	4	4	3	2	2	2	2	1	2	2	1	2	2	4	São Borja - RS
20	160	CPACT 126	Roxa	2	3	3	3	1	2	2	2	2	2	2	2	3	3	2	4	São Borja - RS
20	161	CPACT 128	Roxa Liberato	3	3	4	4	2	2	2	1	1	2	2	2	2	3	2	4	Hulha Negra - RS
20	162	CPACT 129	Uruguai	2	3	3	3	2	3	2	1	2	2	2	2	3	3	3	4	Hulha Negra - RS
20	163	CPACT 132	Sem nome (branca)	3	3	3	4	1	3	2	2	2	2	2	2	3	2	2	4	Santana do Livramento - RS
20	164	CPACT 133	Roxa	2	3	2	2	2	3	2	2	1	1	2	2	1	2	2	4	Santana do Livramento - RS
20	167	CPACT 138	Cana Roxa	2	3	5	5	2	2	2	3	3	1	2	2	1	2	1	4	Manoel Viana - RS
20	170	CPACT 143	Cana Branca	3	3	3	4	2	2	2	1	2	2	2	1	4	2	2	4	Manoel Viana - RS
20	171	CPACT 144	Vermelha Fina Macia	3	4	4	4	2	2	2	2	2	2	2	2	1	2	2	4	Manoel Viana - RS
20	172	CPACT 151	RB 806043	3	4	5	5	2	2	2	2	3	2	2	2	1	2	2	4	*
20	173	CPACT 153	SP 701143	1	4	4	4	2	2	2	1	2	2	2	2	1	2	2	4	*
20	175	CPACT 156	TUCUMÃ GROSSA	3	4	5	5	3	2	2	1	2	2	3	2	1	2	2	4	*
20	176	CPACT 170	SP 803250	2	4	5	5	2	2	2	2	3	2	3	2	1	2	2	4	*
20	177	CPACT 172	NAPA	3	4	4	5	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	4	*
20	180	CPACT 179	Três olhos	1	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	3	2	4	Antônio Carlos-SC
20	181	CPACT 180	Havaiana	2	4	5	5	2	2	3	1	2	2	3	2	1	2	2	4	São Pedro de Alcantra-SC
20	184	CPACT 188	Grossa roxa	2	4	4	5	3	2	2	3	3	2	1	2	1	2	2	4	Palhoça-SC
20	186	CPACT 193	Roxa Morro Redondo	3	3	2	2	1	2	1	3	1	2	2	1	1	3	3	4	Morro Redondo-RS
20	187	CPACT 199	Branca Vila Nova	2	3	2	2	2	2	2	2	3	1	2	2	1	2	2	4	Vila Nova do Sul-RS
20	189	CPACT 147		2	3	2	3	2	2	2	2	3	2	2	2	1	2	2	4	São Borja - RS
20	192	CPACT213	Catarina roxa esverdeada	1	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2	1	2	2	3	Porto Xavier
20	194	CPACT 219	Amarela Fumagina	2	2	3	3	2	2	2	3	1	2	2	2	1	2	2	3	Santa Rosa

Continuação

Grupo	ID dendograma	ID genótipo	Nome Comum	DC	AP	TCH	TBH	GA	A F	SG	CE	LF	HC	Desp.	Joçal	Rach.	Tomb.	Perf.	Mat.	Município de coleta
21	52	CPACT 200	Roxa Vila Nova	3	4	3	3	3	3	3	2	1	2	2	1	3	2	3	4	Vila Nova do Sul-RS
22	1	CPACT 029	NA 6390	2	3	3	4	2	2	2	3	1	2	2	1	2	1	1	1	Crissiumal - RS
22	3	CPACT 032	LCP 85 384	3	3	4	4	2	2	2	2	2	2	3	2	1	2	2	1	Crissiumal - RS
22	51	CPACT 194	Verde Morro Redondo	3	2	4	4	2	3	3	2	2	2	3	2	1	1	3	4	Morro Redondo-RS
22	53	CPACT 146	Variedade Argentina	3	3	3	3	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	3	4	São Borja - RS
22	101	CPACT 163	RB 876045	2	3	3	3	2	3	2	2	2	2	3	1	2	2	2	4	*

* Genótipos sem identificação de local de coleta; DC (Diâmetro de Colmo); AP (Altura de planta); GA (Nível de dano na Gema apical); AF (Arquitetura foliar) SG (Saliência da gema); CE (comprimento do entrenó); LF (Largura da folha); HF (\Hábito de crescimento); Desp. (Tipo de despalha); Rach. (Rachadura do colmo); Tomb. (Tombamento); Perf. (Perfilhamento); Mat. (Maturação)

