

## Estimativa da Herdabilidade em Sentido Amplo de Características de Importância Econômica em População Comercial Bi-parental de Cana-de-açúcar

Thiago Willian Almeida Balsalobre<sup>1,2</sup>, Guilherme da Silva Pereira<sup>3</sup>, Luiz Plínio Zavaglia<sup>1</sup>, Fernanda Zatti Barreto<sup>1</sup>, Maria Marta Pastina<sup>3</sup>, Antonio Augusto Franco Garcia<sup>3</sup>, Anete Pereira de Souza<sup>2</sup>, Hermann Paulo Hoffmann<sup>1</sup>, Monalisa Sampaio Carneiro<sup>1</sup>

### Resumo

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma importante cultura para produção de alimentos e energia, e no Brasil representa 2% do produto interno bruto. A produção mundial e o uso do etanol como alternativa aos combustíveis fósseis tem gerado a necessidade da agroindústria canavieira de aumentar a produtividade e expandir a área de cultivo de cana-de-açúcar no Brasil. Programas de melhoramento têm concentrado esforços para lançar novas variedades mais produtivas, adaptadas a diferentes ambientes de produção e época de colheita. Novos tipos de marcadores moleculares e o mapeamento de QTLs pode nos ajudar no desenvolvimento de estratégias de seleção a ser introduzidas nos programas de melhoramento, a fim de acelerar o desenvolvimento de novas variedades. É fundamental que os experimentos de campo sejam bem conduzidos, o que permite uma melhor precisão na estimativa de parâmetros genéticos e aumenta o potencial de associação entre marcadores moleculares e características fenotípicas. O objetivo deste estudo foi avaliar características de importância econômica em população de mapeamento bi-parental obtida a partir do cruzamento entre as variedades SP80-3280 e RB835486. O experimento de campo foi realizado em dois locais, Araras-SP e Ipaussu-SP, e estabelecido em blocos aumentados de Federer com três repetições. Foi aplicada abordagem de modelos mistos para a análise fenotípica das variáveis contínuas: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix), conteúdo de sacarose do caldo (%), conteúdo de sacarose da cana (%), pureza (%), conteúdo de fibra (%), altura de colmos (m) e diâmetro de colmo (mm). Todas as características foram avaliadas em cana-planta. Com o uso de modelos mistos foram encontradas moderadas herdabilidades ( $H^2$ ) para as variáveis fenotípicas contínuas: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix) ( $H^2 = 0,51$ ), conteúdo de sacarose do caldo (%) ( $H^2 = 0,55$ ), conteúdo de sacarose da cana (%) ( $H^2 = 0,53$ ), pureza (%) ( $H^2 = 0,52$ ), conteúdo de fibra (%) ( $H^2 = 0,76$ ), altura de colmo (m) ( $H^2 = 0,71$ ) e diâmetro de colmo (mm) ( $H^2 = 0,81$ ). Altos valores de correlação fenotípica significativas foram encontrados para os pares pureza e °Brix ( $r = 0,65$ ), °Brix e conteúdo de sacarose no caldo ( $r = 0,96$ ), °Brix e conteúdo de sacarose na cana ( $r = 0,89$ ), conteúdo de sacarose no caldo e conteúdo de sacarose na cana ( $r = 0,94$ ), conteúdo de sacarose no caldo e pureza ( $r = 0,81$ ) e conteúdo de sacarose na cana e pureza ( $r = 0,80$ ). Valores baixos e negativos de correlações fenotípicas significativas foram encontrados entre diâmetro de colmos e conteúdo de fibra ( $r = -0,20$ ) e entre conteúdo de fibra e conteúdo de sacarose na cana ( $r = -0,23$ ). A presença de alelos em híbridos que aumentam ou diminuem o valor fenotípico, como possivelmente observado na população em estudo, pode ser mapeada com marcadores moleculares, permitindo selecionar eficientemente as variedades a serem cruzadas, bem como clones elite para programas de melhoramento.

### Introdução

O desenvolvimento de variedades de elite por melhoramento convencional enfrenta a complexidade genética de híbridos de cana, que têm alto nível de ploidia ( $2n = 100-130$ ) e ocorrência de aneuploidia. Assim, para concluir as seleções e avaliações e proporcionar uma nova variedade de cana, levam-se de 10 a 15 anos. A escolha dos genitores é um passo crucial para a obtenção de variedades de cana-de-açúcar mais ricas e produtivas.

1 Universidade Federal de São Carlos, Centro de Ciências Agrárias, Araras-SP, Brasil. e-mails: fernandazbarreto@gmail.com; plinio@cca.ufscar.br; hermann@cca.ufscar.br; monalisa@cca.ufscar.br.

2 Universidade Estadual de Campinas, Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Campinas-SP, Brasil. e-mails: thiagobalsalobre@gmail.com; anetepsouza@gmail.com.

3 Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba-SP, Brasil. e-mails: guispb@gmail.com; mmpastin@gmail.com; aafgarci@gmail.com.

Os marcadores moleculares são uma alternativa viável, possibilitando a identificação de regiões genômicas que controlam as características de interesse e fornecem a melhor estimativa da diversidade genética, uma vez que são independentes dos efeitos ambientais. No entanto, para esta ferramenta da engenharia genética ser eficientemente incorporada nos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é essencial que os experimentos de campo sejam bem conduzidos. Desta forma, o objetivo deste estudo foi avaliar os componentes de produção em população de mapeamento bi-parental de cana-de-açúcar obtida a partir de cruzamentos entre as variedades SP80-3280 e RB835486.

## Material e métodos

### Material vegetal

A população de mapeamento do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da UFSCar/RIDESA foi composta por progênie F1 de 153 indivíduos, provenientes do cruzamento bi-parental entre SP80-3280 e RB835486. SP80-3280 tem alto teor de sacarose e é resistente à ferrugem marrom e a carvão, enquanto RB835486 tem alto teor de sacarose e suscetível à ferrugem marrom.

### Delineamento experimental

As avaliações de campo foram realizadas em dois locais: a) no CCA/UFSCar (Centro de Ciências Agrárias/Universidade Federal de São Carlos, Araras – SP; b) na Raízen (Ipaussu – SP). Este segundo local foi escolhido devido à ocorrência natural e maciça de ferrugem marrom ao longo de vários anos agrícolas. Ambos os campos experimentais foram adubadas com 400 kg/ha de NPK (5-25-25) e irrigados, conforme necessário.

O delineamento experimental foi estabelecido em blocos aumentados de Federer compostos de blocos incompletos com até 27 genótipos do cruzamento bi-parental e de três padrões (RB835486, SP80-3280 e RB867515). As parcelas foram constituídas de três (em Ipaussu-SP) e duas (em Araras-SP) linhas de 3 metros espaçadas de 1,5 metros de distância, com três repetições.

### Análise das variáveis contínuas

Para as variáveis contínuas tecnológicas: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix), conteúdo de fibra e conteúdos de sacarose na cana e no caldo, duas repetições foram avaliados para cada local 12 meses após o plantio. Para realizar a análise, foram coletados 10 colmos de cada parcela e enviados para o LAST (Laboratório de Análises e Simulação Tecnológica) do Centro de Ciências Agrárias da UFSCar. As medidas foram determinadas de acordo com a metodologia recomendada pelo CONSECANA (Conselho dos Produtores de Cana, Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo).

### Análises estatísticas dos dados fenotípicos

Foi utilizada a abordagem de modelos mistos para análise de variáveis contínuas (conteúdo de sólidos solúveis, conteúdo de fibra, conteúdo de sacarose na cana e no caldo, altura e diâmetro do colmo e a pureza do caldo). O modelo estatístico que se segue foi utilizado para a análise envolvendo o primeiro corte de Araras-SP e Ipaussu-SP.

$$Y_{ijk} = \mu + r_k + b_{j(k)} + t_{i(jk)} + rt_{ki} + e_{ijk}$$

$Y_{ijk}$  é o fenótipo na repetição kth no bloco j no tratamento ith;  $\mu$  é a média geral;  $r_k$  é o efeito fixo da repetição k;  $b_{j(k)}$  é o efeito fixo do bloco j na repetição k;  $t_{i(jk)}$  é o efeito do tratamento i na repetição k e bloco j; e  $e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$  é o efeito aleatório do erro residual.

O termo  $t_{i(jk)}$  pode ser separado em dois grupos,  $i = 1, \dots, 153$  tratamento regular (progênie)

$g_{i(jk)} \sim N(0, \mathbf{G})$  efeito aleatório, e  $i = 248, 249, 250$  tratamento comum (padrões)  $c_{i(jk)}$  efeito fixo, onde  $\mathbf{G}$  é a matriz de covariância genética das estruturas para repetições. A matriz  $\mathbf{G}$  foi testada para os modelos de variância genética idêntica (ID), heterogênea (DIAG) e não estruturada (Unst).

As estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas foram utilizadas para estimar a herdabilidade em sentido amplo de cada característica em nível médio utilizando a fórmula:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

onde  $\sigma_g^2$  é variância genética,  $\sigma_e^2$  é variância residual, e  $r$  é média harmônica das repetições.

As médias ajustadas foram utilizadas para construir histogramas de cada características assim como para observar as correlações entre elas.

## Resultados e discussão

Os valores das variâncias ambiental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) e genética ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) entre os clones da progênie, assim como as herdabilidades em cana-planta estão mostrados na Tabela 1.

**Tabela 1** – Médias ajustadas, estimativas dos componentes das variâncias genéticas ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) e ambiental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), coeficientes de variação genética ( $CV^g$ ) e ambiental ( $CV^e$ ) e herdabilidades ( $H^2$ ) em sentido amplo de 153 clones da população de mapeamento em cana-planta para as características avaliadas modeladas conjuntamente em Araras-SP e Ipaussu-SP.

Características avaliadas	Médias ajustadas	$CV^e$	$CV^g$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$H^2$
Conteúdo de sólidos solúveis (° Brix)	21,35	0,03	0,02	0,62	0,47	0,51
Conteúdo de sacarose no caldo (%)	18,76	0,04	0,03	0,84	0,66	0,55
Conteúdo de sacarose na cana (%)	15,70	0,03	0,02	0,59	0,44	0,53
Pureza (%)	87,62	0,02	0,01	2,32	1,37	0,52
Conteúdo de fibra (%)	12,66	0,04	0,05	0,50	0,68	0,76
Altura de colmo (m)	2,29	0,01	0,01	0,03	0,02	0,71
Diâmetro de colmo (mm)	25,30	0,09	0,13	2,49	3,32	0,81

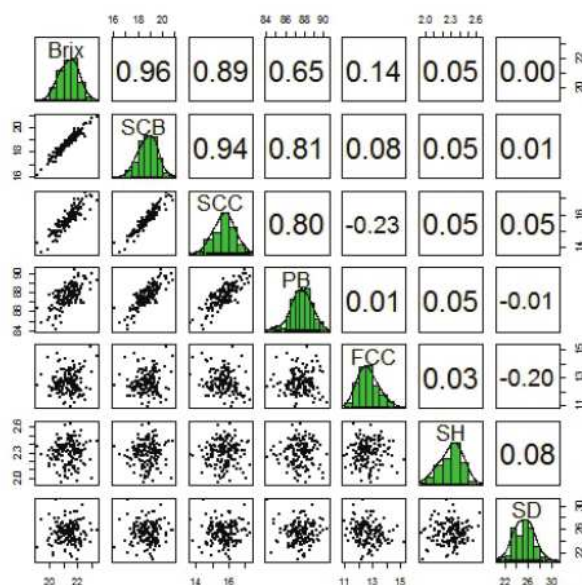
Os valores de variância genética obtidos para altura e diâmetro de colmos foi semelhante ao observado em cana-planta na descendência da autofecundação do cultivar R570 (Hoarau et al. 2002), semelhante na progênie derivada do cruzamento bi-parental entre o clone de *Saccharum officinarum* IJ76-514 e o cultivar Q165 (Aitken et al. 2008), bem como na progênie derivada do cruzamento bi-parental entre IACSP95-3018 e IACSP93-3046 (Mancini et al. 2012).

Todas as características apresentaram valor do coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ) inferior a 12%, indicando boa precisão experimental (Perecin et al. 2004). O intervalo de herdabilidade no sentido amplo foi de 0,51 para o teor de sólidos solúveis a 0,81 para o diâmetro de colmo (Tabela 1). Para todas as características a herdabilidade foi considerada de moderada a alta, com  $H^2 > 0,50$  (Resende, 2002). Isto reflete o fato de a maior parte da variação fenotípica observada ser atribuída a diferenças no nível genotípico.

Os dados mostraram que as características envolvidas no metabolismo da produção de açúcar na planta como conteúdo de sólidos solúveis, conteúdo de sacarose do caldo, conteúdo de sacarose da cana e pureza, embora apresentem elevada herdabilidade, estas são menores do que o esperado (Bressiani, 2001). Skinner et al. (1987) e Matsuoka et al. (2005) mostraram como fator importante na obtenção de baixa estimativa de herdabilidade uma grande influência ambiental nas fases iniciais de seleção. Provavelmente, as condições

ambientais que afetaram positivamente o vigor da planta (altura, diâmetro e fibra) foram menos favoráveis para a maturação da cana.

A média das correlações fenotípicas par a par, estimativa da dispersão das correlações fenotípicas e distribuição das frequências de todas as características avaliadas em cana-planta são mostradas na Figura 1.



**Figura 1** - Para todas as características avaliadas em cana-planta nos 153 indivíduos da progênie são mostradas: as estimativas da dispersão das correlações fenotípicas abaixo da diagonal, as médias das correlações fenotípicas par a par acima da diagonal e, na diagonal, a distribuição das frequências. Brix: conteúdo de sólidos solúveis. SCB: conteúdo de sacarose no caldo. SCC: conteúdo de sacarose na cana. PB: pureza. FCC: conteúdo de fibra. SH: altura de colmo. SD: diâmetro de colmo. \* p-valor significativo a 5%.

A distribuição dos resíduos das características avaliadas se enquadra na distribuição normal. Isso provavelmente indica que a distribuição de frequências das médias da progênie segue o modelo normal. O intervalo de variação das características fenotípicas da progênie foi maior do que o intervalo de variação dos genitores, contribuindo para a segregação transgressiva observada na progênie.

Moderada correlação fenotípica significativa entre pureza e °Brix ( $r = 0,65$ ) e alta correlação fenotípica significativa entre °Brix e conteúdo de sacarose no caldo ( $r = 0,96$ ), entre °Brix e conteúdo de sacarose na cana ( $r = 0,89$ ), entre o conteúdo de sacarose no caldo e conteúdo de sacarose na cana ( $r = 0,94$ ), entre o conteúdo de sacarose no caldo e pureza ( $r = 0,81$ ) e entre o conteúdo de sacarose na cana e pureza ( $r = 0,80$ ) foram observados, indicando que a seleção de uma característica indiretamente melhora a outra.

Foram encontrados valores baixos e negativos de correlação fenotípica significativa entre o diâmetro do colmo e conteúdo de fibra ( $r = -0,20$ ) e entre conteúdo de fibra e conteúdo de sacarose da cana ( $r = -0,23$ ).

A dispersão de correlação fenotípica permitiu a identificação de alguns indivíduos que combinam valores desejáveis de algumas características, tais como teor de fibra e teor de sacarose da cana. A correlação fenotípica para características avaliadas está de acordo com os dados relatados para a cana-de-açúcar (Hoarau et al. 2002; Jackson, 2005; Aitken et al. 2006; Aitken et al. 2008; Pinto et al. 2010; Mancini et al. 2012).

Os resultados obtidos neste estudo mostraram uma quantidade significativa de variabilidade genética para todas as características. No entanto, o intervalo de variação fenotípica maior nos genitores do que na descendência indica a presença de locos de genes que são expressos aumentando ou diminuindo o valor do fenótipo. A presença de alelos em híbridos que aumentam ou diminuem o valor fenotípico, como possivelmente observados na população em estudo, podem ser mapeados com marcadores moleculares, permitindo selecionar eficientemente as variedades a serem cruzadas, bem como clones elite pelos programas de melhoramento.

**Referências bibliográficas**

- Aitken, K.S., Jackson, P.A., and McIntyre, C.L. (2006). Quantitative trait loci identified for sugar related traits in a sugarcane (*Saccharum spp.*) cultivar x *Saccharum officinarum* population. *Theoretical and Applied Genetics*, New York, v. 112, p. 1306-1317.
- Aitken, K.S., Hermamm, S., Karno, K., Bonnett, G.D., McIntyre, L.C., and Jackson, P.A. (2008). Genetic control of yield related stalk traits in sugarcane. *Theoretical and Applied Genetics*, New York, v. 117, p. 1191–1203.
- Bressiani, J.A. (2001). Seleção seqüencial em cana-de-açúcar. 133p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba-SP.
- Consecana, (2006). Conselho nacional dos produtores de cana-de-açúcar, açúcar e álcool do estado de São Paulo. Manual de instruções, CONSECANA-SP, 112. Piracicaba: Editora CONSECANA.
- Hoarau, J. Y., Grivet, L., Offmann, B., Raboin, L. M., Diorflar, J. P., Payet, J., Hellmann, M., D'Hont, A., Glaszmann, J. C., (2002). Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum spp.*) II. Detection of QTLs for yield components. *Theor Appl Genet*, v.105, p.1027-1037.
- Jackson P., (2005). Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crop Res* 92:277–290.
- Mancini, M.C., Leite, D.C., Perecin, D., Bidóia, M.A.P., Xavier, M.A., Landell, M.G.A., Pinto, L.R., (2012). Characterization of the Genetic Variability of a Sugarcane Commercial Cross Through Yield Components and Quality Parameters. *Sugar Tech* v. 14, n.2, p.119–125.
- Matsuoka, S.; Garcia A.A.F.; Arizono, H., (2005). Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed.) *Melhoramento de espécies cultivadas*. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa: Editora da UFV, p.205-251.
- Perecin, D., Marques, D.G., Landell, M.G.A., (2004). Selo de qualidade para ensaios de melhoramento de cana-de-açúcar. *Reunião anual da região brasileira da sociedade internacional de biometria*, 382–384. MG: Uberlândia.
- Pinto, L.R., Garcia, A.A.F., Pastina, M.M., Teixeira, L.H.M., Bressiani, J.A., Ulian, E.C., Bidoia, M.A.P., Souza, A.P., (2010). Analysis of genomic and functional RFLP derived markers associated with sucrose content, fiber and yield QTLs in a sugarcane (*Saccharum spp.*) commercial cross. *Euphytica*. doi: 10.1007/s10681-009-9988-2.
- Resende, M.D., (2002). *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*, 975. Brasília: Embrapa Informacao Tecnológica.
- Skinner, J.C., Hogarth, D.M., Wu K.K., (1987). Selection methods, criteria, and indices. In *Sugarcane improvement through breeding*, ed. D.Z. Heinz, 409–454. Amsterdam: Elsevier Press.