



# Diversidade genética de acessos do complexo *Saccharum* do Banco de Germoplasma da Embrapa

Genetic diversity of *Saccharum* complex accessions of Embrapa genebank

L. A. R. Oliveira<sup>1</sup>; C. S. A. Pereira<sup>2</sup>; L. K. Morais<sup>2</sup>; A. S. Ledo<sup>2</sup>; A. V. C. Silva<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade – PPGAGRI, Universidade Federal de Sergipe, 49100-000, São Cristóvão-SE, Brasil

<sup>2</sup>Embrapa Tabuleiros Costeiros, 49025-040, Aracaju-SE, Brasil

\*ana.veruska@embrapa.br

(Recebido em 30 de dezembro de 2021; aceito em 20 de maio de 2022)

Os bancos de germoplasma representam fontes de variabilidade genética que podem ser empregadas em programas de melhoramento. Objetivou-se caracterizar molecularmente 31 acessos do Complexo *Saccharum* para auxiliar na gestão do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa e direcionar estratégias no programa de melhoramento genético. Com base nos marcadores moleculares ISSR, o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,34 a 0,83. O dendrograma baseado na matriz de dissimilaridade genética mostrou que os acessos se categorizaram em nove agrupamentos. O grupo IX foi composto pelos acessos da espécie *Erianthus arundinaceus* e apresentaram maior similaridade entre si, sugerindo a existência de duplicatas. As menores dissimilaridades foram entre os grupos I e II, nos quais estão presentes o maior número de espécies de *Saccharum officinarum* e as cultivares comerciais SP 791011 e RB92579. As informações obtidas poderão ser utilizadas na gestão do BAG, no desenvolvimento de um banco de dados para gerenciamento de características de acessos selvagens do Complexo *Saccharum*, bem como na indicação de futuros genitores potenciais para introgressão genética em programas de melhoramento.

Palavras-chave: cana-de-açúcar, recursos genéticos, marcadores moleculares.

Genebanks represent sources of genetic variability that can be used in breeding programs. The objective was to molecularly characterize 31 accessions of the *Saccharum* Complex to assist in the management of Sugarcane Embrapa genebank and to direct strategies in the genetic improvement program. The aim of this study was to evaluate the genetic diversity of 31 accessions of the *Saccharum* Complex, which comprises *Saccharum officinarum*, *Saccharum robustum*, *Saccharum spontaneum*, *Miscanthus* spp. and *Erianthus arundinaceus*. Based on ISSR molecular markers, the Jaccard similarity coefficient ranged from 0.34 to 0.83. The dendrogram based on the genetic dissimilarity matrix revealed that the accessions were categorized into nine groups. Group IX was composed of accessions of the species *Erianthus arundinaceus* and greater similarity to each other, suggesting the existence of duplicates. The smallest dissimilarities were between groups I and II, in which the largest number of species of *Saccharum officinarum* are present and as commercial cultivars SP 791011 and RB92579. The information provided will be used in the management of the genebank, in the development of a database to manage the characteristics of wild accessions of the *Saccharum* Complex, as well as in the indication of potential future parents for genetic introgression in breeding programs.

Keywords: sugarcane, genetic resources, molecular markers.

## 1. INTRODUÇÃO

A produção brasileira de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) na safra 2021/2022 foi de 585.179,4 milhões de toneladas, o que coloca o país como principal produtor mundial. Para a safra 2022/2023 há uma estimativa de aumento na produção e uma pequena redução na área [1]. A espécie é uma das culturas comerciais mais importantes para a produção de açúcar, etanol e outros subprodutos.

No início dos anos 2000 houve uma ascensão devido à mudança na matriz energética mundial, onde o Brasil foi impulsionado a ser um grande exportador de etanol [2] e o melhoramento genético ganhou novos desafios e diretrizes.

A incorporação de germoplasma selvagem, como fontes de genes relacionados à fibra, perfilhamento, entre outros, constitui uma das estratégias para promover aumentos de biomassa. É importante caracterizar o germoplasma básico, constituído pelos acessos selvagens de cana-de-açúcar (complexo *Saccharum*) para a sua utilização como genitores em cruzamentos [3].

Em função disso, programas de melhoramento têm surgido em todo o mundo. No Brasil, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) vem investigando a cana-de-açúcar como fonte de energia para a produção de materiais genéticos com altos teores de biomassa e adaptados às diferentes condições de cultivo que estariam disponíveis ao setor do agronegócio no futuro. A Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizada em Sergipe, região Nordeste do Brasil, possui 128 acessos em um Banco Ativo de Germoplasma, incluindo os gêneros *Saccharum*, *Erianthus* e *Miscanthus*, que são provenientes de coleções no Brasil e de intercâmbio com instituições internacionais.

Os bancos de germoplasma são importantes ferramentas para os programas de melhoramento ao representarem fontes de variabilidade genética que podem ser empregadas em novos cruzamentos. A diversidade entre acessos pode ser caracterizada por estudos moleculares, os quais contribuem para a identificação da variabilidade entre espécies. O uso de marcadores ISSR para avaliar a diversidade genética em cana-de-açúcar tem sido amplamente relatado na literatura [4-8].

O presente estudo teve como objetivo caracterizar, por meio de marcadores moleculares ISSR, os acessos do complexo *Saccharum* do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados 31 acessos de cana-de-açúcar provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Cana (BAGCana) da Embrapa Tabuleiros Costeiros, selecionados de acordo com suas especificidades e prioridade em programas de melhoramento. O BAG fica localizado no Campo Experimental Jorge Prado Sobral, situado na cidade de Nossa Senhora das Dores-SE, Brasil (10°29'27" S; 37°11'34"W). Folhas jovens dos 31 acessos (Tabela 1) foram coletadas, identificadas, embaladas em sacos plásticos, e armazenadas em -80°C no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Tabuleiros Costeiros para extração do DNA.

Tabela 1. Relação dos 31 acessos do Complexo *Saccharum* do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros, avaliados com marcadores moleculares do tipo microssatélites.

Amostra	Acesso	Espécie
1	Manteiga fita	<i>Saccharum officinarum</i>
2	RB791011	<i>Saccharum officinarum</i>
3	RB92579	<i>Saccharum officinarum</i>
4	Q42433	<i>Saccharum</i> híbrido
5	Q42509	<i>Saccharum</i> spp
6	Q44830	<i>Saccharum officinarum</i>
7	Hinahina	<i>Saccharum officinarum</i>
8	Bamboo rose	<i>Saccharum officinarum</i>
9	Q42251	<i>Saccharum robustum</i>
10	Q45416	<i>Saccharum</i> spp.
11	Q45864	<i>Saccharum officinarum</i>
12	Q45866	<i>Saccharum officinarum</i>
13	Q45869	<i>Saccharum officinarum</i>
14	Biscuit	<i>Saccharum officinarum</i>
15	IJ76-414	<i>Saccharum robustum</i>
16	Bourbon_SUR	<i>Saccharum officinarum</i>
17	Fiji_10	<i>Miscanthus</i> spp
18	Fiji_15	<i>Miscanthus</i> spp
19	IJ76-315	<i>Saccharum officinarum</i>
20	IJ76-358	<i>Erianthus arundinaceus</i>

Tabela 1. (continuação)

Amostra	Acesso	Espécie
21	IJ76-442	<i>Saccharum officinarum</i>
22	IJ76-384	<i>Erianthus arundinaceus</i>
23	IJ76-381	<i>Erianthus arundinaceus</i>
24	IJ76-364	<i>Erianthus arundinaceus</i>
25	IJ76-361	<i>Saccharum officinarum</i>
26	IJ76-359	<i>Erianthus arundinaceus</i>
27	IJ76-470	<i>Saccharum officinarum</i>
28	IN84_5	<i>Saccharum officinarum</i>
29	Khajuria	<i>Saccharum officinarum</i>
30	NG27-1124	<i>Saccharum officinarum</i>
31	US72_1319	<i>Saccharum spontaneum</i>

A extração de DNA seguiu o protocolo de Romano e Brasileiro (1999) [9] e foram utilizados 28 primers ISSR da University of British Columbia, Vancouver, Canadá (UBC) para detectar polimorfismos a uma concentração de 15 ng/mL. Os primers foram selecionados aleatoriamente (Tabela 2).

Tabela 2. Iniciadores de repetição de sequência simples (ISSR) usados em 31 acessos do Complexo *Saccharum* do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros, com suas respectivas sequências e temperatura de anelamento (TA).

Primer	Sequência	TA (°C)
807	5' AGA GAG AGA GAG AGA GT 3'	47,0
809	5' AGA GAG AGA GAG AGA GG 3'	57,2
810	5' GAG AGA GAG AGA GAG AT 3'	54,8
811	5' GAG AGA GAG AGA GAG AC 3'	46,8
812	5' GAG AGA GAG AGA GAG AA 3'	54,8
815	5' CTC TTC TCT CTC TCT CTG 3'	47,6
816	5' CAC ACA CAC ACA CAC AT 3'	54,8
817	5' CAC ACA CAC ACA CAC AA 3'	54,8
818	5' CAC ACA CAC ACA CAC AG 3'	57,2
823	5' TCT CTC TCT CTC TCT CC 3'	57,2
825	5' ACA CAC ACA CAC ACA CT 3'	54,8
826	5' ACA CAC ACA CAC ACA CC 3'	57,2
827	5' ACA CAC ACA CAC ACA CG 3'	57,2
828	5' TGT GTG TGT GTG TGT GA 3'	54,8
835	5' AGA GAG AGA GAG AGA GYC 3'	58,8
841	5' GAG AGA GAG AGA GAG AYC 3'	48,5
842	5' GAG AGA GAG AGA GAG AYG 3'	58,8
843	5' CTC TCT CTC TCT CTC TRA 3'	56,5
845	5' CTC TCT CTC TCT CTC TRG 3'	58,8
848	5' CAC ACA CAC ACA CAC ARG 3'	58,8
855	5' ACA CAC ACA CAC ACA CYT 3'	56,5
856	5' ACA CAC ACA CAC ACA CYA 3'	56,5
857	5' ACA CAC ACA CAC ACY G 3'	58,8
858	5' TGT GTG TGT GTG TGT GRT 3'	56,5
866	5' CTC CTC CTC CTC CTC CTC 3'	55,7
887	5' DVD TCT CTC TCT CTC CT 3'	55,6
888	5' BDB CAC ACA CAC ACA CA 3'	56,4
890	5' VHV GTG TGT GTG TGT GT 3'	56,4

As ampliações de PCR foram realizadas em termociclador (Veriti, Applied Biosystems) onde as amostras foram inicialmente sujeitas a desnaturação a 94 °C durante 4 min, seguidas de 37 ciclos de amplificação. Durante cada ciclo, as amostras foram submetidas a desnaturação a 94 °C durante 1 min, anelamento a diferentes temperaturas durante 2 minutos e extensão a 72 °C durante 2 min. Cada reação ISSR foi realizada em um volume final de 20 µL contendo 1 µL de 15 ng/mL de DNA; 0,2 µL de DNA polimerase Taq (Invitrogen®); 0,6 µL de MgCl<sub>2</sub>; 0,4 µL dNTP; 1 µL de primer; 2 µL de tampão; e 14,8 µL de água ultrapura.

Os fragmentos foram visualizados em 2% de gel de agarose [1X TBE; Tris 89 mM; ácido bórico 89 mM; EDTA 2,5 mM; pH 8,3] em um sistema de eletroforese horizontal executado a uma tensão constante de 182 V, 91 mA e 17 W durante 115 min. Para a padronização do tamanho das bandas, utilizou-se 5 µL de marcador de peso molecular de 100 pb. Os géis foram corados com solução de brometo de etídio (0,02 mL/mL de água), durante aproximadamente 30 min, e depois visualizados sob luz UV, usando o dispositivo de fotodocumentação Loccus L-pix HE (Loccus Biotecnologia, Brasil) (Figura 1).

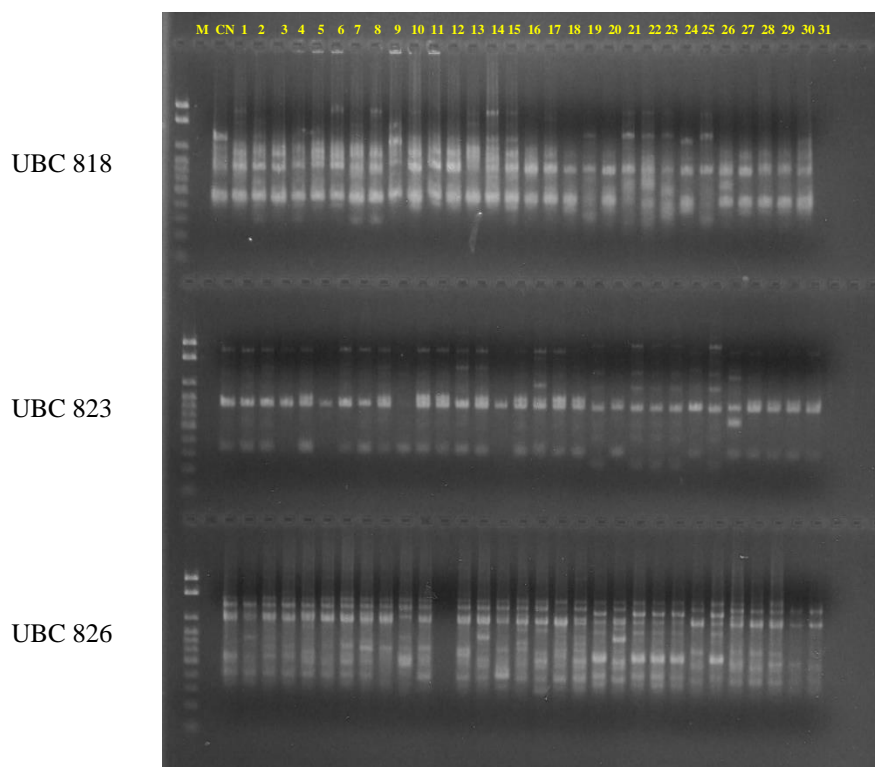


Figura 1. Perfis eletroforéticos ISSR de 31 acessos do Complexo Saccharum do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros, amplificados em gel de agarose usando os primers UBC 818, 823, 826. M: marcador 100 pb; CN: controle negativo; 1 a 31: amostras de DNA.

A análise dos géis resultou em uma matriz binária de acordo com a presença (1) ou ausência (0) de bandas fluorescentes. A partir do número de bandas amplificadas foi calculada a porcentagem de loci polimórficos. Os coeficientes de similaridade foram calculados utilizando o índice Jaccard. O número de alelos observados (Na), o número de alelos efetivos (Ne), a Heterozigosidade esperada (He), o Índice de Shannon (I) e a análise de coordenadas principais (ACoP) foram obtidos com o auxílio do software Genalex 6.5 [10].

As similaridades genéticas entre os indivíduos foram calculadas utilizando o coeficiente de Jaccard. O dendrograma foi construído com o auxílio do programa NTSYS-pc 2.0 [11], baseado na matriz de similaridade genética utilizando o método UPGMA (*Unweigh Pair-Group Method Arithmetic Average*). Com o auxílio do software GENES [12] foram calculados os valores de correlação e estresse. O software Structure version 2.3.4 [13] foi utilizado para analisar a estrutura genética dos acessos de cana-de-açúcar, baseado em estatística bayesiana e utilizando

o modelo de ancestralidade admixture. Para inferir o número de grupos (K), os valores  $K = 2$  a  $K = 16$  foram testados com cinco interações realizadas para cada valor de K e com burn-in de 10.000 e número de MCMC de 10.000. O número ideal de grupos foi selecionado usando o valor  $\Delta K$  [14] estimado com o auxílio do software Structure Harvester [15].

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O conhecimento da diversidade e estrutura genética de acessos presentes em um germoplasma é essencial para o uso eficiente desses recursos genéticos. A utilização de marcadores SSR permitiu a caracterização da variabilidade e estrutura genética dos acessos do complexo *Saccharum* do Banco de Germoplasma da Embrapa. A estimativa de correlação (r) apresentou valor de 0,999 e valor de estresse de 0,008. Um total de 28 primers ISSR foi testado e forneceram 201 fragmentos amplificados, sendo 193 polimórficos (95%). Em cada reação ISSR, o número de fragmentos amplificados variou de 4 (855) a 13 (817) (Tabela 3), que pode ser considerado um indicativo da riqueza alélica, e foi considerado suficiente para atender ao objetivo do presente estudo. O primer 817 forneceu o maior número de fragmentos amplificados (oito). A eficácia dos marcadores ISSR tem sido comprovada na literatura para avaliar a diversidade genética em cana-de-açúcar. No estudo de Devarumath et al. (2012) [5], 65 fragmentos amplificados usando 13 primers ISSR forneceram um polimorfismo de 96,5% e no de Costa et al. (2011) [4], os 12 primers ISSR utilizados para avaliar a diversidade genética de 11 variedades de cana-de-açúcar fornecem 317 bandas, com 94,9% de polimorfismo.

Tabela 3. Produtos amplificados utilizados para análise da diversidade genética de acessos do Complexo *Saccharum* do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros, utilizando 28 primers ISSR.

Primer	Total de bandas	Bandas polimórficas	Polimorfismo (%)
807	5	3	60
809	7	7	100
810	7	7	100
811	7	7	100
812	6	5	83,3
815	8	8	100
816	7	7	100
817	13	13	100
818	8	8	100
823	8	8	100
825	11	11	100
826	10	9	90
827	8	7	87,5
828	9	9	100
835	6	6	100
841	7	7	100
842	5	4	80
843	1	1	100
845	6	6	100
848	6	6	100
855	4	3	75
856	6	6	100
857	9	9	100
858	7	7	100
866	6	5	83,3
887	5	5	100
888	8	8	100
890	11	11	100

De acordo com a Análise de Componentes Principais (ACoP) (Figura 2), a distância genética pode ser explicada pelos dois primeiros componentes principais, que juntos correspondem a 31,86%. Nesta análise, os genótipos IJ76-358, IJ76-384, IJ76-381, IJ76-364, IJ76-359 foram os mais divergentes dos demais. Vale ressaltar que todos esses acessos são da espécie *Erianthus arundinaceus*.

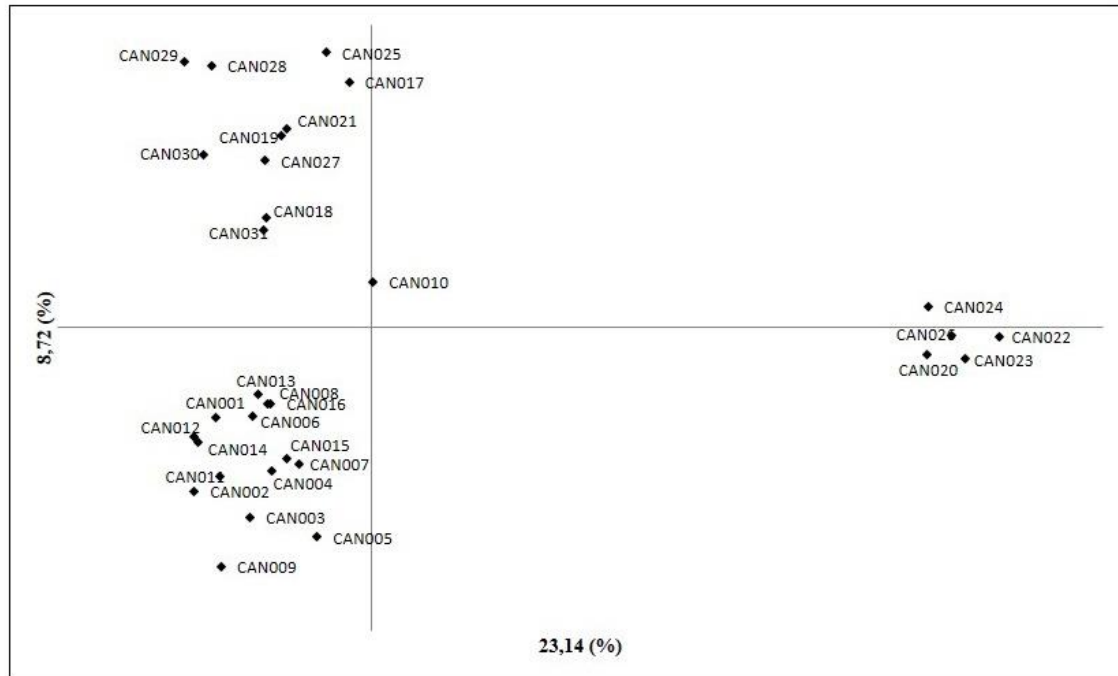


Figura 2. Análise de coordenadas principais (ACoP) entre 31 acessos do Complexo Saccharum do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros, utilizando 28 primers ISSR.

Por outro lado, o agrupamento UPGMA proporcionou a categorização de todos os acessos em nove diferentes agrupamentos (Figura 3). O dendograma baseado na matriz de similaridade genética permitiu a divisão em nove grupos. O grupo IX foi composto pelos acessos da espécie *Erianthus arundinaceus*, com os acessos IJ76-384 e IJ76-381 aparecendo como os mais próximos geneticamente e mais distantes das demais, confirmando o agrupamento da Figura 2. Os grupos VII e VIII foram formados por apenas um acesso, Q45416 e Fiji\_10, respectivamente. Nos grupos I e II que estão presentes o maior número de espécies de *Saccharum officinarum* e as cultivares comerciais SP 791011 e RB92579.

É importante o uso de mais de um método de agrupamento, em razão das diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos grupos. A classificação se complementa em função dos critérios que cada técnica utiliza, e impede que inferências errôneas sejam adotadas na alocação de materiais, dentro de um determinado subgrupo de genótipos [16].

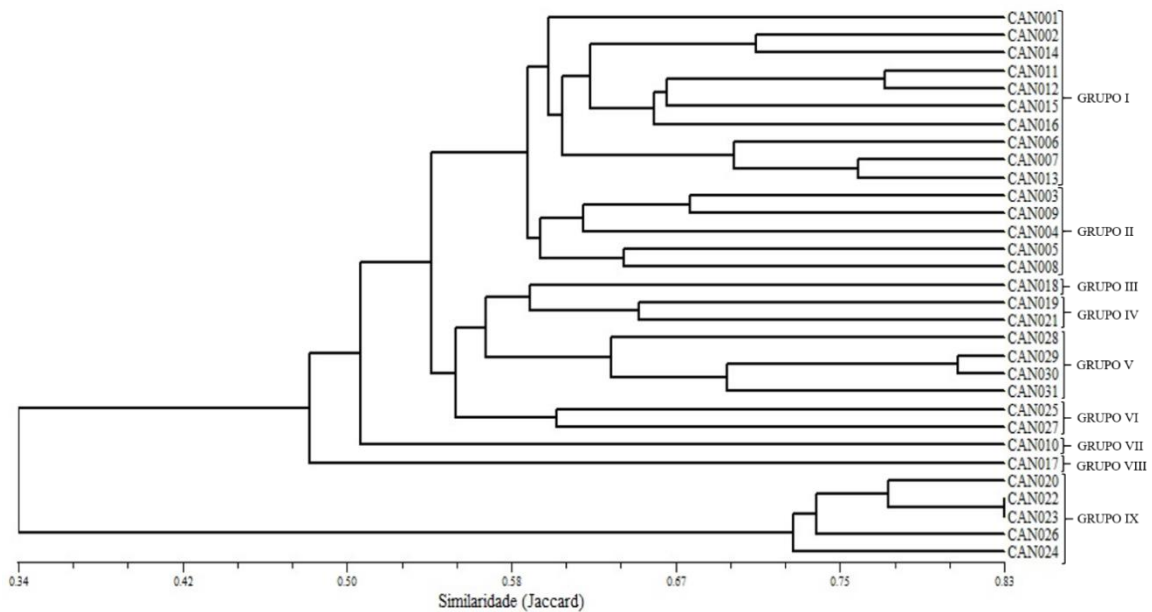


Figura 3. Dendrograma obtido pelo método UPGMA baseado no índice de similaridade genética pelo coeficiente de Jaccard para 31 acessos do Complexo Saccharum do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

O índice de Shannon (I) apresentou média de 0,49. Esse índice é um identificador de diversidade, que varia entre 0 e 1; quanto mais próximo for de 1, maior variabilidade genética [17]. No caso deste trabalho, pode ser classificada como média/intermediária, principalmente ao associar como os resultados de heterozigosidade esperada ( $H_E$ ) média, que foi de 0,33 (Tabela 4). Ambos os índices revelaram níveis intermediários de diversidade genética. Resultados semelhantes foram encontrados por Oliveira et al. (2017) [6].

Tabela 4. Número de indivíduos, Número de alelos observados ( $N_A$ ), Número de alelos efetivos ( $N_E$ ), Índice de Shannon (I), Heterozigosidade esperada ( $H_E$ ), Heterozigosidade observada ( $H_O$ ) para os acessos do Complexo Saccharum obtidos por marcadores ISSR.

Número de indivíduos	$N_A$	$N_E$	I	$H_E$	$H_O$
31	1,96	1,56	0,49	0,33	0,33

Baseado no índice de similaridade de Jaccard todos os indivíduos apresentaram distâncias genéticas, o que sugere que o nível de resolução neste estudo foi suficiente para distinguir todos os genótipos [18]. O coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,28 a 0,83 (Tabela 5). Os acessos IJ76-384 e IJ76-381, ambos *Erianthus arundinaceus*, apresentaram a maior similaridade genética (0,83), sugerindo que podem ser duplicatas ou provenientes de mesmos genitores e progenitores, clones irmãos. Os pares IJ76-384 (*Erianthus arundinaceus*) x Khajuria (*Saccharum officinarum*), e IJ76-384 x NG27-1124 (*Saccharum officinarum*) apresentaram menor similaridade (0,27) e são os mais divergentes.

Tabela 5. Matriz de similaridade de Jaccard utilizando 28 primers pela técnica ISSR entre 31 acessos do complexo *Saccharum* do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

Acesso	Acesso																															
	001	002	003	004	005	006	007	008	009	010	011	012	013	014	015	016	017	018	019	020	021	022	023	024	025	026	027	028	029	030		
CAN002	0,61	-																														
CAN003	0,58	0,64	-																													
CAN004	0,56	0,58	0,63	-																												
CAN005	0,57	0,55	0,62	0,58	-																											
CAN006	0,60	0,59	0,61	0,61	0,57	-																										
CAN007	0,59	0,58	0,58	0,60	0,61	0,68	-																									
CAN008	0,58	0,55	0,62	0,57	0,64	0,63	0,60	-																								
CAN009	0,55	0,61	0,67	0,61	0,62	0,57	0,61	0,58	-																							
CAN010	0,50	0,46	0,52	0,45	0,49	0,57	0,60	0,50	0,49	-																						
CAN011	0,65	0,62	0,62	0,57	0,60	0,65	0,63	0,62	0,66	0,51	-																					
CAN012	0,65	0,61	0,62	0,61	0,57	0,63	0,62	0,60	0,60	0,47	0,77	-																				
CAN013	0,60	0,56	0,59	0,59	0,58	0,72	0,76	0,59	0,61	0,62	0,66	0,62	-																			
CAN014	0,59	0,71	0,60	0,59	0,57	0,61	0,61	0,57	0,57	0,50	0,68	0,67	0,61	-																		
CAN015	0,59	0,60	0,58	0,60	0,60	0,65	0,60	0,56	0,58	0,51	0,67	0,65	0,63	0,62	-																	
CAN016	0,56	0,59	0,61	0,60	0,62	0,57	0,54	0,59	0,63	0,47	0,69	0,62	0,61	0,61	0,66	-																
CAN017	0,46	0,43	0,43	0,41	0,43	0,50	0,54	0,50	0,45	0,46	0,50	0,47	0,53	0,46	0,49	0,48	-															
CAN018	0,53	0,57	0,56	0,56	0,55	0,54	0,52	0,56	0,55	0,48	0,60	0,58	0,55	0,60	0,66	0,65	0,52	-														
CAN019	0,50	0,53	0,49	0,49	0,51	0,47	0,44	0,53	0,47	0,48	0,53	0,52	0,50	0,51	0,53	0,55	0,46	0,62	-													
CAN020	0,28	0,30	0,34	0,34	0,37	0,35	0,37	0,33	0,29	0,35	0,33	0,31	0,34	0,33	0,38	0,37	0,32	0,36	0,31	-												
CAN021	0,51	0,53	0,49	0,49	0,50	0,48	0,48	0,56	0,49	0,46	0,54	0,55	0,49	0,54	0,49	0,55	0,49	0,57	0,65	0,31	-											
CAN022	0,28	0,28	0,32	0,32	0,36	0,33	0,37	0,34	0,29	0,34	0,34	0,30	0,34	0,32	0,39	0,35	0,32	0,34	0,30	0,78	0,31	-										
CAN023	0,29	0,33	0,36	0,35	0,39	0,36	0,38	0,34	0,34	0,38	0,38	0,32	0,38	0,34	0,39	0,40	0,34	0,36	0,31	0,77	0,36	0,83	-									
CAN024	0,31	0,31	0,37	0,35	0,39	0,37	0,40	0,36	0,32	0,39	0,38	0,34	0,40	0,34	0,39	0,39	0,36	0,37	0,33	0,69	0,34	0,76	0,74	-								
CAN025	0,50	0,46	0,47	0,47	0,47	0,59	0,56	0,53	0,43	0,52	0,53	0,53	0,64	0,54	0,56	0,50	0,50	0,53	0,57	0,33	0,52	0,30	0,33	0,34	-							
CAN026	0,29	0,30	0,33	0,32	0,38	0,37	0,41	0,32	0,31	0,37	0,36	0,30	0,38	0,29	0,37	0,39	0,32	0,35	0,31	0,74	0,28	0,75	0,73	0,71	0,32	-						
CAN027	0,54	0,47	0,55	0,50	0,51	0,54	0,53	0,50	0,49	0,54	0,50	0,52	0,59	0,47	0,50	0,54	0,53	0,57	0,53	0,31	0,50	0,29	0,31	0,33	0,61	0,32	-					
CAN028	0,54	0,51	0,51	0,52	0,51	0,63	0,55	0,57	0,47	0,50	0,60	0,62	0,60	0,60	0,56	0,54	0,51	0,56	0,55	0,29	0,58	0,29	0,30	0,33	0,62	0,28	0,55	-				
CAN029	0,53	0,58	0,57	0,58	0,52	0,62	0,55	0,58	0,53	0,50	0,60	0,62	0,59	0,60	0,55	0,58	0,52	0,60	0,62	0,29	0,58	0,27	0,29	0,33	0,62	0,30	0,59	0,69	-			
CAN030	0,57	0,61	0,59	0,58	0,53	0,59	0,56	0,57	0,57	0,54	0,60	0,60	0,57	0,60	0,52	0,57	0,49	0,57	0,58	0,28	0,60	0,27	0,30	0,33	0,54	0,32	0,54	0,61	0,81	-		
CAN031	0,59	0,54	0,51	0,55	0,50	0,62	0,60	0,56	0,50	0,51	0,62	0,62	0,64	0,57	0,56	0,56	0,51	0,56	0,51	0,30	0,54	0,30	0,34	0,34	0,55	0,34	0,55	0,60	0,69	0,70	-	



A análise de estrutura genética populacional baseada na estatística Bayesiana permitiu a identificação de nove clusters ( $k=9$ ) (Figura 4). Foi formado um grupo formado por todos os acessos da espécie *Erianthus arundinaceus* (20, 22, 23, 24, 26). A visualização gráfica também permitiu identificar que existe uma mistura de material genético entre os acessos. Os resultados obtidos com o software Structure estão em conformidade com o método UPGMA, também observado por Medeiros et al. (2020) [19].

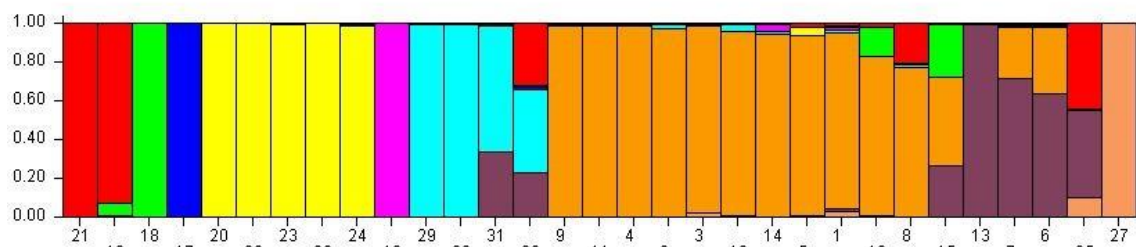


Figura 4. Estrutura genética de 31 acessos do complexo *Saccharum* do Banco Ativo de Germoplasma de Cana da Embrapa Tabuleiros Costeiros, em função da análise Bayesiana de agrupamentos implementada pelo programa Structure para  $K=9$ .

O conhecimento da estrutura genética do germoplasma é essencial para o delineamento de estratégias eficientes para a conservação e o melhoramento genético. A identificação de agrupamentos permite a seleção de genitores, e pode contribuir com o aumento da diversidade genética e do potencial de ganho com a seleção [20].

#### 4. CONCLUSÃO

Os acessos IJ76-384 e IJ76-381, ambos *Erianthus arundinaceus*, podem ser duplicatas.

Existem nove agrupamentos entre os acessos do complexo *Saccharum* no BAGCana da Embrapa Tabuleiros Costeiros.

Os resultados irão subsidiar a gestão do BAG e a indicação de genitores potenciais para introgressão genética em programas de melhoramento.

#### 5. AGRADECIMENTOS

Ao Sílvio Gomes Santos, técnico do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Tabuleiros Costeiros, pelo suporte nas análises laboratoriais.

#### 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Companhia Nacional de Abastecimento (Conab). Acompanhamento da safra brasileira: Cana-de-açúcar, safra 2021/2, 4º levantamento [Internet]. Vol. 8. N. 4. Brasília (DF): Conab; 2022. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cana/boletim-da-safra-de-cana-de-acucar>
2. Reis AJS. O melhoramento genético e a expansão da cana-de-açúcar no bioma cerrado. Rev UFG. 2009;11(7):14-17.
3. Yang X, Song J, You Q, Paudel DR, Zhang J, Wang J. Mining sequence variations in representative polyploid sugarcane germplasm accessions. BMC Gen. 2017;18:594. doi: 10.1186/s12864-017-3980-3
4. Costa MLM, Amorim LLB, Onofre AVC, Melo LJOT, Oliveira MBM, Carvalho R, et al. Assessment of genetic diversity in contrasting sugarcane varieties using Inter-Simple Sequence Repeat (Issr) markers. Am J Plant Sci. 2011 Apr;2(3):425-32. doi: 10.4236/Ajps.2011.23048
5. Devarumath RM, Kalwade SB, Kawar PG, Sushir KV. Assessment of genetic diversity in sugarcane germplasm using Issr and Ssr markers. Sugar Tech. 2012;14(4):334-44. doi: 10.1007/S12355-012-0168-7

6. Oliveira LAR, Cardoso MN, Oliveira ACA, Amaral AL, Rabbani ARC, Silva AVC, et al. Genetic diversity of *Saccharum* complex using ISSR markers. *Gen Mol Res.* 2017;16:1-16. doi: 10.4238/gmr16039788
7. Baloch AW, Kumbhar MA, Mallano IA, Baloch AM, Yasir TA, Sarki SM, et al. Genetic diversity analysis in commercial sugarcane (*Saccharum Officinarum* L.) genotypes. *Pakistan J Biotech.* 2017 Apr;14(2):167-71.
8. Huang HR, Gao YJ, Malviya MK, Verma KK, Solanki MK, Huang YX, et al. Genetic diversity analysis of sugarcane (*Saccharum* spp. Hybrids) among high-sucrose clones of gt series and commonly used parents by using microsatellite markers in Guangxi, China. *Sugar Tech.* 2021;24(2):397-407. doi: 10.1007/S12355-021-01033-Y
9. Romano E, Brasileiro ACM. Extração de DNA de plantas. *Ciê Des.* 1999;9:40-3.
10. Peakall R, Smouse PE. Genalex 6: Genetic analysis in Excel. *Population Genetic Software for Teaching and Research.* *Mol Ecol Res.* 2006;6:288-95. doi: 10.1111/J.1471-8286.2005.01155.X
11. Rohlf FJ. Ntsyspc: Numerical Taxonomy System, Version 2.0. New York (US): Exeter Publishing Setauket; 2001.
12. Cruz CD. Genes - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci.* 2013;35(3):271-6. doi: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251
13. Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics.* 2000;155(2):945-59. doi: 10.1093/genetics/155.2.945.
14. Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: A simulation study. *Mol Ecol.* 2005;14(8):2611-20. doi: 10.1111/J.1365-294x.2005.02553.X
15. Earl DA, Vonholdt BM. Structure harvester: A website and program for visualizing structure output and implementing the evanno method. *Cons Gen Res.* 2012;4(2):359-61. doi: 10.1007/S12686-011-9548-7
16. Arriel NH, Di Mauro AO, Di Mauro SM, Bakke OA, Uneda-Trevisoli SH, Costa MM, et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. *Pesq Agrop Bras.* 2006;41(5):801-9. doi: 10.1590/S0100-204X2006000500012
17. Giustina LD, Luz LN, Vieira FS, Rossi FS, Soares-Lopes CRA, Pereira TNS, et al. Population structure and genetic diversity in natural populations of *Theobroma Speciosum* Willd. Ex Spreng (Malvaceae). *Gen Mol Res.* 2014;13:47-53. doi: 10.4238/2014.February.14.5
18. da Silva AVC, Rabbani ARC, Almeida CS, Clivati D. Genetic structure and diversity of the neem germplasm bank from Brazil Northeast. *Afr J Biotech.* 2013;12:2822-9. doi: 10.5897/AJB2013.12352
19. Medeiros C, Balsalobre TWA, Carneiro MS. Molecular diversity and genetic structure of *Saccharum* complex accessions. *Plos One.* 2020;15(5):E0233211. doi: 10.1371/Journal.Pone.0233211
20. Campoy JA, Lerigoleur-Balsemin E, Christmann H, Beauvieux R, Girollet N, Quero-Garcia J, et al. Genetic diversity, linkage disequilibrium, population structure and construction of a core collection of *Prunus avium* L. landraces and bred cultivars. *BMC Plant Biol* 2016;16:49. doi: 10.1186/s12870-016-0712-9