

Agrupamento de genótipos de cana-de-açúcar em função da sua dissimilaridade genética com foco para a produção de açúcar mascavo

Patrícia Jesus de Melo¹, Alessandro Dal' Col Lúcio², Elisangela Marques Jeronimo³, Tiago Olivoto¹, Maria Inês Diel¹, Bruno Giacomini Sari¹, Darlei Michelski Lambert⁴, João Alberto Zemolin⁴

1- Introdução

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) constitui uma cultura de grande importância socioeconômica no cenário nacional e mundial, com os principais derivados o etanol e o açúcar. Dentro dos derivados da cana, está presente o açúcar mascavo. Um açúcar sem refinamento, produzido em pequena escala, mais comum de produção pela agricultura familiar (PARAZZI et al., 2009)

Como características benéficas a saúde, o açúcar mascavo apresenta características nutricionais mais saudáveis, o que acaba atraindo mais pessoas interessadas em seu consumo. Possui maiores concentrações de minerais, vitaminas, auxilia no fortalecimento do sistema imunológico, apresenta propriedades anticarcinogênicas e citoprotetoras (SANTOS; QUINÁIA; FELSNER, 2018).

Em busca de maior produção de açúcar mascavo, torna-se importante o estudo de combinações de genótipo que possibilite obter maior vigor heterótico. Para realizar o agrupamento dos genótipos em função da sua similaridade genética há técnicas de análise multivariada que podem ser utilizadas com essa finalidade, dentre elas está a análise de agrupamento

A análise de agrupamento separa os genótipos em grupos com similaridade genética, por meio de algum critério de classificação, de forma que ocorra o máximo de heterogeneidade entre grupo e homogeneidade dentro dos grupos formados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Este trabalho teve como objetivo agrupar os genótipos de acordo com a similaridade genética em cada época de colheita para a produção de açúcar mascavo.

2- Material e métodos

Foi realizado um experimento na área de cultivo experimental da APTA (Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios) na cidade de Jaú – São Paulo, situada a 22°17'S e 48° 34'W com 580 metros de altitude. O clima da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Aw–seco (ALVARES et al., 2014). A adubação ao longo do experimento seguiu conforme análise de solo, com aplicações de acordo com as recomendações técnicas para a cultura

O plantio foi realizado na primeira quinzena do mês de abril do ano de 2013, usando para o mesmo, aproximadamente, 18 gemas por metro de sulco em todos os tratamentos estabelecidos. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com parcelas subdivididas, sendo genótipo na parcela principal e colheita nas subparcelas, com quatro repetições, em um fatorial 10x3, constituído de dez genótipos de cana-de-açúcar colhidas em três diferentes épocas do ano. Os genótipos foram IACSP04-656, IACSP04-704, IACSP93-3046, IACSP95-5000, IACSP95-5094, IACSP96-3060,

¹Programa de Pós-graduação em Agronomia (PPGAgronomia), Centro de Ciências Rurais (CCR), Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), 97105-900, Santa Maria, RS, Brasil. email: patty_de_melo@yahoo.com.br, tiagoolivoto@gmail.com, brunosari@hotmail.com, mariaines.diel@hotmail.com

²Departamento de Fitotecnia, CCR, UFSM, Santa Maria, RS, Brasil. email: adlucio@ufsm.br

³ Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), Polo Regional Centro Oeste, Avenida Rodrigues Alves, Quadra 27 a Quadra 39, Vila Cardia, 17030-000, Bauru, SP, Brasil. email: elisangela.m.jeronimo@gmail.com

⁴Curso de Agronomia, CCR, UFSM, Santa Maria, RS, Brasil.

IACSP97-4039, RB867515, RB966928, SP81-3250, colhidas em três momentos: a) no início da safra de 25/06/2014 a 05/07/2014 após 15 meses de cultivo; b) no meio da safra de 15/09/2014 a 25/09/2014 após 17 meses de cultivo e c) ao final da safra de 15/11/2014 a 25/11/2014 após 19 meses de cultivo. A parcela experimental foi composta de cinco linhas de oito metros de comprimento e espaçamento de 1,5 m entre si, perfazendo uma área útil total de 60 m², totalizando uma área total de 2.400 m². Na tabela 1 segue a maturação dos genótipos e seus progenitores.

Tabela 1. Classificação conforme o grupo de maturação dos genótipos e seus progenitores.

Genótipo	Grupo de maturação	Origem	Progenitores	
IACSP93-3046	Médio/tardio	IAC	SP79-1011	?
IACSP95-5094	Médio	IAC	SP80-3280	?
IACSP97-4039	Precoce	IAC	RB835486	RB855453
IACSP95-5000	S/Inf	IAC	SP84-2066	SP80-185
IACSP96-3060	Médio/tardio	IAC	SP82-6108	?
IACSP04-704	S/Inf	IAC	IACSP95-3028	SP77-5181
IACSP04-656	S/Inf	IAC	IACSP93-3046	SP77-5181
RB966928	Precoce	RIDESA	RB855156	RB815690
RB867515	Médio/tardia	RIDESA	RB72454	?
SP81-3250	Médio	Copersucar	CP70-1547	SP71-1279

IAC: Instituto Agrônomo de Campinas, RIDESA: Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético, SP: Copersucar.

Para cada colheita foi realizada a coleta de uma amostra de 62 colmos referentes a 1/3 da parcela. Esta amostra foi separada em duas sub-amostras, onde parte contendo 12 colmos foi utilizada para mensurar as variáveis biométricas de altura de colmos (AC em cm) e as variáveis tecnológicas referentes ao teor de sacarose da cana (POL Cana em %), sacarose do caldo (POL Caldo em %), sólidos solúveis na cana (°BrixC em %) e cálculo dos açúcares totais recuperáveis (ATR em kg/tonelada de cana). A outra subamostra, com 50 colmos, foi utilizada para mensurar a massa de colmos por meio do peso médio de colmo (PMC em kg), açúcar mascavo em 100 litros de caldo (AM100L) calculados a partir do açúcar mascavo processados de oito litros tacho extraídos do volume de caldo de 50 colmos processados em moenda de um terno, e teor de Sólidos Solúveis (°BrixCal) do caldo de cana a ser utilizado para o processamento do açúcar mascavo.

Os 50 colmos coletados foram moídos em moenda de 1 terno para extração de caldo. Deste volume, oito litros foram direcionados para a produção de açúcar mascavo, em tacho aberto de alumínio, à pressão atmosférica, em fogão a gás semi industrial de alta pressão. A temperatura ao longo do processo foi em torno de 90 a 100 °C e com temperatura de 115 °C ao final da concentração e obtenção da massa, momento denominado de ponto de obtenção do açúcar mascavo, que é imediatamente retirada do fogo para a etapa de bateção manual e ocorrência da cristalização do açúcar.

As amostras de açúcar mascavo foram analisadas quanto ao teor de sacarose (POL AM em %). A determinação da cor instrumental foi realizada utilizando-se colorímetro da marca Konica Minolta (Chroma meter, CR 400/410) para determinação dos valores “L” (indica a cor da luminosidade (0%) negro e (100%) branco), “a” (indica variação da cor do (-a) verde até o (+a) vermelho) e do “b” (indica a variação da cor de (-b) azul até o (+b) amarelo). Estes padrões de cor foram determinados pela Commission Internationale d’Eclairage (CIE) em 1976, são denominados componentes de luminância (YAM; PAPADAKIS, 2004). A variável Croma (Ângulo Hue) indica a intensidade da cor, a mesma foi avaliada pela conversão do índice “a” e “b”.

A análise de agrupamento dos genótipos foi realizada utilizando o método UPGMA (Método de grupo por par não ponderado com média aritmética) baseando na matriz de distância euclidiana. Para a identificação do número de grupos foi utilizado pacote pvclust do software R (SUZUKI; SHIMODAIRA, 2006). Baseado em 1.000 reamostragens, grupos com approximately

unbiased p-valor < 0.05 foram considerados significativos. A associação entre as matrizes gráfica e original foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC) (SOKAL; ROHLF, 1962).

Para a realização das análises estatísticas e processamento de dados foi utilizado o software R (R CORE TEAM, 2017).

3- Resultados e discussão

No estudo da dissimilaridade genética entre os genótipos, foram obtidos os valores da correlação cofenética de 0,80, 0,85 e 0,78 para a primeira, segunda e terceira época de colheita indicando bons ajustes entre as distâncias das matrizes originais e gráficas. Com este estudo é possível verificar a dissimilaridade genética entre os genótipos dentro de cada época de colheita, sugerindo os genótipos que podem ser utilizadas em cruzamentos de futuros estudos em programas de melhoramento genético com a cultura da cana-de-açúcar visando a produção de açúcar mascavo.

Na primeira época de colheita houve a formação de dois clusters (Figura 1a), no primeiro grupo estão os genótipos RB966928, RB867515 e SP81-3250 e o segundo grupo formado pelos genótipos IACSP04-656, IACSP04-704, IACSP93-3046, IACSP95-5000, IACSP95-5094, IACSP96-3060, IACSP97-4039. Pode-se observar similaridade entre os genótipos dentro de cada grupo. O primeiro grupo apresentou menor valor médio de ATR que constitui os açúcares glicose, frutose e sacarose, e consequentemente também valores menores de açúcar mascavo produzido em 100 litros de caldo (Tabela 2), quando comparado com os demais grupos formados nas outras épocas. O segundo grupo formado na primeira época de colheita, os valores de ATR foram semelhantes, porém esse grupo de genótipos apresentou valores médios menores de AC e PMC em comparação com o primeiro grupo formado, para os valores de produção de açúcar mascavo os valores médios obtidos foram menores com relação ao primeiro grupo formado.

Na segunda época de colheita (Figura 1b), houve a formação de três grupos, o primeiro composto pelos genótipos RB966928, RB867515 e SP81-3250, o segundo pelo genótipo IACSP04-656 e o terceiro pelos genótipos IACSP04-704, IACSP93-3046, IACSP95-5000, IACSP95-5094, IACSP96-3060, IACSP97-4039. Para os três grupos formados houve maior acúmulo do teor de sólidos solúveis na cana de açúcar (°BrixC) e maior quantidade de açúcares redutores totais (ATR). O primeiro grupo apresentou valores superiores para AC e PMC com relação aos outros dois grupos, porém com valores menores para a recuperação de açúcar e menor quantidade de açúcares redutores totais. O segundo grupo apresentou os menores valores para AC e PMC, porém os maiores valores de °BrixC e ATR. O terceiro grupo apresentou resposta intermediária entre o primeiro e o terceiro grupo. O segundo grupo obteve-se plantas com estatura menor, menor peso médio de colmo e maior acúmulo de açúcares e maior produção de açúcar mascavo.

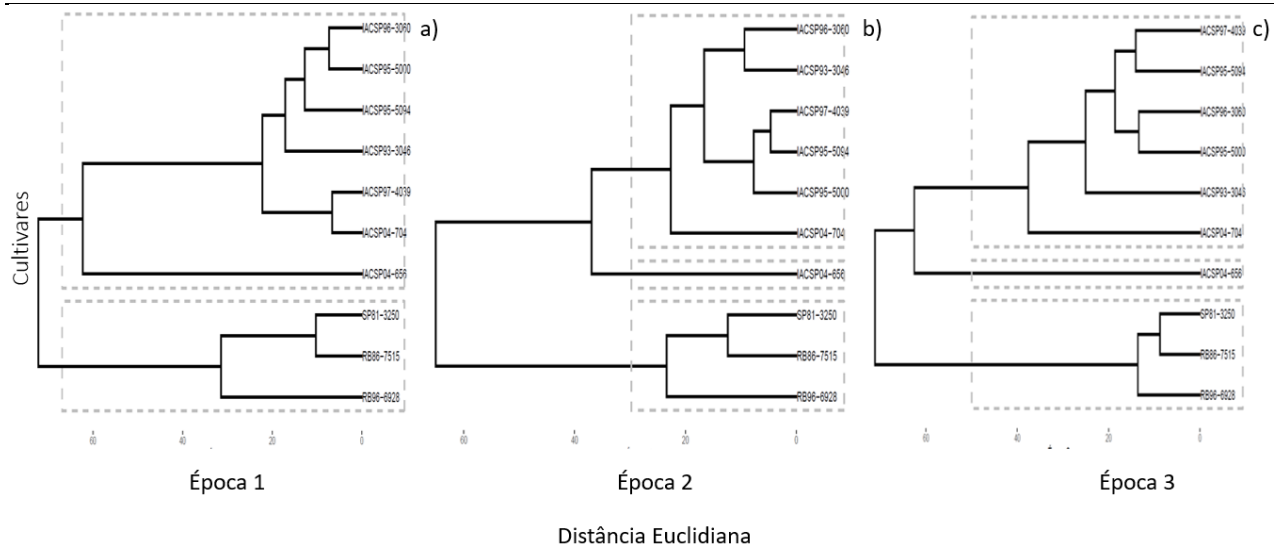


Figura 1: Dendrogramas obtidos por meio do método de agrupamento hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA), por meio da distância euclidiana entre os dez genótipos para cada época de colheita.

Para a terceira época de colheita (Figura 1c) ocorreu a formação dos mesmos grupos que na segunda época, confirmando a similaridade genética entre os genótipos de cada grupo. Os valores do PMC sofreram queda em seus valores para os três grupos formados, além da redução dos valores de °BrixC. A redução da queda do PMC e do °BrixC ocorre em consequência da queda do teor de sacarose após o pico de produção (CHANDRA et al., 2014). Com o objetivo de obter o maior potencial heterótico, obtido pela união de dois genótipos diferentes, onde o material obtido do cruzamento apresenta características e qualidades superiores aos genótipos utilizados para sua obtenção (Shull, 1948), o cruzamento entre os genótipos RB966928, RB867515 e SP81-3250 e o genótipo IACSP04-656 torna-se promissor na busca de maior produtividade de açúcar mascavo, após 17 meses de cultivo.

Tabela 2. Média (MED), desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV) das variáveis altura de colmo (AC), açúcar mascavo em 100 litros de caldo (AM100LC), açúcares totais recuperáveis (ATR), "a", "b", Croma, L, POL do caldo (POL Caldo), POL da cana (POL Cana), peso médio de colmo (PMC), teor de sólidos solúveis no caldo (°BrixCal), teor de sólidos solúveis na cana (°BrixC), para os grupos (G1= grupo 1, G2= grupo 2 e G3 = grupo 3) formados a partir do dendrograma representativo da dissimilaridade genética.

Variável	ÉPOCA 1						ÉPOCA 2						ÉPOCA 3						MED	DP	CV%	MED	DP	CV%
	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3						
PMC (kg)	2.08	0.26	12.38	1.70	0.33	19.32	1.94	0.24	12.61	1.22	0.09	7.45	1.64	0.18	10.80	2.06	0.37	17.94	1.16	0.12	10.09	1.63	0.20	12.02
AC (cm)	312.34	19.03	6.09	240.84	27.41	11.38	317.92	17.10	5.38	222.70	42.25	18.97	258.80	14.71	5.68	327.92	13.22	4.03	205.83	14.40	7.00	267.76	23.92	8.93
°BrixC (%)	20.53	0.69	3.34	20.41	0.83	4.07	23.65	0.81	3.42	24.17	1.46	6.04	23.88	0.75	3.15	21.39	0.65	3.03	22.26	0.42	1.88	22.25	0.94	4.21
POL Caldo (%)	18.80	0.80	4.24	18.70	0.91	4.85	21.29	0.81	3.82	21.91	1.16	5.29	21.72	0.90	4.14	19.19	0.99	5.14	20.67	0.40	1.95	21.04	2.34	11.14
POL Cana (%)	15.93	0.62	3.89	15.87	0.79	4.99	17.74	0.71	3.99	18.21	0.95	5.24	18.19	0.76	4.16	15.95	0.89	5.56	17.13	0.30	1.75	17.18	1.00	5.79
ATR (Kg . ton-1)	157.34	5.61	3.56	156.67	7.42	4.74	175.10	6.62	3.78	179.46	9.34	5.20	179.18	6.97	3.89	157.96	7.92	5.02	168.42	2.88	1.71	169.05	9.15	5.41
°BrixCal (%)	21.27	0.92	4.32	21.26	0.82	3.86	22.14	0.62	2.81	22.45	0.64	2.85	22.92	0.80	3.51	20.42	1.14	5.57	20.80	1.17	5.61	21.00	1.21	5.74
AM100LC (Kg)	18.41	1.43	7.77	18.67	1.19	6.40	21.34	0.88	4.12	20.59	0.51	2.46	21.89	1.45	6.63	18.11	1.82	10.02	18.82	1.42	7.55	19.11	1.83	9.59
L (%)	47.13	1.93	4.09	49.77	1.38	2.77	47.81	2.73	5.70	48.64	3.54	7.28	49.05	1.91	3.89	46.42	2.20	4.74	47.47	2.61	5.49	46.54	2.45	5.27
a	6.06	0.63	10.31	5.71	0.58	10.20	5.91	0.34	5.72	5.64	1.02	18.16	5.65	0.53	9.34	5.45	0.48	8.79	5.44	0.22	3.99	5.64	0.48	8.51
b	19.21	1.24	6.46	20.71	0.95	4.61	18.51	1.32	7.13	19.41	2.02	10.41	19.53	1.30	6.66	17.25	1.35	7.85	19.62	1.95	9.96	17.73	1.61	9.10
Croma	20.15	1.31	6.50	21.49	0.99	4.59	19.44	1.19	6.10	20.25	1.78	8.78	20.71	2.38	11.51	18.10	1.33	7.36	20.37	1.88	9.23	18.61	1.60	8.57

É importante ressaltar que não basta apenas a dissimilaridade genética entre progenitores para a obtenção do potencial heterótico e sim deve também ser observada seu desempenho, produção e produtividade de seus genitores (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2000)

4- CONCLUSÃO

No estudo da dissimilaridade genética, os genótipos IAC apresentaram agrupamento entre si e os genótipos RB966928, RB867515 e SP81-3250 também apresentaram agrupamento entre si, nas três épocas de colheita.

Para obtenção do maior vigor heterótico, o cruzamento entre os genótipos RB966928, RB867515 e SP81-3250 com o genótipo IACSP04-656 pode ser promissor para obter maior vigor produtivo com foco na maior produção de açúcar mascavo.

5- Referências bibliográficas

ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2014.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V. et al. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 8, p. 1613–1619, 2000.

CHANDRA, A. et al. Expression analysis of genes associated with sucrose accumulation in sugarcane (*Saccharum spp.* hybrids) varieties differing in content and time of peak sucrose storage. **Plant Biology**, v. 17, p. 608–617, 2014.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biometricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa-MG: Editora UFV, 2012.

PARAZZI, C. et al. Análises microbiológicas do açúcar mascavo. **Bioscience Journal**, v. 25, n. June, p. 32–40, 2009.

R CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing** Vienna, Austria, 2019.

SANTOS, J. M.; QUINÁIA, S. P.; FELSNER, M. L. Fast and direct analysis of Cr, Cd and Pb in brown sugar by GF AAS. **Food Chemistry**, v. 260, n. March, p. 19–26, 2018.

SHULL, G. H. What Is «Heterosis». **Genetics**, v. 33, p. 339–446, 1948.

SUZUKI, R.; SHIMODAIRA, H. Suzuki R, Shimodaira H. . Pvclust : an R package for assessing the uncertainty in Pvclust : an R package for assessing the uncertainty in hierarchical clustering. v. 22, n. September, p. 1540–1542, 2006.

YAM, K. L.; PAPADAKIS, S. E. A simple digital imaging method for measuring and analyzing color of food surfaces. **Journal of Food Engineering**, v. 61, p. 137–142, 2004.