

## **APLICAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR**

**Luciana A. Carlini-Garcia**

Eng. Agr., Dr., PqC do Polo Regional Centro Sul/APTA

[lacgarcia@apta.sp.gov.br](mailto:lacgarcia@apta.sp.gov.br)

**Daniel Nunes da Silva**

Eng. Agr., PqC do Centro de Cana – IAC/APTA

[dnunes@iac.sp.gov.br](mailto:dnunes@iac.sp.gov.br)

**Luciana Rossini Pinto**

Eng. Agr., Dr. PqC do Centro de Cana – IAC/APTA

[lurossini@iac.sp.gov.br](mailto:lurossini@iac.sp.gov.br)

**Mauro Alexandre Xavier**

Eng. Agr., Dr. PqC do Centro de Cana – IAC/APTA

[mxavier@iac.sp.gov.br](mailto:mxavier@iac.sp.gov.br)

**Silvana A. Creste Dias de Souza**

Eng. Agr., Dr. PqC do Centro de Cana – IAC/APTA

[screste@iac.sp.gov.br](mailto:screste@iac.sp.gov.br)

**Marcos Guimarães de Andrade Landell**

Eng. Agr., Dr. PqC do Centro de Cana – IAC/APTA

[mlandell@iac.sp.gov.br](mailto:mllandell@iac.sp.gov.br)

A variação entre indivíduos, sejam eles plantas, animais, microrganismos, etc., ocorre em diversos níveis: genético, bioquímico, molecular, fenotípico, entre outros. Com base nesse fato, indivíduos podem ser caracterizados pelo genótipo, que são as informações contidas no DNA, e pelo fenótipo, que é expressão das informações genotípicas no ambiente em que

os indivíduos se encontram. Assim, ao considerarmos uma cultura agrícola, podemos avaliar, entre outras, as variações fenotípicas entre indivíduos distintos (ex.: diferenças em produtividade, resistência ou tolerância a estresses bióticos como doenças e abióticos como temperaturas extremas) e as genóticas, que ocorrem no DNA. Embora sejam níveis diferentes de variação, em ambos os casos obtemos informações sobre os indivíduos, as quais podem ser utilizadas conjuntamente no melhoramento genético da espécie, otimizando o processo.

O genoma de um indivíduo é constituído pelo conteúdo de DNA presente em suas células, sendo que existem diversas técnicas que nos permitem analisar a variabilidade, em nível de DNA, entre indivíduos. A fita de DNA pode ser dividida em diversas regiões, denominadas locos. As formas ou variações de um loco são denominadas alelos e essas variações alélicas podem ser usadas como marcadores genéticos. Os marcadores moleculares constituem um tipo de marcador genético, sendo que existem diversas categorias de marcadores moleculares. Alguns se distribuem aleatoriamente pelo genoma, como os chamados SSRs e os AFLPs. Outros são mais específicos, sendo derivados de genes relacionados a caracteres de interesse, como os marcadores TRAP. Muitos tipos de marcadores moleculares têm gerado informações a serem empregadas no melhoramento genético de diversas culturas e podem inclusive estar associados ao estudo de diversas características.

A cana-de-açúcar é uma cultura de extrema importância no cenário nacional e internacional. O Brasil é o principal país produtor de cana do mundo. Na safra 2011/2012, foram produzidas 682,1 bilhões de toneladas de cana-de-açúcar, sendo que, desse total, 73,2% são oriundos da região Centro Sul do país. Ao todo, foram produzidos 41,5 bilhões de toneladas de açúcar e 29,5 bilhões de m<sup>3</sup> de etanol total. Parte dessa produção destinou-se ao consumo interno e parte foi exportada. Além desses dois produtos principais, o bagaço da cana também pode ser usado para gerar energia elétrica.

Assim como a produção e a produtividade da cana tem crescido, a área de cultivo também tem sido ampliada. Embora a cana seja plantada em diversas áreas do país, em algumas regiões há fatores causadores de estresses abióticos, limitando a produtividade. Um exemplo é a ocorrência de déficit hídrico, especialmente na região central do Brasil. Nesse caso, a obtenção de genótipos de cana adaptados a condições mais áridas é de extrema valia.

Nesse contexto, o Centro de Cana do IAC, juntamente com o Pólo Regional Centro Sul, universidades públicas do estado de São Paulo e a Usina Jalles Machado vêm desenvolvendo pesquisa que tem como parte dos objetivos caracterizar, em nível molecular, variedades de cana que apresentam diferentes graus de tolerância à seca, visando associar a informação molecular com esta informação fenotípica. Se essa associação for detectada, os marcadores moleculares poderão auxiliar na seleção de variedades com maior tolerância à seca e ainda possibilitariam o direcionamento de cruzamentos entre variedades, buscando produzir novos híbridos de cana que sejam produtivos e adaptados a tais condições ambientais. Consequentemente, genótipos melhorados seriam obtidos de modo mais rápido e eficiente.

Os resultados parciais obtidos referentes à caracterização molecular das variedades de cana sob estudo, ilustrando uma das aplicações dos marcadores moleculares no melhoramento genético da cana são apresentados a seguir. Neste estudo, oitenta e oito variedades de cana-de-açúcar, que apresentam graus distintos de tolerância à seca, foram analisadas quanto sua variabilidade genética. Para tanto, foram utilizados um total de 1839 marcadores moleculares dos tipos AFLP e TRAP. Os marcadores TRAP utilizados nessa pesquisa foram derivados de partes do genoma que tem genes relacionados ao metabolismo de produção de açúcar e ao de tolerância à seca, sendo bastante específicos, portanto, para estudo das características fenotípicas de interesse.

Cada variedade foi avaliada quanto à presença ou a ausência desses 1839 locos em seu genoma. Variedades que apresentam maior coincidência no padrão de presença/ausência dos marcadores são mais semelhantes entre si do ponto de vista molecular. Em seguida, com base nos resultados obtidos, foi possível calcular um índice que mede o quanto essas variedades são similares entre si. Com base nos valores obtidos, as variedades foram agrupadas de modo que, variedades pertencentes a um determinado grupo são mais semelhantes entre si, do ponto de vista molecular, do que aquelas alocadas em grupos distintos.

A partir da análise baseada nos dados moleculares, os genótipos se distribuíram em dois grandes grupos: o primeiro contendo variedades mais antigas (ex.: SP716163, RB855536) e germoplasma introduzido (ex.: Creoula, NA54-79); o segundo foi constituído por variedades produzidas mais recentemente pelos programas de melhoramento genético (ex.: CTC9, IACSP-955000). Esses dois grupos podem ainda ser subdivididos em função das origens das variedades, gerando um total de dez subgrupos. Esses resultados apontam para o fato

de que os marcadores moleculares foram eficientes em discriminar as variedades em função de como elas foram originadas.

O próximo passo será verificar se existe ligação entre esses marcadores com regiões do genoma que estejam associadas às características fenotípicas de interesse, no caso produtividade e tolerância à seca. Para que isso seja realizado, as mesmas 88 variedades estão sendo avaliadas em campo para os caracteres de interesse. Se essa associação entre os genótipos dos marcadores e o fenótipo dos indivíduos for detectada, então os marcadores que mostrarem tal associação poderão ser usados como ferramenta auxiliar na seleção de genótipos que sejam mais produtivos e mais tolerantes ao estresse hídrico. Desta forma, os marcadores moleculares poderão aumentar a eficiência do processo seletivo e trazer, conseqüentemente, benefícios à sociedade pela possível liberação, que ocorreria de forma mais rápida, de variedades melhoradas de cana de açúcar para ambientes com restrição hídrica.

## Referências

GRIFFITHS, A.J.F. et al. **An introduction to genetic analysis**. 6<sup>th</sup> ed. New York: W.H. Freeman and Company, 1996. 916p.

HU, J.; VICK, B.A. Target region amplification polymorphism: a novel marker technique for plant genotyping. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.21, p.289-294, 2003

LYNCH, M; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Canada: Sinauer Associates, Inc., 1998. 980p.

SOUZA, A.P. Biologia Molecular aplicada ao Melhoramento. In: NASS, L.L. et al. (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. cap. 29. p. 939-965.

ÚNICA. **Relatório final da safra 2011/2012**: Região Centro Sul. 2012. 26p. Disponível em <<http://www.unicadata.com.br/listagem.php?idMn=72>>. Acesso em: 29 ago. 2012.

VARSHNEY, R.K. et al. Genic molecular markers in plants: development an applications. In: VARSHNEY, R.K.; TUBEROSA, R. (Eds.). **Genomics-assisted crop improvement: genomic approaches and platforms**. Springer, 2010. vol. 1, chap. 2. p.13-29.

## **Agradecimentos**

Ao CNPq, pelo financiamento da pesquisa.