

**PEDRO HENRIQUE NEVES DE SOUZA**

**ESTUDO GENEALÓGICO E VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS, BIOQUÍMICAS E  
AGROINDUSTRIAIS DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB  
DIFERENTES CONDIÇÕES HÍDRICAS**

**RECIFE - PE**

**2019**

**PEDRO HENRIQUE NEVES DE SOUZA**

**ESTUDO GENEALÓGICO E VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS, BIOQUÍMICAS E  
AGROINDUSTRIAIS DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB  
DIFERENTES CONDIÇÕES HÍDRICAS**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas.

**COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:**

Dr. Gerson Quirino Bastos – Orientador – Deptº. de Agronomia / UFRPE

Drª. Terezinha Rangel Camara – Coorientadora – Deptº. de Química / UFRPE

**RECIFE – PE**

**2019**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Sistema Integrado de Bibliotecas  
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

- S729e Souza, Pedro Henrique Neves de  
Estudo Genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas: / Pedro Henrique Neves de Souza. - 2019.  
110 f. : il.
- Orientador: Gerson Quirino Bastos.  
Coorientadora: Terezinha Rangel Camara.  
Inclui referências e apêndice(s).
- Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, Recife, 2019.
1. Saccharum spp.. 2. déficit hídrico. 3. sistema antioxidativo. 4. genealogia. 5. melhoramento vegetal. I. Bastos, Gerson Quirino, orient. II. Camara, Terezinha Rangel, coorient. III. Título

CDD 581.15

---

**ESTUDO GENEALÓGICO E VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS, BIOQUÍMICAS E  
AGROINDUSTRIAIS DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB  
DIFERENTES CONDIÇÕES HÍDRICAS**

**PEDRO HENRIQUE NEVES DE SOUZA**

Tese defendida e aprovada pela banca examinadora em: 28/08/2019

**ORIENTADOR:**

---

Prof. Dr. Gerson Quirino Bastos  
(Departamento de Agronomia - UFRPE)

**EXAMINADORES:**

---

Prof. Dr. José Wilson da Silva  
(Departamento de Agronomia - UFRPE)

---

Dr<sup>a</sup>. Lindomar Maria de Souza  
(Pesquisadora - CETENE)

---

Dr. José Nildo Tabosa  
(Pesquisador - IPA)

---

Dr. Carlos Henrique de Azevedo Farias  
(Consultor - PROOJET AGRO)

**RECIFE – PE**

**2019**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus Pai, todo poderoso, pelo dom da vida, pela capacidade de planejar, sonhar e concretizar mais um sonho em minha caminhada.

Aos meus pais, Pedro Teixeira e Genilda Neves, meus irmãos, Alcides Souza e Eric Souza, pelos ensinamentos, valores humanos e por acreditarem na minha capacidade de superação e realização de meus sonhos e objetivos.

À Juliana Karim, minha esposa, e nossos filhos, João Pedro e Júlia, por serem o real motivo da minha busca diária por um futuro digno e promissor.

Ao professor Dr. Gerson Quirino Bastos, pelo exemplo ético e profissional, pelas orientações, conselhos e conhecimentos transmitidos que compuseram e contribuíram significativamente com minha formação profissional. Muito obrigado.

À professora Dr<sup>a</sup>. Terezinha Rangel Camara, pelos ensinamentos, apoio, atenção, parceria e credibilidade ao meu trabalho.

Ao professor Dr. José Wilson da Silva pela colaboração e apoio durante a conclusão deste trabalho.

A Miriri Alimentos e Bioenergia S/A, pelo fundamental suporte técnico-científico em todas as etapas de desenvolvimento deste trabalho.

A todos os amigos e colaboradores da Miriri Alimentos e Bioenergia S/A, em especial ao Dr. Gilvan Celso Cavalcanti de Moraes Sobrinho (Diretor Presidente), Felipe Cavalcanti de Moraes (Gerente Geral), Gabriel Saturnino de Oliveira (Gerente Agrícola), Antônio Emídio e Marcos Antônio (Setor de Tecnologia). Muito grato pela credibilidade e confiança.

Ao Dr. Carlos Henrique de Azevedo Farias, pela amizade, co-orientação e por ter acreditado, participado e colaborado desde a concepção inicial deste projeto.

Aos amigos do Laboratório de Cultura e Tecidos Vegetais (LCTV) da UFRPE, nas pessoas da Dr<sup>a</sup>. Lindomar Souza, Dr<sup>a</sup>. Marta Barbosa e Nivaldo Neto, pelo apoio e colaboração.

Aos amigos Prof. Dr. Renato Lemos e Prof. Dr. Emídio Cantídio, pelo apoio, orientações e ensinamentos.

Ao amigo José Mauro Chaves (Diretor da AgroField Nordeste), pelo apoio e confiança. Aos amigos André Caminha, Karina Fernandes e Roberto Pessoa, muito obrigado.

A todos os professores, alunos e funcionários da Pós-Graduação em Agronomia – Melhoramento Genético em Plantas da Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE.

Muito obrigado e que Deus abençoe a todos!

Aos meus pais Pedro e Genilda, pelo amor, coragem, força e dedicação.  
Ao meu avô Alcides Teixeira (*in memoriam*), pela mensagem a mim deixada e  
exemplo de vida a ser seguido.

Aos meus Irmãos Alcides e Eric, pelo apoio e carinho.  
A minha esposa Juliana Karim e aos meus tesouros, João Pedro e Júlia.

## **OFEREÇO**

A minha querida Mãe Genilda Neves, que sempre me apoiou, incentivou e transmitiu amor. Um exemplo de mulher guerreira e batalhadora, não medindo esforços para a realização de meus sonhos em todos os momentos de minha vida.

## **DEDICO**

## BIOGRAFIA DO AUTOR

Pedro Henrique Neves de Souza, filho de Pedro Teixeira de Souza Neto e Genilda Maria Neves de Souza, nasceu no dia 02 de abril de 1985 no Município de Barreiros - PE.

Entre os anos de 2000 e 2002 estudou na Escola Agrotécnica Federal de Barreiros, onde cursou o ensino médio e o curso Técnico em Agropecuária.

Em 2004, iniciou o curso de Engenharia Agrônoma na Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE, onde foi bolsista do Programa de Educação Tutorial – PET Agronomia, durante toda a graduação. Neste mesmo período, estagiou em diversas unidades sucroenergéticas na região Nordeste. Em 2009 ingressou no Mestrado em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas) na UFRPE, sob orientação do Professor Dr. Gerson Quirino Bastos, desenvolvendo o projeto “Comportamento agroindustrial de genótipos de cana-de-açúcar no estado de Pernambuco”.

Iniciou sua carreira profissional como Engenheiro Agrônomo em 2010, supervisionando o Departamento de Desenvolvimento Técnico-Agrônomo na Usina Estreliana, Ribeirão – PE. Em 2012, passou a integrar a equipe comercial da AgroField Comércio e Representações, desenvolvendo e comercializando defensivos agrícolas, em cana-de-açúcar, nos estados de PE, PB, RN, PI e MA.

Em 2014, iniciou o Doutorado em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas) na UFRPE, sob orientação do Professor Dr. Gerson Quirino Bastos, desenvolvendo o projeto “Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas”.

Desde abril de 2018, é supervisor do setor de Tecnologia, Desenvolvimento e Planejamento Agrônomo na Miriri Alimentos e Bioenergia S/A, Santa Rita – PB.

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO II

- Tabela 1.** Relação e informações dos genótipos utilizados no estudo..... 54
- Tabela 2.** Balanço hídrico e manejo da irrigação adotado no ano agrícola 2015/2016 no ambiente irrigado, fazenda Miriri Capim, Capim – PE..... 56
- Tabela 3.** Esquema representativo para obtenção dos resultados referentes a análise de variância em experimentos conduzidos nos tabuleiros costeiros, Capim – PB, 2019..... 61
- Tabela 4.** Matriz de coeficientes de parentesco genético (COP) obtidos numa população de 10 genótipos de cana-de-açúcar, Santa Rita - PB, 2019..... 67
- Tabela 5.** Cargas fatoriais da ACP para as variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica da cultura via pivô central nos tabuleiros costeiros da Paraíba. 70
- Tabela 6.** Valores de F da análise de medidas repetidas no tempo das variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e Malondialdeído (MDA) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica da cultura via pivô central nos tabuleiros costeiros da Paraíba..... 72
- Tabela 7.** Resumo da análise da variância para as variáveis Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente irrigado, Santa Rita – PB, 2019..... 81

**Tabela 8.** Valores médios para as variáveis Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente irrigado, Santa Rita – PB, 2019. .... 81

**Tabela 9.** Cargas fatoriais da ACP para as variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar cultivados em regime sequeiro nos tabuleiros costeiros da Paraíba..... 83

**Tabela 10.** Valores de F da análise de medidas repetidas no tempo das variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e Malondialdeído (MDA) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro nos tabuleiros costeiros da Paraíba. .... 85

**Tabela 11.** Resumo da análise da variância para as variáveis Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente sequeiro, Santa Rita – PB, 2019. .... 94

**Tabela 12.** Valores médios para as variáveis Pol % do caldo (PC) Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente sequeiro, Santa Rita – PB, 2019..... 94

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO I

- Figura 1.** Mosaico da pluviometria média histórica anual do estado da Paraíba, (AESAs, 2017). ..... 29
- Figura 2.** Mesorregiões do estado da Paraíba: Litoral (verde); Agreste (roxo claro); Borborema (laranja); Sertão (roxo escuro). (AESAs, 2017). ..... 30

### CAPÍTULO II

- Figura 1.** Mapa pedológico da fazenda Miriri Capim, Capim – PB. A: Experimento ambiente irrigado e B: Experimento ambiente sequeiro. .... 53
- Figura 2.** Figura esquemática detalhada da parcela experimental. .... 55
- Figura 3.** Árvores genealógicas dos genótipos RB002704 (A), RB992506 (B), RB041443 (C) e RB972631 (D) até a 5ª geração. NI = genitor não identificado; Auto fec. = Autofecundação. .... 63
- Figura 4.** Árvores genealógicas dos genótipos RB992587 (A), RB021754 (B), RB863129 (C) e RB931011 (D) até a 5ª geração. NI = genitor não identificado; Auto fec. = Autofecundação. .... 64
- Figura 5.** Árvores genealógicas dos genótipos RB92579 (A) e RB867515 (B) até a 5ª geração. NI = genitor não identificado; Auto fec. = Autofecundação. .... 65
- Figura 6.** Árvore genealógica do genótipo RB72454 até a 4ª geração. NI = genitor não identificado ..... 66
- Figura 7.** Dendrograma baseado no coeficiente de parentesco genético (COP) entre genótipos de cana-de-açúcar, Santa Rita – PB, 2019. .... 68
- Figura 8.** Dendrograma a partir das variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis

biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica da cultura via pivô central nos tabuleiros costeiros da Paraíba..... 71

**Figura 9.** Altura da planta (cm) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 73

**Figura 10.** Diâmetro do colmo (mm) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 74

**Figura 11.** Número de plantas por metro linear de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 74

**Figura 12.** Índice de área foliar (cm<sup>2</sup>) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 76

**Figura 13.** Ascorbato peroxidase (APX) em  $\mu\text{mol Asa mg}^{-1}$  proteína  $\text{min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 77

**Figura 14.** Catalase (CAT) em  $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2 \text{ mg}^{-1}$  proteína  $\text{min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 77

**Figura 15.** Peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) em  $\mu\text{mol g}^{-1}$  MF de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 78

**Figura 16.** Malondialdeído (MDA) em  $\mu\text{mol g}^{-1}$  MF de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754. .... 79

**Figura 17.** Dendrograma a partir das variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $\text{t ha}^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) e Malondialdeído

(MDA) de genótipos de cana-de-açúcar cultivados em regime sequeiro nos tabuleiros costeiros da Paraíba..... 84

**Figura 18.** Altura da planta (cm) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754..... 86

**Figura 19.** Diâmetro do colmo (mm) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754..... 87

**Figura 20.** Número de plantas por metro linear de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754..... 87

**Figura 21.** Índice de área foliar (cm<sup>2</sup>) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754..... 89

**Figura 22.** Ascorbato peroxidase (APX) em  $\mu\text{mol Asa mg}^{-1} \text{ proteína min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.....90

**Figura 23.** Catalase (CAT) em  $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2 \text{ mg}^{-1} \text{ proteína min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754..... 91

**Figura 24.** Peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) em  $\mu\text{mol g}^{-1} \text{ MF}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754. 92

**Figura 25.** Malondialdeído (MDA) em  $\mu\text{mol g}^{-1} \text{ MF}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativo, respectivamente, a 1% e 5% (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.....93

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	xvi
<b>ABSTRACT</b> .....	xviii
<b>CAPÍTULO I</b> .....	20
<b>1. INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	21
<b>2. REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	24
2.1. Particularidades da cana-de-açúcar .....	24
2.2. Cenário econômico atual da produção da cana-de-açúcar .....	25
2.3. Diretrizes do melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil .....	26
2.4. Metabolismo da cana-de-açúcar e respostas ao déficit hídrico .....	27
2.5. A genealogia como ferramenta para o melhoramento genético de plantas ..	33
2.6. Histórico e características gerais dos genótipos em estudo.....	35
<b>3. REFERÊNCIAS</b> .....	38
<b>CAPÍTULO II</b> .....	47
RESUMO.....	49
ABSTRACT .....	50
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	51
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	52
<b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	62
<b>4. CONCLUSÕES</b> .....	95
<b>5. REFERÊNCIAS</b> .....	96
<b>6. APÊNDICES</b> .....	104

## RESUMO

O déficit hídrico é um dos principais fatores ambientais que limita significativamente a produção agrícola. O estado da Paraíba é localizado na região nordeste e possui áreas agrícolas expressivas, onde a cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) vem sendo explorada sob influência de diferentes condições edafoclimáticas, que por vezes, desencadeia o déficit hídrico. As plantas possuem diversas estratégias de adaptação à baixa disponibilidade hídrica que amenizam os efeitos provocados pelo estresse, por meio da ativação de mecanismos de defesa através de enzimas do sistema antioxidativo. O conhecimento da relação de parentesco entre os indivíduos é indispensável para os programas de melhoramento, auxiliando especialmente na compreensão das semelhanças comportamentais entre genótipos. As avaliações dos desempenhos relacionados aos aspectos biométricos, bioquímicos e agroindustriais de um conjunto de genótipos são de fundamental importância para determinação do estudo de viabilidade de sua utilização em escala comercial considerando os diferentes ambientes de produção e manejo. Estas diferenças de comportamento podem ser verificadas, ainda mais, quando substancialmente justificada e correlacionada através das análises bioquímicas por meio da determinação da atividade do sistema antioxidativo enzimático, através da atividade da catalase (CAT) e da ascorbato peroxidase (APX), além das concentrações e atividades de espécies reativas de oxigênio (ROS), a exemplo do peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e de produtos da peroxidação lipídica, o malondialdeído (MDA). O objetivo desta tese foi estimar os desempenhos agroindustriais de grupos de genótipos de cana-de-açúcar através das variáveis biométricas e bioquímicas nas etapas de desenvolvimento da cultura, frente a diferentes condições hídricas nos tabuleiros costeiros da Paraíba, utilizando dois experimentos simultâneos e diferenciando-os entre ambiente irrigado, atendendo 50% da demanda hídrica da cultura e ambiente sequeiro, sem irrigação. Os trabalhos em campo foram conduzidos na Miriri Alimentos e Bioenergia, Santa Rita, Paraíba, durante o ano agrícola 2015/2016. Foram utilizados 10 genótipos de cana-de-açúcar, utilizando o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Através da análise dos componentes principais (ACP) e de agrupamentos (AA) para as variáveis analisadas, originaram os grupos I, II, III e IV para o ambiente irrigado e os grupos I, II e III para o ambiente sequeiro. Foram verificados coeficientes de parentesco genético (COP) significativos entre os genótipos RB931011, RB992587 e RB867515,

provavelmente devido à participação de genitores em comum na constituição genealógica dos envolvidos. A sinalização do  $H_2O_2$  estimulou a ativação do sistema enzimático antioxidativo, contribuindo para a tolerância ao déficit hídrico. Os rendimentos agroindustriais para o ambiente irrigado variaram entre 13,14 a 16,09 TAH, merecendo destaque o Grupo II (RB92579), apresentando os melhores rendimentos agroindustriais. No ambiente sequeiro a maior produção de açúcar por hectare foi apresentada pelo grupo III e II, com 10,98 e 10,91 TAH, respectivamente.

**Palavras-chave:** *Saccharum spp.*, estresse hídrico, sistema antioxidativo, genealogia, melhoramento vegetal.

## ABSTRACT

Water deficit is one of the main environmental factors that significantly limits agricultural production. The state of Paraíba is located in the Brazilian northeast region and has expressive agricultural areas, where sugarcane (*Saccharum* spp.) has been exploited under the influence of different edaphoclimatic conditions, which sometimes triggers the water deficit. Plants have several adaptation strategies to low water availability that mitigate the effects of stress by activating defense mechanisms through enzymes of the antioxidant system. Knowledge of the relationship between individuals is indispensable for breeding programs, especially helping to understand the behavioral similarities between genotypes. Performance evaluations related to the biometric, biochemical and agroindustrial aspects of a set of genotypes are of fundamental importance to determine the feasibility study of its use in commercial scale considering the different production and management environments. These behavioral differences can be further verified when substantially justified and correlated through biochemical analysis by determining enzyme antioxidant system activity, catalase (CAT) and ascorbate peroxidase (APX) activity, in addition to concentrations and activities of reactive oxygen species (ROS), such as hydrogen peroxide ( $H_2O_2$ ) and lipid peroxidation products, malondialdehyde (MDA). The objective of this thesis was to estimate the agroindustrial performances of a group of sugarcane genotypes through biometric and biochemical variables in the stages of crop development, in view of different water conditions in Paraíba coastal areas, using two simultaneous experiments and differentiating them between irrigated environment, meeting 50% of crop water demand and dry environment, without irrigation. Field work was conducted at Miriri Alimentos e Bioenergia, Santa Rita, Paraíba, during the 2015/2016 agricultural year. Ten sugarcane genotypes were used, using a randomized block design with three replications. Through the analysis of the main components (ACP) and groupings (AA) for the analyzed variables, groups I, II, III and IV were originated for the irrigated environment and groups I, II and III for the dry environment. Significant genetic relationship coefficients (COP) were verified between the RB931011, RB992587 and RB867515 genotypes, probably due to the participation of common parents in the genealogical constitution of those involved.  $H_2O_2$  signaling stimulated the activation of the antioxidant enzymatic system, contributing to tolerance to water deficit. Agroindustrial incomes for the irrigated environment ranged from 13.14 to

16.09 TAH, with emphasis on Group II (RB92579), with the best agroindustrial incomes. In the dry environment the highest sugar production per hectare was presented by group III and II, with 10.98 and 10.91 TAH, respectively.

**Key words:** *Saccharum spp.*, water deficit, antioxidant system, genealogy, plant breeding.

## **CAPÍTULO I**

---

### **INTRODUÇÃO GERAL E REFERENCIAL TEÓRICO**

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

Atualmente, a cana-de-açúcar é considerada uma das grandes alternativas para o setor de biocombustíveis devido ao grande potencial na produção de etanol e seus respectivos subprodutos (CONAB 2018). Além da produção de etanol e açúcar, as unidades de produção têm buscado aumentar sua eficiência, na geração de energia elétrica, auxiliando no aumento da oferta e redução dos custos além de contribuir para ampliar a sustentabilidade do setor. A descomoditização através da diversificação dos produtos também surge como estratégia para aumentar a competitividade das unidades (MAPA 2017).

Considerado o maior produtor mundial de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), o Brasil possui uma área plantada que compreende cerca de 8,59 milhões de hectares com estimativas de safra para 2019/2020 de 615,97 milhões de toneladas (CONAB 2019).

O setor sucroenergético apresentou recordes de produção em 2016, no processamento de cana-de-açúcar, atingindo cerca de 670 milhões de toneladas e 39 milhões de toneladas na produção de açúcar (MAPA 2017). Destacou-se em 2016 o RenovaBio, iniciativa lançada pelo Ministério de Minas e Energia (MME) que entrará em vigor a partir de janeiro de 2020 e que tem como objetivo expandir a produção de biocombustíveis no Brasil, baseada na previsibilidade, na sustentabilidade ambiental, socioeconômica e que seja compatível com o crescimento do mercado mundial (UDOP 2017).

É grande a demanda nacional e mundial pelos derivados da cana-de-açúcar. Como reflexo, observam-se constantes aumentos na área de cultivo, produção e produtividade (CONAB 2018). Nas últimas três décadas, o setor canavieiro do Brasil obteve acréscimo de 30% nos seus índices de produtividade e qualidade agroindustrial, sendo a variedade melhorada o ativo biológico que mais contribuiu para esses ganhos, fazendo com que o país se tornasse independente do domínio tecnológico externo (Ferreira et al. 2005).

A cana-de-açúcar é uma planta que apresenta uma vasta complexidade genética decorrente de seu alto grau de poliploidia e aneuploidia (100 – 130 cromossomos), conferindo mais complexidade ao melhoramento genético da cultura (Grivet e Arruda 2001). No entanto, o setor sucroenergético tem a sua disposição uma vasta gama de variedades liberadas pelos diversos programas de melhoramento genético existentes.

De toda forma, existe a necessidade de melhorias constantes no aumento da variabilidade genética dos indivíduos, objetivando a obtenção de ganhos em características específicas, como também na redução do tempo empregado para se obter uma nova cultivar. Para isso, é indispensável analisar os parâmetros genéticos e os comportamentos agroindustriais dos materiais em campo, sendo ferramentas decisivas a favor do melhoramento genético da cana-de-açúcar.

As variações ambientais são os fatores principais que podem afetar diretamente as lavouras de cana-de-açúcar, onde, o fator abiótico “água” é determinante e limitante na produção canavieira, sobretudo na região dos tabuleiros costeiros da Paraíba (Farias et al. 2008).

Por ser uma planta que apresenta metabolismo do tipo C4, a cana-de-açúcar possui alta eficiência fotossintética, no entanto essa eficiência é reduzida durante a deficiência hídrica em consequência do fechamento estomático, causando desequilíbrio entre as fases fotoquímicas, acarretando na diminuição da fotossíntese e da produtividade conseqüentemente (Lawlor e Tezara 2009). Outra consequência da limitação para a fotossíntese durante a deficiência hídrica é a exposição da planta ao excesso de energia, que, se não for dissipada de forma segura, pode causar uma sobre-excitação dos centros de reação dos Fotossistema II e I elevando a produção de espécies reativas de oxigênio (ROS) nos cloroplastos (Carvalho 2008). Para proteger-se dos efeitos prejudiciais do excesso de ROS, as plantas desenvolveram um complexo mecanismo de defesa antioxidativo constituído por enzimas e metabólitos antioxidantes. Destacam-se entre as enzimas antioxidantes a superóxido dismutase (SOD), a catalase (CAT) e a ascorbato peroxidase (APX) devido a sensibilidade às variações ambientais, servindo como sinalizadores do estresse (Sharma et al. 2012). Através da avaliação dessas variáveis, é possível identificar, num determinado grupo de genótipos, aqueles que obtiveram melhores respostas quando submetidos a diferentes níveis de estresse.

A avaliação de variáveis de crescimento tais como, altura da planta (AP), o perfilhamento (NP), índice de área foliar (IAF) e diâmetro do colmo (DC), constitui um importante alicerce em programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar, permitindo a comparação de genótipos nos processos de seleção e observação varietal (Landell e Bressiani 2008).

Variáveis agroindustriais como produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ), tonelada de pol por hectare (TPH), pol % corrigida (PCC), pureza (PZA), fibra (FIB), teor de sólidos solúveis (BRIX) e açúcar total recuperável (ATR), também se tornam indicadores

importantes quando se tem por objetivo selecionar, validar e recomendar genótipos de cana-de-açúcar para cultivo em determinados ambientes.

O domínio de informações acerca da base genética do germoplasma e as relações entre os materiais a serem melhorados, como a escolha de parentais para a obtenção de híbridos, são essenciais em programas de melhoramento genético (Hallauer e Miranda Filho 1981). Uma estratégia que propõe auxiliar o melhorista nesta tarefa é o conhecimento do grau de parentesco entre os possíveis genitores. O grau de parentesco entre os genótipos pode ser estimado através do coeficiente de parentesco (COP) (Kempthorne 1969), também chamado de coancestralidade, fornecendo uma estimativa das relações genéticas entre dois genótipos baseando na análise de genealogia (Cox et al. 1985).

As diferentes respostas fenotípicas e comportamentais frente as mudanças nas condições ambientais resultam em performances distintas entre os genótipos. Nesse caso, a expressão fenotípica é afetada pelos fatores ambientais, caracterizando a relação denominada Equação da Peristase:  $F$  (fenótipo) =  $G$  (genótipo) +  $A$  (ambiente) +  $GA$  (interação genótipo x ambiente), (Bueno et al. 2001).

Assim, considerando a importância econômica e social da cana-de-açúcar, a necessidade constante de se selecionar e/ou validar clones e variedades com melhores respostas em ambientes com baixas disponibilidades hídricas e a compreensão dos mecanismos da cultura frente aos estresses abióticos, tem-se um desafio diante do qual é necessário agregar esforços para a obtenção de cultivares com melhores performances agrícola, industrial e econômica. Portanto, este trabalho teve como objetivo detalhar a genealogia e parentesco genético de genótipos de cana-de-açúcar além de avaliar o desenvolvimento de grupos de genótipos com base no comportamento das características biométricas, variações das respostas bioquímicas e desempenho agroindustrial considerando regimes hídricos distintos nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

## 2. REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1. Particularidades da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma planta alógama, da família Poaceae, pertencente ao gênero *Saccharum*, representada atualmente por seis espécies: *S. officinarum* L. ( $2n = 80$ ), *S. robustum* Jesw ( $2n = 60-205$ ), *S. barberi* Jesw ( $2n = 111-120$ ), *S. sinense* Roxb. ( $2n = 81-124$ ), *S. spontaneum* L. ( $2n = 40-128$ ) e *S. edule* Hassk. ( $2n = 60-80$ ). (Simmonds 1987) acrescenta que membros do gênero *Saccharum* são poliplóides, o que implica uma base genética complexa, ou seja, apresenta uma ampla variabilidade genética.

As variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) exploradas atualmente, originaram-se de cruzamentos realizados no início do Século XX, na Ilha de Java, sendo cultivadas nas regiões tropicais e subtropicais, originárias do Sudeste Asiático, na região de Nova Guiné e Indonésia (CIB 2009). Naquela época, algumas variedades da espécie *Saccharum officinarum*, rica em açúcar, mas muito suscetível a doenças, foram cruzadas com outra espécie, a *Saccharum spontaneum*, que é pobre em açúcar e muito rústica, porém, mais resistente às diversidades de campo. Os híbridos obtidos tinham maior capacidade de armazenamento de sacarose, resistência a doenças, vigor e tolerância a fatores climáticos. Apesar de *S. officinarum* e *S. spontaneum* terem sido as espécies que mais contribuíram para a obtenção das atuais variedades de cana-de-açúcar, outras espécies, a exemplo de *S. sinense*, *S. barberi*, *S. robustum* e *S. edule*, ainda que em menor proporção, também foram importantes para a composição genética das variedades modernas de cana-de-açúcar (CIB 2009).

Buscando atender as novas demandas do setor sucroenergético, o foco na obtenção das futuras cultivares deve ser concentrado no aumento substancial do teor de fibra aliado a maior produtividade. As cultivares modernas passaram a ser denominadas de cana energia, podendo ser compostas por mais de 30% de fibra (Tew e Cobill 2008). A Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA), recentemente iniciou um programa de seleção de clones cana energia. As primeiras populações segregantes estão sendo avaliadas e podem dar origem a futuras cultivares.

## 2.2. Cenário econômico atual da produção da cana-de-açúcar

O Brasil não é só o maior produtor de cana-de-açúcar, seguido por Índia e China, como também o maior produtor de açúcar, responsável por mais de 50% do açúcar comercializado no mundo, e do etanol de cana-de-açúcar. Apesar de pouco mais de 53% da produção estar concentrada no estado de São Paulo, a cultura é cultivada em todas as regiões do país (CONAB 2019). A cultura tem um papel ambiental muito importante, uma vez que o etanol, um dos subprodutos da cana-de-açúcar, é uma das melhores alternativas para reduzir a emissão de gases causadores do efeito estufa, haja vista que a sua queima como combustível reduz em 70% a emissão de CO<sub>2</sub> na atmosfera em relação à gasolina (Gazzoni 2012). A cana-de-açúcar tem sido cultivada no Brasil desde 1532 (Figueiredo 2008), e é considerada uma das melhores opções para a produção de energia renovável, com grande importância no cenário agrícola mundial (Souza et al. 2005).

Segundo a CONAB (2019), a área cultivada com cana-de-açúcar no Brasil destinada para atividade sucroenergética na safra 2018/19 foi de 8,58 milhões hectares. São Paulo, maior produtor, possui 51,51% (4.426,2 mil hectares), seguido por Goiás com 10,72% (917,1 mil hectares), Minas Gerais com 9,88% (848,0 mil hectares), Mato Grosso do Sul com 7,72% (663,4 mil hectares) e o Paraná com 6,62% (568,5 mil hectares), juntos respondendo por 86,43% de toda a área cultivada no país.

É notável a relevância da cultura da cana-de-açúcar no cenário do desenvolvimento econômico e social da região Nordeste. Nesse cenário, o nordeste brasileiro destacou-se com a terceira posição no ranque da produção nacional com mais de 44,42 milhões de toneladas, respondendo por 7,15% do total produzido. O estado da Paraíba por sua vez se destaca com uma área explorada de 122,1 mil hectares, produzindo 5,59 milhões de toneladas de cana-de-açúcar destinadas à indústria sucroenergética na safra 2018/2019, cujo índices classifica-o como terceiro maior produtor do Nordeste (CONAB 2019). Ainda segundo a CONAB (2019), 60,8% da safra nacional será destinada a produção de etanol. A região Nordeste destinará aproximadamente 55% e a Paraíba 80,1% para produção do biocombustível.

Nesse contexto, a agroindústria sucroenergética apresenta-se como uma atividade indispensável para o Brasil e sobretudo para região Nordeste,

proporcionando principalmente o fortalecimento econômico, o desenvolvimento social e a sustentabilidade ambiental.

### **2.3. Diretrizes do melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil**

Pesquisas recentes confirmam os grandes avanços que o setor sucroenergético teve nos últimos 30 anos devido à contribuição e desenvolvimento de novas variedades (Ferreira et al. 2005). Entretanto, a produtividade agrícola média na região canavieira da Paraíba ainda é relativamente baixa, aproximadamente 45,77 (t ha<sup>-1</sup>), sendo a média nacional superior à 72 (t ha<sup>-1</sup>) (CONAB 2019). Entre os principais problemas que dificultam o aumento da produtividade no estado da Paraíba, está a interação genótipo-ambiente, expressa sobretudo, através da heterogeneidade dos solos (ocorrência de solos de baixa fertilidade) e das variações climáticas severas (irregularidade das chuvas) com longos períodos de estiagem (Farias et al. 2008).

Com contribuições de diferentes instituições públicas e privadas, o melhoramento genético da cana-de-açúcar é desenvolvido através da exploração de seus bancos de germoplasma, apresentando tamanhos em número de acessos bastante variáveis. A correta identificação e utilização dos recursos genéticos disponíveis para o desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar surge como premissa importante para o sucesso desses programas (Morais et al. 2015).

Nos diversos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar existentes, diversos clones são avaliados todos os anos, em ensaios realizados em diferentes condições edafoclimáticas, gerando dados de produtividade e comportamentais, com os quais se busca selecionar, validar e recomendar genótipos superiores para cada região produtora. Em termos gerais, os programas de melhoramento, frequentemente objetiva a verticalização da produtividade agrícola e das características industriais das variedades, que devem ser mais bem adaptadas aos diferentes locais ou ambientes, tipos de solos e técnicas de cultivo, além de apresentarem maiores resistência a pragas e doenças.

Existem no Brasil vários programas de melhoramento de cana-de-açúcar em atividade, destacando-se como os de maiores relevâncias o do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC) e o da Rede Interuniversitária de Desenvolvimento Sucroalcooleiro (RIDESA), sendo o último composto por dez universidades federais

(UFRPE, UFAL, UFG, UFSE, UFMT, UFPI, UFV, UFRRJ, UFSCar e UFPR). A Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), integrante da RIDESA, em parceria com a iniciativa privada, desenvolve na Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina - PE (EECAC), através de seu Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar (PMGCA), pesquisas em melhoramento genético, que vão desde a prática da hibridação, à avaliação em ensaios de campo, liberação e recomendação de novas variedades RB aos produtores.

De acordo com o censo varietal 2017/2018, realizado pela RIDESA (2018), atualmente as variedades RB ocupam 66% dos canaviais do país, chegando a representar em algumas regiões áreas superiores a 86%, no caso da região nordeste. Essa participação em tendência crescente na área cultivada com variedades RB, são impulsionadas principalmente pela liberação de novas variedades com plantio expressivo em todo território nacional (RIDESA 2010).

O estado da Paraíba possui áreas agrícolas expressivas, sendo a cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) explorada sob influência de diferentes condições edafoclimáticas, o que resulta em diversos tipos de ambientes com os quais a cultura interage. Aspectos relacionados ao estresse hídrico tornam-se limitantes no manejo ideal da cultura. As avaliações dos desempenhos relacionados aos aspectos agroindustriais de um conjunto de genótipos são de fundamental importância para determinação do estudo da viabilidade de sua utilização em escala comercial, além de dar subsídios para um manejo e alocação de variedades mais assertivas.

De acordo com Barbosa et al. (2012), a variedade é a tecnologia mais importante e de menor custo para o produtor, pois ele é a base que sustenta todas as demais tecnologias de produção. O sucesso na produção de energia, etanol, açúcar e tantos outros derivados passam necessariamente pela produção da matéria-prima de qualidade, e, nesse aspecto, a variedade assume papel decisivo para sucesso da atividade agrícola.

#### **2.4. Metabolismo da cana-de-açúcar e respostas ao déficit hídrico**

O conhecimento mais detalhado do desenvolvimento da cultura, em função das alterações fisiológicas, torna-se um importante instrumento para contribuir na busca de explicação para o baixo potencial produtivo da cana-de-açúcar sob déficit

hídrico. Além disso, o entendimento de mecanismos de defesa das plantas pode fornecer informações avançadas sobre algumas estratégias para serem usadas em programas de melhoramento genético para seleção de cultivares tolerantes à seca (Amudha e Balasubramani 2011, Silva et al. 2012).

A água é um solvente de grande importância e essencial a todas as formas de vida conhecidas. As plantas são constituídas de 85% a 95% de água e o déficit hídrico pode promover alterações nas suas reações fisiológicas e bioquímicas (Neumaier e Nepomuceno 1994). Segundo Taiz e Zeiger (2017) o déficit hídrico pode ser definido como o conteúdo de água de um tecido ou célula que está abaixo do maior conteúdo de água exibido pela planta em um melhor estado de hidratação. Desta forma, o déficit é uma situação comum à produção de muitas culturas, podendo apresentar diferentes impactos negativos no crescimento e na produtividade das mesmas (Lecoeur e Sinclair 1996) e a intensidade desse efeito podendo variar de acordo com a espécie ou variedade.

A cana-de-açúcar ganha destaque por ser uma cultura de grande importância econômica mundial devido à sua utilização na indústria de alimentos, e também como fonte valiosa na produção de biocombustível renovável. Esta cultura é adaptada a diversas condições de clima e solo, exigindo precipitações entre 1500 a 2500 mm por ciclo vegetativo, e considera-se de 25°C a 33°C a faixa de temperatura base para o seu bom desempenho (Silva et al. 2010, Doorenbos e Kassan 1979).

Considerada altamente eficiente na conversão de energia luminosa em energia química, a cana-de-açúcar apresenta taxas fotossintéticas elevadas, chegando a acumular o dobro de biomassa que uma planta C3, como a soja por exemplo (Casagrande 1996). A cana-de-açúcar possui metabolismo fotossintético C4, apresentando mecanismos que diminuem as perdas de água em ambientes secos (Alencar 2012).

Segundo (Maule et al. 2001), com a expansão do cultivo da cana-de-açúcar no Brasil nas últimas décadas, os efeitos do déficit hídrico e demais estresses ambientais sobre a produtividade da cultura têm se tornado cada vez mais evidentes. Estudar os efeitos do estresse hídrico sobre os componentes de produção e sua relação com a produtividade pode ajudar os programas de melhoramento a selecionar genótipos melhores adaptados nestas condições.

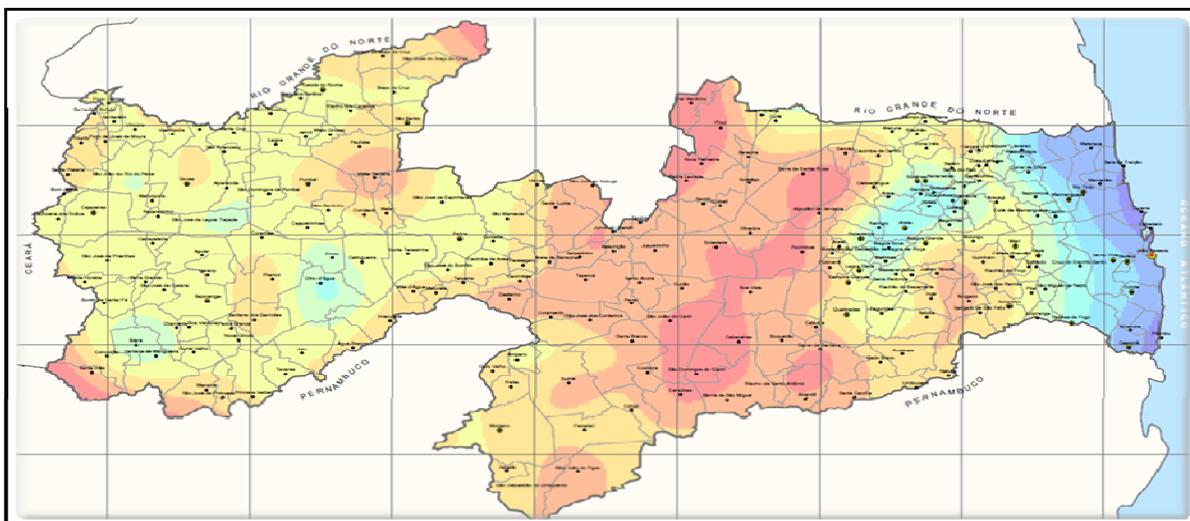
Farias et al. (2008), ao avaliar o comportamento da cana-de-açúcar nos tabuleiros costeiros da Paraíba, afirmaram que o déficit hídrico, afeta vários aspectos do crescimento vegetal destacando-se a redução do tamanho das plantas, da área

foliar e da produtividade da cultura, e que o grau de injúria causada pelo estresse depende consideravelmente da fase fenológica em que ele ocorre e da sua duração.

O déficit hídrico ocasionado pela irregularidade das chuvas, é caracterizado como um problema para a cultura da cana-de-açúcar, pois em determinadas fases fenológicas, como a brotação e o perfilhamento, a restrição hídrica pode ocasionar prejuízos quanto ao desenvolvimento e a produtividade do canavial (Farias 2008). Segundo Silva et al. (2013), estudando os efeitos das mudanças climáticas, afirmam que alterações provocadas pelo aumento na temperatura do ar e redução na precipitação pluvial promovem reduções significativas nas áreas agrícolas com baixo risco climático para a cultura da cana-de-açúcar cultivada na região Nordeste do Brasil.

Segundo a Agência Executiva de Gestão das Águas da Paraíba (AESA 2017), o estado é composto por quatro mesorregiões: Litoral, Agreste, Borborema e Sertão.

Apresenta anualmente precipitações pluviométricas distintas, com variações de 1100 a 2000 mm para a Mesorregião do Litoral e de 500 a 1000 mm para a Mesorregião do Agreste, sendo estas, as principais áreas ocupadas com a cultura da cana-de-açúcar (Figura 1).



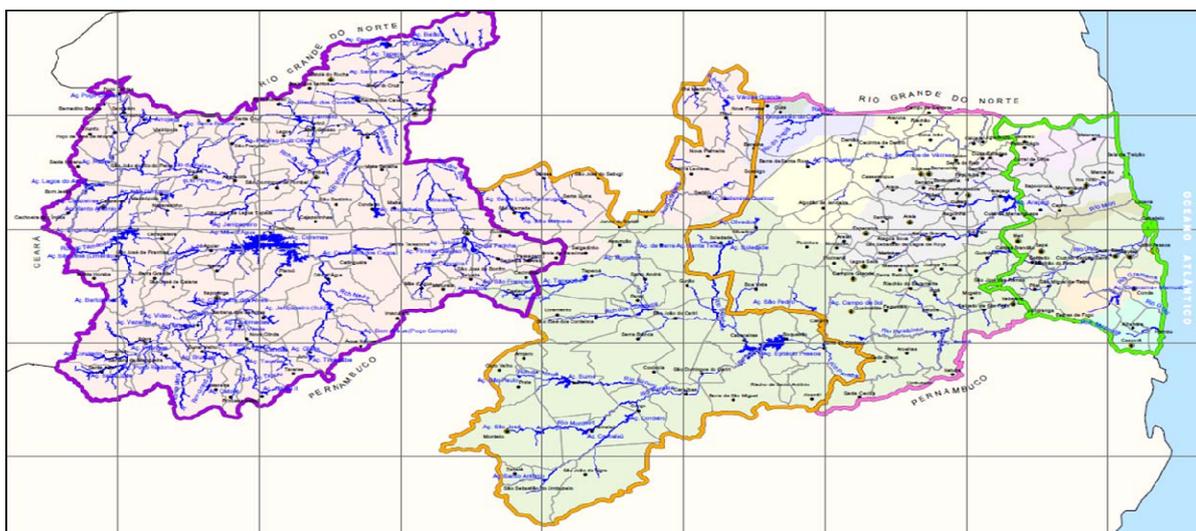
**Figura 1:** Mosaico da pluviometria média histórica anual do estado da Paraíba, (AESA, 2017).

O Litoral paraibano é subdividido em três microrregiões: Litoral Sul, Litoral Norte e Central. Nestas se encontram sete unidades sucroenergéticas em pleno funcionamento, que somada aos produtores fornecedores respondem por cerca de 90% de todo cultivo da cana-de-açúcar do estado (ASPLAN 2017). Os demais 10% são oriundos da mesorregião do Agreste, precisamente da microrregião do Brejo

Paraibano, onde tradicionalmente se cultiva cana-de-açúcar com finalidade de produzir cachaças de alambiques e outros derivados.

Observa-se (Figura 2) que em parte da microrregião do Brejo Paraibano, o índice pluviométrico se assemelha com o do Litoral, tornando-a apta ao cultivo da cana-de-açúcar (AESAs 2017).

A irrigação plena ou complementar para a cana-de-açúcar é uma das alternativas tecnológicas em busca da verticalização da produção dessa cultura no Litoral Norte da Paraíba, no entanto não se conhecem as peculiaridades fisiológicas do crescimento da cana irrigada, sendo tais conhecimentos indispensáveis na seleção e avaliação de novas cultivares para os ambientes em questão (Farias et al. 2008). Segundo Farias et al., 2005, ao analisarem os efeitos de diferentes lâminas de irrigação em cana-de-açúcar constataram que, os manejos nas condições de sequeiro e atendendo 25% da demanda hídrica não remuneraram economicamente, no entanto os manejos com 50% e 75% de atendimento da demanda não diferiram significativamente, gerando receitas econômicas satisfatórias, apresentando lucro bruto de 4,95 e 4,90 R\$ t<sup>-1</sup>, respectivamente. Estas informações foram levadas em consideração na determinação da viabilidade econômica da lâmina para atendimento de 50% da demanda hídrica, sendo esta a lâmina predominante na Miriri Alimentos e Bioenergia S/A.



**Figura 2:** Mesorregiões do estado da Paraíba: Litoral (verde); Agreste (roxo claro); Borborema (laranja); Sertão (roxo escuro). (AESAs, 2017)

Plantas submetidas ao estresse ocasionado pelo déficit hídrico alteram a fisiologia pela redução no potencial hídrico e teor relativo de água resultando em modificações nos processos metabólicos. Taiz e Zeiger (2017), afirmaram que

algumas plantas possuem adaptações, como os tipos fotossintéticos C4 e CAM, que lhes permitem explorar ambientes mais áridos. Além disso, as plantas exibem mecanismos de aclimatação, os quais podem ser ativados em resposta ao déficit hídrico.

Parâmetros bioquímicos e fisiológicos podem ser utilizados como ferramentas para avaliar respostas de diferentes variedades de cana-de-açúcar sob influência de regimes hídricos distintos, para identificar e caracterizar genótipos com tolerâncias ou sensibilidades à seca. Essas informações possibilitam a recomendação de determinados indivíduos sob ambiente de cultivo com baixa demanda hídrica.

Em situações normais de crescimento as plantas produzem espécies reativas de oxigênio (ROS) as quais estão envolvidas na sinalização celular (Ahmad et al. 2013).

Em excesso, as ROS podem acarretar danos celulares severos. Os estresses bióticos e abióticos promovem nas plantas um aumento na produção dessas espécies (Bhattacharjee 2010). Quando ocorre a superprodução de ROS, as plantas ativam mecanismos de defesa antioxidante a fim de prevenir danos causados pelo estresse oxidativo. Alterações no sistema redox celular podem induzir a superprodução de ROS tais como o oxigênio singleto ( $^1O_2$ ), o radical superóxido ( $\bullet O_2^-$ ) e o peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ), podendo promover o aumento da peroxidação lipídica. As ROS são produzidas normalmente em vários compartimentos celulares, dentre eles os cloroplastos, mitocôndrias, peroxissomos e apoplastos (Apel e Hirt 2004).

Para mitigar os danos causados pelo estresse oxidativo, as plantas possuem um complexo sistema de defesa antioxidativa, envolvendo antioxidantes de baixo peso molecular, composto por moléculas hidrofílicas como o ácido ascórbico e a glutatina reduzida, como também as enzimas antioxidantes tais como superóxido dismutase (SOD), catalase (CAT), ascorbato peroxidase (APX) dentre outras (Asada 2000, Asada 2006, Gill e Tuteja 2010).

A capacidade das plantas em regular o sistema antioxidante enzimático pode ser um atributo importante relacionado à tolerância à seca (Ahmed et al. 2009). A sincronia entre a atividade de SOD, APX e CAT, por exemplo, é importante uma vez que a SOD dismuta o  $\bullet O_2^-$  gerando  $H_2O_2$ , e este, é removido pelas enzimas APX e CAT. A alta atividade da SOD não acompanhada pela atividade da APX e CAT, pode acarretar em acúmulo de  $H_2O_2$  (Pan et al. 2006), levando a formação de outras ROS, através de reação com íons ferrosos ( $Fe^{2+}$ ) conhecida como reação de Fenton,

e formar o radical hidroxila ( $\bullet\text{OH}$ ), um dos principais responsáveis pela peroxidação lipídica em membranas (Gill e Tuteja 2010, Sewelam et al. 2016). Reações entre ROS e os sistemas biológicos podem acarretar danos a muitas classes de biomoléculas, incluindo a peroxidação de lipídios de membrana (Anjum et al. 2011).

As enzimas do sistema antioxidante são sensíveis às condições ambientais, servindo como sinalizadores de estresse em plantas. O papel das enzimas antioxidantes em situações de estresse é o de controlar o acúmulo de ROS e assim limitar os danos oxidativos (Mittler 2002, Sharma et al. 2012).

As enzimas do complexo antioxidativo realizam papel importante na detoxificação de ROS em plantas, sendo a associação entre elas, um parâmetro decisivo na determinação do estado estacionário do nível das ROS, como o superóxido ( $\text{O}_2^{\bullet-}$ ) e o peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ), (Dinakara et al. 2012).

Em ambiente controlado pesquisadores identificaram o aumento da atividade da CAT e da APX na variedade RB867515 sob estresse salino, como também uma menor redução do peso fresco, caracterizando esta variedade como mais tolerante que a variedade RB863129 (Willadino et al. 2011).

Efeitos do estresse hídrico sobre o fotossistema II mediados pelo excesso de ROS causa danos às membranas e desencadeia processos peroxidativos de lipídios. O teor de malondialdeído (MDA), subproduto da peroxidação lipídica é utilizado como parâmetro bioquímico para determinar o nível de dano em membranas (Queiroz et al. 2002, Souza et al. 2012). Analisando os efeitos da ação combinada de fatores abióticos de estresse em duas variedades de cana-de-açúcar, (Morais 2013) observou que a variedade RB966928 apresentou elevada intensidade de danos às membranas e elevado teor de  $\text{H}_2\text{O}_2$ . O  $\text{H}_2\text{O}_2$  é uma ROS que em baixas concentrações pode atuar como sinalizador, especialmente por atravessar membranas com maior facilidade. Quando ocorre o acúmulo, o  $\text{H}_2\text{O}_2$  pode reagir com íons metálicos e gerar o radical hidroxila, uma das principais ROS que peroxida lipídios de membrana (Sewelam et al. 2016).

O MDA é utilizado como um marcador bioquímico para mensurar a peroxidação lipídica em plantas submetidas a diferentes estresses abióticos, entre eles, o estresse hídrico e salinidade (Davey et al. 2005).

Estudos consideram tolerantes os genótipos de cana-de-açúcar que mantêm baixa a peroxidação lipídica e alta estabilidade de membrana quando submetidos à condições de estresse (Gomathi e Rakkiyapan 2011).

Num conjunto de genótipos submetidos a diferentes níveis de disponibilidade hídrica, parâmetros bioquímicos podem levar a uma melhor compreensão da adaptação desses genótipos frente ao déficit hídrico e demais interferências ambientais nas distintas fases do desenvolvimento da cultura.

## 2.5. A genealogia como ferramenta para o melhoramento genético de plantas

O sucesso dos programas de melhoramento genético de plantas depende inicialmente da elaboração de uma excelente campanha de cruzamentos. É possível selecionar genitores potenciais através de técnicas baseadas na estimação do distanciamento genético como também através de estudos das genealogias dos indivíduos (Peternelli et al. 2009). Com base nas informações genealógicas dos indivíduos, é permitido também uma melhor compreensão dos diferentes comportamentos e interações nos mais diversos ambientes de produção.

O melhoramento genético da cana-de-açúcar é realizado em diferentes instituições públicas e privadas que contam com seus bancos de germoplasma (BAG), cujos tamanhos em número de acessos são bastante variáveis. O sucesso desses programas está condicionado principalmente à correta identificação e utilização dos recursos genéticos disponíveis para o desenvolvimento de novas cultivares de cana-de-açúcar.

Atualmente, existem inúmeras coleções e bancos de germoplasma do gênero *Saccharum* (*S. officinarum*, *S. barberi*, *S. sinense*, *S. robustum*, *S. edule*, *S. spontaneum*), *Erianthus* spp. e outros gêneros relacionados. Índia e Estados Unidos são os principais países repositórios mundiais do germoplasma, sendo 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).

Na Índia, o Sugarcane Breeding Institute (SBI) com sede em Coimbatore é um dos pioneiros em pesquisas com a cultura, tendo iniciado suas atividades em 1912. O SBI conta com mais de 4.600 acessos entre espécies e híbridos interespecíficos do programa local e de outras instituições. Nos Estados Unidos, a coleção mundial de cana-de-açúcar está localizada em Miami, Estado da Flórida, e conta com mais de 2.400 acessos das espécies do complexo *Saccharum* e gêneros relacionados, principalmente, *S. arundinaceum* (124), *S. officinarum* (748), *S. spontaneum* (635), *S. barberi* (57), *S. sinense* (61) e híbridos de *Saccharum* (383) (Morais et al. 2015).

Diversas informações sobre esses acessos estão disponíveis para consulta na base de dados do Germplasm Resources Information Network (GRIN), mantida pelo National Plant Germplasm System (NPGS) do United States Department of Agriculture (USDA) (USDA, 2017).

O programa da RIDESA tem acentuada contribuição para a matriz energética do Brasil, pois na safra 2018/2019 foi responsável por 68% das variedades de cana cultivadas no País (RIDESA, 2018). Essas variedades têm sua origem no Banco de Germoplasma (BAG) da Cana-de-açúcar da Estação de Floração e Cruzamento Serra do Ouro (09° 13' S, 35° 50' W), altitude de 515m, município de Murici, AL. Esse BAG foi implantado em 1967 pela Estação Experimental da Cana-de-açúcar de Alagoas, por meio de convênio estabelecido entre o Instituto do Açúcar e do Alcool (IAA) e o Sindicato da Indústria do Açúcar e do Alcool no Estado de Alagoas (SINDAÇÚCAR). Em 1971, este BAG passou para o PLANALSUCAR, órgão instituído pelo IAA para desenvolver pesquisa com a cultura da cana-de-açúcar em todo o Brasil (Barbosa 2014). Mais recentemente a RIDESA também passou a contar com a Estação de Floração e Cruzamento de Devaneio (08° 19,8' S, 35° 24,89' W), altitude de 514m, município de Amaraji, PE.

Um método bastante utilizado que visa auxiliar o melhorista nestes objetivos é o conhecimento do grau de parentesco entre os possíveis genitores. O grau de parentesco entre as variedades pode ser estimado pelo coeficiente de parentesco (COP) (Kempthorne 1969), também chamado de coancestralidade. Esta informação fornece uma estimativa das relações genéticas entre dois genótipos baseando-se na análise genealógica dos indivíduos (Cox et al. 1985). Malecot (1948) conceituou o coeficiente de parentesco genético entre dois indivíduos como a probabilidade de que um alelo, ao acaso, de um indivíduo ser idêntico na origem a um alelo, ao acaso, do mesmo loco de outro indivíduo.

Wright (1922) foi o primeiro autor a propor um coeficiente realmente capaz de descrever o grau de endogamia de um indivíduo a partir de sua genealogia. No melhoramento vegetal, a análise do parentesco entre dois genótipos tem auxiliado muitos melhoristas na identificação de grupos parentais promissores e combinações a serem exploradas em programas de melhoramento, como é o caso da batata (Mendoza e Haynes 1974), do trigo (Kim e Ward 1997), da cana-de-açúcar (Deren 1995) e do milho (Lübberstedt et al. 2000).

Estudando a diversidade genética das *Saccharum* spp. nos EUA, Deren (1995) calculou um valor médio do parentesco (COP) entre todos os parentais

masculinos envolvidos em policruzamentos objetivando estimar sua contribuição genética, uma vez que nesta modalidade de cruzamentos só se conhece os parentais receptores (femininos). Este trabalho pode afirmar que 10 ancestrais contribuíram com 90% ou mais do germoplasma dos cultivares da região, percebendo-se um aumento significativo no coeficiente de parentesco médio dos cultivares.

As estimativas de coeficiente de parentesco genético têm sido apenas indicadores preliminares das combinações mais divergentes, fornecendo informações úteis a serem utilizadas para impedir o cruzamento de genótipos aparentados, evitando os efeitos da depressão endogâmica (Hallauer e Miranda Filho 2010), entretanto, também têm sido úteis nos programas de melhoramento para justificar os comportamentos e potenciais de produção semelhantes de genótipos que apresentam em sua genealogia ancestrais em comum.

Nesse sentido, estudos de divergência genética, assim como as informações sobre os pedigrees são de extrema importância para a definição das melhores combinações de cruzamento entre os genitores (Brasileiro et al. 2014).

## **2.6. Histórico e características gerais dos genótipos em estudo**

O Programa de Melhoramento Genético da Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) vem contribuindo ao longo dos seus 49 anos para verticalização da produção da cana-de-açúcar no Brasil. Cada nova variedade lançada é capaz de transformar a realidade do cultivo local, tornando-o mais competitivo e economicamente lucrativo.

A liberação de novas variedades de cana-de-açúcar é um processo lento e gradual, no qual, os clones são comparados às variedades comerciais em cada etapa de seleção, experimentação e validação, selecionando-se os melhores para cada ambiente produtivo.

Devido às grandes diferenças entre os ambientes produtivos existentes, fator ainda mais limitante na região nordeste, os clones são selecionados para além da alta produtividade e resistência a doenças e pragas, apresentarem ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica, bem como tolerância ao déficit hídrico.

Em 2005, houve uma liberação nacional de variedades RB pela RIDESA, momento no qual as variedades RB863129, RB867515 e RB92579 foram lançadas (Simões Neto et al. 2005).

A variedade RB863129 é recomendada para o cultivo em ambientes de baixo a médio potencial produtivo e colheita no início e meio de safra. Destaca-se por apresentar médio teor de sacarose, alta produtividade agrícola, excelente sanidade, e tolerância ao estresse hídrico, característica alvo no presente estudo (Simões Neto et al. 2005; Daros et al. 2015).

A variedade RB867515 é recomendada para ambientes produtivos que apresentem média fertilidade natural e colheita no meio e final de safra. Destaca-se por apresentar alto teor de sacarose, alta produtividade agrícola e responsividade ao uso de maturador, podendo ser colhida no início da safra exclusivamente em ambientes não favoráveis ao florescimento. Apresenta, ainda, excelente desenvolvimento, boa brotação na cana-de-planta e socarias subsequentes.

A variedade RB92579, devido a sua ampla adaptabilidade e estabilidade é recomendada para o cultivo em tabuleiros, várzeas, encostas e chãs. Sua colheita apresenta os maiores rendimentos no meio da safra. Destaca-se, ainda, por apresentar ótimo perfilhamento e brotação de socaria, alta produtividade agrícola e elevado teor de açúcares totais recuperáveis (ATR), além de apresentar rápida recuperação ao estresse hídrico. Tais características proporcionaram que se tornasse a variedade mais cultivado no Nordeste brasileiro (Simões Neto et al. 2005; Daros et al. 2015).

Em 2010, houve uma nova liberação nacional de variedades RB pela RIDESA, momento no qual a variedade RB931011 foi lançada (RIDESA, 2010; RIDESA, 2010; Daros et al. 2015). A variedade RB931011, é recomendada para o cultivo em ambientes com solos de textura arenosa de baixo a médio potencial produtivo. Sua colheita apresenta os maiores rendimentos no meio e final de safra. Apresenta maturação tardia e necessidade de manejo para evitar o florescimento. Com isso, tal variedade tornou-se competitiva em seu nicho produtivo e ganhou notoriedade nos tabuleiros costeiros (RIDESA, 2010; RIDESA, 2010; Daros et al. 2015).

Em 2014, houve a divulgação dos genótipos destaques em experimentação da RIDESA, entre os quais encontram-se RB972631, RB992506 e RB002754. Posteriormente, em 2015, os clones RB992506 e RB002754 foram consolidados como variedades RB (Daros, 2014; Daros et al. 2015; Oliveira et al. 2015).

A variedade RB992506 é recomendada para o cultivo em ambientes de médio a alto potencial produtivo e colheita no início e meio de safra, especialmente em ambientes propícios ao florescimento como os da zona da mata úmida de Pernambuco, pois, apresenta baixo percentual de florescimento natural. Destaca-se por apresentar alta produtividade agrícola, bom perfilhamento, boa brotação em cana-planta e em socarias, ampla adaptabilidade e estabilidade, excelente comportamento ambientes restritivos e média exigência em fertilidade de solos (Daros, 2014; Oliveira et al. 2015).

A variedade RB002754 apresenta-se exigente por solos de média a alta fertilidade, sendo recomendada para cultivo em ambientes de médio a alto potencial produtivo e colheita no início e meio de safra. Destaca-se por apresentar alta produtividade agrícola, alto teor de sacarose, bom perfilhamento, boa brotação em cana-planta e em socarias e médio teor de fibras (Daros, 2014; Oliveira et al. 2015).

O clone RB972631 exhibe boa brotação de cana-planta e excelente brotação de socaria, perfilhamento médio, rápido desenvolvimento e porte alto, favorecendo o bom fechamento de entrelinhas. Apresenta, ainda, médio teor de sacarose, PUI médio e maturação médio/tardia. Esse clone destaca-se por apresentar baixa exigência em fertilidade do solo e elevada responsividade a melhoria do ambiente, especialmente sob fertirrigação. Destaca-se pela boa tolerância a déficit hídrico e baixa exigência em fertilidade do solo. Recomenda-se o seu plantio no final das chuvas e colheita do meio ao final de safra (Daros, 2014).

O clone RB992587 é recomendado para plantio de inverno ou sob irrigação e colheita no meio e final de safra. Exhibe boa brotação de cana-planta e soca, perfilhamento médio, florescimento eventual e maturação média/tardia. Apresenta boa produtividade agrícola em solos de textura média a arenosa, alto teor de sacarose, PUI médio e baixa tolerância ao estresse hídrico.

Sendo as mais novas promessas, os clones RB021754 e RB041443 merecem atenção quanto seus potenciais e expectativas. Ambos apresentam características de interesse para região nordeste. Aptidão a colheita mecanizada, adaptabilidade e estabilidade fenotípica, tolerância a ambientes de baixa fertilidade e a solos arenosos são aspectos de destaque.

Os genótipos (clones e variedades) considerados no estudo são recomendados para nichos específicos. Baseando-se nas condições e recomendações de manejo, tais genótipos foram selecionados para as diferentes condições ambientais apresentadas nos experimentos do presente trabalho.

### 3. REFERÊNCIAS

AGÊNCIA EXECUTIVA DE GESTÃO DAS ÁGUAS DO ESTADO DA PARAÍBA, AESA. **Monitoramento pluviométrico por município do estado da Paraíba - 2017**. Disponível em: <http://site2.aesa.pb.gov.br/aesa/monitoramentoPluviometria.do?metodo=listarChuvas>.

Acesso em: 05 out 2017.

AHMAD, R.; JU LIM, C.; KWON, S. Y. **Glycine betaine: a versatile compound with great potential for gene pyramiding to improve crop plant performance against environmental stresses**. Plant Biotechnology Reports, Daejeon, v. 7, p. 49–57, 2013.

AHMED, C. B.; BENROUINA, B. .; SENSOY, S.; BOUKHRIS, M.; ABDALLAH, F. B. **Changes in gas exchange, proline accumulation and antioxidative enzyme activities in three olive cultivars under contrasting water availability regimes**. Environmental and Experimental Botany, v. 67, p. 345-352, december 2009.

ALENCAR, K. **Análise do balanço entre demanda por etanol e oferta de cana-de-açúcar no Brasil**. 2012. 49 f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba.

AMUDHA, J.; BALASUBRAMANI, G. **Recent molecular advances to combat abiotic stress tolerance in crop plants**. Biotechnology and Molecular Biology Review, Frankfurt, v.6, p.31-58, 2011.

ANJUM, S. A.; XIE, X; WANG, L.; SALEEM, M. F.; MAN, C.; LEI, W. **Morphological, physiological and biochemical responses of plants to drought stress**. African Journal of Agricultural Research, v. 6, n. 9, p. 2026 - 2032, May, 2011.

APEL, K.; HIRT, H. **Reactive oxygen species: Metabolism, oxidative stress and signal transduction**. Annual Review of Plant Biology. 55, 373-399, 2004.

ASADA, K. **Production and scavenging of reactive oxygen species in chloroplasts and their functions**. Plant Physiology, Bethesda, v. 141, p. 391–396, 2006.

ASADA, K. **The water – water cycle as alternative photon and electron sinks.** Philosophical Transactions of the Royal Society B:Biological Sciences, London, v.335, p.1419-1431, 2000.

BARBOSA, G. V. S. **Contribuição do melhoramento genético da cana-de-açúcar para a agroindústria canavieira de Alagoas.** 2014. 113 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2014.

BARBOSA, M. H. P.; SILVEIRA L. C. I. **Melhoramento Genético e Recomendações de cultivares.** Editora UFV, p 313-353, 2012.

BHATTACHARJEE, S. **Sites of generation and physicochemical basis of formation of reactive oxygen species in plant cell.** *In:* GUPTA, S.D. Reactive oxygen species and antioxidants in higher plants. Enfield: Science Publishers. cap.1, p.1-30. 2010.

BRASILEIRO, B.P. MARINHO, C.D.; COSTA, P.M.A.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. **Genetic diversity in sugarcane varieties in Brazil based on the Ward-Modified Location Model clustering strategy.** Genetics and Molecular Research, v.13, p.1650-1660, 2014.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. (Ed.) **Melhoramento genético de plantas. Princípios e procedimentos.** 1ª ed. Lavras: Editora UFLA, 2001. 282p.

CARVALHO, M.H.C. **Drought stress and reactive oxygen species: production, scavenging and signaling.** Plant Signaling & Behavior, Austin, v.3, 156-165, 2008.

CASAGRANDE, A. A. **Crescimento da cana-de-açúcar.** Stab, Açúcar, Álcool e Subprodutos, v. 14, n. 5, p. 7-8, 1996.

CENTRO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA, CIB. **Manual da cana-de-açúcar,** 2009. Disponível em : <[www.cib.org.br](http://www.cib.org.br)>. Acesso em 22, mar. 2018.

COMPANIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar safra 2018/2019, 3º levantamento, dezembro/2018.** 2018. Disponível em: [www.conab.gov.br](http://www.conab.gov.br). Acesso em: 14 mar. 2019.

COMPANIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar safra 2019/2020, 1º levantamento, maio/2019.** 2019. Disponível em: [www.conab.gov.br](http://www.conab.gov.br). Acesso em: 20 mai. 2019.

COX, T. S. et al. **Relation-ships between coefficient of parentage and genetic similarity indices in the soybean.** Crop Science, Madison, v. 25, p. 529-532, 1985.

DAVEY, M. W.; STALS, E.; PANIS, B.; KEULEMANS, J.; SWENNEN. **High-throughput determination of malondialdehyde in plant tissues.** Analytical Biochemistry, Nova York, v.347, p.201-207, 2005.

DEREN, C. W. **Genetic base of U.S. mainland sugar cane.** Crop Science, Madison, v. 35, p. 1195-1199, 1995.

DINAKARA, C.; DJILIANOV, D.; BARTELS, D. **Photosynthesis in desiccation tolerant plants: Energy metabolism and antioxidative stress defense.** Plant Science, v.182, p.29-41, 2012.

DOORENBOS, J.; KASSAN, A. H. **Efectos del agua sobre el rendimiento de los cultivos.** Roma: FAO, 1979. 212p. (FAO, Boletim, 33).

FARIAS, C. H. A.; FERNADES, P. D; AZEVEDO, H. M.; NETO, J. D. **Índices de crescimento da cana-de-açúcar irrigada e de sequeiro no Estado da Paraíba.** Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental, v.12, n.4, p.356-362, 2008.

FARIAS, C. H. A. **Otimização do uso da água e do zinco na cana-de-açúcar em Tabuleiro Costeiro Paraibano.** 2006. 142p. Tese (Doutorado em Recursos Naturais). Universidade Federal de Campina Grande, Paraíba, 2006.

FERREIRA, A.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C D.; HOFFMANN, H. P.; VIEIRA, M A. S.; BASSINELLO, A. I.; SILVA, M. F. **Repetibilidade e número de colheitas para a seleção de clones de cana-de-açúcar.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.40, p.761-767, 2005.

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. de; LANDELL, M.G. de A. (Ed.). Cana-de-açúcar. Campinas: Instituto Agrônomo, 2008. p.31-44.

GAZZONI, D.L.. **Cana e Ambiente: Ao contrário do que se diz, a cana-de-açúcar colabora com a mitigação do efeito estufa, superando os efeitos ambientais negativos.** AgroDBO, pág. 47, 2012.

GILL, S. S.; TUTEJA, N. **Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants.** Plant Physiology and Biochemistry, v. 48, p. 909-930, 2010.

GOMATHI, R.; RAKKIYAPAN, P. **Comparative lipid peroxidation, leaf membrane thermostability, and antioxidant system in four sugarcane genotypes differing in salt tolerance.** International Journal of Plant Physiology and Biochemistry, Ilhas Vitória, v. 3, n. 4, p. 67-74, 2011.

GRIVET, L.; ARRUDA, P. **Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an important tropical crop.** Current Opinion in Plant biology, London, v. 5, n. 1, p. 122-127, Feb. 2001.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding.** New York: Springer, 663 p, 2010.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics.** Ames: Iowa State University, 1969. 545 p.

KIM, H. S.; WARD, R. W. **Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.) based on RFLPs and coefficient of parentage.** Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v. 94, n. 3, p. 472-479, Sept. 1997.

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. (Ed.). Cana-de-açúcar. Campinas, SP: Instituto Agrônomo, 2008. p.101-155.

LAWLOR, D.W.; TEZARA, W. **Causes of decreased photosynthetic rate and metabolic capacity in water-deficient leaf cells: a critical evaluation of mechanisms and integration of processes.** Annals of Botany, London, v.103, p.561-579, 2009.

LECOEUR, J.; SINCLAIR, R.T. **Field pea transpiration and leaf growth in response to soil water deficits.** Crop Science, Madison, v.36, n. 2, p.331-335, 1996.

LUBBERSTEDT, T. H. et al. **Relationships among early European maize inbreds: IV. genetic diversity revealed with AFLP markers and comparison with RFLP, RAPD, and pedigree data.** Crop Science, Madison, v. 40, n. 4, p. 783-791, Apr. 2000.

MALÉCOT, G. **Les mathématiques de l'hérédité.** Paris: Masson, 1948. 63 p.

MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Agroenergia, 2017.** Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br>. Acesso em: 07 mar. 2017.

MAULE, R.F.; MAZZA, J.A.; MARTHA JUNIOR, G.B. **Produtividade agrícola de cultivares de cana-de-açúcar em diferentes solos e épocas de colheita.** Scientia Agricola, v.58, p.295-301, 2001.

MENDOZA, H. A.; HAYNES, F. L. **Genetics basis of heterosis for yield in the autotetraploid potato.** Theoretical and Applied Genetics, Berlin, v. 45, p. 21-25, 1974.

MITTLER, R. Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. **Trends in Plant in Science**, v. 9, p. 405-410, 2002.

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.

MORAIS, M. B. **Ação combinada de fatores abióticos de estresse em variedades de cana-de-açúcar: variáveis fisiológicas e bioquímicas**. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Agronomia) - Área de Concentração Melhoramento Genético de Plantas, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2013. 64 p.

NEUMAIER, N.; NEPOMUCENO, A.L. **Water management**. In **FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations**, ed, Tropical soybean: Improvement and production. **FAO - Plant Production and Protection Series, 27**, Rome, Italy, pp 153-160, 1994.

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

QUEIROZ, C. G. S.; GARCIA, Q. S.; LEMOS-FILHO, J. P. **Atividade fotossintética e peroxidação de lipídios de membrana em plantas de aroeira-do-sertão sob estresse hídrico e após reidratação**. Brazilian Journal Plant Physiolgy, v.14, n.1, p.59-63, 2002.

PAN, Y.; WU, L. J.; YU, Z. L. **Effect of salt and drought stress on antioxidant enzymes activities and SOD isoenzymes of liquorice (*Glycyrrhiza uralensis* Fisch)**. Plant Growth Regul., v. 49, n.157 – 165, 2006.

PETERNELLI, L. A.; FERREIRA, F. M.; ROCHA, R. B.; BARROS, W. S.; BARBOSA, M. H. P. **Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer**

**nível de ploidia usando o pacote estatístico R.** *Bragantia*, v. 68, n.4, p.849-855, 2009.

REDE INTERUNIVERSITÁRIA DE DESENVOLVIMENTO DO SETOR SUCROALCOOLEIRO – RIDESA. **Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar.** RIDESA, Curitiba, 136 p. 2010.

RIDESA - Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro. **Liberção nacional de novas variedades RB de cana-de-açúcar.** Curitiba: RIDESA 2010. 64p.

REDE INTERUNIVERSITÁRIA DE DESENVOLVIMENTO DO SETOR SUCROALCOOLEIRO – RIDESA. **Senso varietal da safra 2017/2018.** Araras, 2018. Disponível em: [www.ridesa.com.br](http://www.ridesa.com.br) - Acesso em: 14 jan. 2019.

SCOTT A. J.; KNOTT M. **A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance.** *Biometrics*, 30: 507-512. 1974.

SEWELAM, N.; KAZAN, N.; SCHENK, P. M. 2016. **Global plant stress signaling: reactive oxygen species at the cross-road.** *Front. Plant Sci.* 7, 187:1 - 21.

SHARMA, P. et al. **Reactive Oxygen Species, Oxidative Damage, and Antioxidative Defense Mechanism in Plants under Stress ful Conditions.** *Journal of Botany*, New York, v. 2012, p. 1-26, 2012.

SILVA, M.A. et al. FENOLOGIA DA CANA-DE-AÇÚCAR. Fenologia da cana-de-açúcar. IN: CRUSCIOL, C.A.C.; SILVA, M.A.; ROSSETTO, R., SORATTO, R. P. (eds.). **Tópicos em ecofisiologia da cana-de-açúcar.** 1 ed. Botucatu: FEPAF, 2010. cap. 1, v. 1, p. 8-22.

SILVA, P. P. et al. **Path analysis for selection of drought tolerant sugarcane genotypes through physiological components.** *Industrial Crops and Products*, v.37, p. 11-19, 2012.

SILVA, V. P. R. et al. **Risco Climático da cana-de-açúcar cultivada na região Nordeste do Brasil**. Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental, v.17, p. 180-189, 2013.

SIMMONDS, N. W. **The leading features of cane breeding**. United Kingdom, Sugar Cane (Suppl.), p.7-11. Autumn, 1987.

SIMÕES NETO, D. E.; MELO, L. J. O. T.; CHAVES, A.; LIMA, R. O. R. **Lançamento de novas variedades RB de cana-de-açúcar**. Recife: Imprensa Universitária UFRPE, 2005. 28p.

SOUZA, T. C., MAGALHÃES, P. C., GOMES-JÚNIOR, C. C. **Teor de ácido abscísico (ABA), peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) e malondialdeído (MDA) em dois híbridos de milho contrastantes a seca**. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 29, 2012, Águas de Lindóia. Anais. p.137-144, 2012.

SOUZA, Z.M. de; PAIXÃO, A.C.S.; PRADO, R.M.; CESARIN, L.G.; SOUZA, S.R. **Manejo de palhada de cana colhida sem queima, produtividade do canavial e qualidade do caldo**. Ciência Rural, v.35, p.1062-1068, 2005.

TAIZ, L; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 6<sup>a</sup>. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. 858p.

TEW, T.L.; COBILL, R.M. **Genetic Improvement of Sugarcane (*Saccharum spp.*) as an Energy Crop**. In: VERMERRIS, W. Genetic Improvement of Bioenergy Crops. Springer, New York, 2008. cap. 9, p. 273-294.

UDOP – União dos Produtores de Bioenergia. **Análise de conjuntura dos biocombustíveis, 2017**. Disponível em: <http://www.udop.com.br/>. Acesso em: 15 nov. 2018.

USDA, A. R. S. **National Genetic Resources Program. Germplasm Resources Information Network (GRIN)**. [Online Database] National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. Disponível em: <http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/site.pl?MIA>. Acesso em: 25 fev. 2017

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

WILLADINO, L., OLIVEIRA FILHO, R.A, SILVA JUNIOR, E.A, GOUVEIA NETO, A. AND CAMARA, T.R: **Estresse salino em duas variedades de cana-de-açúcar: enzimas do sistema antioxidativo e fluorescência da clorofila.** - Revista Ciência Agronômica **42**: 417-422, 2011.

WRIGHT, S. **Coefficients of inbreeding and relationship.** American Naturalist, v.56, p.330-338, 1922.

## **CAPÍTULO II**

---

# **ESTUDO GENEALÓGICO E VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS, BIOQUÍMICAS E AGROINDUSTRIAIS DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB DIFERENTES CONDIÇÕES HÍDRICAS**

(Este artigo será submetido ao periódico científico: Scientia Agrícola)

## **ESTUDO GENEALÓGICO E VARIÁVEIS BIOMÉTRICAS, BIOQUÍMICAS E AGROINDUSTRIAIS DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR SOB DIFERENTES CONDIÇÕES HÍDRICAS**

Pedro Henrique Neves de Souza<sup>1</sup>, Gerson Quirino Bastos<sup>1</sup>, Terezinha Rangel Camara<sup>2</sup>.

<sup>1</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco/UFRPE, Departamento de Agronomia, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, Recife, Pernambuco, Brasil

<sup>2</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco/UFRPE, Departamento de Química, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, Recife, Pernambuco, Brasil

### **RESUMO**

O déficit hídrico impacta negativamente a produção de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), sobretudo nos tabuleiros costeiros paraibanos. As plantas possuem mecanismos de defesa que as permitem mitigar os efeitos danosos oriundos do estresse. Os trabalhos em campo foram conduzidos na Miriri Alimentos e Bioenergia, Santa Rita, Paraíba, durante o ano agrícola 2015/2016. Através de uma análise com base genealógica, foi determinado o coeficiente de parentesco genético entre genótipos, sendo observados níveis significativos. Em campo, os genótipos foram agrupados, e posteriormente, avaliados em condições irrigada e sequeiro, visando estimar as características de produção, considerando as variáveis biométricas e agroindustriais, além da eficiência de tolerância à seca, mediante a determinação de variáveis bioquímicas. O objetivo deste trabalho foi avaliar em cana planta, a relação de parentesco genético entre genótipos além de analisar o desenvolvimento da cultura através de medidas repetidas no tempo, bem como os desempenhos agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas nos tabuleiros costeiros da Paraíba. As respostas bioquímicas e de rendimento agrícola e industrial de todos os grupos de genótipos foram alteradas em condições de déficit hídrico e respostas significativas foram observadas. Foram observados significativos coeficientes de parentesco genético (COP) entre os genótipos RB931011, RB992587 e RB867515, sendo a variedade RB72454 ter contribuição simultânea na constituição da genealogia desses materiais. O manejo atendendo 50% da demanda hídrica da cultura não foi suficiente para evitar níveis significativos de danos oxidativos decorrentes do déficit hídrico, no entanto os incrementos agroindustriais foram positivos para todos os genótipos no ambiente irrigado.

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

**Palavras-chave:** *Saccharum spp.*, déficit hídrico, sistema antioxidante, genealogia, melhoramento vegetal.

## **GENEALOGICAL STUDY AND BIOMETRIC, BIOCHEMICAL AND AGROINDUSTRIAL VARIABLES OF SUGAR CANE GENOTYPES UNDER DIFFERENT WATER CONDITIONS**

Pedro Henrique Neves de Souza<sup>1</sup>, Gerson Quirino Bastos<sup>1</sup>, Terezinha Rangel Camara<sup>2</sup>.

<sup>1</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco/UFRPE, Departamento de Agronomia, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, Recife, Pernambuco, Brasil

<sup>2</sup> Universidade Federal Rural de Pernambuco/UFRPE, Departamento de Química, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, Recife, Pernambuco, Brasil

### **ABSTRACT**

Water stress impacts negatively sugarcane (*Saccharum* spp.) production, especially in Paraíba coastal trays. These plants have defense mechanisms that allow them to mitigate the harmful effects of stress. Field work was conducted at Miriri Alimentos e Bioenergia, Santa Rita, Paraíba, during the 2015/2016 agricultural year. Through a genealogical analysis, the genetic relationship coefficient between genotypes was determined and significant levels were observed. In the field, the genotypes were grouped, and subsequently evaluated under irrigated and dry conditions, aiming to estimate the production characteristics, considering the biometric and agroindustrial variables, as well as the drought tolerance efficiency, through the determination of biochemical variables. The objective of this work was to evaluate in sugarcane plant the genetic relationship between genotypes and to analyze the development of the crop through repeated measures in time, as well as the agroindustrial performances of sugarcane genotypes under different water conditions in Paraíba coastal areas. Biochemical and agricultural and industrial yield responses of all genotype groups were altered under water stress conditions and significant responses were observed. Significant genetic relationship coefficients (COP) were observed between the RB931011, RB992587 and RB867515 genotypes, with the RB72454 variety having a simultaneous contribution to the genealogy of these materials. The management meeting 50% of the crop water demand was not sufficient to avoid significant levels of oxidative damage resulting from water deficit, however the agroindustrial increments were positive for all genotypes in the irrigated environment.

**Key words:** *Saccharum* spp., water deficit, antioxidant system, genealogy, plant breeding.

## 1. INTRODUÇÃO

Sendo uma cultura tropical e subtropical que se destaca como uma das espécies mais cultivadas no Brasil, a cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) apresenta grande importância social, ambiental e econômica, associada principalmente à produção de açúcar, etanol e bioenergia (CONAB 2018). A produção de etanol possui potencial para atender à crescente demanda por energia renovável, sobretudo atendendo as expectativas da redução dos gases do efeito estufa (GEE) (Goldemberg 2010).

Em dezembro de 2016 o governo federal lançou, por meio do Ministério de Minas e Energia (MME), a Política Nacional dos Biocombustíveis (RenovaBio). Posteriormente sancionado na forma da Lei Federal nº 13.576, em 26 de dezembro de 2017 (BRASIL 2017), este conjunto de diretrizes traz como objetivo traçar estratégias conjuntas para fortalecer o papel dos biocombustíveis na matriz energética brasileira, contribuindo para a segurança energética, com maior previsibilidade, como também para mitigação das emissões de GEE.

Na região Nordeste, o cultivo de cana-de-açúcar predomina, tradicionalmente, nas zonas úmidas de Mata e Litoral, no entanto nota-se uma expansão para regiões semiáridas (SEAGRI 2017). Essa expansão expõe a cultura a ambientes mais propícios à combinação de estresses abióticos, principalmente o déficit hídrico.

As regiões do litoral e agreste paraibano, onde é cultivada a cana-de-açúcar, apresentam índices pluviométricos insuficientes além de desuniformidade de distribuição das chuvas, tornando-se difícil estabelecer qualquer planejamento agrícola sem considerar os riscos de frustração de safra (AESAs 2017). A recomendação de genótipos mais adaptados a estas regiões é de grande contribuição para a sustentabilidade do setor produtivo.

Considerando um sistema de produção agrícola, a água é um dos fatores mais importantes para o desenvolvimento das lavouras. O déficit hídrico, dependendo da fase de crescimento e duração, pode provocar danos irreparáveis na produção. Uma das consequências mais expressivas do déficit hídrico está relacionada com a produção de espécies reativas de oxigênio (*Reactive Oxygen Species* – ROS), submetendo as plantas ao estresse oxidativo, expondo-as a diferentes ações e danos oxidativos (Azevedo Neto et al. 2009). Para combater os efeitos danosos das ROS produzidos durante o estresse oxidativo, as plantas

desenvolveram um complexo mecanismo de defesa antioxidativo constituído por enzimas e metabólitos antioxidantes. Entre as enzimas destacam-se a Catalase (CAT) e a Ascorbato Peroxidase (APX). Bastante sensíveis às condições de estresse abiótico, ambas as enzimas são parâmetros importantes a serem considerados em estudos de estresse ambientais (Sharma et al. 2012).

O conhecimento da genealogia somado a determinação dos coeficientes de parentesco genético (COP) entre genótipos, pode fornecer informações importantes visando o entendimento dos diferentes comportamentos e potenciais de produção dos indivíduos frente a um determinado estresse ambiental. Contudo, essa informação também poderá agregar uma maior assertividade na escolha estratégia dos melhores genitores para fins de hibridação.

Embora diversas pesquisas investiguem a função e a importância de enzimas antioxidantes em plantas de cana-de-açúcar sob diferentes condições de estresse, a presente investigação busca, além disso, correlacionar e compreender as respostas de genótipos com diferentes graus de parentescos nos parâmetros biométricos, bioquímicos e agroindustriais entre genótipos.

Diante do exposto, o objetivo com este trabalho foi avaliar em cana planta, a relação de parentesco genético entre genótipos, além de analisar o desenvolvimento da cultura considerando as variáveis biométricas e bioquímicas através de medidas repetidas no tempo e os desempenhos agroindustriais de grupo de genótipos em diferentes condições hídricas nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

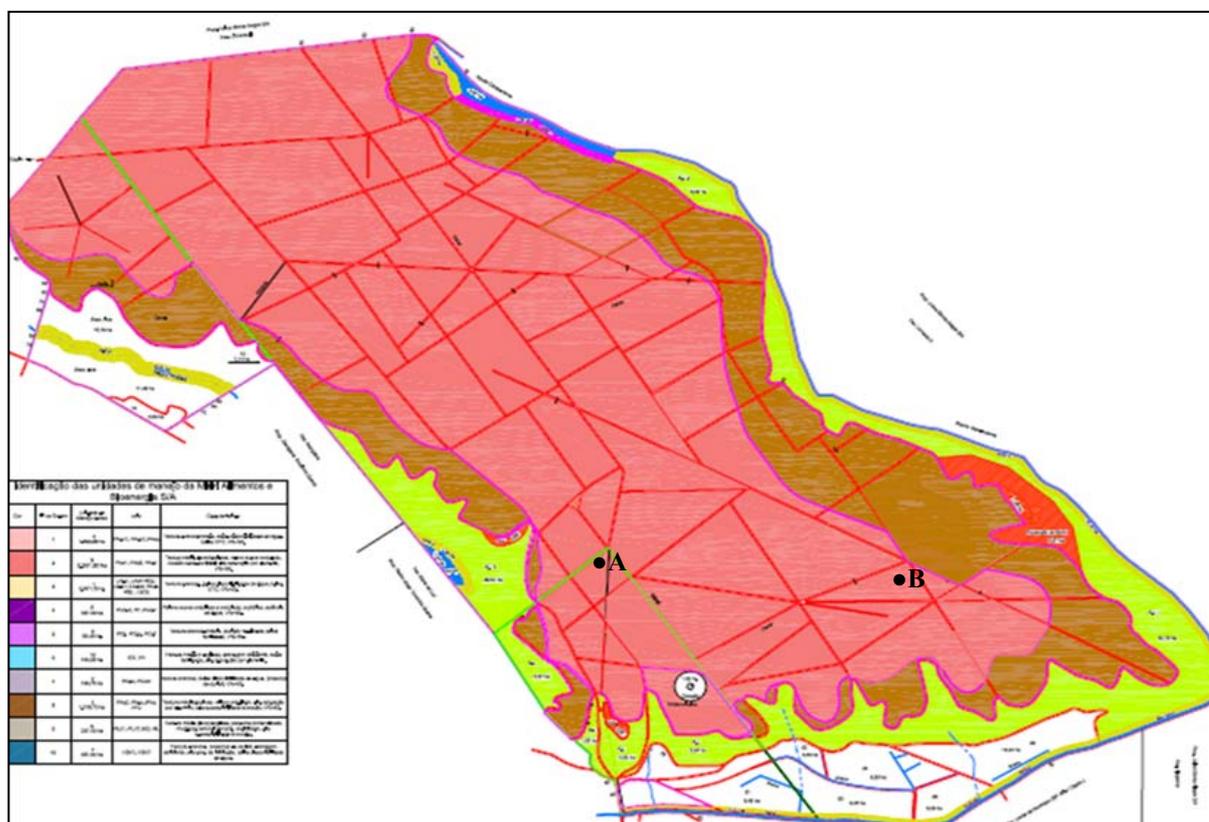
## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Identificação da área e tratamentos**

O estudo foi realizado nos tabuleiros costeiros da região canavieira do estado da Paraíba, nas dependências da Miriri Alimentos e Bioenergia S/A, durante o plantio de verão do ano agrícola 2015/2016. A Miriri Alimentos e Bioenergia S/A está situada na zona rural do município de Santa Rita - PB, às margens da BR-101 (7° 6' 59" S, 34° 58' 52" O), distante à 43 km da capital João Pessoa. Foram implantados dois experimentos simultaneamente. Num primeiro foi manejada a irrigação complementar visando o atendimento mínimo de 50% da demanda hídrica da cultura, sendo necessário o auxílio de um Pivô Central Rebocável (ambiente

Irrigado). Um segundo experimento foi implantado nas condições de sequeiro, ou seja, sem irrigação (ambiente sequeiro). Os experimentos foram conduzidos na Fazenda Miriri Capim (Experimento 01 / Lote 40: latitude 6° 55' 56,36" S, longitude 35° 08' 8,60" O) e (Experimento 02 / Lote 44: latitude 6° 55' 39,22" S, longitude 35° 07' 20,81" O) com altitude média de 121 m, localizada no município de Capim, PB. O clima é quente e úmido, com chuvas de outono a inverno classificado como As' (Koppen 1918).

Com base no levantamento pedológico e de acordo com o Sistema Brasileiro de Classificação de Solo (EMBRAPA 2013), os solos das áreas objeto deste estudo são classificados como Argissolos Amarelos Distróficos (PA<sub>d</sub>1), textura leve/média e relevo suave com ondulações (Figura 1).



**Figura 1** – Mapa pedológico da fazenda Miriri Capim, Capim – PB. A: Experimento ambiente irrigado e B: Experimento ambiente sequeiro. **Fonte:** Miriri Alimentos e Bioenergia S/A.

A Miriri Alimentos e Bioenergia S/A possui aproximadamente 11.000 ha explorados com a cultura da cana-de-açúcar. Historicamente esta região apresenta precipitação média anual de 941 mm, sendo a necessidade hídrica da cultura da cana-de-açúcar, segundo Doorenbos e Kassan (1979), variando de 1500 a 2500 mm por ciclo vegetativo.

Durante o período de realização do estudo foi registrada precipitação pluvial anual de 1150 mm, com efetividade de 546,5 mm. A temperatura média anual foi de 26 °C, com variação entre 21,7 °C a 31,3 °C de temperatura máxima e mínima, respectivamente, de acordo com os dados coletados na estação climatológica local.

Para ambos os experimentos, foi utilizado o delineamento casualizados em blocos com 03 repetições, utilizando como tratamentos 10 genótipos de cana-de-açúcar, sendo 04 clones promissores elites, já em fase de validação, e 06 variedades comercialmente já exploradas (Tabela 1).

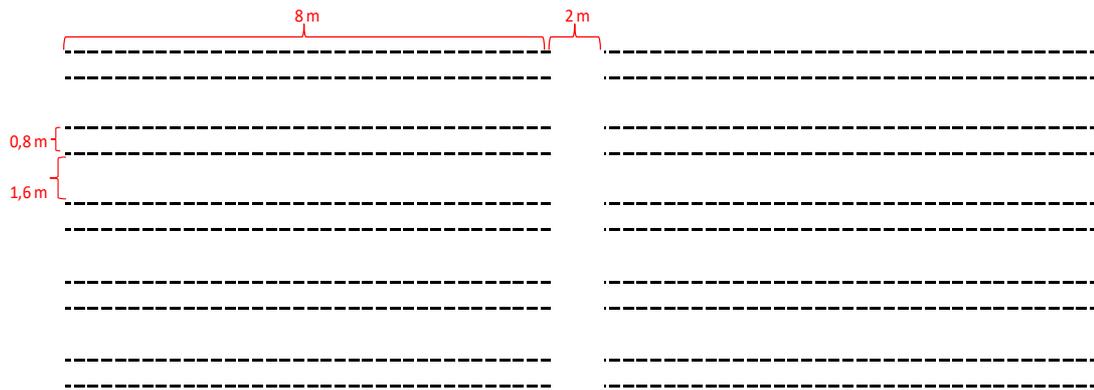
**Tabela 1** – Relação e informações dos genótipos utilizados no estudo.

CÓDIGO		GENÓTIPOS	(♀ X ♂)	ORIGEM / SEMENTE
1	VARIEDADE	RB002754	RB835205 X ?	MIRIRI - PB
2	VARIEDADE	RB992506	Co421 X ?	MIRIRI - PB
3	CLONE	RB041443	RB805203 X ?	PROFÉ - PB
4	CLONE	RB972631	RB815627 X ?	Us. B. FORMOSA - RN
5	CLONE	RB992587	RB72454 X ?	Us. B. FORMOSA - RN
6	CLONE	RB021754	RB92606 X RB72199	Us. O. D'ÁGUA - PE
7	VARIEDADE	RB863129	RB763411 X ?	MIRIRI - PB
8	VARIEDADE	RB931011	RB83160 X RB72454	MIRIRI - PB
9	VARIEDADE	RB92579	RB75126 X RB72199	MIRIRI - PB
10	VARIEDADE	RB867515	RB72454 X ?	MIRIRI - PB

\*OBS: ? = genitor masculino desconhecido (Policruzamento).

Os materiais que serviram como cana-semente foram originados dos viveiros de multiplicação da Miriri Alimentos e Bioenergia S/A e de unidades parceiras da RIDESA, através da Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE.

As parcelas experimentais foram compostas por cinco (5) sulcos duplos combinados com 8,0 m de comprimento, apresentando espaçamento de plantio de 0,8 x 1,6 m, resultando numa área útil de 83,2 m<sup>2</sup> por parcela experimental, adotando-se um espaçamento de 2,0 m entre parcelas. Abaixo segue detalhamento ilustrativo das dimensões da parcela experimental (Figura 2).



**Figura 2** – Figura esquemática detalhada da parcela experimental.

As cana-sementes foram dispostas ao longo dos sulcos buscando um adensamento de aproximadamente 15 gemas viáveis/metro linear de sulco. O preparo do solo (subsolação e gradagem) e as atividades de plantio (sulcagem, semeio, repicagem e cobertura), foram executadas conforme protocolo usual da unidade. A correção do solo através do uso de corretivos (calcário dolomítico) e as adubações (fundação e cobertura), foram determinadas através da interpretação das análises químicas do solo. Para condução e manutenção do desenvolvimento dos experimentos, foram utilizados defensivos agrícola, visando evitar a mato-competição e danos decorrentes do ataque de pragas e doenças, de forma preventiva.

Para o manejo da irrigação visando atender 50% da demanda da cultura via Pivô Central Rebocável no experimento 01 (ambiente irrigado), foi considerada a evapotranspiração potencial da cultura (ETP), o coeficiente de cultivo ( $K_c$ ) e a precipitação efetiva durante todo o ciclo da cultura. Este manejo contou com informações capturadas através da estação climatológica localizada na própria fazenda.

Abaixo (Tabela 2), seguem informações referentes ao balanço hídrico adotado no referido manejo no período de 13/11/2015 à 16/11/2016. No experimento 02 (ambiente sequeiro), a irrigação se restringiu a duas lâminas de 30 mm na etapa de estabelecimento da cultura, aos 5 e 20 dias após o plantio (DAP). Observa-se (Tabela 2) que para se atingir os 50% da demanda hídrica (DH50%), foi necessário o fornecimento de 330 mm de água via irrigação (IE) durante o ciclo que, somados a precipitação efetiva (PE) do período (546,5 mm), foram responsáveis por atender 876,50 mm, sendo 53,52% da demanda hídrica total (DH100%). O manejo da

irrigação foi suspenso aos 30 dias antes da colheita (Drying off). As lâminas foram determinadas considerando uma eficiência de 85%, fator relacionado ao sistema de irrigação por Pivô Central Rebocável.

**Tabela 2** – Balanço hídrico e manejo da irrigação adotado no ano agrícola 2015/2016 no ambiente irrigado, fazenda Miriri Capim, Capim – PE.

	2015		2016											
(mm)	NOV	DEZ	JAN	FEV	MAR	ABR	MAI	JUN	JUL	AGO	SET	OUT	NOV	CICLO
PEH	17,62	21,52	50,17	67,27	109,72	129,27	123,3	161,25	125,32	72,07	32,62	14,17	17,62	<b>941,92</b>
PE	0	63	74	64	65	76	106	70	0	7,5	15	6	0	<b>546,5</b>
IE	30	0	0	0	30	0	0	0	80	80	60	50	DryingOff	<b>330</b>
DH (100%)	63,6	94	135,2	132	181	155	160	145	150	168	143	111		<b>1637,8</b>
DH (50%)	31,8	47	67,6	66	90,5	77,5	80	72,5	75	84	71,5	55,5		<b>818,9</b>
DHA %	47,17	67,02	54,73	48,48	52,49	49,03	66,25	48,28	53,33	52,08	52,45	50,45		<b>53,52</b>

PEH: Precipitação efetiva histórica; PE: Precipitação efetiva; IE: Irrigação efetiva; DH 100%: Demanda hídrica 100%; DH 50%: Demanda hídrica 50%; DHA%: Demanda hídrica atendida; DryingOff: Período sem irrigação antes da colheita.

Para obtenção das variáveis biométricas e bioquímicas, as coletas das informações em campo foram realizadas em quatro momentos distintos durante o desenvolvimento da cultura, aos 60, 150, 300 e 360 dias após o plantio (DAP). Foram desprezados os dois sulcos duplos da periferia de cada parcela, concentrando as mensurações e obtenção dos dados em campo, nos 06 sulcos centrais de cada parcela experimental e em indivíduos e/ou locais fixos. As colheitas dos experimentos foram realizadas aos 360 DAP.

## 2.2. Análise genealógica e determinação do coeficiente de parentesco genético

Uma profunda e detalhada pesquisa acerca da organização genealógica, até a 5ª geração, dos genótipos envolvidos na pesquisa foi realizada, sendo estimados os coeficientes de parentesco genético (COP) entre os indivíduos com o auxílio do pacote estatístico R, obtido em <http://www.r-project.org>. Trata-se de um software livre com uma linguagem dirigida à análise gráfica e estatística, através de uma nova rotina destinada à análise de genealogias, em especial, de organismos poliplóides, gerando a matriz completa de parentesco e um dendrograma pré-definido de indivíduos selecionados (Peternelli et al. 2009).

As funções desenvolvidas permitem uma análise de parentesco rápida e detalhada para indivíduos com nível 2k de ploidia, facilitando esse tipo de estudo no caso de pedigrees com número elevado de indivíduos. Destaca-se ainda a vantagem em se poder trabalhar com qualquer nível 2k de ploidia, mesmo quando existe a possibilidade de certo indivíduo ser oriundo de autofecundação (Peternelli et al. 2009).

### **2.3. Variáveis biométricas**

As variáveis biométricas altura da planta (AP), diâmetro do colmo (DC) e o número de plantas por metro linear (NP) foram determinadas utilizando-se a metodologia Kuijper (Dillewijn 1952).

A AP foi mensurada com o auxílio de uma trena graduada em centímetros, mediu-se da base da planta até o primeiro “dewlap” visível (inserção da folha +1). O DC foi obtido através da leitura da região mediana do colmo com o auxílio de um paquímetro digital com precisão de 1mm. O NP foi obtido pela contagem do número de colmos na fileira central dividido pelo comprimento do sulco.

Por fim, o índice de área foliar (IAF), foi estimado com auxílio de uma trena graduada, medindo-se em cm<sup>2</sup>. Foi adotada a equação proposta por Hermann e Câmara (1999), onde a partir da folha +3, calculou-se a relação entre o (comprimento máximo x largura máxima x 0,75 x (N+2)), sendo 0,75 um fator da cultura e N o número de folhas abertas e com pelo menos 20% de área verde.

### **2.4. Variáveis bioquímicas**

As análises bioquímicas foram realizadas no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais (LCTV) do Departamento de Química da Universidade Federal Rural de Pernambuco, em Recife – PE.

Para as análises das variáveis bioquímicas foram coletados seguimentos foliares (15 cm) da folha +2. Imediatamente após coletar, as amostras foram congeladas em nitrogênio líquido para manutenção da integridade do material. As amostras foram acondicionadas em isopor contendo gelo e posteriormente em

freezer, numa temperatura de  $-20^{\circ}\text{C}$ , até o preparo dos extratos e realização das análises.

#### **2.4.1. Preparo do extrato vegetal e análise da atividade enzimática**

Aproximadamente 0,2 g de amostra de folhas foram macerados em nitrogênio líquido e homogeneizados em 0,05g de polivinilpolipirrolidona (PVPP) e 2.000  $\mu\text{L}$  de tampão fosfato de potássio 0,1 M, pH 7,5, contendo ácido etilenodiaminotetracético (EDTA) a 0,1 mM. Em seguida, as amostras foram centrifugadas por 20 minutos a 10.000 rpm sob a temperatura de  $-4^{\circ}\text{C}$ . O sobrenadante foi coletado e utilizado nas reações.

A atividade da ascorbato peroxidase (APX) foi obtida mediante a metodologia proposta por Nakano e Asada (1981). A reação foi realizada por meio de uma solução contendo 1.335  $\mu\text{L}$  de tampão fosfato de potássio monobásico a 50 mM (pH 6,0), 75  $\mu\text{L}$  do extrato enzimático, 75  $\mu\text{L}$  de ácido ascórbico a 10 mM e 15  $\mu\text{L}$  de peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) a 100 mM. As leituras foram realizadas no tempo zero e após 60 segundos, em espectrofotômetro a 290 nm. A atividade enzimática foi calculada utilizando o coeficiente de extinção molar do ascorbato ( $2,8\text{ mM}^{-1}\text{ cm}^{-1}$ ) e os resultados foram expressos em  $\mu\text{mol AsA g}^{-1}\text{ proteína min}^{-1}$ .

A determinação da atividade da catalase (CAT) foi obtida por meio da metodologia proposta por Berris e Sizer (1952). Para a reação foram pipetados 1.390  $\mu\text{L}$  de tampão fosfato de potássio monobásico 100 mM (pH 7,0), 50  $\mu\text{L}$  do extrato enzimático e 60  $\mu\text{L}$   $\text{H}_2\text{O}_2$  (0,5 M). As leituras foram feitas no tempo zero e após 60 segundos, em espectrofotômetro a 240 nm. Posteriormente, a atividade enzimática da CAT foi expressa em  $\text{nmol H}_2\text{O}_2\text{ g}^{-1}\text{ proteína min}^{-1}$ .

#### **2.4.2. Obtenção do extrato vegetal para mensuração dos teores de malondialdeído e peróxido de hidrogênio**

A mensuração dos teores de MDA e  $\text{H}_2\text{O}_2$  seguiu-se a partir de um mesmo extrato. Aproximadamente 0,2g de amostras de folhas foram maceradas em 2 mL de ácido tricloroacético (TCA) 0,1%, e aproximadamente 20% de polivinilpolipirrolidona (PVPP). O homogeneizado foi centrifugado a 10.000 rpm por 10 min a  $-4^{\circ}\text{C}$ .

A quantificação do malondialdeído (MDA) em  $\text{nmol g}^{-1}$  MF, foi realizada de acordo com a metodologia proposta por Heath e Packer (1968), com modificações. Para a reação foi adicionado 250  $\mu\text{L}$  do extrato vegetal e 1.000  $\mu\text{L}$  de solução composta por ácido tricloroacético (TCA - 20%) e ácido tiobarbitúrico (TBA - 0,5%). As soluções foram mantidas em banho-maria a 95 °C durante 30 min e, em seguida, foram submetidas por um rápido resfriamento durante 10 minutos, momentos antes da leitura em espectrofotômetro a 535 e 600 nm.

A mensuração do peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) em  $\mu\text{mol g}^{-1}$  MF, foi realizada seguindo o protocolo de Alexieva et al. (2001).

Na reação foram utilizados 800  $\mu\text{L}$  de solução de iodeto de potássio (KI) a 1M, 200  $\mu\text{L}$  do extrato vegetal e 200  $\mu\text{L}$  de tampão fosfato de potássio monobásico 100 mM (pH 7,0). A mistura foi mantida em gelo e submetida a uma fase escura durante 60 minutos. Após este período, as amostras foram retiradas do gelo e mantidas no escuro para estabilização da reação. A leitura foi realizada em espectrofotômetro a 390 nm.

## **2.5. Determinação das variáveis agroindustriais**

Aos 360 dias após o plantio (DAP), em cana-planta, foi estimada a produtividade agrícola e analisado o desempenho industrial dos genótipos em estudo. Foram avaliadas as seguintes variáveis agroindustriais: Produtividade agrícola ( $\text{t ha}^{-1}$ ), Pol % do caldo (PC) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH).

A produtividade agrícola ( $\text{t ha}^{-1}$ ) foi obtida através da transformação do peso da parcela em Kg por meio da seguinte equação ( $\text{Peso total da parcela} \times 10 / \text{área útil da parcela em m}^2$ ). A Pol % do caldo (PC) foi determinada no laboratório de sacarose da Miriri Alimentos e Bioenergia S/A, seguindo o protocolo proposto por Fernandes (2003). A variável Tonelada de açúcar por hectare (TAH) foi calculada por meio da expressão ( $\text{Produtividade agrícola (t ha}^{-1}) \times \text{PC} / 100$ ).

## **2.6. Análises estatísticas**

### **2.6.1. Determinação do coeficiente de parentesco genético (COP)**

Para determinação dos coeficientes de parentesco com base na genealogia dos genótipos, a função principal,  $\text{calc.r}_{xy}()$  realiza o cálculo do coeficiente de parentesco (COP) entre dois indivíduos quaisquer (X e Y), coeficiente de endogamia  $F_x$  (ou  $F_y$ ) e algumas estatísticas relacionadas ao COP, como média geral, média por indivíduo, variância geral, variância por indivíduo etc.

Na execução das análises foi usado o software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2013), a partir das funções desenvolvidas por Peternelli et al. (2009) com base nas expressões apresentadas por Kempthorne (1973), em que o coeficiente de parentesco é dado pela equação abaixo, onde X é filho de A e B e Y é um indivíduo qualquer com pais desconhecidos.

$$r_{xx} = 1/2k [ 1 + ( 2k - 1 ) F_x ] \text{ e } r_{xy} = r_{(AB,Y)} 1/2 [ r_{AY} + r_{BY} ]$$

## **2.6.2. Análise dos componentes principais (ACP), análise de agrupamentos (AA) e modelos de regressões para as variáveis biométricas e bioquímicas**

O conjunto de dados dos diferentes genótipos em todas as coletas foi analisado de maneira conjunta por estatística multivariada através da análise de componentes principais (ACP) e de agrupamentos (AA). A ACP avaliou o nível de relacionamento dos atributos estudados, constituindo uma etapa intermediária do procedimento estatístico. A análise de agrupamento (AA) constitui uma metodologia numérica multivariada, com o objetivo de propor uma estrutura classificatória, ou de reconhecimento da existência de grupos, objetivando, mais especificamente, dividir o conjunto de observações em um número de grupos homogêneos, segundo critérios de homogeneidade (Regazzi 2001).

O método estatístico de (AA) visa reunir os objetos verificados em grupos similares, de maneira que apresentem homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos, em termos das variáveis estudadas (Mingoti 2005). Os objetos em um grupo são relativamente semelhantes, em termos dessas variáveis, e diferentes de objetos de outros grupos.

A medida de dissimilaridade empregada foi a distância euclidiana e o algoritmo de WARD, como método de aglomeração. O resultado da (AA) será apresentado em forma de dendrograma, auxiliando na identificação dos agrupamentos dos genótipos mais semelhantes. O número de grupos foi definido

pela partição do dendrograma na maior distância entre grupos de ligação obtida. As análises estatísticas multivariadas foram realizadas através do software STATISC, versão 7.0.

As variáveis de cada grupo de genótipos foram analisadas na forma de modelo misto através de medida repetida no tempo com a utilização do programa estatístico SAS Learning 2.0. Após a constatação do efeito significativo do tempo através da determinação do critério de informação de Akaike (AIC), (Akaike 1974), para as variáveis biométricas e bioquímicas, individualmente para cada grupo, foram ajustadas por regressões não lineares e polinomiais em função do período de crescimento (Wolfinger e Chang 1995). Os intervalos de confiança foram determinados para as médias obtidas em cada variável nos grupos de genótipos.

Como critérios para escolha dos modelos de regressão, foram selecionados aqueles que apresentaram maior coeficiente de determinação ( $r^2$ ) e significância dos parâmetros da regressão até 5% de probabilidade pelo teste t, bem como os modelos que melhor representaram o fenômeno característico para cada variável. Em seguida foram analisadas as médias das variáveis de cada grupo de genótipos e por meio da estatística descritiva determinando-se a intervalo de confiança.

### 2.6.3. Análise da variância e agrupamento de médias para as variáveis agroindustriais

Para as variáveis Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ), Pol % do caldo (PC) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), os dados foram submetidos à análise individual de variância. Utilizou-se o modelo matemático aditivo linear  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \epsilon_{ij}$ , onde,  $Y_{ij}$ : é a observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;  $\mu$ : média geral;  $g_i$ : é o efeito do i-ésimo genótipo;  $b_j$ : é o efeito do j-ésimo bloco;  $\epsilon_{ij}$ : é o erro aleatório associado a cada observação  $Y_{ij}$  (Tabela 3).

**Tabela 3.** Esquema representativo para obtenção dos resultados referentes à análise de variância em experimentos conduzidos nos tabuleiros costeiros, Capim – PB, 2019.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	r-1	SQB	QMB	
Grupos	g-1	SQG	QMG	QMG/QMR
Resíduo	(r-1)(g-1)	SQR	QMR	
Total				

As médias dos agrupamentos foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1974), ao nível de 5% de probabilidade.

A análise de correlação entre as variáveis bioquímicas e agroindustriais foi realizada utilizando o software STATISC, versão 7.0.

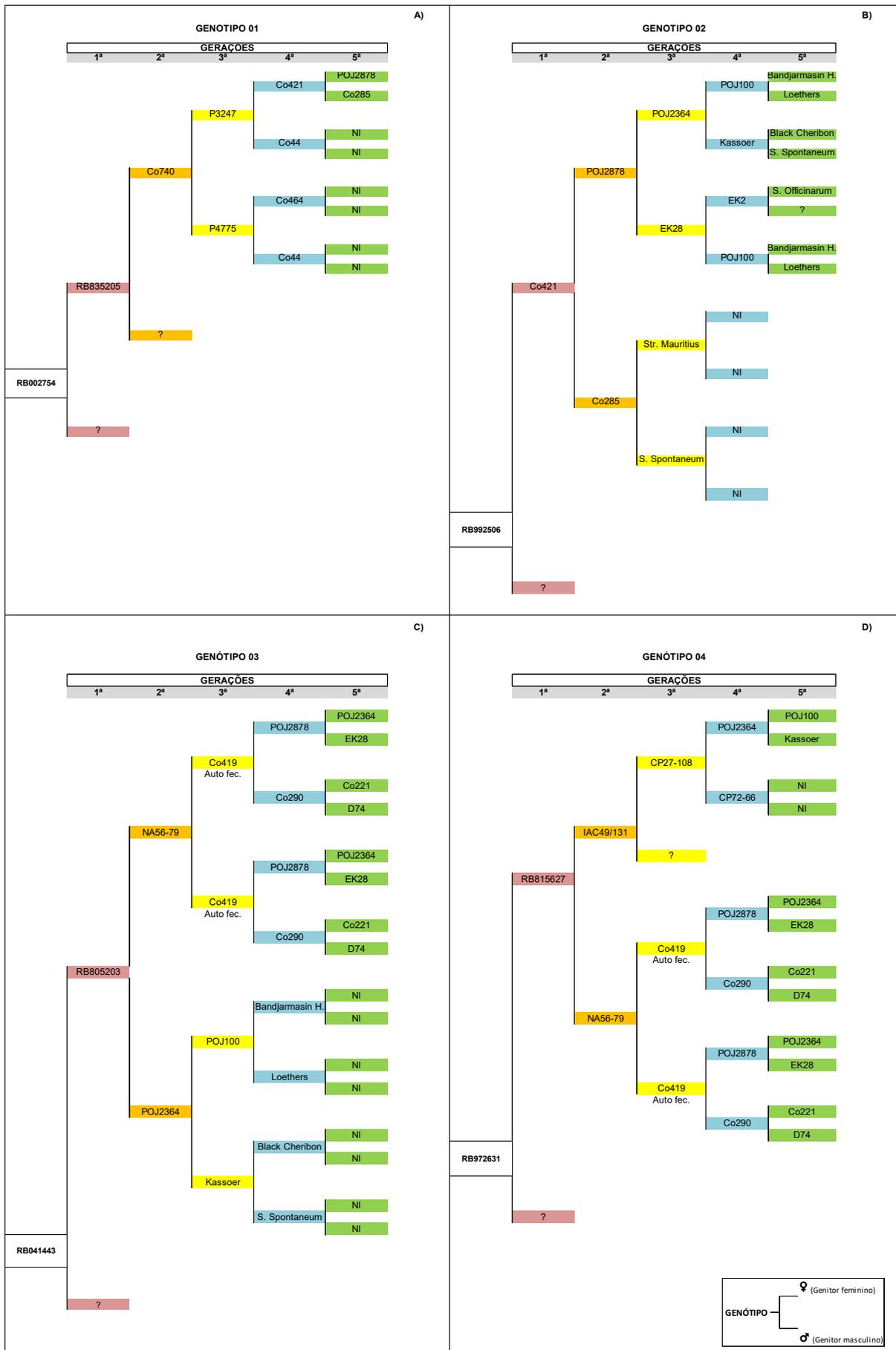
### **3. REULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **3.1. Coeficiente de parentesco genético entre os genótipos**

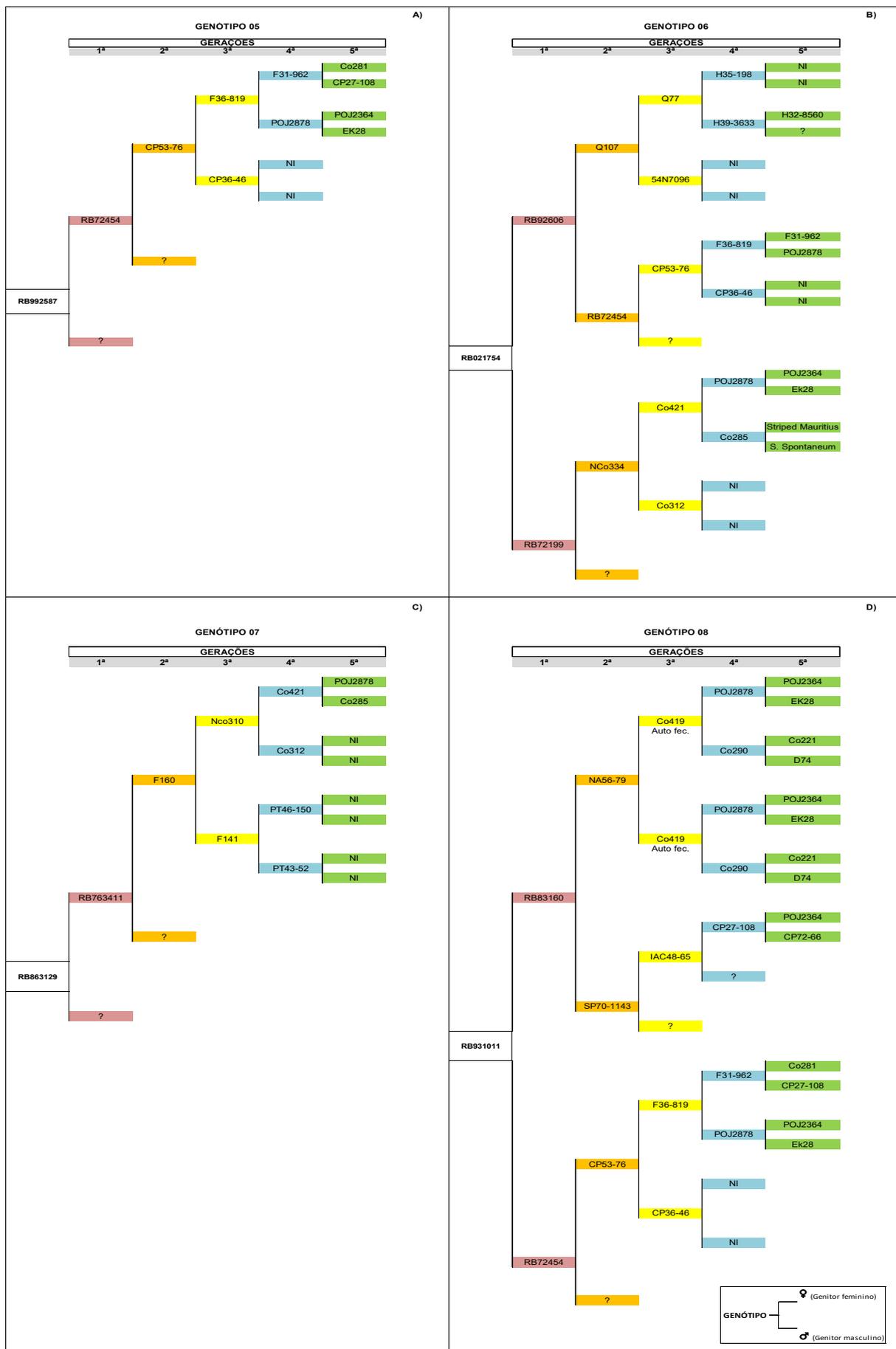
Numa detalhada pesquisa nos acervos e registros da Estação de Florescimento e Cruzamento da Serra do Ouro, Murici – AL e na Estação Experimental de cana-de-açúcar, Carpina – PE, ambas da RIDESA, foram obtidas informações genealógicas específicas para cada genótipo. Diversos indivíduos de diferentes partes do mundo foram utilizados em campanhas de cruzamentos e identificados ao longo das gerações pesquisadas. Estas informações fundamentaram a estruturação das árvores genealógicas de cada indivíduo (Figuras 3, 4 e 5).

Além da utilização dos bancos de germoplasma brasileiros, como a RIDESA, IAC e SP, foram observadas as participações e contribuições de indivíduos oriundos de programas de melhoramento de diversas partes do mundo, como exemplo da Coimbatore na Índia (Co), Java na Indonésia (POJ), no norte da Argentina (NA), no Canal Point nos Estados Unidos (CP), dentre outros.

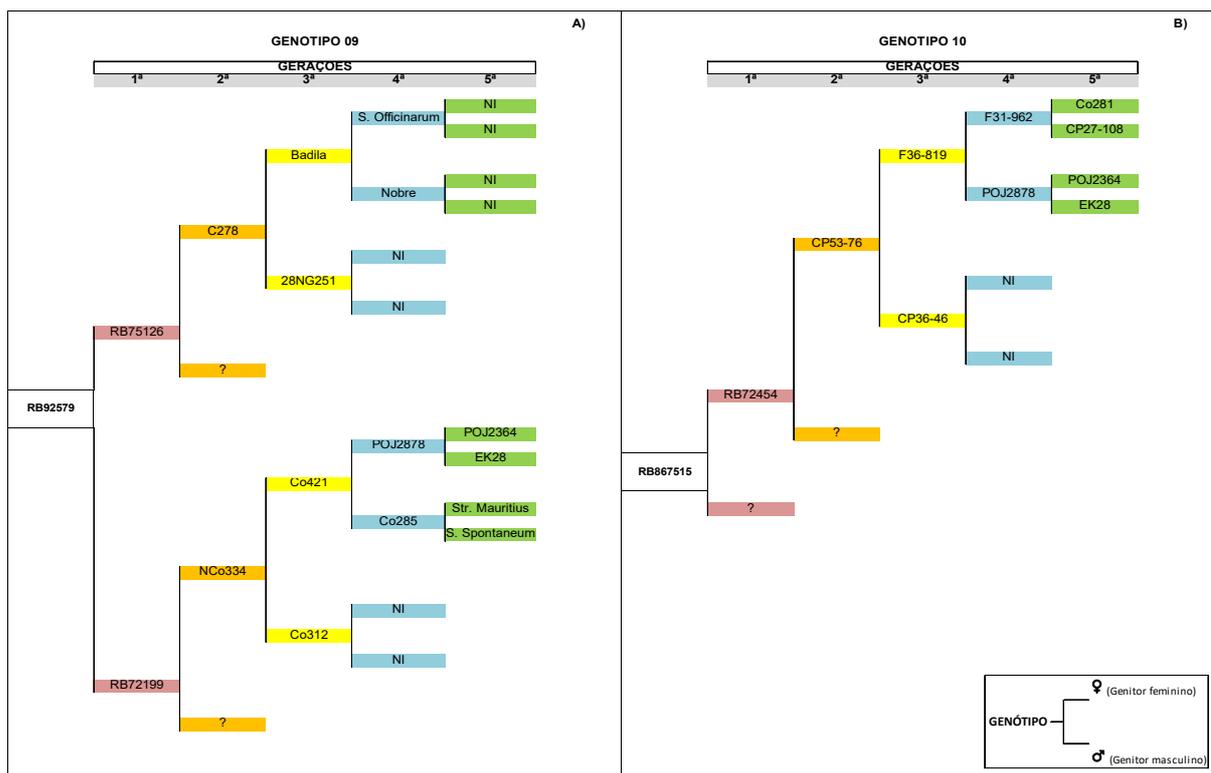
Na década de 20, um surto do mosaico afetou significativamente os canaviais do país, com danos diretos à produção de açúcar. Isso promoveu uma intensa reestruturação, sendo substituído o cultivo comercial das variedades nobres e tradicionais, pelos primeiros híbridos importados, oriundos de vários programas de melhoramento de cana-de-açúcar e locais do mundo, como: Estados Unidos da América (Canal Point, Havaí e Porto Rico), Indonésia, Índia, Argentina, Guiana Francesa, Guiana Inglesa, Barbados, Jamaica, Colômbia, México, Panamá, Austrália e África do Sul, (Figueiredo et al. 2011). Estes acontecimentos foram muito importantes para a manutenção do cultivo comercial e a formação do banco de germoplasma, que contribuíram para as primeiras hibridações no país.



**Figura 3:** Árvores genealógicas dos genótipos RB002704 (A), RB992506 (B), RB041443 (C) e RB972631 (D) até a 5ª geração. NI = genitor não identificado; Auto fec. = Autofecundação.



**Figura 4:** Árvores genealógicas dos genótipos RB992587 (A), RB021754 (B), RB863129 (C) e RB931011 (D) até a 5ª geração. NI = genitor não identificado; Auto fec. = Autofecundação.



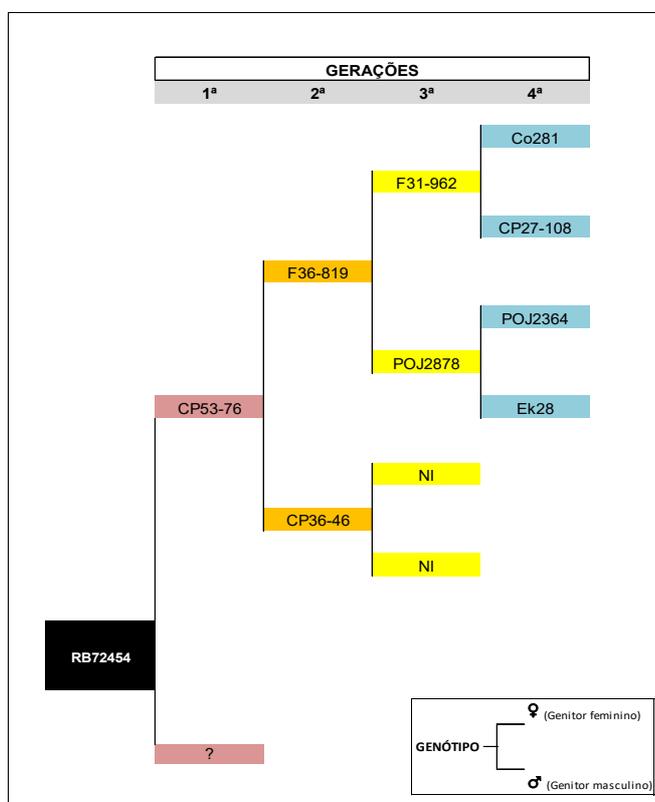
**Figura 5:** Árvores genealógicas dos genótipos RB92579 (A) e RB867515 (B) até a 5ª geração. NI = genitor não identificado; Auto fec. = Autofecundação.

Ao relacionarem-se os genótipos, observou-se valores de estimativas para o coeficiente de parentesco genético (COP) variando entre 0,0 a 0,257 (Tabela 4). Estes resultados indicam a existência de uma ampla variabilidade genética entre os genótipos envolvidos neste estudo, apresentando assim, um grande potencial exploratório. Deve-se considerar que a cana-de-açúcar é uma espécie octaplóide por natureza, o que confere numerosas combinações alélicas possíveis em um único locus durante fertilização (Silveira et al. 2015).

Como resultado, existe uma grande variabilidade do fenótipo entre os descendentes dos cruzamentos entre pais contrastantes. De muitas maneiras isso ficou evidente nos resultados obtidos com este estudo, no qual apenas as possíveis relações entre os genótipos RB931011, RB992587 e RB867515 apresentaram valores do COP superiores a 0,2. Pode-se explicar o fenômeno em função da participação simultânea do genótipo RB72454 nas genealogias como genitor nos cruzamentos que originaram tais indivíduos.

Em 1987, o Programa Nacional de Melhoramento da Cana-de-açúcar (PLANALSUCAR) lançou a variedade RB72454 em âmbito nacional e, anos depois, este material já se apresentava como a variedade mais cultivada no país e sendo

considerada como a mais plantada no mundo. A variedade RB72454 teve origem de um cruzamento múltiplo (CP53-76 x ?), conhecendo-se apenas o genitor feminino, (Figura 6).



**Figura 6:** Árvore genealógica do genótipo RB72454 até a 4ª geração. NI = genitor não identificado.

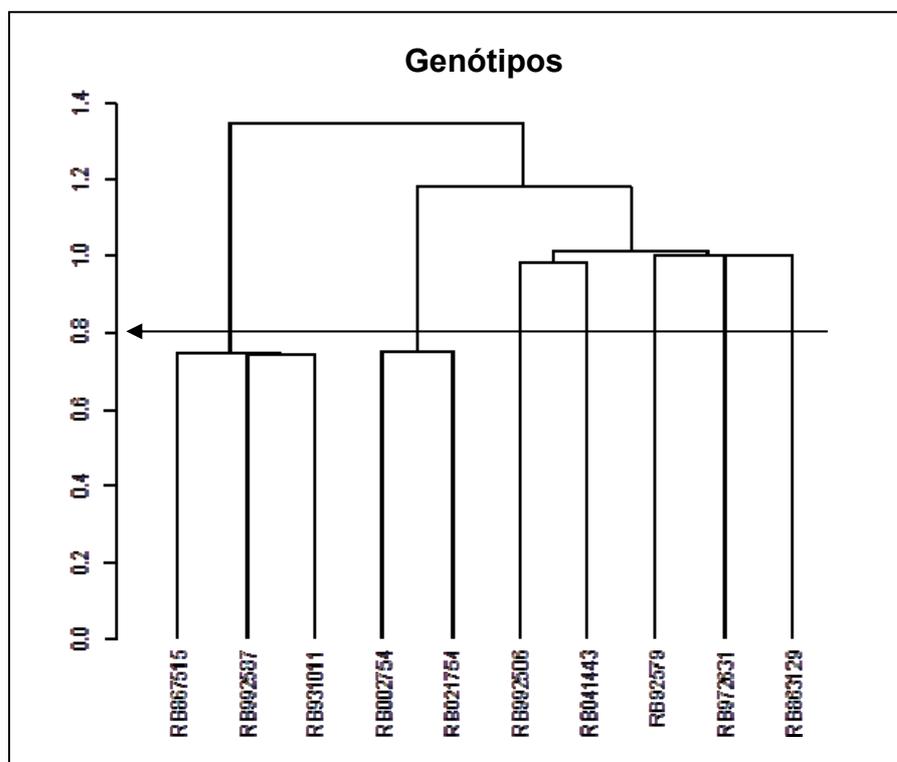
Por sempre apresentar qualidades agrônômicas desejáveis, como ampla adaptabilidade a variação de solos e climas, o genótipo RB72454 foi bastante acessado e direcionado para compor cruzamentos visando a obtenção de novos materiais superiores (RIDESA, 2010).

Também com base na genealogia, Garcia et al. (1999) estimaram o COP entre 137 variedades brasileiras de cana-de-açúcar, obtendo uma média de 0,0586, onde observaram variações de 0,0 a 0,504. A NA56-79 mostrou maior COP médio com as demais variedades (0,155), evidenciando ter sido largamente acessada e utilizada em programas de melhoramento genético.

**Tabela 4:** Matriz de coeficientes de parentesco genético (COP) obtidos numa população de 10 genótipos de cana-de-açúcar, Santa Rita - PB, 2019.

	RB002754	RB992506	RB041443	RB972631	RB992587	RB021754	RB863129	RB931011	RB92579	RB867515
RB002754	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250	0,000	0,000	0,000	0,000
RB992506		1,006	0,019	0,000	0,021	0,000	0,000	0,040	0,000	0,021
RB041443			1,000	0,000	0,005	0,000	0,000	0,068	0,000	0,005
RB972631				1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
RB992587					1,001	0,000	0,000	0,257	0,000	0,251
RB021754						1,000	0,000	0,000	0,000	0,000
RB863129							1,000	0,000	0,000	0,000
RB931011								1,012	0,000	0,257
RB92579									1,000	0,000
RB867515										1,001

As informações referentes às distâncias genéticas com base no pedigree devem ser usadas de forma complementar, com a finalidade de agregar maiores entendimentos acerca dos diferentes comportamentos dos genótipos como também sobre potenciais genitores para hibridações em cana-de-açúcar.



**Figura 7:** Dendrograma baseado no coeficiente de parentesco genético (COP) entre genótipos de cana-de-açúcar, Santa Rita – PB, 2019.

Com base no dendrograma (Figura 7), observam-se genótipos que apresentaram distâncias genéticas inferiores a 0,8 e estes formaram dois grupos de genótipos mais aparentados geneticamente. O primeiro grupo composto pelos genótipos RB931011, RB992587 e RB867515, e o segundo grupo formado pelos genótipos RB002754 e RB021754. No primeiro grupo observa-se o COP variando entre 0,251 e 0,257. Entre os genótipos RB867515 e RB931011 o COP foi de 0,257, entre RB7515 e 992587 o COP foi de 0,251 e entre a RB931011 e 992587 o COP foi de 0,257. Esses valores reforçam a tese de que as semelhanças relacionadas aos genitores envolvidos na origem desses genótipos contribuíram determinantemente para o estreitamento das distâncias genéticas observadas. No segundo grupo observa-se o COP de 0,250 para os genótipos RB002754 e RB021754.

Contudo, vale destacar que os baixos valores de COP, em parte, podem estar relacionados com a adoção dos policruzamentos, não se conhecendo informações sobre a genealogia de alguns genitores (Tabela 1). Por outro lado, há de se considerar que a cana-de-açúcar é de natureza poliplóide, o que possibilita inúmeras combinações alélicas num único loco durante a fecundação. Com isso, tem-se grande variabilidade fenotípica entre os descendentes de cruzamentos entre genitores contrastantes. De todas as combinações possíveis entre pares de genótipos, em apenas 4 o valor de COP foi superior a 0,25 (Tabela 4). Estes dados demonstram alta heterozigose nos genótipos de cana-de-açúcar avaliados. Resultados semelhantes foram encontrados por Silveira et al. (2015), avaliando a diversidade genética e o coeficiente de parentesco genético entre genitores potenciais para obtenção de cultivares de cana-de-energia, onde foram identificados baixos valores de COP entre 50 genótipos, indicando ampla variabilidade genética na população.

## **3.2. Variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais - Ambiente Irrigado**

### **3.2.1. Análise de Componentes Principais (ACP) – Ambiente irrigado**

Para avaliar as interações entre as variáveis agroindustriais, biométricas e bioquímicas de genótipos de cana-de-açúcar irrigadas com 50% da demanda hídrica via pivô central foi realizada a análise de componentes principais (ACP). Os resultados da ACP apresentam os quatro primeiros componentes principais (CP1, CP2, CP3 e CP4) fator 1, 2, 3 e 4, explicando 85,03% da variância dos dados. O percentual da variância explicado pelo CP1 foi de 34,85% enquanto a CP2 foi responsável por 19,53% (Tabela 5).

O CP1 é o componente mais importante por se tratar do componente capaz de explicar a variação total dos dados, apresentando maior autovalor e variância. A partir das cargas fatoriais dos dados é possível observar que as maiores cargas fatoriais foram apresentadas pelo CP1, sendo representado principalmente pelas variáveis Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ), TAH e DC, com valores de 0,910, 0,904 e 0,854 respectivamente. O CP2 foi representado pela variação obtida pela variável IAF, apresentando autovalor de -0,879. As variáveis PC e NP representaram o CP3,

demonstrando autovalores de 0,874 e -0,714 respectivamente. Por fim, o CP4 foi representado pela variável MDA, com autovalor de 0,817.

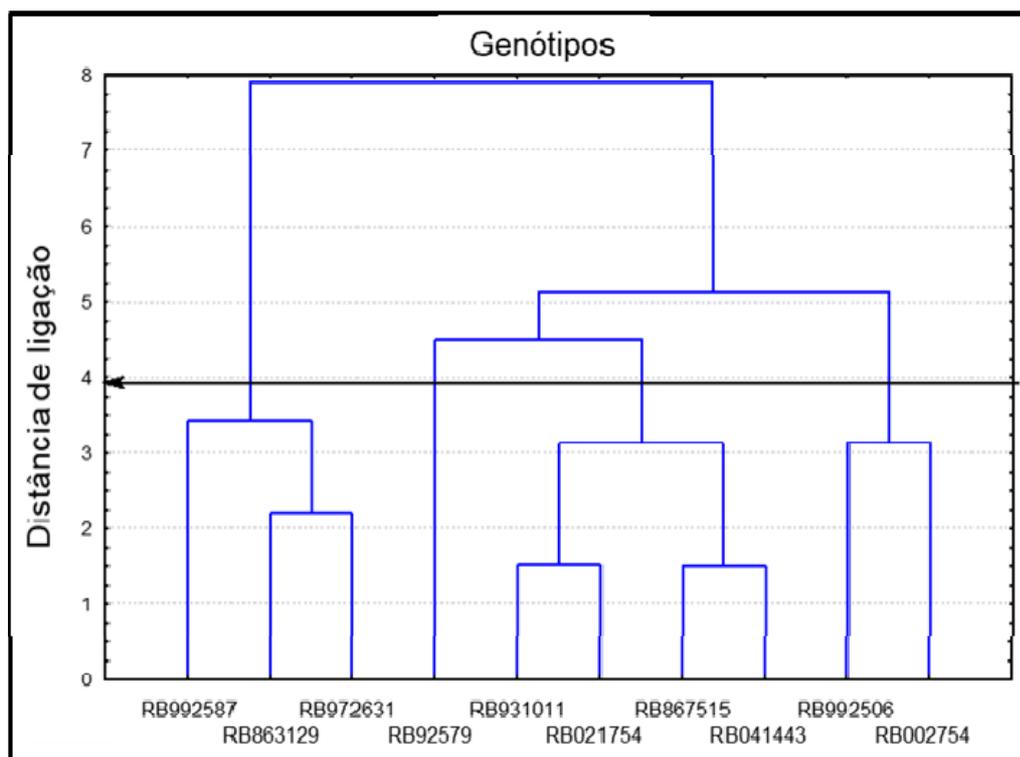
**Tabela 5.** Cargas fatoriais da ACP para as variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica da cultura via pivô central nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

Variáveis	CP1	CP2	CP3	CP4
PC	0,443	0,025	0,874	-0,028
Produtividade (t ha <sup>-1</sup> )	0,910	0,103	-0,095	0,296
TAH	0,904	0,089	0,341	0,198
AP	0,659	-0,578	-0,180	-0,386
DC	0,854	0,196	-0,258	-0,118
NP	0,191	0,457	-0,714	0,230
IAF	-0,059	-0,879	-0,136	0,182
APX	0,509	-0,582	-0,430	0,096
CAT	-0,296	0,364	-0,200	0,521
H <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	-0,572	-0,548	0,097	0,501
MDA	0,340	-0,063	0,211	0,817
Autovalor	3,83	2,15	1,80	1,58
% Variância total	34,85	19,53	16,32	14,32
Autovalor acumulado	3,83	5,98	7,78	9,35
% Acumulada da variância	34,85	54,38	70,71	85,03

### 3.2.2. Análise de Agrupamentos (AA) – Ambiente irrigado

Com base nos resultados referentes à ACP, realizou-se a análise de agrupamento (AA) utilizando as variáveis que mais contribuíram para o agrupamento dos genótipos com maiores valores de correlação, usando como critério a exclusão de variáveis que apresentaram correlações inferiores a 0,7 em módulo (critério de Kaiser), conforme sugerido por Mardia et al. (1979). Essas variáveis excluídas sob o manejo adotado são as que se mostraram menos expressivas para diferenciar os genótipos. Os diferentes grupos obtidos estão de acordo com os resultados observados nas demais variáveis avaliadas.

Avaliando o dendrograma de dissimilaridade foi observado no primeiro nível que os genótipos RB992587, RB863129 e RB972631 diferenciaram-se dos demais, formando o Grupo I. No segundo nível, a variedade RB92579 apresentou características heterogêneas em relação aos genótipos utilizados, constituindo o Grupo II. O Grupo III foi constituído pelos genótipos RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443. Os demais indivíduos formaram o Grupo IV, com os genótipos RB992506 e RB002754 (Figura 8).



**Figura 8.** Dendrograma a partir das variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Toneladas de cana por hectare (TCH) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica da cultura via pivô central nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

A partir do agrupamento, os dados foram avaliados de maneira conjunta para cada grupo. Foram obtidas interações significativas com tempo para as variáveis biométricas e bioquímicas visando atender o critério de informação de Akaike (AIC). (Tabela 6).

**Tabela 6.** Valores de F da análise de medidas repetidas no tempo (T) das variáveis biométricas, Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas, Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) e Malondialdeído (MDA) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica da cultura via pivô central nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

Variável	Fator			AIC	Modelo
	Grupo (G)	Tempo (T)	G*T		
AP	2.031,63***	2.725,84***	2.044,37***	79,5	ANTE
DC	3.054,25***	2.447,94***	1.705,97***	-38	ANTE
NP	1.335,34***	1.618,75***	2.001,52***	-57,2	ARH (1)
IAF	6.988,78***	2.585,60***	2.109,30***	95,1	UN
APX	20,19***	733,01***	8,85***	489,7	CS
CAT	15,49***	76,81***	8,55***	328,6	AR (1)
H <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	80,12***	330,75***	82,29***	62,7	AR (1)
MDA	12,88***	1.228,92***	52,72***	64,5	AR (1)

(ns) Não significativo; \*, \*\* e \*\*\* significativo a 10, 5 e 1%, respectivamente. AIC: Critério de Informação de Akaike; ANTE = Ante-dependence; ARH (1) = Heterogeneous Autoregressive; UN = Unstructured; CS = Compound Symmetry; AR (1) = Autoregressive.

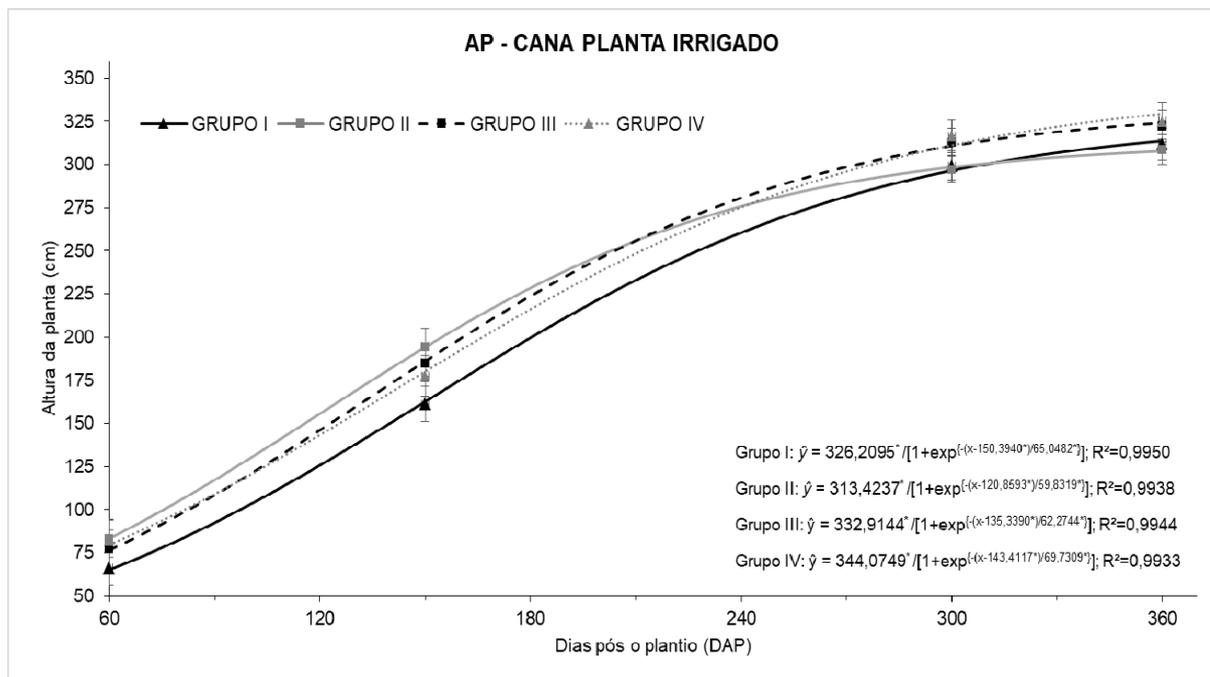
Para todas as variáveis foram identificadas interações significativas quando se relacionou Grupos x Tempo. Essas evidências explicam e confirmam o comportamento de uma determinada variável como fator dependente do tempo.

### 3.2.3. Variáveis biométricas – Ambiente irrigado

Em todos os grupos analisados foram observadas estabilidades quanto à altura da planta (AP) a partir dos 300 dias após o plantio (DAP) sendo constatado um crescimento mais intenso entre os 80 e os 240 DAP (Figura 9).

De forma geral, as curvas de crescimento dos grupos de genótipos comportaram-se de maneira semelhante, tendo o grupo II manifestado um maior alongamento dos colmos até os 200 DAP. No entanto, na etapa final de desenvolvimento, após 300 DAP, foram observados maiores valores para AP para os genótipos do Grupo IV, com médias de 329,33 cm de comprimento. Merecem destaque os clones RB021754 e RB041443, membros do grupo III, que ao final do ciclo, apresentaram alturas das plantas (AP) superiores em relação aos genótipos

dos grupos I e II, em 3,32% e 5,31%, respectivamente. Esta variável apresentou uma forte correlação positiva ( $r= 0,74$ ) com a produtividade agrícola (TCH).

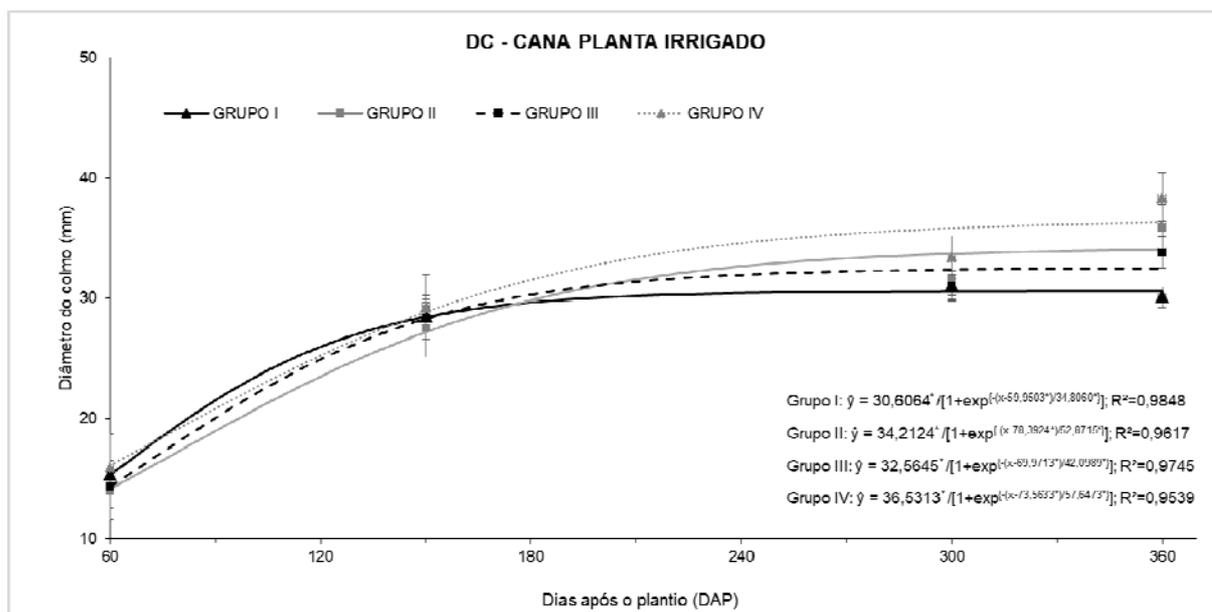


**Figura 9.** Altura da planta (AP) em cm de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

Biologicamente, o diâmetro do colmo (DC) estabilizou o desenvolvimento após os 240 DAP (Figura 10). Foram observados comportamentos distintos quanto aos grupos considerados.

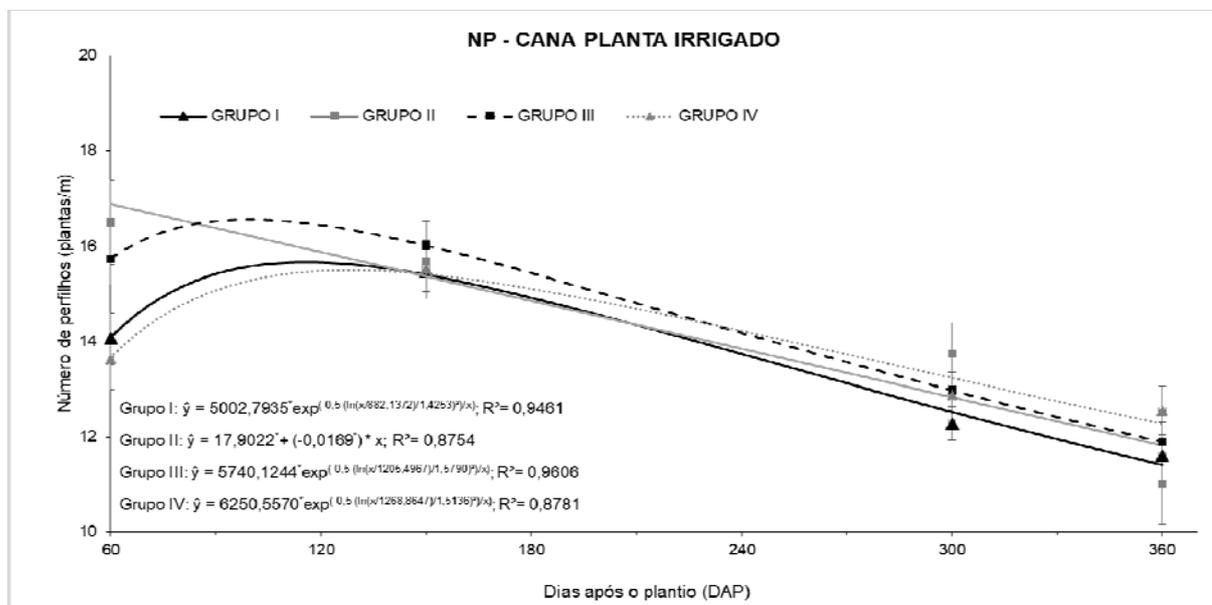
O grupo I apresentou diâmetros mais desenvolvidos nos primeiros 120 dias do ciclo de desenvolvimento.

A partir dos 150 DAP o comportamento do grupo IV mostrou-se superior aos demais grupos para variável em questão. Tendo o DC apresentado uma correlação positiva com o TCH ( $r= 0,60$ ), o grupo IV também apresentou um acréscimo de 12,56% e 3,96% em relação a produtividade agrícola, ao final do ciclo, quando comparado ao grupo de menor desempenho e a média geral dos grupos, respectivamente. De acordo com Inman-Bamber e Smith (2005), a umidade do solo, aliada a com temperaturas ideais, favorece a brotação e o desenvolvimento radicular, acelerando o perfilhamento e o desenvolvimento da cana-de-açúcar, em especial durante as fases de perfilhamento e crescimento dos colmos.



**Figura 10.** Diâmetro do colmo (DC) em mm de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

Na figura 11, observa-se a densidade populacional por metro linear de sulco, expressa pelo número de plantas por metro (NP). Foi notado que, ao longo do ciclo, apenas o Grupo II não apresentou um pico de perfilhamento dos 100 aos 120 DAP.



**Figura 11.** Número de plantas (NP) por metro linear de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

É característico do genótipo RB92579 apresentar um perfilhamento precoce e intenso aos 60 DAP, onde a seleção natural entre os indivíduos já atuante começa a se estabilizar após 210 DAP. Os demais grupos adequaram-se à função de regressão *Peak log normal*, tendo um crescente aumento do NP até os 120 DAP. Condições ideais de umidade do solo no início do ciclo produtivo e a interação com o genótipo promovem o estímulo ao desenvolvimento e crescimento da cana-de-açúcar. A população máxima de perfilhos é alcançada entre 90 e 120 dias após o plantio (Santos et al. 2013), sendo ainda exposta à competição natural.

A elevada densidade de colmos pode levar a uma acentuada competitividade entre as plantas o que irá resultar em maior redução do NP na fase de estabilização (Vasanthan et al. 2012).

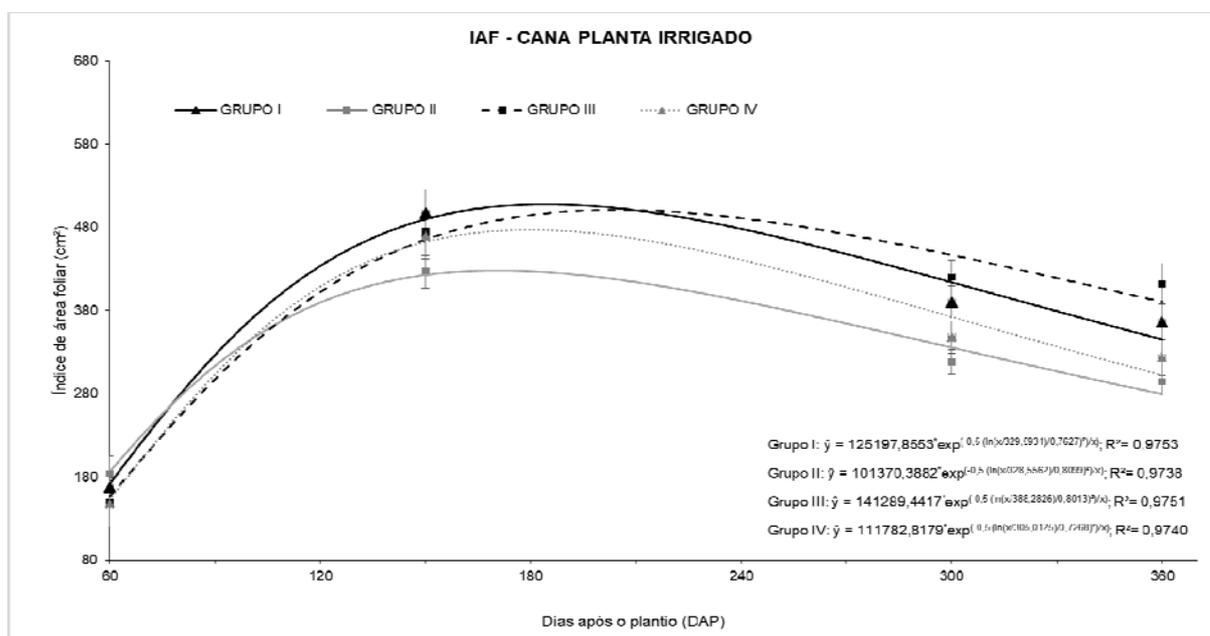
O genótipo RB 92579, do grupo II, apresentou um NP elevado no início do ciclo com posterior redução de mais de 33,29% das plantas, resultado que pode ter ocorrido devido a uma alta competição por energia luminosa e nutrientes, haja vista que estes fatores estimulam o crescimento vegetativo (Inman-Bamber e Smith 2005).

Mereceu atenção o grupo IV que, ao final do ciclo, apresentou o maior NP (12,28), não diferindo significativamente do grupo III (11,89). No grupo III, tiveram destaque os clones RB021754 e RB041443, apresentando comportamentos interessantes quanto a intensidade populacional primeiro ciclo de cultivo.

A busca pela sustentabilidade econômica da produção sucroenergética passa pelo aumento da longevidade dos canaviais. Esse feito baseia-se na forma como é manejado os canaviais e, sobretudo em função da manutenção da população de plantas por hectare.

Na Figura 12, estão expostos os comportamentos dos grupos de genótipos quanto ao índice de área foliar (IAF). O IAF máximo em ambiente irrigado foi observado aos 180 DAP para os grupos I, II e IV, atingindo valores de 507,9 cm<sup>2</sup>; 427,2 cm<sup>2</sup> e 477,2 cm<sup>2</sup> respectivamente. O Grupo III apresentou o IAF máximo de 501,6 aos 202 DAP. O Grupo III também manteve esse comportamento até o final do ciclo, chegando com 360 DAP com 390,7 cm<sup>2</sup> de IAF, seguido do grupo I, IV e II, com 345,4 cm<sup>2</sup>; 302,5cm<sup>2</sup> e 290,8 cm<sup>2</sup> respectivamente. Segundo Irvine (1975) existe uma grande associação entre a produtividade da cultura e a superfície total

fotossinteticamente ativa, representada pelo índice de área foliar (IAF), intimamente associado à quantidade de luz absorvida e à fotossíntese total.



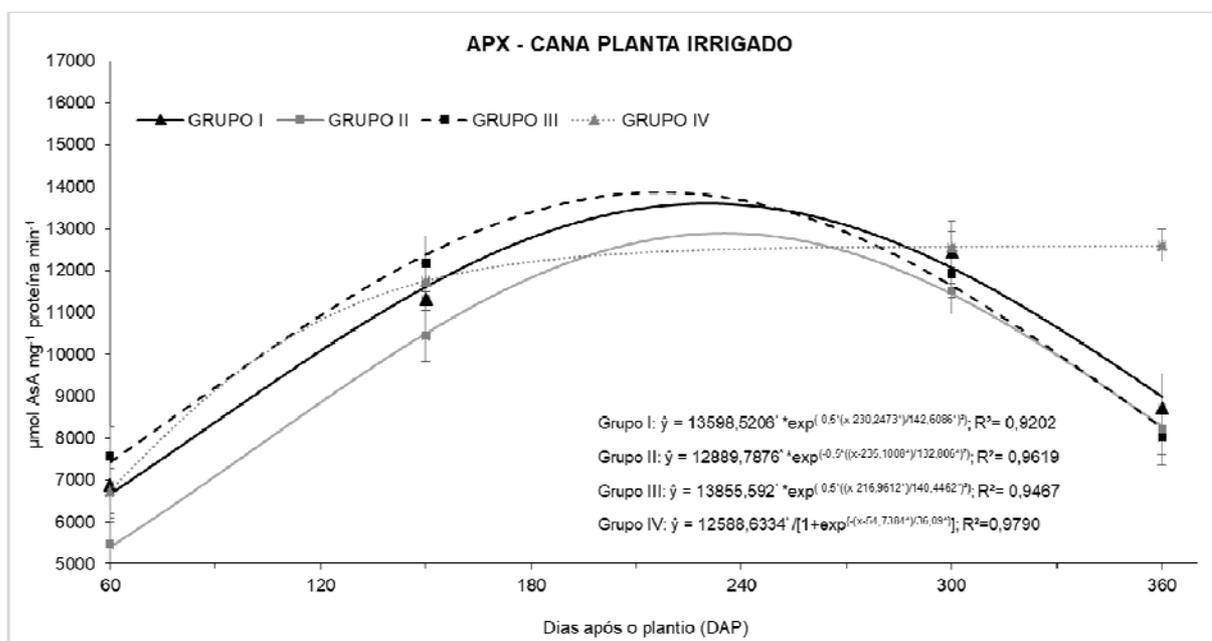
**Figura 12.** Índice de área foliar (IAF) em  $\text{cm}^2$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

Farias et al. (2007) citam que, o índice de área foliar da cana-de-açúcar possui estreita relação com a produtividade da cultura, e que a modificação do ambiente de cultivo pode afetar o desenvolvimento foliar das plantas. Logo, as avaliações dos índices de área foliar são bastante importantes na avaliação da resposta da cultura a mudanças do manejo.

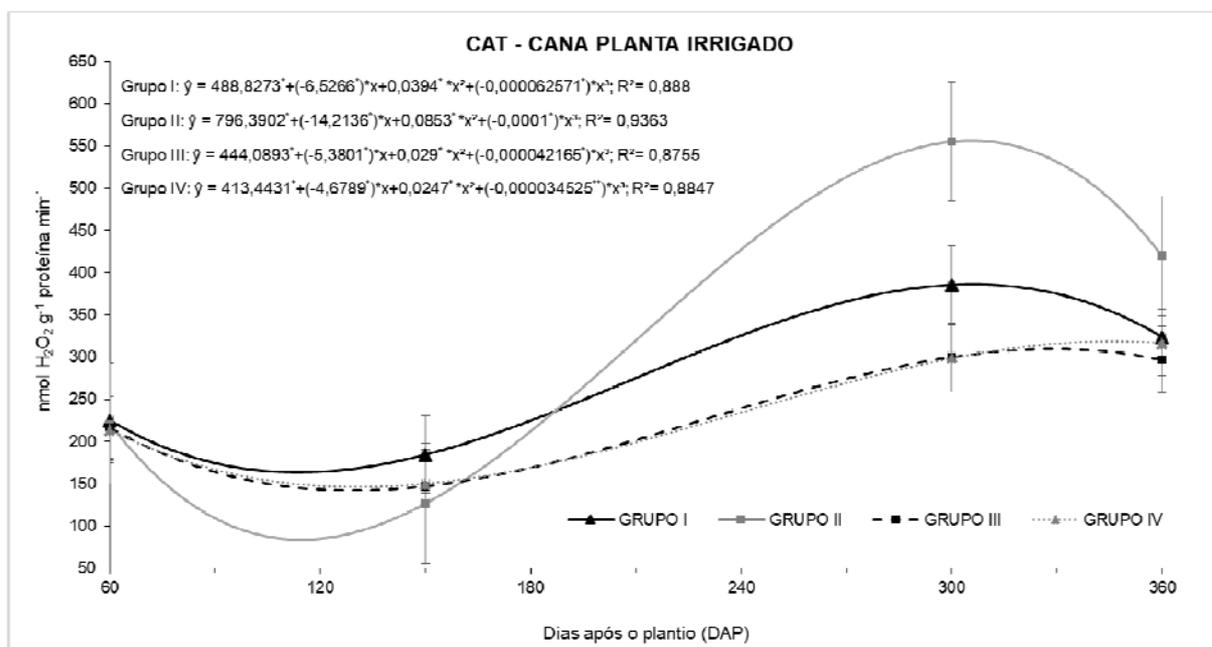
### 3.2.4. Variáveis bioquímicas – Ambiente irrigado

As atividades das enzimas antioxidantes nas folhas das plantas em ambiente irrigado são apresentadas nas figuras 13 e 14. Verificou-se que todos os grupos de genótipos intensificaram seus mecanismos de defesa através de enzimas antioxidantes. Observou-se que para neutralizar os efeitos citotóxicos da espécie reativa de oxigênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ), todos os grupos revelaram maior proatividade para ativar a APX com picos máximos a partir dos 180 DAP aos 240 DAP. A CAT

principalmente na etapa final de desenvolvimento, aos 300 DAP, apresentou maiores atividades nos grupos considerados. Ao passo que a CAT aumenta sua atividade, a APX decresce, sendo este comportamento confirmado através de uma significativa correlação negativa ( $r = -0,69$ ) entre as mesmas.



**Figura 13.** Ascorbato peroxidase (APX) em  $\mu\text{mol AsA g}^{-1} \text{ proteína min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

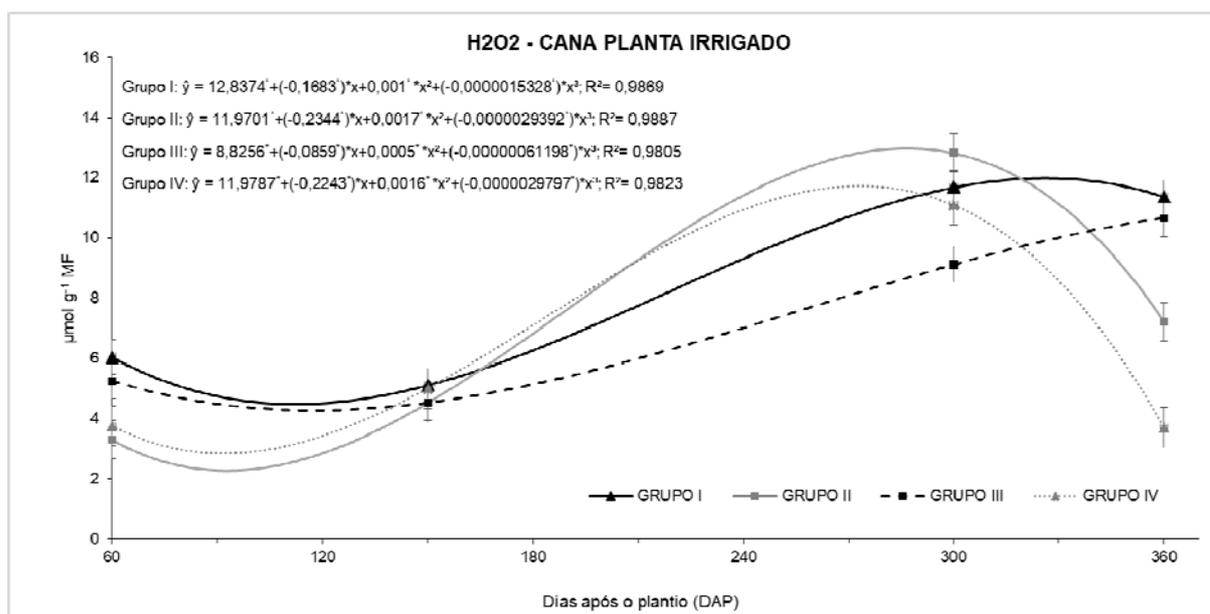


**Figura 14.** Catalase (CAT) em  $\text{nmol H}_2\text{O}_2 \text{ g}^{-1} \text{ proteína min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

Essas respostas têm sido verificadas por outros autores, onde reportam que a resposta conjunta de duas ou mais enzimas a um determinado estresse abiótico confere melhor proteção antioxidativa em plantas tolerantes (Akçay et al. 2010; Pereira et al. 2012).

De uma forma geral, a atividade da CAT (Figura 14) estiveram em sincronia com os teores de  $\text{H}_2\text{O}_2$  (Figura 15). Este comportamento é justificado em função das variáveis apresentarem uma significativa correlação positiva ( $r = 0,64$ ), tendo a CAT intensificado sua atividade em função do aumento do déficit hídrico sinalizado pelo aumento do acúmulo de  $\text{H}_2\text{O}_2$ , principalmente aos 300 DAP.

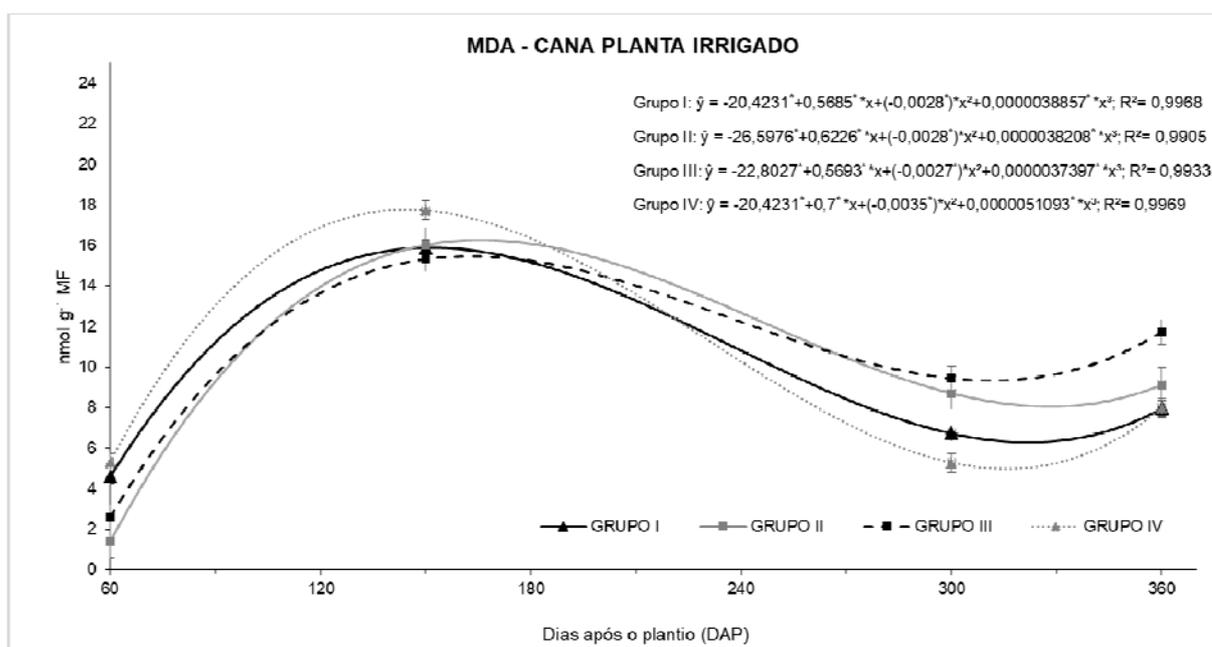
O acúmulo de  $\text{H}_2\text{O}_2$  (Figura 15) pode ter contribuído ativamente para a peroxidação dos lipídeos de membrana como indicado pelo aumento nos níveis de MDA observados (Figura 16).



**Figura 15.** Peróxido de hidrogênio ( $\text{H}_2\text{O}_2$ ) em  $\mu\text{mol g}^{-1} \text{ MF}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

O manejo da irrigação visando o atendimento de 50% da demanda hídrica da cultura durante o período de máximo acúmulo de biomassa, entre 150 e 300 DAP, não foi suficiente para atenuar os efeitos causados pelo aumento na produção da ROS (Figura 15), refletindo numa maior atividade enzimática (APX e CAT) no período. O aumento da atividade conjunta da CAT e APX, eliminadoras de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, contribuiu para a manutenção do equilíbrio redox, concordando com resultados encontrados por outros autores (Cuypers et al. 2016, Zandalinas et al. 2017, Wang et al. 2009).

A análise dos teores de MDA (Figura 16) é amplamente utilizada como indicador da ocorrência de estresse oxidativo, uma vez que esse composto é resultado de danos severos a membranas celulares (peroxidação lipídica) decorrentes da ação entre as ROS e ácidos graxos poliinsaturados (Gratão et al. 2005).



**Figura 16.** Malondialdeído (MDA) em nmol g<sup>-1</sup> MF de grupos de genótipos de cana-de-açúcar irrigados com 50% da demanda hídrica via pivô central. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

Ao observarmos o comportamento dos grupos, de forma sistemática, todos apresentaram maiores valores de MDA entre 120 e 180 DAP, tendo o grupo IV apresentado maiores valores nesta etapa. Este período se configura como

indispensável para determinação do acúmulo e produção de biomassa (Leite et al. 2016).

Na etapa final de desenvolvimento, entre 210 e 300 DAP, observa-se que os valores de MDA foram menores. Dentre os grupos de genótipos em estudo, o grupo III apresentou baixa atividade enzimática nos últimos 90 dias de desenvolvimento, apresentando os maiores valores de MDA.

Este comportamento é evidenciado também através da forte correlação negativa do MDA em relação a CAT ( $r = -0,72$ ). Ainda observando o comportamento do Grupo III, vale ressaltar que os genótipos RB867515 e RB931011 apresentaram também um grau significativo de parentesco genético (COP) = 0,257, podendo também contribuir para o entendimento quanto ao comportamento bioquímico semelhante para a condição de cultivo.

Observou-se uma correlação forte e positiva ( $r = 0,80$ ) entre a CAT e o teor de açúcar no caldo, representada pela variável pol % do caldo (PC). A explicação para tal fenômeno seria que açúcares também atuam como sinalizadores e indutores de tolerância em plantas, sobretudo ao estresse decorrente do déficit hídrico (Barnaby et al. 2013). Tanto a sacarose quanto a glicose são conhecidas como as principais moléculas que regulam e controlam a expressão gênica relacionada ao metabolismo, estresse, crescimento e desenvolvimento vegetal. Estudos apontam uma ação conjunta de açúcares e enzimas do complexo antioxidante na redução e combate aos efeitos danosos das ROS (Bolouri-Moghaddam et al. 2010).

### **3.2.5. Variáveis agroindustriais – Ambiente irrigado**

Pelo teste F aplicado, a análise da variância indicou diferenças altamente significativas ( $P < 0,01$ ) entre os grupos de genótipos para as variáveis Produtividade agrícola ( $t \text{ ha}^{-1}$ ) e TAH e ( $P < 0,05$ ) para PC, evidenciando um alto grau de variabilidade genética para essas variáveis entre os grupos avaliados neste ambiente (Tabela 7).

**Tabela 7.** Resumo da análise da variância para as variáveis pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente irrigado, Santa Rita – PB, 2019.

FV	GL	Quadrados médios		
		PC (%)	Produtividade (t ha <sup>-1</sup> )	TAH (t ha <sup>-1</sup> )
Blocos	2	0,20	14,05	0,47
Grupos	3	2,03*	243,14**	9,14**
Resíduo	24	0,49	15,53	0,75
Média		15,25	98,36	14,50
CV%		4,59	4,01	5,99

(ns) Não significativo. \* e \*\* significativo respectivamente ao nível de 5 e 1% de probabilidade, pelo teste F.

Os coeficientes de variação oscilaram entre 4,01 e 5,99, indicando uma precisão experimental satisfatória.

Estão apresentados os valores médios para as variáveis pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e toneladas de açúcar por hectare (TAH) para os grupos de genótipos em estudo (Tabela 8).

Nota-se que para a variável PC, ocorreu a formação de dois grupos. O grupo II apresentou 16,51 de PC, sendo 8,26% superior que a média geral, destacando-se com o melhor desempenho.

**Tabela 8.** Valores médios para as variáveis pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente irrigado, Santa Rita – PB, 2019.

Grupos	PC (%)	Produtividade (t ha <sup>-1</sup> )	TAH (t ha <sup>-1</sup> )
I	14,97 b	90,85 b	13,14 c
II	16,51 a	101,37 a	16,09 a
III	15,30 b	101,30 a	14,98 b
IV	14,93 b	102,26 a	14,79 b
Média	15,25	98,36	14,50

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de agrupamento de Scott e Knott ao nível de 5% de probabilidade. Grupo I = RB992587, RB863129 e RB972631; Grupo II = RB92579; Grupo III = RB931011, RB021754, RB867515 e RB041443; Grupo IV = RB992506 e RB002754.

Para a variável Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) a média geral foi de 98,36, variando entre 90,85 a 102,26. Estatisticamente foram formados dois agrupamentos, sendo o Grupo I responsável pelos menores valores de produtividades agrícola com 90,85 toneladas de cana por hectare. No entanto, estes rendimentos veem a justificar os investimentos com o manejo da irrigação proposto, uma vez que, segundo a CONAB (2019), o estado da Paraíba apresentou rendimento agrícola médio de 45,77 ( $t\ ha^{-1}$ ) na safra 2018/2019.

Merecem destaque os clones RB021754 e RB041443, componentes do grupo III, que se enquadraram no agrupamento de maiores produtividades agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ), apresentando um incremento de 2,98% em relação à média dos grupos de genótipos avaliados.

Em relação a variável TAH, observou-se a formação de três agrupamentos distintos. A média geral foi de 14,50, variando entre 13,14 a 16,09. Destacou-se o Grupo II, sendo 22,45% superior que o grupo de menores rendimentos agroindustriais. O Grupo III apresentou o segundo melhor rendimento em TAH, onde podemos associar e relacionar os comportamentos semelhantes dos genótipos RB867515 e RB931011 em função do grau significativo de parentesco genético ( $r_{xy}$ ) = 0,257 para a condição de cultivo em questão. Os clones RB021754 e RB041443 apresentaram rendimentos agroindústrias interessantes (Produtividade agrícola e TAH), mostrando-se superiores ao genótipo padrão RB863129 (Grupo I). Estes comportamentos sugerem possibilidades de sucesso com a utilização comercial desses materiais no ambiente considerado.

### **3.3. Variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais - Ambiente Sequeiro**

#### **3.3.1. Análise de Componentes Principais (ACP) – Ambiente Sequeiro**

Com propósito de avaliar as interações entre as variáveis agroindustriais, biométricas e bioquímicas de genótipos de cana-de-açúcar cultivadas em regime de sequeiro, foi realizada a análise de componentes principais (ACP). Os resultados da ACP apresentam os quatro primeiros componentes principais (CP1, CP2, CP3 e CP4) fator 1, 2, 3 e 4, explicando 85,49% da variância dos dados. O percentual da

variância explicada pela CP1 se mostrou igual a 39,86% enquanto a CP2 foi responsável por 22,48% (Tabela 9).

**Tabela 9.** Cargas fatoriais (F) da ACP para as variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar cultivados em regime sequeiro nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

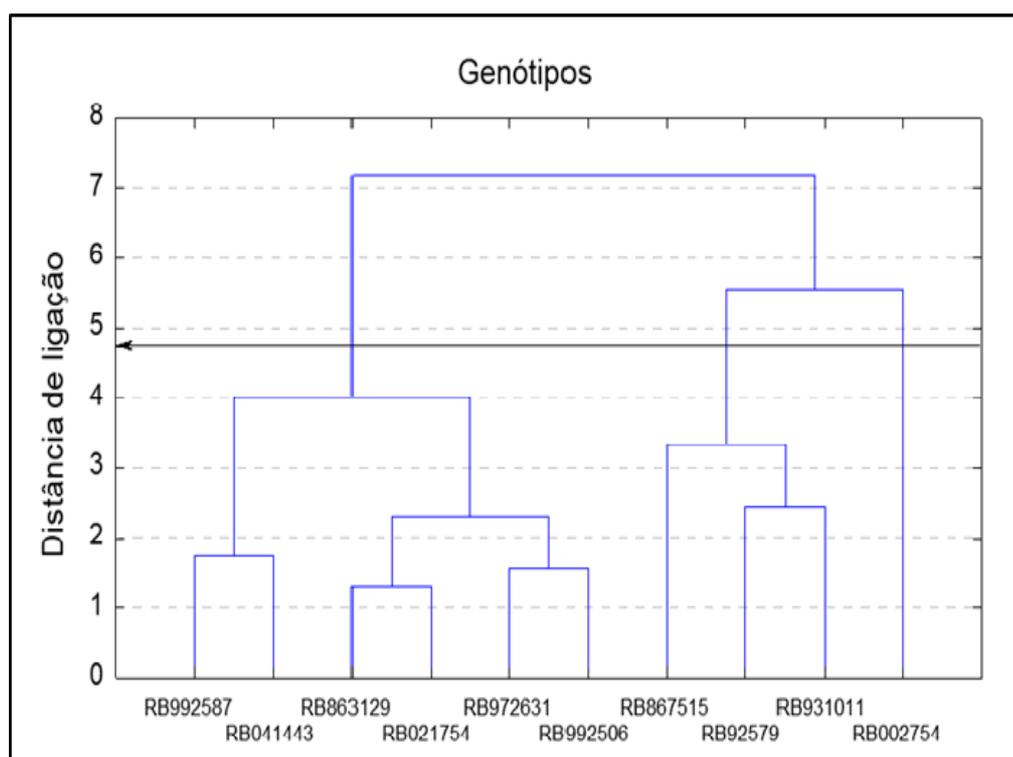
Variáveis	CP1	CP2	CP3	CP4
PC	-0,758	-0,417	0,134	0,182
Produtividade ( $t\ ha^{-1}$ )	-0,391	-0,188	-0,550	-0,673
TAH	-0,794	-0,402	-0,148	-0,163
AP	-0,544	-0,586	0,045	0,213
DC	-0,738	0,508	0,276	-0,143
NP	0,214	-0,716	0,638	0,021
IAF	0,406	0,003	-0,476	0,679
APX	-0,669	0,368	-0,328	0,253
CAT	-0,510	-0,732	-0,272	0,158
H2O2	-0,766	0,444	0,249	0,013
MDA	-0,826	0,347	0,138	0,319
Autovalor	4,38	2,47	1,32	1,23
% Variância total	39,86	22,48	11,97	11,19
Autovalor acumulado	4,38	6,86	8,17	9,40
% Acumulada da variância	39,86	62,34	74,30	85,49

O CP1 é o componente mais importante por se tratar do componente com a maior capacidade de explicar a variação total dos dados, apresentando maior autovalor e variância. A partir das cargas fatoriais dos dados é possível observar que as maiores cargas fatoriais foram apresentadas pelo CP1, sendo representado principalmente pelo MDA, TAH,  $H_2O_2$ , PC e DC, com autovalores de -0,825, -0,794, -0,766 e -0,737 respectivamente. O componente principal 2 (CP2) foi representado pela variação obtida pela variável CAT e NP, apresentando autovalores de -0,731 e -0,716. A variável Produtividade agrícola representou o CP3, demonstrando autovalores de -0,750 e por fim, o CP4 foi representado pela variável IAF, com autovalor de 0,779.

### 3.3.2. Análise de Agrupamentos (AA) – Ambiente Sequeiro

Com base nos resultados referentes à ACP, realizou-se a análise de agrupamento (AA) utilizando as variáveis que mais contribuíram para o agrupamento dos genótipos com maiores valores de correlação, usando como critério a exclusão de variáveis que apresentaram correlações inferiores a 0,7 em módulo (critério de Kaiser), conforme sugerido por Mardia et al. (1979). Essas variáveis excluídas sob o manejo adotado, apresentaram menor capacidade para diferenciar os genótipos. Os diferentes grupos obtidos estão de acordo com os resultados observados nas demais variáveis.

Avaliando o dendrograma de dissimilaridade foi observado no primeiro nível que os genótipos RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506 se diferenciaram dos demais, formando o Grupo I (Figura 17).



**Figura 17.** Dendrograma a partir das variáveis agroindustriais Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) e Malondialdeído (MDA) de genótipos de cana-de-açúcar cultivados em regime sequeiro nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

No segundo nível, os genótipos RB867515, RB92579 e RB931011 apresentaram características heterogêneas aos demais genótipos em estudo,

constituindo o Grupo II. O Grupo III foi constituído pelo genótipo RB002754. A partir do agrupamento, os dados foram avaliados de maneira conjunta para cada grupo. Foram obtidas interações significativas com tempo para as variáveis biométricas e bioquímicas visando atender o critério de informação de Akaike (AIC). (Tabela 10).

**Tabela 10.** Valores de F da análise de medidas repetidas no tempo (T) das variáveis biométricas Altura da planta (AP), Diâmetro do colmo (DC), Número de plantas por metro linear (NP) e Índice de área foliar (IAF) e variáveis bioquímicas Ascorbato peroxidase (APX), Catalase (CAT), Peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) e Malondialdeído (MDA) de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro nos tabuleiros costeiros da Paraíba.

Variável	Fator			AIC	Modelo
	Grupo (G)	Tempo (T)	G*T		
<b>AP</b>	4.412,94***	107,75***	1.509,03***	45,3	UN
<b>DC</b>	11.204,7***	263,16***	394,46***	-47,7	UN
<b>NP</b>	563,96***	4.526,88***	215,30***	-32,3	AR(1)
<b>IAF</b>	12.037,4***	2.610,84***	6.537,23***	79,8	ANTE(1)
<b>APX</b>	34,25***	64,71***	10,24***	367,3	AR(1)
<b>CAT</b>	78,79***	316,01***	164,27***	206,6	CSH
<b>H<sub>2</sub>O<sub>2</sub></b>	426,29***	965,78***	172,64***	31,2	UN
<b>MDA</b>	136,02***	195,11***	32,95***	73,8	AR(1)

(ns) Não significativo; \*, \*\* e \*\*\* significativo a 10, 5 e 1%, respectivamente. AIC: Critério de Informação de Akaike; ANTE = Ante-dependence; ARH (1) = Heterogeneous Autoregressive; UN = Unstructured; CS = Compound Symmetry; AR (1) = Autoregressive.

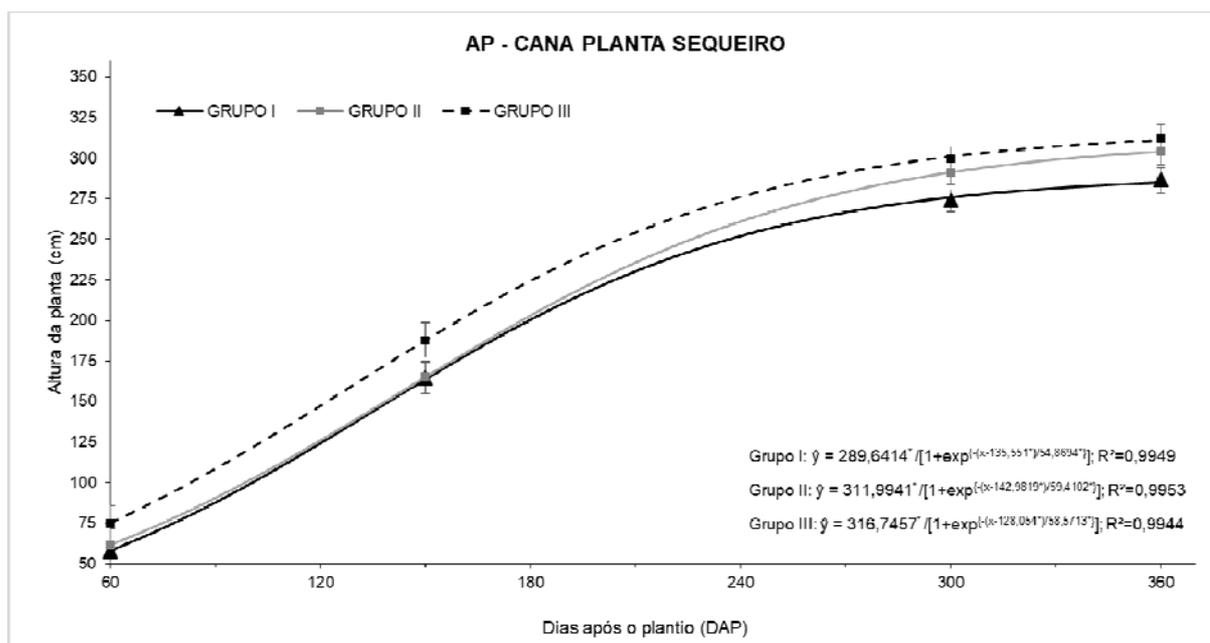
Para todas as variáveis foram identificadas interações significativas quando se relacionou Grupos x Tempo. Essas evidências explicam e confirmam o comportamento de uma determinada variável como fator dependente do tempo.

### 3.3.3 Variáveis biométricas – Ambiente Sequeiro

Considerando os valores da variável altura da planta (AP), os grupos analisados apresentaram ajustes ao modelo de crescimento sigmoidal ao longo do ciclo. Foi observado um crescimento mais intenso até 240 DAP (Figura 18). Estudos apontam que este período corresponde aos maiores acúmulos de biomassa seca na

parte aérea, sendo obtidos resultados semelhantes tanto em regime de sequeiro quanto sob irrigação plena (Santana 2017, Leite et al. 2016, Oliveira 2011).

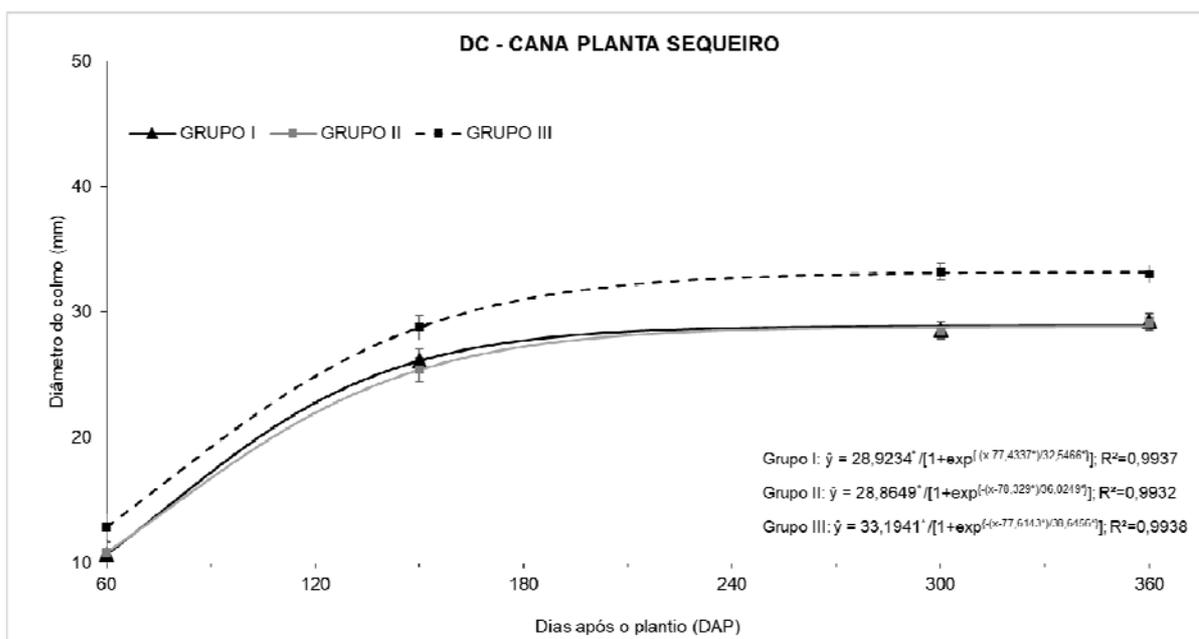
O grupo III manifestou maior intensidade de crescimento durante todo o ciclo analisado, não diferindo estatisticamente do grupo II considerando o intervalo de confiança.



**Figura 18.** A) Altura da planta (AP) em cm de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

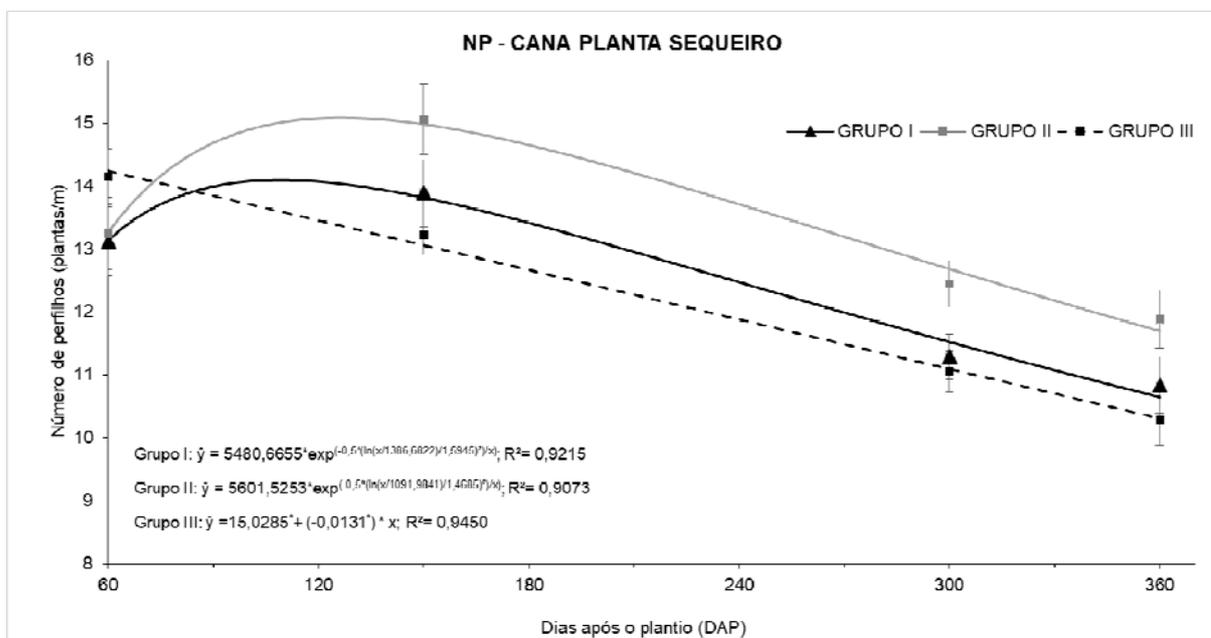
Por apresentar uma forte correlação positiva ( $r = 0,88$ ) com a variável diâmetro do colmo (DC), a AP revela ser indispensável num processo de seleção. Dependendo da intensidade e da duração, o déficit hídrico pode ocasionar a redução do crescimento do colmo, uma vez que a limitação de água é um dos principais fatores que ocasionam estresse, restringindo a expansão celular (Anjum et al. 2017).

Para a variável DC, também mereceu destaque o Grupo II, apresentando valores superiores aos demais grupos. Barbosa et al. 2002, afirmam que a variável biométrica diâmetro do colmo influencia diretamente o peso médio dos colmos, sendo assim, uma variável indispensável quando se avalia genótipos (Figura 19).



**Figura 19.** Diâmetro do colmo (DC) em mm de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Para os grupos I e II, a variável NP se ajustou ao modelo *Peak Log Normal*, apresentando um intenso perfilamento aos 120 DAP (Figura 20).



**Figura 20.** Número de plantas (NP) por metro linear de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Após esse período foram observados os efeitos da seleção natural. Outros autores observaram que, o número de plantas por metro linear aumenta até o ponto máximo, aos 120 DAP (Vasanth et al. 2012), e nesse período é observada uma intensidade menor desse comportamento ao se comparar com o cultivo em regime irrigado (Oliveira 2008, Santos et al. 2009).

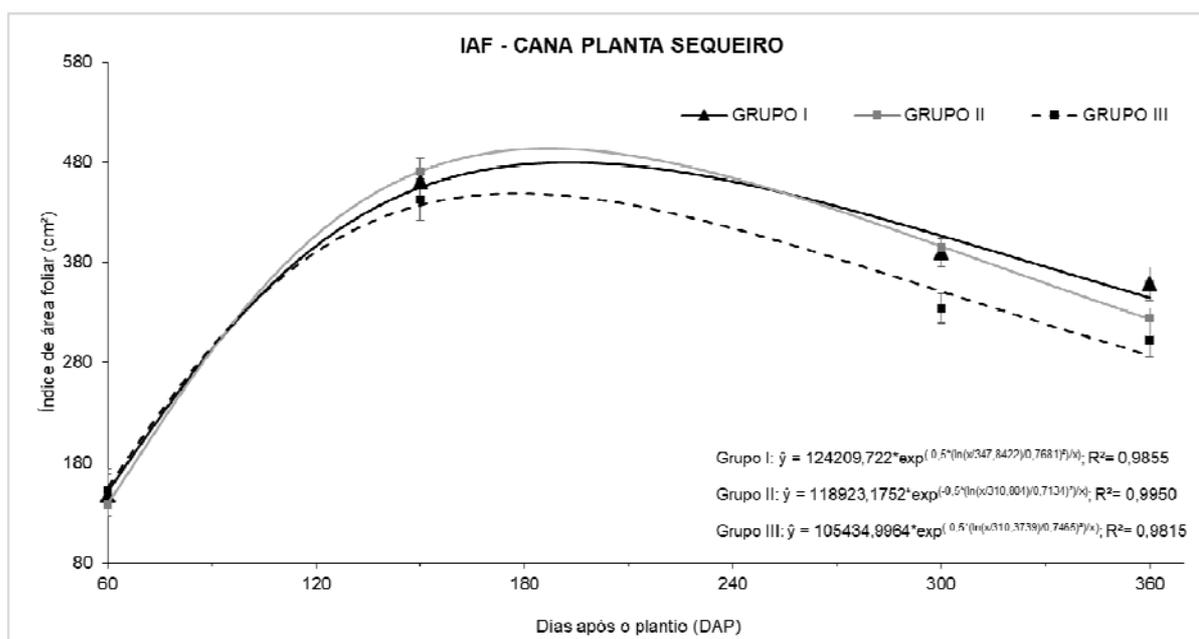
Os grupos I, II e III apresentaram uma redução de 22,95%, 21,91% e 21,07% no número de plantas/metro, dos 150 aos 360 DAP, respectivamente. Mereceu destaque em NP o grupo II com 11,88, seguido do grupo I com 10,43 e o grupo III com 10,29 plantas/metro na ocasião da colheita (Figura 20).

A planta ao longo do seu crescimento quando submetida à restrição hídrica apresenta menor incremento na altura, no número de folhas, na área foliar, e com isso, menor interceptação da energia luminosa (Inman-Bamber 2004; Silva et al. 2007). O número de indivíduos é relevante tanto para compor estimativas de produtividade como também para sinalizar a longevidade dos cultivos. A manutenção produtiva e da densidade populacional dos canaviais ao longo dos anos, resulta em maior longevidade e prorrogação da necessidade de renovação do canavial (Borba e Bazzo 2009).

Os comportamentos relacionados ao IAF se ajustaram ao modelo *Peak Log Normal*, apresentando um crescimento intenso nos primeiros 190 DAP (Figura 21). Os grupos I, II e III atingiram valores máximos aos 192, 186 e 178 DAP com IAF de 479,59 cm<sup>2</sup>, 493,52 cm<sup>2</sup> e 448,86 cm<sup>2</sup>, respectivamente.

Aos 240 DAP, observou-se o início de uma redução mais intensa do IAF, período em que a planta está próxima ao final do ciclo, quando volta a diminuir o desenvolvimento vegetativo, passando a acumular sacarose nos colmos.

Foi verificada uma forte correlação negativa (-0,87) entre o IAF e a sinalização do déficit hídrico através do aumento dos níveis de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. A confirmação desta correlação também foi verificada por diversos trabalhos. Yassen e Al-Omary (1994) relata que a redução da área foliar é intensificada em função do estresse hídrico, podendo ser atribuída principalmente à redução do número de células e à redução do volume celular. Estes danos conduzem a disfunção celular, lesões necróticas ou ainda morte celular (Foyer e Noctor 2009, Sharma et al. 2012). Como consequência, os danos oxidativos traduzem-se nas folhas pelo aparecimento de áreas cloróticas que, em muitos casos, evoluem para necrose e abscisão foliar (Cavatte et al. 2012).



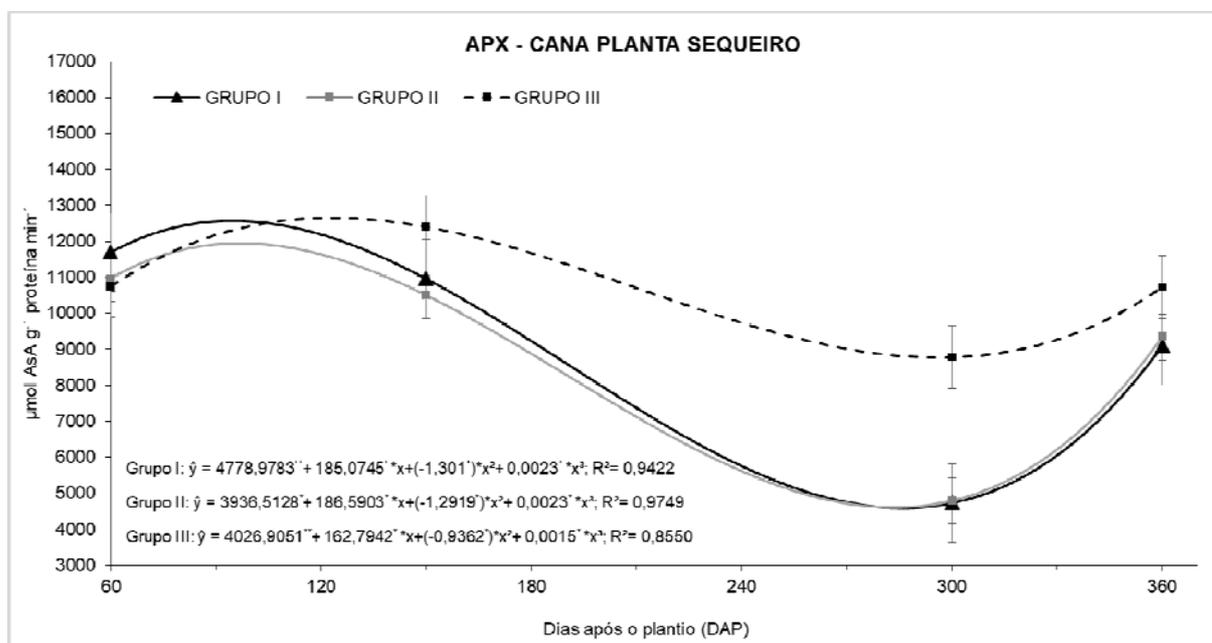
**Figura 21.** Índice de área foliar (IAF) em cm<sup>2</sup> de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Estes resultados estão de acordo com Pincelli e Silva (2012) que encontraram redução do IAF em cultivares sensíveis sob deficiência hídrica em casa-de-vegetação. Os autores sugerem que a manutenção do IAF durante a deficiência hídrica pode ser um indicativo de tolerância à seca. Segundo Smit e Singels (2006), durante a deficiência hídrica em cana-de-açúcar, a senescência foliar e redução da área foliar são consideradas estratégias para diminuir a superfície transpirante e o gasto metabólico para a manutenção dos tecidos. Merecem destaque os genótipos pertencentes ao grupo I, mantendo os maiores IAF na tapa final do ciclo com 406,18 cm<sup>2</sup> e 344,68 cm<sup>2</sup> aos 300 e 360 DAP, respectivamente.

### 3.3.4. Variáveis bioquímicas – Ambiente Sequeiro

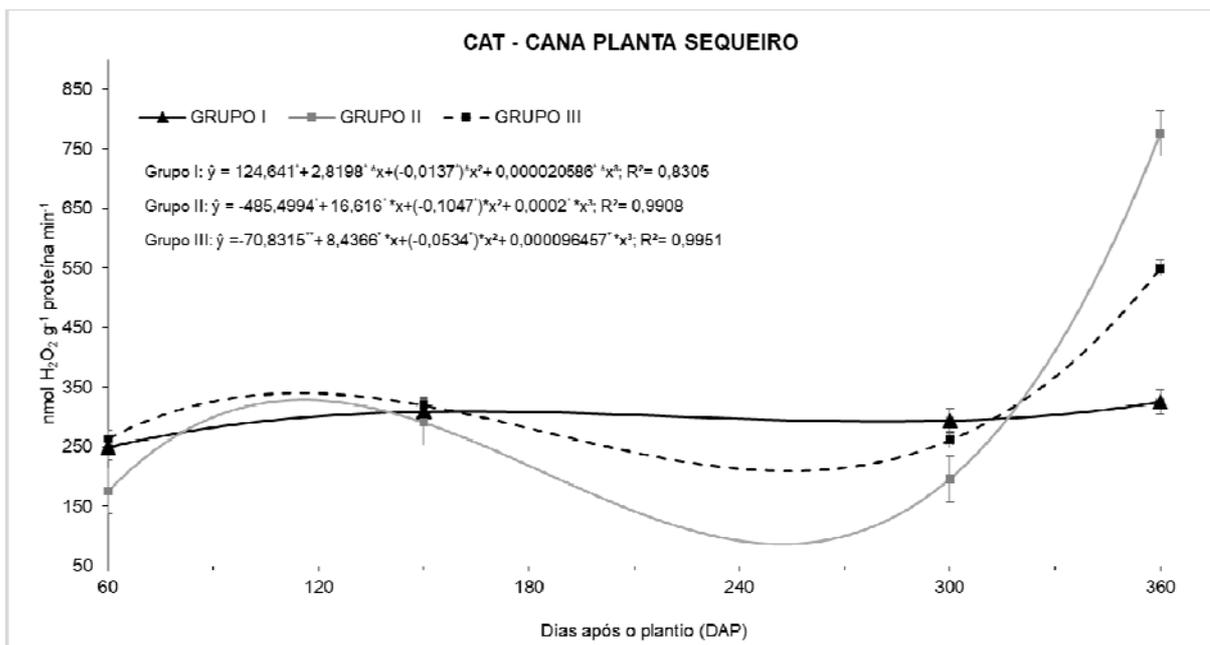
As atividades das enzimas antioxidantes nas folhas das plantas em ambiente sequeiro são apresentadas nas figuras 22 e 23. Observa-se que todos os grupos apresentam elevadas atividades da APX até os 150 DAP, evidenciando resposta ao intenso déficit hídrico na fase de estabelecimento da cultura, tendo o grupo III apresentado maior atividade, dos 110 DAP até o momento da colheita. Justificando

este comportamento, as variáveis APX e H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> apresentaram uma forte correlação positiva ( $r= 0,93$ ), evidenciando a intensificação da atividade enzimática ao serem intensificados os níveis do estresse.



**Figura 22.** Ascorbato peroxidase (APX) em  $\mu\text{mol AsA g}^{-1}$  proteína  $\text{min}^{-1}$  de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Com a capacidade de oxidar duas moléculas de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, a APX é tida como a enzima mais importante na eliminação desta ROS em certos compartimentos celulares, a exemplo dos cloroplastos, onde não existem CAT para atuar nessa função (Mittler 2002). Por outro lado, o nível de atividade da CAT apresentou baixa oscilação até os 150 DAP para todos os grupos considerados.



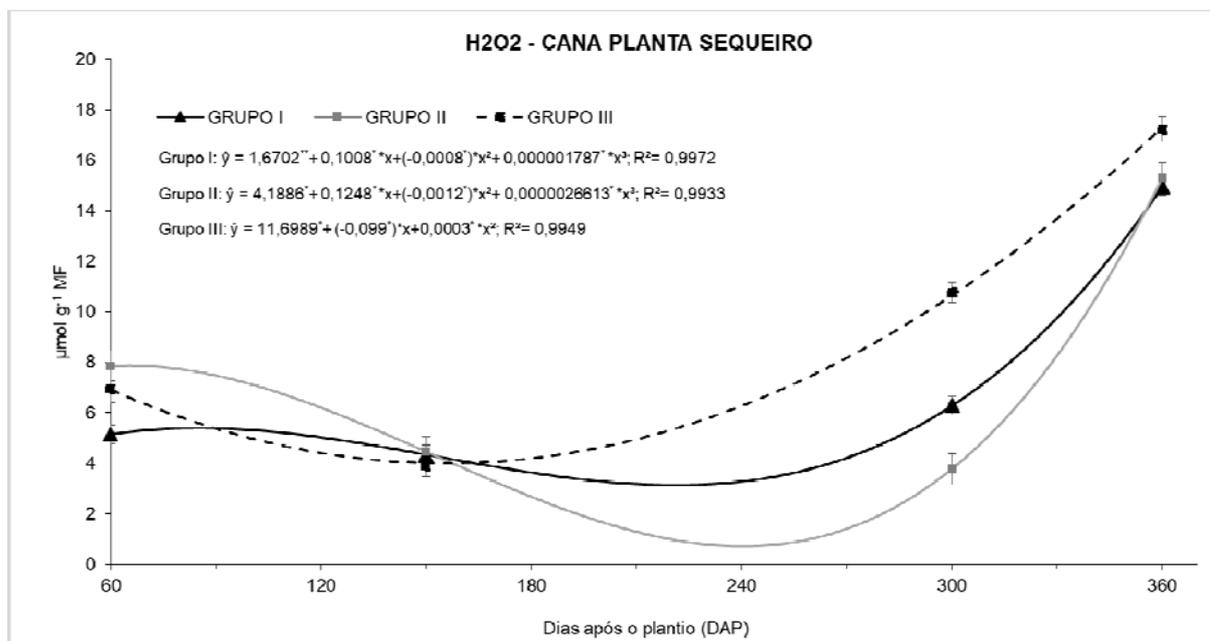
**Figura 23.** Catalase (CAT) em nmol H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> g<sup>-1</sup> proteína min<sup>-1</sup> de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Em todos os grupos analisados, os crescentes teores de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> a partir dos 240 DAP, juntamente com o aumento na atividade das enzimas CAT e APX simultaneamente, constatou-se que todos os genótipos apresentaram o sistema de defesa antioxidante enzimático como uma das estratégias de defesa frente ao estresse hídrico imposto.

Pesquisas sobre a importância das enzimas antioxidantes no sistema de defesa em cana-de-açúcar sob diferentes condições de estresses, têm recebido atenção de vários colaboradores na busca da melhor compreensão da atuação dessas enzimas no sistema de defesa contra o estresse oxidativo, dentre as quais, CIA et al. (2012), estudando cultivares tolerantes e sensíveis à deficiência hídrica, constataram que as atividades das enzimas antioxidantes nas folhas variaram de acordo com a cultivar e a intensidade do estresse, porém na cultivar tolerante manteve alta as atividades das enzimas CAT e APX e redução na peroxidação de lipídios ao longo do desenvolvimento.

A medida que os teores de H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> foram se acentuando (Figura 24), notou-se uma retomada no aumento das atividades das enzimas APX e CAT, principalmente na fase final de desenvolvimento. Isso possivelmente refletiu na redução da

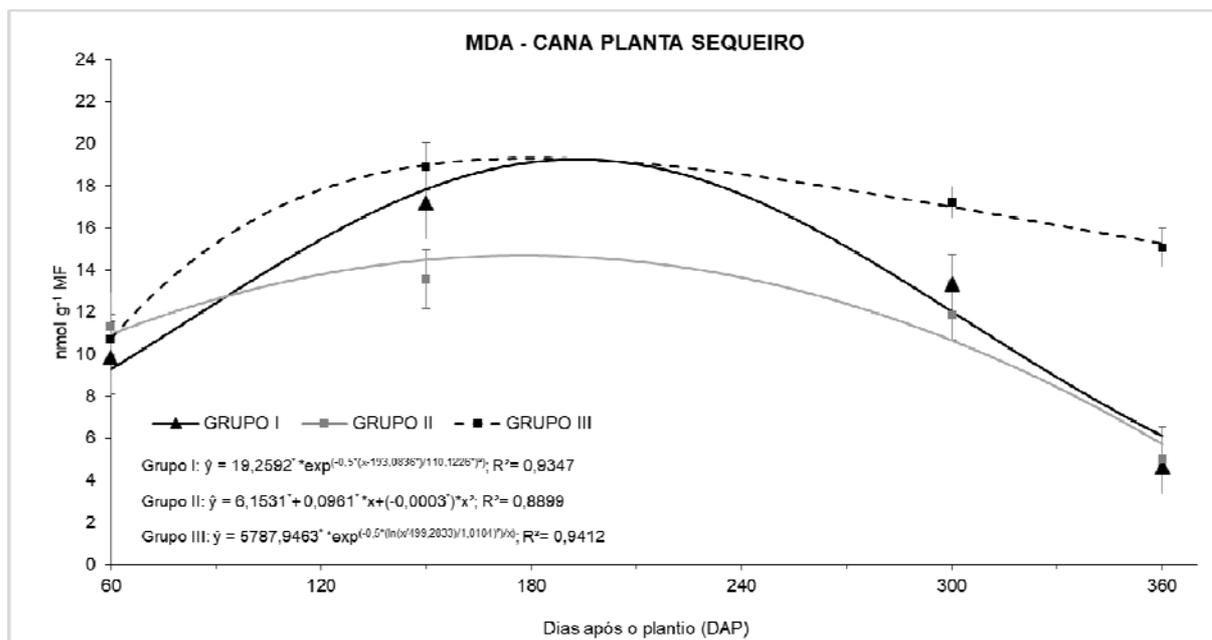
intensidade da peroxidação lipídica, apontado pela diminuição dos teores de MDA (Figura 25).



**Figura 24.** Peróxido de hidrogênio (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) em  $\mu\text{mol g}^{-1}$  MF de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

O grupo II destacou-se como mais tolerante ao déficit hídrico característico do ambiente sequeiro, apresentando uma controlada sincronia entre a atividade enzimática na regulação e desintoxicação da ROS, produzidas na célula vegetal durante situações de estresse. Este comportamento também contribuiu para redução dos níveis de MDA, contribuindo positivamente para a manutenção do equilíbrio redox e conseqüentemente para o crescimento da planta.

O estresse hídrico induziu um incremento no teor de malonaldeído (MDA) associado, na maioria das vezes, a uma baixa efetividade da atividade das enzimas. Foi identificada também uma correlação positiva ( $r = 0,94$ ) entre o H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> e o MDA. Mesmo apresentando um aumento na atividade enzimática, foi observado que, especificamente para o grupo III, os níveis de MDA foram superiores aos demais grupo. No entanto, o grupo III obteve desempenho satisfatório ao final do ciclo, ou seja, apresentou uma capacidade adaptativa ao ambiente em questão.



**Figura 25.** Malondialdeído (MDA) em nmol g<sup>-1</sup> MF de grupos de genótipos de cana-de-açúcar em regime de sequeiro. \* e \*\* significativos a 1% e 5% respectivamente, (teste t). DAP = Dias após o plantio; Barras representam intervalo de confiança; Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Por apresentar correlações positivas significativas ( $r=0,77$  e  $r= 0,79$ ) com as variáveis agroindustriais (PC e TAH), respectivamente, o comportamento da CAT nos grupos II e III, sugeriu uma maior tolerância ao ambiente sequeiro, sendo estes os que apresentaram melhores desempenhos agroindustriais ao final do ciclo.

### 3.3.5. Variáveis agroindustriais – Ambiente Sequeiro

Pelo teste F aplicado, a análise da variância indicou diferenças altamente significativas ( $P<0,01$ ) entre os grupos de genótipos para as variáveis PC e TAH, evidenciando um alto grau de variabilidade genética para essas variáveis entre os grupos avaliados neste ambiente (Tabela 11).

Os coeficientes de variação oscilaram entre 8,10 e 11,20, indicando uma adequada precisão experimental.

**Tabela 11.** Resumo da análise da variância para as variáveis Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente sequeiro, Santa Rita – PB, 2019.

FV	GL	Quadrados médios		
		PC (%)	Produtividade (t ha <sup>-1</sup> )	TAH (t ha <sup>-1</sup> )
Blocos	2	1,55	99,91	5,08
Grupos	2	8,73**	8,16 <sup>ns</sup>	7,34**
Resíduo	25	1,16	33,10	1,27
Média		14,79	71,06	10,07
CV%		7,27	8,10	11,20

(<sup>ns</sup>) Não significativo. \* e \*\* significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Na tabela 12, estão os valores médios para as variáveis Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH) para os grupos de genótipos em estudo.

**Tabela 12.** Valores médios para as variáveis Pol % do caldo (PC), Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) e Toneladas de açúcar por hectare (TAH), avaliadas em cana planta em ambiente sequeiro, Santa Rita – PB, 2019.

Grupos	PC (%)	Produtividade (t ha <sup>-1</sup> )	TAH (t ha <sup>-1</sup> )
I	14,17 b	70,46 a	9,50 b
II	15,69 a	71,99 a	10,91 a
III	15,81 a	71,87 a	10,98 a
Média	14,79	71,06	10,07

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de agrupamento de Scott e Knott ao nível de 5% de probabilidade. Grupo I = RB992587, RB041443, RB863129, RB021754, RB972631 e RB992506; Grupo II = RB867515, RB92579 e RB931011; Grupo III = RB002754.

Nota-se que para a variável PC, ocorreu a formação de dois grupos. Os grupos III e II apresentaram 15,81 e 15,69 de PC respectivamente, se diferenciando do grupo I com 14,17 de PC. Para a variável Produtividade agrícola (t ha<sup>-1</sup>) a média geral foi de 71,06, estatisticamente não apresentando diferenças significativas.

Em relação a variável TAH, observou-se desempenho inferior para o grupo I, apresentando apenas 9,5 TAH. A maior produção de açúcar por hectare foi apresentada pelo grupo III e II, com 10,98 e 10,91, respectivamente, formando assim o grupo com maiores rendimentos agroindustriais na condição hídrica considerada.

#### **4. CONCLUSÕES**

1. A determinação do coeficiente de parentesco genético possibilita a indicação de genitores para fins de cruzamentos visando ambientes canavieiros com déficit hídrico.
2. Para os genótipos RB867515 e RB931011 o coeficiente de parentesco genético contribuiu para as semelhanças nas respostas bioquímicas para a condição de cultivo irrigado.
3. A sinalização do  $H_2O_2$  evidencia a ativação do sistema antioxidante enzimático e contribui para a tolerância de plantas ao déficit hídrico.
4. Em relação aos rendimentos agroindustriais, o Grupo II (RB92579), se apresenta como melhor opção para o cultivo irrigado. Merece destaque os clones RB021754 e RB041443, sobretudo em relação a produtividade agrícola ( $t\ ha^{-1}$ ).
5. Os grupos II (RB867515, RB92579 e RB931011) e III (RB002754) apresentam-se como as melhores opções para o cultivo em sequeiro.

## 5. REFERÊNCIAS

AGÊNCIA EXECUTIVA DE GESTÃO DAS ÁGUAS DO ESTADO DA PARAÍBA, AESA. **Monitoramento pluviométrico por município do estado da Paraíba - 2017**. Disponível em: <http://site2.aesa.pb.gov.br/aesa/monitoramentoPluviometria.do?metodo=listarChuvas>.

Acesso em: 05 out 2017.

ALEXIEVA V, SERGIEV I, MAPELLI S AND KARANOV E. **The effect of drought and ultraviolet radiation on growth and stress markers in pea and wheat**. Plant, Cell and Environment 24: 1337-1344, 2001.

ANJUM, S.A., ASHRAF, U., TANVEER, M., KHAN, I., HUSSAIN, S., SHAHZAD, B., ZOHAIB, A., ABBAS, F., SALEEM, M.F., ALI, F. WANG, L.C., 2017. **Drought Induced Changes in Growth, Osmolyte Accumulation and Antioxidant Metabolism of Three Maize Hybrids**. published: 06 February 2017.

AKCAY, U.C., ERCAN, O., KAVAS, M., YILDIZ, L., YILMAZ, C., OKTEM, H. A., YUCEL, M. **Drought-induced oxidative damage and antioxidant responses in peanut (*Arachis hypogaea* L.) seedlings**. Plant Growth Regulation. 61, 21-28, 2010.

AKAIKE, H. **A new look at the statistical model identification**. The Institute of Electrical and Electronics Engineers Transaction and Automatic Control. Notre Dame, v. 19, p.716-723, 1974.

AZEVEDO NETO, A.D., NOGUEIRA, R.J.M.C., MELO FILHO, P.A., SANTOS, R.C. **Physiological and biochemical responses of peanut genotypes to water deficit**. Journal of Plant Interactions. 5: 1-10, 2009.

BARNABY, J. Y.; KIM, M.; BAUCHAN, G.; BUNCE, J.; REDDY, V.; SICHER, R. C. **Drought Responses of Foliar Metabolites in Three Maize Hybrids Differing in Water Stress Tolerance**. Plos One, v.8, 2013. Disponível em: <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0077145>>, acesso: maio de 2019.

BERRS, L. S. J. R.; SIZER, I.W. **A spectrophotometric method for measuring the breakdown of hydrogen peroxide by catalase.** Journal of Biological Chemistry, v. 195, n. 1, p. 133-140, 1952.

BOLOURI-MOGHADDAM, M. R.; ROY, K. L.; XIANG, L.; ROLLAND, F.; ENDE, W. V. D. 2010. **Sugar signalling and antioxidant network connections in plant cells.** FEBS Journal. 277, 2022–2037.

BORBA, M. M. Z.; BAZZO, A. M. **Estudo econômico do ciclo produtivo da cana-de-açúcar para reforma de canavial, em área de fornecedor do Estado de São Paulo.** In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ECONOMIA, ADMINISTRAÇÃO E SOCIOLOGIA RURAL, 2009, Porto Alegre. Anais... XLVII Congresso da Sociedade Brasileira de Economia, Administração e sociologia rural, 2009.

BRASIL. **Lei nº 13.576, de 26 de dezembro de 2017.** Dispõe sobre a Política Nacional de Biocombustíveis (RenovaBio) e dá outras providências. 2017

CAVATTE, P.C. et al. **The Physiology of Abiotic Stresses Plant Breeding for Abiotic Stress Tolerance** In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (Eds.). Plant Breeding for Abiotic Stress Tolerance. 102 ed.: Springer, 2012, Chapter 3, p 21-51.

CIA, M.C. et al. **Antioxidant responses to water deficit by drought-tolerant and – sensitive sugarcane varieties.** Annals of Applied Biology, Malden, v.161, p.313-324, 2012.

CUYPERS, A., HENDRIX, S., REIS, R.A., SMET, S., DECKERS, J., GIELEN, H., JOZEFCHAK, M., LOIX, C., VERCAMPT, H., VANGRONSVELD, J., KEUNEN, E., 2016. **Hydrogen peroxide, signaling in 517 disguise during metal phytotoxicity.** Front. Plant Sci. 7, 1-25.

COMPANIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar safra 2018/2019, 3º levantamento,**

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

**dezembro/2018**. 2018. Disponível em: [www.conab.gov.br](http://www.conab.gov.br). Acesso em: 14 mar. 2019.

DILLEWIJN, C. van. **Botany of sugarcane**. Waltham: Chronica Botanica. 371p, 1952.

DOORENBOS, J.; KASSAN, A. H. **Efectos del agua sobre el rendimiento de los cultivos**. Roma: FAO, 1979. 212p. (FAO, Boletim, 33).

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 2013.

FARIAS, C. H. A. et al. **Índice de área foliar em cana-de-açúcar sob diferentes níveis de irrigação e zinco na Paraíba**. Revista Caatinga, Mossoró, v. 20, n. 4, p. 55, 2007.

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

FIGUEIREDO P. et al. **O Instituto Agrônômico (IAC) e fatos históricos relacionados ao desenvolvimento da cultura de cana-de-açúcar até o fim do século XX**. Campinas: Instituto Agrônômico, 2011. 47p. (Documentos IAC, 103)

FOYER, C.; NOCTOR, G. **Redox regulation in photosynthetic organisms: signaling, acclimation and practical implications**. Antioxid Redox Signal, v.11, p. 1–45, 2009.

GOLDEMBERG, J.: **Ethanol for a sustainable energy future**. - Science **315**: 808-810, 2007. Graça, J.P., Rodrigues, F.A., Farias, J.R.B., Oliveira, M.C.N., Hoffmann-Campo, C.B., Zingaretti, S.M.: Physiological parameters in sugarcane cultivars submitted to water deficit. - Braz. J. Plant Physiol. **22**: 189-197, 2010.

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

GOMES, L.R., SANTOS, R.C., ANUNCIÇÃO FILHO, C.J., MELO FILHO, P.A. **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de amendoim de porte ereto**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 42, 985-989. 2007.

GRATÃO P. L.; POLLE A; LEA P. J. AND AZEVEDO R. A. **Making the life of heavy metal-stressed plants a little easier**. Functional Plant Biology 32: 481-494. 2005.

HEATH, R. L.; PACKER L. **Photoperoxidation in isolated chloroplast. Kinetics and stoichiometry of fatty acid peroxidation**. Archives of Biochemistry and Biophysics, v.125, p.189-198, 1968.

HERMANN, E. R.; CÂMARA; G. M. S. **Um método simples para estimar a área foliar da cana-de-açúcar**. Revista da STAB, Piracicaba, v. 17, p. 32-34, 1999.

INMAN-BAMBER, N. G. **Sugarcane water stress criteria for irrigation and drying off**. Field Crops Research, v. 89, p. 107-122, 2004.

INMAN-BAMBER, N. G.; SMITH, D. M. **Water relations in sugarcane and response to water deficits**. Field Crops Research, Amsterdam, v. 92, n. 2-3, p. 185-202, 2005. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.fcr.2005.01.023>>.

IRVINE, J. E. **Relations of photosynthetic rates and leaf and canopy characters to sugarcane yield**. Crop Science, v.15 p. 671-676, 1975.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Ames: Iowa State University Press, 545p, 1973.

KÖPPEN, W. **Klassifikation der klimate nach temperatur, niederschlag und jahreslauf**. Petermanns Geographische Mitteilungen, Gotha, v. , p. 193-203, 1918.

LEITE, J. M.; CIAMPITTI, I. A.; MARIANO, E.; MEGDA, M. X.V.; TRIVELIN, P. C. O. **Nutrient partitioning and stoichiometry in unburnt sugarcane ratoon at varying yield levels**. Frontiers in Plant Science, Lausanne, v. 7, p. 1 – 14, 2016. Disponível em: < <http://10.3389/fpls.2016.00466>>.

MARDIA, K.V.; KENT, J. T. i BIBBY, J. M. **Multivariate analysis**. London: Academic, 1979.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte: UFMG, 2005. 297 p.

MITTLER, R. **Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance**. Trends in Plant in Science, v. 9, p. 405-410, 2002.

NAKANO, Y., ASADA, K.: **Hydrogen peroxide is scavenged by ascorbate specific peroxidase in spinach chloroplast**. - Plant Cell Physiol 22: 867-880, 1981.

OLIVEIRA, E. C. A. **Dinâmica de nutrientes na cana-de-açúcar em sistema irrigado de produção**. 2008. 73 f. Dissertação (Mestrado em Ciência do Solo) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2008.

OLIVEIRA, E. C. A.; FREIRE, F. J.; OLIVEIRA, R. I.; OLIVEIRA, A. C.; MARIA BETÂNIA GALVÃO DOS SANTOS FREIRE. **Acúmulo e alocação de nutrientes em cana-de-açúcar**. Revista Ciência Agronômica, Fortaleza, v. 42, n. 3, p. 579 – 588, 2011.

PEREIRA, J.W.L., MELO FILHO, P.A., ALBUQUERQUE, M.B., NOGUEIRA, R.J.M.C., SANTOS, R.C. **Mudanças bioquímicas em genótipos de amendoim submetidos a déficit hídrico moderado**. Revista Ciência Agronômica. 43, 766-773, 2012.

PETERNELLI, L. A.; FERREIRA, F. M.; ROCHA, R. B.; BARROS, W. S.; BARBOSA, M. H. P. **Análise dos coeficientes de endogamia e de parentesco para qualquer nível de ploidia usando o pacote estatístico R**. Bragantia, v. 68, n.4, p.849-855, 2009.

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

PINCELLI, R.P.; SILVA, M.A. **Alterações morfológicas foliares em cultivares de cana-de-açúcar em resposta à deficiência hídrica.** Bioscience Journal, Uberlândia, v. 28, n. 4, p. 546-556, 2012.

R DEVELOPMENT CORE TEAM (2013) **R: A language and environment for statistical computing.** R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available at < <http://www.R-project.org/>> Acesso em: maio de 2018.

REDE INTERUNIVERSITÁRIA DE DESENVOLVIMENTO DO SETOR SUCROALCOOLEIRO – RIDESA. **Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar.** RIDESA, Curitiba, 136 p. 2010.

REGAZZI, A. J. - **Análise multivariada.** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática, 166p, 2001.

SANTANA, A. C. A. **Estimativa dos teores de nitrogênio na folha diagnóstico e biomassa da cana-de-açúcar por espectrorradiometria.** 2017. 112 f. Dissertação (Mestrado em Ciências do Solo) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2017.

SANTOS, F.; QUEIROZ, J.H.; COLODETTE, J.L.; RABELO, S.C. **Qualidade da cana-de-açúcar para processamento industrial.** In: SANTOS, F.; BORÉM, A. (Eds.). Cana-de-açúcar: do plantio à colheita. Viçosa: UFV, 2013. p.245-257.

SANTOS, V. R.; MOURA FILHO, G.; ALBUQUERQUE, A. W.; COSTA, J. P. V.; SANTOS, C. G.; SANTOS, A. I. C. **Crescimento e produtividade agrícola de cana-de-açúcar em diferentes fontes de fósforo.** Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental, Campina Grande, v.13, n.4, p.389 – 396, 2009.

SCOTT A. J.; KNOTT M. **A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance.** Biometrics, 30: 507-512. 1974.

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

SEAGRI – **Secretaria de Agricultura, Irrigação e Reforma Agrária da Bahia**, 2017. Disponível em: <<http://www.seagri.ba.gov.br>. Acesso em: 22 out. 2018.

SHARMA, P. et al. **Reactive Oxygen Species, Oxidative Damage, and Antioxidative Defense Mechanism in Plants under Stress ful Conditions**. Journal of Botany, New York, v. 2012, p. 1-26, 2012.

SILVA, M. A. et al. **Use of physiological parameters as fast tools to screen for drought tolerance in sugarcane**. Brazilian Journal of Plant Physiology, v. 19, n. 3, p. 193-201, Londrina, 2007.

SILVEIRA, L. C. I. et al. **Genetic diversity and coefficient of kinship among potential genitors for obtaining cultivars of energy cane**. Rev. Ciênc. Agron. v. 46, n. 2, p. 358-368, Fortaleza, 2015.

SMIT, M.A.; SINGELS, A. **The response of sugarcane canopy development to water stress**. Field Crops Research, Amsterdam, v. 98, p. 91-97, 2006.

VASANTHA, S.; SHEKINAH, D. E.; GUPTA, C.; RAKKIYAPPAN, P. **Tiller production, regulation and senescence in sugarcane (*Saccharum species hybrid*) genotypes**. Sugar Tech, New Delhi, v. 14, n. 2, p.156 – 160, 2012. Disponível em: <<https://10.1007/s12355-011-0129-6>>.

WANG, W.B., KIM, Y.H., LEE, H.S., KIM, K.Y., DENG, X.P., KWAK, S.S.: **Analysis of antioxidant enzyme activity during germination of alfalfa under salt and drought stresses**. - Plant Physiol Biochem, v. 47, p. 570-577, 2009.

WOLFINGER, R.; CHANG, M. **Comparing the SAS ® GLM and MIXED procedures for Repeated Measures**. Disponível em: <http://support.sas.com/rnd/app/stat/papers/mixedglm.pdf>> Acesso em: 10 jan. 2019, 1995.

Souza PHN (2019) Estudo genealógico e variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar sob diferentes condições hídricas

YASSEN, B. T.; AL-OMARY, S. S. **Analysis of the effects of water stress on leaf growth and yield of three barley cultivars.** Irrigation Science, v.14 p.157-162, 1994.

ZANDALINAS, S.I., BALFAGÓN, D., ARBONA, V., GÓMEZ-CADENAS, A., 2017. **Modulation of Antioxidant Defense System Is Associated with Combined Drought and Heat Stress Tolerance in Citrus.** Antioxidant System under Combined Stress. 8 (953), 1-10. doi: 757 10.3389/fpls.2017.

## APÊNDICES

---



**6.2.** Características químicas dos solos do ambiente irrigado (Talhão 40) e ambiente sequeiro (Talhão 44), fazenda Miriri Capim, Capim, PB.

Talhão	Prof.(cm)	Fe	Cu	Zn	Mn	P	pH H <sub>2</sub> O	K	Na	Al	Ca	Mg	H + Al	S.B.	CTC	V	M.O.
		mg/dm <sup>3</sup>						cmolc / dm <sup>3</sup>							%		
40	0 - 30	50,05	0,86	6,05	5,33	1,00	5,20	0,04	0,01	0,60	5,55	0,48	2,50	6,09	8,59	70,88	3,41
	30 - 60	87,67	0,15	6,71	0,64	5,00	4,80	0,09	0,02	0,60	2,71	0,17	4,80	2,99	7,79	38,37	1,03
44	0 - 30	53,02	0,23	6,60	3,02	2,00	6,00	0,03	0,01	0,00	2,47	0,22	1,70	2,73	4,43	61,66	1,00
	30 - 60	84,48	0,20	14,19	0,39	2,00	5,60	0,04	0,02	0,00	1,47	0,07	4,40	1,60	6,00	26,71	0,84

Fe = Ferro; Cu = Cobre; Zn = Zinco; Mn = Manganês; Fósforo (Extrator Mehlich); K = Potássio; Na = Sódio; Al = Alumínio; Ca = Cálcio; Mg = Magnésio; H+Al – Hidrogênio + Alumínio; S.B. = Soma de bases; CTC = Capacidade de troca catiônica; V = Saturação por bases; M.O = Matéria Orgânica do solo.

**6.3.** Modelos das regressões adotadas para as variáveis biométricas e bioquímicas e seus respectivos agrupamentos em ambiente irrigado.

VARIÁVEL	GRUPO	MODELO	FUNÇÃO
AP	I	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	II	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	III	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	IV	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
DC	I	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	II	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	III	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	IV	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
NP	I	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	II	Polinomial linear	$f = y_0 + a \cdot x$
	III	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	IV	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
IAF	I	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	II	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	III	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	IV	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
APX	I	Peak; Gaussian	$f = a \cdot \exp(-0,5 \cdot ((x-x_0)/b)^2)$
	II	Peak; Gaussian	$f = a \cdot \exp(-0,5 \cdot ((x-x_0)/b)^2)$
	III	Peak; Gaussian	$f = a \cdot \exp(-0,5 \cdot ((x-x_0)/b)^2)$
	IV	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
CAT	I	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	II	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	III	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	IV	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
H <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	I	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	II	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	III	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	IV	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
MDA	I	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	II	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	III	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	IV	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$

**6.4.** Modelos das regressões adotadas para as variáveis biométricas e bioquímicas e seus respectivos agrupamentos em ambiente sequeiro.

VARIÁVEL	GRUPO	MODELO	FUNÇÃO
AP	I	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	II	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	III	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
DC	I	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	II	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
	III	Sigmoidal	$f=a/(1+\exp(-(x-x_0)/b))$
NP	I	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	II	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	III	Polinomial linear	$f = y_0 + a \cdot x$
IAF	I	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	II	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
	III	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$
APX	I	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	II	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	III	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
CAT	I	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	II	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	III	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
H <sub>2</sub> O <sub>2</sub>	I	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	II	Polinomial cúbica	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2 + c \cdot x^3$
	III	Polinomial quadrática	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2$
MDA	I	Peak; Gaussian	$f = a \cdot \exp(-0,5 \cdot ((x-x_0)/b)^2)$
	II	Polinomial quadrática	$f = y_0 + a \cdot x + b \cdot x^2$
	III	Peak; Log Normal	$f = \text{if}(x \leq 0; 0; a \cdot \exp(-0,5 \cdot (\ln(x/x_0)/b)^2)/x)$

**6.5.** Análise de correlação de Pearson entre variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar em ambiente irrigado, Santa Rita – PB.

	APX	CAT	H2O2	MDA	t ha <sup>-1</sup>	PC	TAH	AP	DC	NP	IAF
APX	1,00	-0,69 *	-0,38 ns	0,24 ns	0,19 ns	-0,63 *	-0,27 ns	0,18 ns	0,48 ns	-0,38 ns	0,19 ns
CAT		1,00	0,64 *	-0,72 *	-0,12 ns	0,80 *	0,41 ns	-0,27 ns	-0,18 ns	0,25 ns	-0,55 ns
H2O2			1,00 ns	-0,11 ns	-0,77 *	-0,07 ns	-0,53 ns	-0,57 ns	-0,83 *	-0,27 ns	0,57 ns
MDA				1,00	0,35 ns	-0,04 ns	0,20 ns	0,36 ns	0,00 ns	0,29 ns	0,48 ns
t ha <sup>-1</sup>					1,00 ns	0,28 ns	0,82 *	0,74 *	0,60 *	0,60 *	-0,36 ns
PC						1,00 ns	0,78 *	-0,04 ns	-0,05 ns	0,51 ns	-0,53 ns
TAH							1,00	0,46 ns	0,36 ns	0,70 *	-0,55 ns
AP								1,00	0,61 *	0,65 *	0,03 ns
DC									1,00	0,35 ns	-0,32 ns
NP										1,00	-0,01 ns
IAF											1,00

(ns) Não significativo. \* e \*\* significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

**OBS:** t ha<sup>-1</sup> = Produtividade agrícola em toneladas de cana por hectare.

**6.6.** Análise de correlação de Pearson entre variáveis biométricas, bioquímicas e agroindustriais de genótipos de cana-de-açúcar em ambiente sequeiro, Santa Rita – PB.

	APX	CAT	H2O2	MDA	t ha <sup>-1</sup>	PC	TAH	AP	DC	NP	IAF
APX	1,00	0,23 <sup>ns</sup>	0,93 <sup>*</sup>	0,94 <sup>*</sup>	-0,09 <sup>ns</sup>	0,41 <sup>ns</sup>	0,27 <sup>ns</sup>	0,78 <sup>*</sup>	0,96 <sup>*</sup>	-0,40 <sup>ns</sup>	-0,69 <sup>*</sup>
CAT		1,00	0,41	0,21 <sup>ns</sup>	0,25 <sup>ns</sup>	0,77 <sup>*</sup>	0,79 <sup>*</sup>	0,57	0,28 <sup>ns</sup>	0,41 <sup>ns</sup>	-0,50
H2O2			1,00	0,94 <sup>*</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,44 <sup>ns</sup>	0,39 <sup>ns</sup>	0,73 <sup>*</sup>	0,89 <sup>*</sup>	-0,47 <sup>ns</sup>	-0,87 <sup>*</sup>
MDA				1,00	0,09 <sup>ns</sup>	0,34 <sup>ns</sup>	0,33 <sup>ns</sup>	0,73 <sup>*</sup>	0,96 <sup>*</sup>	-0,49 <sup>ns</sup>	-0,76 <sup>*</sup>
t ha <sup>-1</sup>					1,00	-0,03 <sup>ns</sup>	0,57 <sup>ns</sup>	-0,05	-0,02	-0,04 <sup>ns</sup>	-0,32 <sup>ns</sup>
PC						1,00	0,80 <sup>*</sup>	0,64 <sup>*</sup>	0,44	0,34 <sup>ns</sup>	-0,45 <sup>ns</sup>
TAH							1,00	0,47	0,33	0,22 <sup>ns</sup>	-0,59 <sup>ns</sup>
AP								1,00	0,88 <sup>*</sup>	0,22 <sup>ns</sup>	-0,43 <sup>ns</sup>
DC									1,00	-0,25 <sup>ns</sup>	-0,63 <sup>ns</sup>
NP										1,00	0,56 <sup>ns</sup>
IAF											1,00

<sup>(ns)</sup> Não significativo. \* e \*\* significativo ao nível de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

**OBS:** t ha<sup>-1</sup> = Produtividade agrícola em toneladas de cana por hectare.