

## **DIVERSIDADE GENÉTICA DO CICLO DE MATURAÇÃO EM UM PAINEL DE ASSOCIAÇÃO DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.)**

Renato Gomide de Sousa<sup>1\*</sup>; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado<sup>1</sup>; Cristian Cordeiro de Jesus<sup>1</sup>; Camila Barros Ataides<sup>1</sup>; Victoria Caetano Damando Rodrigues<sup>1</sup>; Frederico Pedro Madabula<sup>1</sup>; Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás. \*[\\_gomide@discente.ufg.br](mailto:_gomide@discente.ufg.br)

Nos programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar, a análise da diversidade genética existente nos ciclos de maturação é relevante tanto para fins de seleção quanto para o uso futuro das cultivares em desenvolvimento. Este ciclo, que pode ser precoce, médio ou tardio, impacta o planejamento das operações de logística, carregamento, transporte e processamento de açúcar e álcool nas usinas sucroalcooleiras. Neste contexto, este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de se realizar a caracterização de um painel de diversidade de cana-de-açúcar quanto ao ciclo de maturação e a identificação de marcadores moleculares associados a este caráter, utilizando a abordagem de mapeamento por associação em escala genômica (GWAS). O painel de diversidade foi constituído por 480 clones de cana-de-açúcar, incluindo variedades tradicionais, cultivares modernas e clones experimentais. A genotipagem de 50766 SNPs foi realizada em trabalho anterior realizado no Laboratório de Genética e Genômica de Plantas da EA/UFG. As avaliações fenotípicas foram realizadas na EA/UFG, na área experimental da Ridesa. Foram coletados espectros NIR em colmos de cada um dos 480 clones, em três pontos (base, meio e ápice de cada colmo), em três períodos distintos (14/03/24, 14/05/24 e 14/07/24). Em cada período, foram coletados 1440 espectros, totalizando 4320 leituras nas três coletas. Um modelo preditivo previamente construído foi utilizado para se prever o teor de sólidos solúveis dos entrenós. A validação externa desse modelo, utilizando uma amostra de 48 observações, forneceu uma correlação de 0,81 entre os valores preditos e os valores mensurados por um refratômetro digital, confirmando a elevada habilidade de predição do modelo utilizado. Para fins de análise, os BLUEs dos índices de maturação foram obtidos considerando-se os efeitos de genótipos como fixos e os de épocas de avaliação como aleatórios. Foi confirmada a existência de diversidade genética no painel quanto ao ciclo de maturação. Dos 480 clones avaliados, 38,75% foram classificados como precoces, 17,50% como de ciclo médio e 43,75% como tardios. Nas análises de GWAS foram detectados oito SNPs estatisticamente associados com o ciclo de maturação. Os resultados obtidos abrem caminho para que os ensaios da Ridesa/UFG possam ser estratificados e constituídos por clones de mesmo ciclo, viabilizando a comparação mais fidedigna entre eles mediante avaliação realizada no momento apropriado para cada ciclo de maturação.

**Palavras-chave:** Marcadores moleculares, SNP, GWAS, NIRS.

**Agradecimentos:** CNPq, PMGCA/UFG/Ridesa.