

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a) autor(a), o texto completo deste trabalho será disponibilizado somente a partir de 23/07/2018.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL

PARÂMETROS GENÉTICOS E MAPEAMENTO
ASSOCIATIVO DE CARACTERÍSTICAS TECNOLÓGICAS
DE CANA DE AÇÚCAR EM TRÊS ÉPOCAS DE COLHEITA

Alisson Esdras Coutinho
Engenheiro Agrônomo

2017

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL

**PARÂMETROS GENÉTICOS E MAPEAMENTO
ASSOCIATIVO DE CARACTERÍSTICAS TECNOLÓGICAS
DE CANA DE AÇÚCAR EM TRÊS ÉPOCAS DE COLHEITA**

Alisson Esdras Coutinho

Orientador: Prof. Dr. Dilermando Perecin

Coorientadores: Dr^a Luciana Rossini Pinto

Dr. Roberto Carvalheiro

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2017

C871p Coutinho, Alisson Esdras
Parâmetros genéticos e mapeamento associativo de características tecnológicas de cana-de-açúcar em três épocas de colheita / Alisson Esdras Coutinho. – – Jaboticabal, 2017
xii, 115 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2017

Orientador: Dilermando Perecin

Coorientadores: Luciana Rossini Pinto, Roberto Carneiro

Banca examinadora: Rodrigo Gazaffi, Marcos Guimarães de Andrade Landell, Gustavo Vitti Mouro, Andreia da Silva Meyer

Bibliografia

1. Estrutura populacional. 2. Análise bayesiana. 3. Pol. 4. Maturação. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.61

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: PARÂMETROS GENÉTICOS E MAPEAMENTO ASSOCIATIVO DE CARACTERÍSTICAS
TECNOLÓGICAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM TRÊS ÉPOCAS DE COLHEITA

AUTOR: ALISSON ESDRAS COUTINHO

ORIENTADOR: DILERMANDO PERECIN

COORIENTADORA: LUCIANA ROSSINI PINTO

COORIENTADOR: ROBERTO CARVALHEIRO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. DILERMANDO PERECIN
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Prof. Dr. RODRIGO GAZAFFI
Departamento de Biotecnologia e Produção Vegetal e Animal / UFSCar - Araras, SP


Prof. Dr. MARCOS GUIMARÃES DE ANDRADE LANDELL
Centro Avançado de Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Cana / IAC - Ribeirão Preto, SP


Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Profa. Dra. ANDREIA DA SILVA MEYER
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 23 de janeiro de 2017.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

ALISSON ESDRAS COUTINHO – nascido em 7 de abril de 1983 em Jaboatão dos Guararapes (PE), Brasil. Ingressou em 2005, no curso de Agronomia na Universidade Federal Rural de Pernambuco. Durante a graduação estagiou no Laboratório de Biotecnologia, onde desenvolveu o projeto de iniciação científica sob a orientação da Prof^a. Dr.^a Luciane Vilela Resende. Foi monitor da disciplina Estatística Aplicada à Agricultura sob a orientação do Prof. Dr. Mario de Andrade de Lira Junior e com o qual também executou o trabalho de conclusão de curso. Em fevereiro de 2011 recebeu o grau de Engenheiro Agrônomo. No mesmo ano ingressou no Programa de Pós-Graduação em Melhoramento Genético de Plantas da UFRPE (Universidade Federal Rural de Pernambuco) e concluiu o mestrado em fevereiro de 2013.

⁸Por lo demás, Hermanos, fíjense en todo lo que encuentren de verdadero, noble justo y limpio; en todo lo que es fraternal, en todos los valores morales que merecen alabanza. ⁹Pongan en práctica todo lo que han aprendido, recibido y oído de mí, todo lo que me han visto hacer, y Díos de la paz estará con ustedes.

(Filipenses 3, 8-9)

Ao meu pai Antonio Faustino Coutinho (*in memorian*) e à minha mãe Maria José de Araújo Coutinho pelo grande esforço, dedicação e amor proporcionados para que eu concretizasse todos os meus sonhos.

DEDICO

À minha querida irmã Amanda Nelma Coutinho pelo seu amor, força e coragem transmitidos.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por todo aprendizado proporcionado mesmo nos momentos mais difíceis e a tudo que a vida nos proporciona de maneira fantástica.

À minha mãe, Maria José de Araújo Coutinho, minha tia Elizabete e à minha irmã, Amanda Coutinho pela grande contribuição para que eu pudesse vencer esta longa caminhada.

Ao meu sobrinho, Luiz Henrique, pela alegria transmitida. E aos todos os meus outros familiares paternos e maternos. Tenho muito orgulho de todos.

À Universidade Federal Rural de Pernambuco pela base profissional adquirida que até hoje rende frutos.

Ao meu orientador, Prof. Dilermando Perecin, pelos ensinamentos dentro e fora de sala de aula, pela compreensão e oportunidade de trabalhar com temas tão desafiadores.

Dr^a Luciana Rossini Pinto, pela coorientação dia a dia, atenção e preocupação para que tudo ocorresse da melhor maneira possível. Sua contribuição foi imprescindível para a realização deste trabalho.

Ao Dr. Roberto Carvalheiro, pela coorientação e contribuição que foram fundamentais nas análises estatísticas.

À Universidade Estadual Paulista pela oportunidade de formação e à CAPES pela concessão de bolsa.

Ao Dr. Mauro Alexandre Xavier pela grande contribuição nas várias etapas do experimento desde a formação da população de mapeamento até a colheita do experimento.

Ao companheiro de laboratório, Maicon Volpin, pela sua imensa dedicação e ajuda no dia a dia e por sua grande amizade.

Às técnicas e amigas de laboratório, Taís e Juliana pela ajuda, aprendizado e momentos de alegria vivenciados.

À amiga Dr^a Fernanda Raquel Camilo dos Santos pelo esclarecimento de dúvidas acerca do trabalho realizado.

À amiga Lívia Maria Carvalho pela revisão do texto.

A todos os funcionários do Centro de Cana pelo ótimo trabalho que desempenham.

A todos os outros pesquisadores do Centro de Cana que trabalham duramente proporcionando progresso científico contribuindo para um Brasil mais próspero.

Ao amigo Alysson Jalles pela grande contribuição nas análises.

Aos amigos de doutorado: Arturo Samuel, Gustavo Hugo, Lucas Santos, Hudson Rabelo, Carlos Caixeta, Guilherme Diniz, Silvan Gomes, Filipe Matias, Andreia Bastos, Miquéias Gomes, Marília Gabriela e Arturo Samuel pelos bons momentos compartilhados.

Às companheiras de Laboratório de Biotecnologia do Centro de Cana do Instituto Agronômico de Campinas (IAC): Maria Leticia, Maria Natália, Izadora Pastore, Marcel, Carol Neuber, Alexandre, Rafael Peixoto, Natália Takahashi, Jéssica Freiria, Michael Brito pelos conhecimentos compartilhados.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO.....	iii
ABSTRACT.....	iv
CAPÍTULO 1 –	1
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Importância econômica da cana-de-açúcar	3
2.2 O gênero <i>Saccharum</i>	4
2.3 Melhoramento da cana-açúcar.....	6
2.4 Marcadores moleculares em cana-de-açúcar	9
2.5 Mapeamento associativo em cana-de-açúcar	12
REFERÊNCIAS.....	17
CAPÍTULO 2 – ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS TECNOLÓGICAS DE CANA-DE-AÇÚCAR POR MEIO DO REML/BLUP E ANÁLISE MULTIVARIADA PARA DIFERENTES ÉPOCAS DE COLHEITA	28
RESUMO.....	28
ABSTRACT.....	29
1 INTRODUÇÃO	30
2 MATERIAL E MÉTODOS	32
2.1 Material vegetal e dados fenotípicos.....	32
2.2 Seleção de genótipos.....	33
2.3 Estimação dos parâmetros genéticos	37
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
4 CONCLUSÃO	56
REFERÊNCIAS.....	57
CAPÍTULO 3 – MAPEAMENTO ASSOCIATIVO DE GENES RELACIONADOS A POL E À FIBRA DE CANA-DE-AÇÚCAR EM TRÊS ÉPOCAS DE COLHEITA.....	61
RESUMO.....	61
1 Introdução.....	63
2. Material e métodos.....	66
2.1. Material vegetal	66
2.2 Avaliação fenotípica	69
2.3. Extração e quantificação do DNA genômico	69

2.4.Reações de PCR - Marcadores AFLP (<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>)	69
3. Análise de dados	71
3.2.Análise da estrutura genética da população	71
3.2.1.Análise pelo software STRUCTURE	71
3.2.2.Análise via componentes principais	72
4 Análise de associação	73
4.1 Método Bayes C _π	73
5 RESULTADOS E DISCUSSÃO	74
5.1 Análise da estrutura da população.....	74
5.2 Análise de estrutura pelo programa STRUCTURE	80
5.2 Análise de associação	83
6 CONCLUSÕES	93
REFERÊNCIAS.....	94
APÊNDICES	100

PARÂMETROS GENÉTICOS E MAPEAMENTO ASSOCIATIVO DE CARACTERÍSTICAS TECNOLÓGICAS DE CANA-DE-AÇÚCAR EM TRÊS ÉPOCAS DE COLHEITA

RESUMO – O conhecimento dos teores de Pol e fibra tem por finalidade avaliar a qualidade da matéria-prima, seja para a produção de açúcar ou co-geração de energia na própria usina ou produção de etanol de segunda geração. As cultivares de cana-de-açúcar possuem diferentes períodos de maior acúmulo de sacarose, podendo ser no início, meio ou fim de safra. Como o período de safra se estende de abril até novembro, há influência das estações de ano (outono, inverno e primavera) provocando mudanças de temperatura e regime de chuvas. Portanto, a avaliação de experimentos em diferentes épocas de colheita é importante para identificar em qual período da safra os genótipos possuem maior acúmulo de sacarose. Diante deste contexto, o ranqueamento dos genótipos por época de colheita baseado nos valores genéticos preditos de Pol e fibra é de grande utilidade para fins de seleção. Além disto, a identificação de genes associados a características sob diferentes condições é de grande contribuição para a obtenção de novas cultivares pelos programas de melhoramento. Com isto, por meio do mapeamento associativo é possível detectar genes associados aos fenótipos utilizando métodos estatísticos. Sendo assim, o presente trabalho teve os seguintes objetivos: prever os valores genéticos de 100 genótipos e estimar os parâmetros genéticos de Pol e fibra em três épocas de colheita e identificar marcadores AFLP associados a Pol e fibra usando o método Bayes Cπ. Foram conduzidos três experimentos, cada um correspondente a uma época de colheita nos agrícolas de 2014/2015 e 2015/2016. O ordenamento dos genótipos por cada época de colheita foi realizado mediante os valores genéticos preditos. Para a variável fibra do grupo 1, o IN8458 foi o que obteve o maior teor de fibra para as três épocas de colheita. Enquanto que o US571415 apresentou o maior teor de Pol. No grupo 2, a IACSP972084 apresentou o maior teor de fibra e a IACSP043150, o maior valor de Pol para a análise conjunta. Para a identificação das associações entre marcador e fenótipo, foi avaliada a estrutura genética aplicando marcadores AFLP ao painel composto pelos 100 genótipos de cana-de-açúcar pertencentes ao banco de germoplasma do Centro de Cana do Instituto Agrônomo de Campinas. A análise de associação foi conduzida pelo método Bayes Cπ a partir das 640 marcas polimórficas obtidas pela genotipagem. Do total de marcas significativamente associadas com Pol, 39 marcas tiveram efeito ao menos em duas épocas de colheita. Já para fibra, observou-se 12 marcas com efeito ao menos em duas épocas. As marcas AFLP 418, AFLP 435 e AFLP 700 tiveram associações em mais de uma época para a variável Pol. Enquanto que para fibra, houve apenas a marca AFLP 520 com associação para três épocas. Quanto a variação fenotípica explicada pelos marcadores, foram 99,51%, 99,75%, 97,56% e 94,49 para as épocas 1, 2 e 3 (ano agrícola 2014/2015) e época 3 (2015/2016), respectivamente. As marcas significativamente associadas às épocas 1, 2, 3 e 3 (2016) explicaram 97,83%, 94,82%, 68,44% e 74,66%, respectivamente da variação fenotípica.

Palavras-chave: estrutura populacional, análise bayesiana, Pol, fibra, maturação

GENETIC PARAMETERS AND ASSOCIATION MAPPING IN TECHNOLOGICAL CHARACTERISTICS OF SUGARCANE IN THREE HARVEST SEASONS

ABSTRACT – The knowledge of Pol and fiber contents aims to assess the quality of the raw material either for production of sugar or co-generation of energy in the industry itself or production of second generation ethanol. The cultivars of sugarcane have different periods of higher accumulation of sucrose and may be at the beginning, middle or end of harvest. As the harvest period extends from April to November, there is influence of the seasons (autumn, winter and spring) caused by changes in temperature and rainfall. Therefore the evaluation of experiments in different harvesting times is important to identify in which period of the crop the genotypes have greater accumulation of sucrose. In this context the ranking of genotypes per harvest season based on predicted genetic values of Pol and fiber is a great utility for selection purposes. In addition, the identification of genes associated with characteristics under different conditions is a great contribution, in terms of to obtain new cultivars by breeding programs. Thus, through association mapping it is possible to detect genes associated with phenotypes using statistical methods. The present study aimed to predict the genetic values of 100 genotypes and to estimate the genetic parameters of Pol and fiber at three harvest seasons and to identify AFLP markers associated to Pol and fiber using the Bayes C π methodology. Three different experiments, each one correspond a different harvesting season, were carried out in two crops season, 2014/2015 and 2015/2016. The ordering of the genotypes for each harvesting season was performed using predicted genetic values. For the group 1 fiber variable IN8458 was the one that obtained the highest fiber content for the three harvest periods. While US571415 presented the highest Pol content. In group 2 IACSP972084 had the highest fiber content and IACSP043150 the highest Pol value for the joint analysis. For the identification of the associations between marker and phenotype the genetic structure was evaluated by applying AFLP markers to the panel composed of 100 sugarcane genotypes belonging to the germplasm bank of the Cane Center of the Agronomic Institute of Campinas. The association analysis was conducted by the Bayes C π method from the 640 polymorphic tags obtained by genotyping. Of the total of markers significantly associated with Pol 39 brands had effect in at least two harvesting seasons. For fiber we observed 12 marks with effect in at least two periods. The AFLP 418 AFLP 435 and AFLP 700 brands had associations in more than one season for the Pol variable. Whereas for fiber there was only the AFLP 520 brand with association for three seasons. The phenotypic variation explained by the markers was 99.51% 99.75% 97.56% and 94.49 for seasons 1 2 and 3 (agricultural year 2014/2015) and season 3 (2015/2016), respectively. Significantly associated with seasons 1 2 3 and 3 (2016) explained 97.83% 94.82% 68.44% and 74.66% respectively of the phenotypic variation.

Keywords: Population structure, Bayesian analysis, Pol, fiber, maturation

CAPITULO 1 –

1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil, seguido por Índia e China são os maiores produtores de cana-de-açúcar com 661 milhões toneladas, 353 milhões toneladas e 130 milhões toneladas, respectivamente (OECD-FAO, 2016). Segundo dados da FAO (2016), a área mundial cultivada com cana-de-açúcar é de 22 milhões de hectares representada por cerca de 120 países. Dessa forma, a cultura da cana-de-açúcar possui grande importância no setor sucroalcooleiro, sendo responsável por mais da metade do açúcar comercializado no mundo. Além disto, o uso de biocombustíveis como alternativa energética contribui para o destaque desta cultura, colocando o Brasil como segundo maior produtor de etanol com 31% da produção mundial, estimada para 2024, logo atrás dos Estados Unidos com 42% (OECD-FAO, 2015).

Dados de produção apresentados pela Conab (2016) no último levantamento, preveem produção para a safra 2016/2017 de 694.544,8 mil toneladas de cana, um aumento de 4,4% em relação à safra anterior, em que foram colhidas 665.586,2 milhões de toneladas. Baseado nestas estimativas de aumento de produção de cana, é importante ressaltar a qualidade da matéria-prima para a indústria sucroalcooleira. Sendo assim, na história do melhoramento sempre buscou-se a obtenção de genótipos ricos em sacarose ao invés de fibra, como no século XIX, período em que variedades como a caiana e manteiga possuíam altos teores de sacarose, mas apresentavam pouca fibra e suscetibilidade ao mosaico. Assim, as características tecnológicas que definem a qualidade da cana são: brix, Pol, açúcares redutores, fibra e pureza (LAVANHOLI, 2010).

A Pol representa a porcentagem de sacarose aparente contida em uma solução açucarada de peso normal determinada pelo desvio provocado pela solução no plano de vibração da luz polarizada (LAVANHOLI, 2010). Quanto mais elevado o teor de Pol, maior é a quantidade de açúcar obtido pela indústria. Já com a relação à fibra sua importância está direcionada à geração de energia pela própria usina por meio do uso do bagaço da cana. Além disso, podem ser utilizados para a produção de etanol celulósico ou de segunda geração.

A quantificação de Pol e fibra são importantes para dois perfis distintos de cultivares: aquelas ricas em teor de sacarose, destinadas para a produção de açúcar ou etanol de primeira geração, e as que apresentam altos teores de fibra, selecionadas para a geração de energia ou produção de etanol celulósico. Na seleção para características agrônômicas ou de importância econômica pode-se buscar o uso dos marcadores moleculares como ferramentas para tornar o processo de seleção mais eficiente Lande e Thompson (1990).

O emprego de técnicas utilizando marcadores moleculares aliadas a métodos estatísticos possibilita a identificação de genes para diversas características agrônômicas. Esses caracteres em sua maioria são de herança quantitativa e controlados por dezenas, centenas ou milhares de loci de pequeno efeito, denominados de loci de característica quantitativa (Quantitative Trait Loci –QTL) (MACKAY et al., 2009).

O mapeamento genético é um exemplo de técnica que utiliza marcadores moleculares e métodos estatísticos, ele permite identificar a posição do QTL por meio de mapas de ligação, além de estimar seus efeitos e dissecar caracteres de herança complexa. Por outro lado, o mapeamento de QTL apresenta determinadas limitações como: baixa variação genética, baixa resolução do mapa e necessidade de tempo e recursos para a obtenção das populações de mapeamento.

Com o objetivo de superar essas limitações foi proposto o mapeamento associativo também conhecido por mapeamento por desequilíbrio de ligação, inicialmente aplicado no estudo de doenças humanas para o entendimento da base genética como os que se observam a herança suscetibilidade. A diferença para o mapeamento de QTL é que permite também o uso populações naturais ou painéis constituídos por bancos de germoplasma como populações de mapeamento, que proporciona vantagem como o menor tempo para identificar a associação marcador-característica e maior poder na detecção de associações.

Esses estudos de associação funcionam como estratégia para identificar novos marcadores ligados a importantes caracteres em espécies cultivadas para então serem utilizados em seleção assistida por marcadores (SAM), o que pode tornar o processo de seleção mais eficiente para um programa de melhoramento. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi analisar a estrutura genética da população, realizar a fenotipagem

quanto a Pol e fibra dos genótipos de cana-de-açúcar e identificar por meio do método Bayes Ст, marcadores associados a Pol e fibra em três épocas de colheita.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância econômica da cana-de-açúcar

A cadeia produtiva de cana-de-açúcar é responsável por 21,82% do PIB dos agronegócios segundo o levantamento realizado pelo Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada da Universidade de São Paulo (CEPEA, 2016). A Região Centro-Sul é a maior produtora de cana do País com 626.770 milhões toneladas de cana colhidas na safra 2015/2016. Estima-se que a produção nacional de açúcar ficará em 39.814,8 milhões de toneladas com acréscimo de 18,9% em relação à safra anterior, enquanto que para a produção de etanol deverá acontecer uma diminuição não ultrapassando os 27,9 bilhões de litros (CONAB, 2016).

O Brasil é o maior produtor e exportador de açúcar, com 20,3% da produção mundial. Deste total da produção nacional, 32 % é destinado ao consumo interno e 68% para a exportação (USDA, 2016). O açúcar também pode ser obtido a partir de outras culturas como a beterraba e o milho, mas o açúcar oriundo da cana tem menor custo e maior rendimento, sendo responsável por 80% da produção mundial. O etanol é outro produto importante na indústria sucroalcooleira brasileira ficando atrás somente dos Estados Unidos que é líder na produção de etanol obtido de milho, embora 60% do etanol produzido no mundo seja originado da cana-de-açúcar. Outro fato importante é que 49,2% da produção foi destinada aos Estados Unidos em 2015, o que contribuiu para o superávit da balança comercial brasileira.

O setor sucroalcooleiro brasileiro é favorecido também pelo aumento estimado de área colhida para safra 2016/2017 que é de 456,1 mil hectares (CONAB, 2016). Além disto, comparado a outros países produtores, as usinas no Brasil não são apenas produtoras de açúcar, o que permite destinar a cana para a produção de açúcar ou álcool conforme a demanda do mercado.

6 CONCLUSÕES

As marcas AFLP 418, 435 e 700 tiveram associações em três épocas de colheita para Pol. Para a variável fibra, a marca AFLP 520 foi a única com efeito consistente para três épocas (época 1, 2 e 3 de 2016). Estas marcas são importantes para serem validadas em outros materiais no processo de seleção de um programa de melhoramento. A maioria das marcas significativas apresentou efeito específico para cada época, mas as mesmas marcas conjuntamente de uma época servem para prever o efeito em relação ao fenótipo para outra época de colheita.

REFERÊNCIAS

AITKEN, K. S.; HERMANN, S.; KARNO, K.; BONNETT, G. D.; MCINTYRE, L. C.; JACKSON, P. A. Genetic control of yield related traits in sugarcane. **Theoretic and Applied Genetics**, v. 117, n. 7, p. 1191-1203, 2008.

BROWN, J. S.; SCHNELL, R. J.; POWER, E. J.; DOUGLAS, S. L.; KUHN, D. N. Analysis of clonal germplasm from five *Saccharum* species: *S. barberi*, *S. robustum*, *S. officinarum*, *S. sinense* and *S. spontaneum*. A study of inter- and intra species relationships using microsatellite markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, n. 3, p. 627-648, 2007.

Consecana. 2006. Conselho dos produtores de cana-de-açúcar, açúcar e álcool do estado de São Paulo. Manual de Instruções, Piracicaba.

DEBIBAKAS, S.; ROCHER, S.; GARSMEUR, O.; TOUBI, L.; ROQUES, D.; D'HONT, A.; HOARAU, J.-Y.; DAUGROIS, J. H. Prospecting sugarcane resistance to Sugarcane yellow leaf virus by genome-wide association. **Theoretic and Applied Genetics**, v. 127, n. 8, p. 1719-1732, 2014.

EARL, D. A.; VONHOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources**, v. 4, n. 2, p. 359-361, 2012.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, 2005.

FLINT-GARCIA, S. A.; THORNSBERRY, J. M.; IV, B. Structure of linkage disequilibrium in plants*. **Annu review of plant biology**, v. 54, n. 1, p. 357-374, 2003.

FUSH, D.; STEPHENS, M.; PRITCHARD, J. Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. **Genetics**, v. 164, 2003.

GARCIA, A. A.; MOLLINARI, M.; MARCONI, T. G.; SERANG, O. R.; SILVA, R. R.; VIEIRA, M. L.; VICENTINI, R.; COSTA, E. A.; MANCINI, M. C.; GARCIA, M. O. SNP genotyping allows an in-depth characterisation of the genome of sugarcane and other complex autopolyploids. **Scientific reports**, v. 3, 2013.

GONÇALVES, B. S. **Identificação de marcadores moleculares relacionados à severidade de sintomas da ferrugem em painel associativo de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.)**. 2012. 54 f. Dissertação de mestrado -Universidade Estadual Paulista Jabotical, 2012.

GOUY, M.; ROUSSELLE, Y.; THONG CHANE, A.; ANGLADE, A.; ROYAERT, S.; NIBOUCHE, S.; COSTET, L. Genome wide association mapping of agro-morphologic and disease resistance traits in sugarcane. **Euphytica**, v. 202, n. 2, p. 269-284, 2015.

GUPTA, P. K.; RUSTGI, S.; KULWAL, P. L. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: present status and future prospects. **Plant molecular biology**, v. 57, n. 4, p. 461-485, 2005.

HABIER, D.; FERNANDO, R. L.; DEKKERS, J. C. M. The Impact of Genetic Relationship Information on Genome-Assisted Breeding Values. **Genetics**, v. 177, n. 4, p. 2389-2397, 2007.

HABIER, D.; FERNANDO, R. L.; KIZILKAYA, K.; GARRICK, D. J. Extension of the Bayesian phabet for genomic selection. **BMC bioinformatics**, v. 12, n. 1, p. 1, 2011.

HENRY, R. J.; KOLE, C. **Genetics, genomics and breeding of sugarcane**. CRC Press, 2010. p.

HOARAU, J.-Y.; GRIVET, L.; OFFMANN, B.; RABOIN, L.-M.; DIORFLAR, J.-P.; PAYET, J.; HELLMANN, M.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.-C. Genetic dissection of a modern sugarcane cultivar (*Saccharum* spp.).II. Detection of QTLs for yield components. **Theoretic and Applied Genetics**, v. 105, n. 6, p. 1027-1037, 2002.

JACKSON, P. A. Breeding for improved sugar content in sugarcane. **Field Crops Research**, v. 92, n. 2, p. 277-290, 2005.

JANABI, S. M.; FORGET, L.; DOOKUN, A. An improved and rapid protocol for the isolation of polysaccharide-and polyphenol-free sugarcane DNA. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 17, n. 3, p. 281-281, 1999.

JANNOO, N.; GRIVET, L.; DOOKUN, A.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. Linkage disequilibrium among modern sugarcane cultivars. **Theoretic and applied genetics**, v. 99, n. 6, p. 1053-1060, 1999.

JOMBART, T.; DEVILLARD, S.; BLOUX, F. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. **BMC Genetics**, v. 11, n. 1, p. 94, 2010.

LANDELL, M. G. A.; SILVA, D. N.; ANJOS, A. I.; MENDONÇA, J. R.; BIDOIA, M. A. P.; CAMPANA, M. P.; XAVIER, M. A.; FIGUEIREDO, P. **Variedades de cana-de-açúcar para o Centro-Sul do Brasil**. Instituto Agronômico de Campinas. Campinas, p.37. 2007. (201).

LAVANHOLI, M. D. G. D. P. Qualidade da cana-de-açúcar como matéria-prima para produção de açúcar e álcool. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. D. A. **Cana-de-açúcar**. 1ª. Campinas: Instituto Agronômico de Campinas, 2010. cap. 8, p. 882.

LEGARRA, A.; RICARD, A.; FILANGI, O. GS3. **Genomic selection, Gibbs sampling, Gauss Seidel and Bayes Cpi**. Disponível <http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra> 2012. Acesso em: 20 de out. 2016.

LEGARRA, A.; ROBERT-GRANIÉ, C.; CROISEAU, P.; GUILLAUME, F.; FRITZ, S. Improved Lasso for genomic selection. **Genetics research**, v. 93, n. 01, p. 77-87, 2011.

LI, M.; REILLY, M. P.; RADER, D. J.; WANG, L.-S. Correcting population stratification in genetic association studies using a phylogenetic approach. **Bioinformatics**, v. 26, n. 6, p. 798-806, 2010.

LOPES, F. C. C. **Mapeamento genético de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) por associação empregando marcadores SSR e AFLP**. 2011. 144 f. Tese de doutorado -Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" Piracicaba, 2011.

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

MA, L.; WIGGANS, G. R.; WANG, S.; SONSTEGARD, T. S.; YANG, J.; CROOKER, B. A.; COLE, J. B.; VAN TASSELL, C. P.; LAWLOR, T. J.; DA, Y. Effect of sample stratification on dairy GWAS results. **BMC Genomics**, v. 13, n. 1, p. 536, 2012.

MARGARIDO, G. R. A.; PASTINA, M. M.; SOUZA, A. P.; GARCIA, A. A. F. Multi-trait multi-environment quantitative trait loci mapping for a sugarcane commerci cross provides insights on the inheritance of important traits. **Molecular Breeding**, v. 35, n. 8, p. 175, ,2015.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001.

MORAES, M. F. D.; BASTOS, G. Q.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; MELO, L. J. O. T.; REIS, O. V. D. Aviação agroindustri e parâmetros genético de progênies de cana-de-açúcar em fase inici na Zona Canavieira do Litor Norte de Pernambuco. **Ciênc. agrotec.,(Impr.)**, v. 34, n. 5, p. 1086-1092, 2010.

PATTERSON, N.; PRICE, A. L.; REICH, D. Population structure and eigenanysis. **PLoS genet**, v. 2, n. 12, p. e190, 2006.

PRICE, A. L.; PATTERSON, N. J.; PLENGE, R. M.; WEINBLATT, M. E.; SHADICK, N. A.; REICH, D. Princip components anysis corrects for stratification in genome-wide association studies. **Nature Genetics**, v. 38, 2006.

PRICE, A. L.; ZAITLEN, N. A.; REICH, D.; PATTERSON, N. New approaches to population stratification in genome-wide association studies. **Nature Reviews Genetics**, v. 11, n. 7, p. 459-463, 2010.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, 2000.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; ROSENBERG, N. A.; DONNELLY, P. Association mapping in structured populations. **The American Journ of Human Genetics**, v. 67, n. 1, p. 170-181, 2000.

R Core Team. (2015). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. URL <https://www.R-project.org/>. Vienna, Austria.

RABOIN, L.-M.; PAUQUET, J.; BUTTERFIELD, M.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J.-C. Anysis of genome-wide linkage disequilibrium in the highly polyploid sugarcane. **Theoretic and Applied Genetics**, v. 116, n. 5, p. 701-714, 2008.

RACEDO, J.; GUTIÉRREZ, L.; PERERA, M. F.; OSTENGO, S.; PARDO, E. M.; CUENYA, M. I.; WELIN, B.; CASTAGNARO, A. P. Genome-wide association mapping of quantitative traits in a breeding population of sugarcane. **BMC Plant Biology**, v. 16, n. 1, p. 142, 2016.

RAO, M. S.; WEERATHAWORN, P. Diversification of breeding program to develop multipurpose sugarcane cultivars. **Sugar Tech**, v. 11, n. 1, p. 77-79, 2009.

SANTOS, F. R. C.; ZUCCHI, M. I.; PARK, J.-W.; BENATTI, T. R.; DA SILVA, J. A.; SOUZA, G. M.; LANDELL, M. G. A.; PINTO, L. R. New Sugarcane Microsatellites and Target Region Amplification Polymorphism Primers Designed from Candidate Genes Related to Disease Resistance. **Sugar Tech**, p. 1-6, 2016.

SHI, A.; CHEN, P.; ZHANG, B.; HOU, A. Genetic diversity and association analysis of protein and oil content in food-grade soybeans from Asia and the United States. **Plant Breeding**, v. 129, n. 3, p. 250-256, 2010.

SIGRIST, M. S. **Mapeamento associativo de locos relacionados à produtividade de grãos em soja**. 2012. f. -Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz, 2012.

VAN DEN BERG, I.; FRITZ, S.; BOICHARD, D. QTL fine mapping with Bayes C (π): a simulation study. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n. 1, p. 1, 2013.

WEI, X.; JACKSON, P. A.; MCINTYRE, C. L.; AITKEN, K. S.; CROFT, B. Associations between DNA markers and resistance to diseases in sugarcane and effects of population substructure. **Theoretic and Applied Genetics**, v. 114, n. 1, p. 155-164, 2006.

XUE, Y.; Warburton, M. L.; SAWKINS, M.; ZHANG, X.; SETTER, T.; XU, Y.; GRUDLOYMA, P.; GETHI, J.; RIBAUT, J.-M.; LI, W.; ZHANG, X.; ZHENG, Y.; YAN, J. Genome-wide association analysis for nine agronomic traits in maize under well-watered and water-stressed conditions. **Theoretic and Applied Genetics**, v. 126, n. 10, p. 2587-2596, 2013.

YANG, D.; HAN, S.; JIANG, D.; YANG, R.; FANG, M. Inference of posterior inclusion probability of QTLs in Bayesian shrinkage analysis. **Genetics research**, v. 97, p. e6, 2015.

YU, J.; BUCKLER, E. S. Genetic association mapping and genome organization of maize. **Current Opinion in Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 155-160, 2006.

ZHANG, L. Y.; MARCHAND, S.; TINKER, N. A.; BELZILE, F. Population structure and linkage disequilibrium in barley assessed by DArT markers. **Theoretic and applied genetics**, v. 119, n. 1, p. 43-52, 2009.

ZHAO, K.; ARANZANA, M. J.; KIM, S.; LISTER, C.; SHINDO, C.; TANG, C.; TOOMAJIAN, C.; ZHENG, H.; DEAN, C.; MARJORAM, P. An Arabidopsis example of association mapping in structured samples. **PLoS Genet**, v. 3, n. 1, p. e4, 2007.

ZHOU, X.; STEPHENS, M. Genome-wide efficient mixed-model analysis for association studies. **Nature genetics**, v. 44, n. 7, p. 821-824, 2012.

ZHU, X.; LI, S.; COOPER, R. S.; ELSTON, R. C. A unified association analysis approach for family and unrelated samples correcting for stratification. **The American Journal of Human Genetics**, v. 82, n. 2, p. 352-365, 2008.