

**COMISSÃO TÉCNICA NACIONAL DE BIOSSEGURANÇA****PARECER TÉCNICO: 7140/2020****RETIFICADO**

Processo: 01250.021351/2020-27

Assunto: Liberação Comercial de Cana-de-açúcar geneticamente modificada para resistência a insetos, evento CTC75064-3

Requerente: CTC - Centro de Tecnologia Canavieira S/A.

Data de Protocolo: 29/05/2020

CQB: 006/96

CNPJ: 06.981.381/0002-02

Endereço: Fazenda Santo Antonio s/no - Bairro Santo Antonio - Piracicaba-SP.

Classificação: Classe de Risco I

Classificação de Risco: Classe de risco 1

Resolução Normativa: RN24

Extrato Prévio: 7127/2020

Decisão: Deferido

Reunião: 234ª Reunião Ordinária ocorrida em 02/09/2020

I. Identificação do OGM

Designação do OGM: Cana-de-açúcar geneticamente modificada para resistência a insetos, evento CTC75064-3

Espécie: Cana-de-açúcar (*Saccharum officinarum*)

Característica Inserida: Resistência a insetos da ordem Lepidoptera.

Método de introdução da característica: O evento CTC75064-3 foi obtido por meio de transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens* com um fragmento de DNA (T-DNA) contendo os cassetes de expressão dos genes *cry1Ac* e *npII*.

Uso proposto: Liberação no meio ambiente, comercialização, consumo e quaisquer outras atividades relacionadas a esse OGM, material de propagação vegetativa existente e progênies dele derivadas.

II. Informações Gerais

Trata-se da solicitação do Centro de Tecnologia Canavieira sobre a Proposta de Liberação Comercial de Cana-de-Açúcar Geneticamente Modificada, Evento CTC75064-3, aprovado pela CIBio da empresa e, elaborado de acordo com a Resolução Normativa nº 24 da CTNBio. A solicitação é para a liberação comercial da cana-de-açúcar evento CTC75064-3 seus derivados e progênies. A cana-de-açúcar geneticamente modificada CTC75064-3 possui o *background* genético da cultivar RB867515 e expressa a proteína Cry1Ac constitutivamente de forma a ser resistente à *Diatraea saccharalis*. Esta espécie é popularmente conhecida como broca comum, broca-da-cana ou apenas broca. A proteína Cry1Ac foi isolada de *Bacillus thuringiensis*. O evento CTC75064-3 expressa ainda a proteína NptII que codifica a enzima neomicina fosfotransferase tipo II (NptII), originária do transposon Tn5 de *Escherichia coli*. A enzima NptII confere resistência a antibióticos do tipo aminoglicosídeos como a canamicina e a geneticina, utilizado como marcador de seleção no processo de transformação. Assim, nota-se que o evento CTC75064-3 apresenta a proteína Cry1Ac, cuja proteína está presente na cana aprovada comercialmente conforme evento já aprovado comercialmente CTC 93209-4 (Parecer Técnico 6658/2019)

• Descrição do OGM e Proteínas Expressas

O evento CTC75064-3 foi obtido por meio de transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens* com um fragmento de DNA (T-DNA) contendo os cassetes de expressão dos genes cry1Ac e nptII. O vetor pCTC523 foi utilizado como base para clonagem e multiplicação do T-DNA contendo os cassetes alvo e de seleção que foram inseridos no evento CTC75064-3. Este vetor foi sintetizado com a finalidade única de permitir a clonagem de regiões nucleotídicas de interesse e garantir a transferência do T-DNA para o genoma da cana-de-açúcar.

O DNA integrado no genoma do evento CTC75064-3 foi caracterizado utilizando várias metodologias. O número de cópias dos genes heterólogos foi previamente estimado por meio de PCR quantitativo em tempo real (qPCR). Os resultados indicaram que um uma cópia do inserto contendo uma única cópia de ambos os genes cry1Ac e nptII foi integrados no genoma do evento e, que não houve integração de sequências referentes ao esqueleto (backbone) do plasmídeo utilizado na transformação. As análises de Southern blot utilizando sondas homólogas às sequências do gene cry1Ac e do gene nptII corroboraram as evidências de integração de duas cópias dos genes cry1Ac e nptII e ausência de integração parcial de elementos do T-DNA em outros sítios do genoma do evento CTC75064-3. O grau de estabilidade genotípica do evento CTC75064-3 também foi verificado via metodologia de Southern blot que comprovou que os dois insertos de T-DNA se mantiveram estáveis ao longo de quatro gerações de propagação vegetativa representando os diferentes ciclos da cultura (cana-planta e cana-socas). Esse resultado corrobora o fato de que o T-DNA se fixa no genoma da cana-de-açúcar uma vez que o sistema de propagação vegetativo da cultura utilizado nos plantios comerciais não permite a segregação genética.

Finalmente, o sequenciamento completo do T-DNA e das regiões flangeadoras foi realizado. Os resultados desse ensaio foram posteriormente confirmados utilizando primers de PCR complementares às regiões flangeadoras e sequências internas dos insertos. Esses primers permitiram amplificar completamente as duas inserções de T-DNA e suas regiões flangeadoras em fragmentos de DNA que foram posteriormente sequenciados via metodologia Sanger e alinhados para criar a sequência final consenso e o mapa de ambas integrações. Uma análise de bioinformática abrangente foi realizada com os dados de sequenciamento das inserções presentes no evento CTC75064-3 (T-DNAs e regiões flangeadoras) descartando a possibilidade de ocorrência de efeitos não desejados tais como a expressão de proteínas com homologia a alérgenos ou toxinas. Os dados de Southern blot, qPCR e sequenciamento de DNA indicam que o evento CTC75064-3 contém que dois insertos íntegros de T-DNA que codifica as proteínas Cry1Ac e nptII e não contém qualquer sequência referente ao backbone do vetor utilizado na transformação genética. Os dados também confirmam que essa inserção de T-DNA é estável ao longo de quatro gerações de propagação vegetativa.

Não existe relatos de interação entre as proteínas Cry1Ac e nptII a despeito dos vários eventos que expressam essas proteínas isoladas ou conjuntamente. Tampouco existem relatos de que essas proteínas apresentem efeitos pleiotrópicos ou epistáticos. Para avaliar a expressão dos genes cry1Ac e nptII via ELISA foram estudados diferentes tecidos de cana-de-açúcar em diferentes estágios de desenvolvimento da cultura, basicamente, os níveis de expressão da proteína Cry1Ac nas folhas do evento CTC75064-3 permanecem altos ao longo de todo o ciclo de cultivo, garantindo resistência a *Diatraea saccharalis*. Foram apresentadas as técnicas de detecção que podem ser utilizadas para identificar o evento CTC75064-3.

- **Aspectos relacionados à Saúde Humana e dos Animais**

Uma análise detalha da expressão das proteínas Cry1Ac e nptII em folhas, colmos e raízes do evento CTC75064-3 foi realizada. Os resultados obtidos para folha, colmo e raízes indicam que o evento CTC93209-4 apresenta níveis de expressão da proteína Cry1Ac muito maiores que a expressão de nptII. Os níveis de expressão das proteínas Cry1Ac e NptII no evento CTC93209-4 foi caracterizado em diferentes tempos, tecidos e locais de plantio representativos do cultivo da cana no Brasil. Os níveis de expressão da proteína Cry1Ac nas folhas do evento CTC75064-3 permanecem altos ao longo de todo o ciclo de cultivo, garantindo resistência a *Diatraea saccharalis*. Os níveis de expressão das proteínas Cry1Ac e nptII em colmos do evento CTC75064-3 são muito baixos e, portanto, a exposição alimentar via consumo do caldo, ou produtos derivados, às proteínas heterólogas será mínima. A caracterização detalhada das proteínas heterólogas confirmou que o evento CTC93209-4 expressa as proteínas de tamanho esperado Cry1Ac (68.7 KDa) e nptII (29.2 KDa). Análises de sequenciamento e bioinformática da construção genética e das sequências inseridas no evento CTC75064 e sequenciamento das proteínas expressas, demonstraram que as proteínas heterólogas expressas pelo evento CTC75064 apresentam alta homologia às sequências de aminoácidos de proteínas presentes em eventos comerciais.

A segurança alimentar humana e animal do evento CTC75064 foi realizada seguindo as recomendações da Resolução Normativa N° 24 da CTNBio e do WHO Codex Alimentarius Guidance (2003) e considerou a biologia da cana-de-açúcar, seus usos tradicionais, os usos pretendidos do evento CTC75064, a natureza dos genes inseridos, os organismos doadores e as proteínas heterólogas produzidas. Dessa forma, foram analisados os fenótipos e a composição nutricional do evento CTC93209-4, de acordo com as orientações da OECD (2011), incluindo as possíveis presenças de toxinas, alérgenos e substâncias antinutricionais, sobre a segurança alimentar humana e animal do evento CTC75064. Adicionalmente, as potenciais propriedades tóxicas ou alergênicas das proteínas Cry1Ac e nptII e do processamento da cana-de-açúcar na segurança alimentar humana e animal do evento também foram avaliadas.

Os estudos de composição nutricional, conduzidos de acordo com as recomendações da OECD (2011) demonstraram que o evento possui equivalência nutricional com a cultivar parental uma vez que não foram detectadas diferenças significativas de acordo os parâmetros avaliados: sacarose, proteína, fibra (bruta, FDN e FDA), lipídeos, cinzas e umidade. Estudos demonstraram que o processamento e o refino da cana-de-açúcar resultam na perda completa do DNA e proteínas heterólogos para níveis não detectáveis pelas metodologias atualmente disponíveis.

O gene cry1Ac produz uma δ -endotoxina que é naturalmente encontrada na bactéria não patogênica a mamíferos *Bacillus thuringiensis* que vem sendo empregada em produtos bio-inseticidas na agricultura orgânica. A proteína Cry1Ac é tóxica para insetos lepidópteros, incluindo a broca da cana-de-açúcar, devido a uma interação específica com receptores presentes no intestino do inseto. Quando esta interação específica proteína-receptor ocorre, há uma disrupção da função e integridade do intestino que leva à toxicidade e consequente morte do inseto. Esses receptores da proteína Cry1Ac são encontrados apenas no intestino de insetos da ordem Lepidoptera, conferindo a especificidade deste efeito tóxico, confirmada por estudos extensivos sobre a inocuidade desta proteína em outros insetos e animais. A proteína nptII uma enzima que codifica para a neomicina fosfotransferase II de 265 aminoácidos (29,2 kDa) que foi utilizada como marcador seletivo. Culturas derivadas da biotecnologia, contendo as proteínas Cry1Ac e NptII apresentam atualmente um amplo histórico de uso seguro.

Estudos toxicológicos de administração oral das proteínas purificadas Cry1Ac e nptII demonstraram valores de NOAEL (Nível Sem Efeitos Adversos Observáveis) muito altos, de aproximadamente 5.000 mg/kg peso corporal. Muitos estudos de segurança alimentar foram conduzidos com materiais contendo a proteína Cry1Ac, incluindo produtos microbiológicos e culturas expressando Cry1Ac e nptII. Estes estudos incluem: estudos de alimentação de ratos por 90 dias com grãos contendo ambas proteínas e estudos que avaliaram produtos microbiológicos incluindo efeitos de administração de tais produtos em humanos. Estes estudos não encontraram efeitos adversos.

A alergenicidade dessas proteínas também foi avaliada. A análise de bioinformática atualizada apresentada demonstrou que as proteínas Cry1Ac e nptII não têm homologia com alérgenos conhecidos. Além disso, estudos publicados com as proteínas purificadas demonstraram que ambas proteínas são rapidamente degradadas em Fluido Gástrico Simulado (SGF) e Fluido Intestinal Simulado (SIF) e, que as proteínas são

desnaturadas por aquecimento. Baseados no longo histórico de uso seguro das proteínas Cry1Ac e nptII na agricultura e na alimentação, e na homologia direta das proteínas expressas no evento CTC93209-4, já aprovado pela CTNBio, com as proteínas Cry1Ac e nptII estudadas e aprovadas em eventos comerciais, bem como, estudos prévios, as principais agências regulatórias do mundo concluíram que essas proteínas não são tóxicas, tampouco alergênicas.

O consumo das proteínas heterólogas devido à ingestão do evento CTC75064 e produtos derivados em qualquer situação será muito menor que os valores de NOAEL estimados para ambas as proteínas, levando a margens de segurança extremamente elevadas. A exposição alimentar humana pode se dar via consumo direto (colmos de cana-de-açúcar ou caldo de cana) ou via produtos alimentares processados tais como açúcar e melão.

• Aspectos Ambientais

A cana-de-açúcar não é nativa do Brasil e, portanto, é considerada uma espécie exótica nos ecossistemas brasileiros. O centro de origem da espécie é o sudeste da Ásia e Ilhas da Melanésia. Ela chegou ao Brasil logo após o descobrimento, junto com a implementação das primeiras capitâneas. Hoje ela é cultivada em praticamente todos os estados brasileiros, ainda que em alguns deles não de forma extensiva. Sendo uma planta exótica, não há qualquer possibilidade de hibridação introgressiva, pois nenhuma das espécies ancestrais do complexo *Saccharum* (DANIELS e ROACH, 1987) ocorre no Brasil.

As cultivares comerciais modernas de cana-de-açúcar, dentre as quais se encontram a cultivar em análise, são híbridos de várias espécies pertencentes ao gênero *Saccharum*. Estas espécies (*S. spontaneum*, *S. officinarum*, *S. robustum*, *S. edule*, *S. barberi* e *S. sinense*) são todas originadas do Sudeste Asiático (MOORE et al., 2014). Ainda que várias espécies de *Saccharum* tenham contribuído para dar origem às cultivares comerciais atuais da cana, elas são o resultado do cruzamento entre *S. officinarum* e *S. spontaneum* (DILLON et al., 2007) e, foram desenvolvidas por melhoramento genético realizado no final do século XIX (MATSUOKA et al., 1999), com o objetivo de reunir características de interesse presentes nas diferentes espécies.

Dessa forma, pode-se dizer que as cultivares de cana-de-açúcar atualmente comercializadas são híbridos interespecíficos, sendo *Saccharum officinarum* e *S. spontaneum* quem mais contribuiu para o genoma dessas cultivares. *S. sinense*, *S. barberi* e *S. robustum* provavelmente deram contribuições de menor expressão para algumas cultivares específicas (MATSUOKA et al., 1999). *S. officinarum* apresenta um número de cromossomos $2n = 80$, com um número básico de cromossomos igual a 10, sendo portando octaplóide (oito cópias de cada cromossomo) (AUSTRALIAN GOVERNMENT, 2011). Mas *S. officinarum* é mais do que poliploide, é também autopoliploide (possui mais de duas cópias de cromossomos homólogos provenientes de uma única espécie) e alopoliploide (possui duas ou mais cópias de cromossomos híbridos) (SREENIVASAN et al., 1987). Por outro lado, *S. spontaneum* é uma espécie altamente polimórfica, vigorosa, resistente a doença e com um alto teor de fibra. Ela apresenta $2n = 40$ a 128 cromossomos e é um poliploide complexo, com um número básico de cromossomos igual a 8 ou 10 (D'HONT et al., 1996). As cultivares modernas apresentam número de cromossomos variando de $2n = 100$ a 130, indicando alta ploidia com presença de aneuploidia (GRIVET e ARRUDA, 2002). Surpreendentemente, os grupos de homologia da cana-de-açúcar podem apresentar diferentes números de cromossomos. Estima-se que os níveis de ploidia mais prováveis variem entre 6 e 14, mas que podem ser tão altos quanto 20 (GARCIA et al., 2013).

No Brasil, existem três espécies nativas que foram recentemente reclassificadas como pertencentes ao gênero *Saccharum* (anteriormente *Eryanthus*): *S. villosum*, *S. angustifolium* e *S. asperum*. Não é esperado que tais espécies tenham capacidade de hibridização com as cultivares modernas de cana-de-açúcar devido a não coincidência de centros de origem e, por consequência, devido às diferenças nas histórias evolutivas.

A cana-de-açúcar é propagada comercialmente por meio de reprodução vegetativa através do plantio de colmos segmentados e, conseqüente, brotação de suas gemas laterais. O florescimento, apesar de ser essencial para programas de melhoramento genético, é prejudicial à produtividade da cultura, uma vez que a sacarose, ao invés de ser armazenada no colmo, é consumida durante a formação das panículas, resultando em um fenômeno conhecido como isoporização.

O evento CTC75064-3 não apresentou alteração da capacidade de reprodução assexuada em relação a cultivar parental, avaliada por meio da germinação e vigor de Mudanças Pré-Brotadas (MPB) em casa de

vegetação. O fato de a cana-de-açúcar apresentar restrições quanto a sua reprodução sexuada e só ser propagada comercialmente via propagação assexuada faz com que a cana-de-açúcar não apresente populações espontâneas no meio ambiente brasileiro, não sendo uma espécie invasiva. De fato, a cana-de-açúcar só é encontrada associada a atividades humanas. Os resultados apresentados demonstram que o evento não difere da cultivar parental em relação à sua taxa de biodegradabilidade de seus restos culturais, à capacidade de adicionar ou remover substâncias ao solo, tampouco com sua capacidade de influenciar a microbiota do solo.

O efeito da proteína Cry1Ac sobre organismos não-alvo foi conduzido em uma variedade de espécies não lepidópteras para submissões regulatórias relacionadas a plantas produtoras de Cry1Ac (CERA, 2011). Os organismos de teste incluíram *Apis mellifera* adulta e larva, coleópteros predadores (*Hippodamia convergens*), neurópteros (*Chrysoperla carnea*), Hymenoptera parasitas (*Nasonia vitripennis*), bem como, as espécies *Folsomia candida* e *Xanylla grisea*. Nenhum destes organismos mostrou uma resposta significativa à proteína Cry1Ac nas concentrações testadas.

Além da comprovação da eficácia do evento CTC75064-3 sobre o inseto alvo da tecnologia, *Diatraea saccharalis*, também foi avaliado o possível efeito do evento sobre outras pragas secundárias da cultura da cana-de-açúcar pertencentes a ordem Lepidoptera e que, portanto, poderiam ser potencialmente afetados pela expressão da proteína Cry1Ac.

- **Informações relevantes**

A CTNBio por meio da Correspondência Eletrônica (SEI 4361749) solicitou ao requerente relação de todos os pedidos de Liberação Planejada no Meio Ambiente já protocolados com o evento para o qual estão solicitando Liberação Comercial. A requerente atendeu a solicitação por meio do documento SEI 4376000 informando a relação de todos os pedidos de Liberação Planejada para o evento em análise.

- **Área de Restrição Ambiental:**

Conforme estabelecido no art. 1º da Lei 11.460, de 21 de março de 2007, “ficam vedados a pesquisa e o cultivo de organismos geneticamente modificados nas terras indígenas e áreas de unidades de conservação, exceto nas Áreas de Proteção Ambiental”.

Parecer Final:

Considerando que:

1. A cana-de-açúcar é classificada como uma cultura semi-perene de ciclos longos e, após a colheita do primeiro ano de cultivo (cana-planta), pode permanecer no campo por vários ciclos de cultivo anuais (cana-soca);
2. A cana-de-açúcar é propagada vegetativamente ou seja, que não apresenta sementes verdadeiras que possam ser estocadas em condições de contenção (ex. câmara-fria). Como consequência, o material propagativo precisa ser mantido vegetando no campo;
3. Considerando que a introdução dos genes heterólogos não sugere que o risco para o consumo humano e animal do produto tenha sido aumentado;
4. A CTNBio por meio da Correspondência Eletrônica solicitou ao requerente relação de todos os pedidos de Liberação Planejada no Meio Ambiente já protocolados com o evento para o qual estão solicitando Liberação Comercial e que a requerente atendeu a solicitação informando a relação de todos os pedidos de Liberação Planejada para o evento em análise;
5. Todos os ensaios de biossegurança que subsidiaram o pedido de liberação comercial do evento CTC75064-3 submetido à CTNBio, foram encerrados e, na oportunidade, apresentaram todos os relatórios finais dos referidos ensaios.

Conclusão

Diante do exposto e considerando os critérios internacionalmente aceitos no processo de análise de risco de matérias-primas geneticamente modificadas é possível concluir que a cana-de-açúcar geneticamente modifica, evento CTC75064-3, é tão segura quanto seus equivalentes convencionais. No âmbito das competências que lhe são atribuídas pelo art. 14 da Lei 11.105/05, a CTNBio considerou que o pedido atende às normas e às legislações vigentes que visam garantir a biossegurança do meio ambiente, agricultura, saúde humana e animal, e concluiu que a cana-de-açúcar geneticamente modifica, evento CTC75064-3, é substancialmente equivalente à cana-de-açúcar convencional, sendo seu consumo seguro para a saúde humana e animal. No tocante ao meio ambiente, a CTNBio concluiu que a cana-de-açúcar geneticamente modificada, evento CTC75064-3, não é potencialmente causadora de significativa degradação do meio ambiente, guardando com a biota relação idêntica à cana-de-açúcar convencional.

A CTNBio considera que essa atividade não é potencialmente causadora de significativa degradação do meio ambiente ou de agravos à saúde humana e animal. As restrições ao uso do OGM em análise e seus derivados estão condicionadas ao disposto na Lei 11.460, de 21 de março de 2007.

A análise da CTNBio considerou os pareceres emitidos pelos membros da Comissão; documentos aportados na Secretaria Executiva da CTNBio pela requerente; resultados de liberações planejadas no meio ambiente e textos relacionados. Foram também considerados e consultados estudos e publicações científicas independentes da requerente e realizados por terceiros, bem como as análises já realizadas em outros países pelos respectivos órgãos de regulamentação de organismos geneticamente modificados.

Restrições ao uso do OGM e seus derivados:

Conforme estabelecido no art. 1º da Lei 11.460, de 21 de março de 2007, “ficam vedados a pesquisa e o cultivo de organismos geneticamente modificados nas terras indígenas e áreas de unidades de conservação”.

Monitoramento

A CTNBio não identificou risco não negligenciável, estando a empresa isenta do plano de monitoramento pós-liberação comercial, conforme determina o parágrafo 2, do artigo 9º da Resolução Normativa 24 da CTNBio. Caso eventual risco não negligenciável resulte da liberação comercial do OGM, a empresa deverá comunicar à CTNBio no prazo de 30 dias úteis após a identificação do fato, conforme determina o parágrafo 4 do artigo 9º da Resolução Normativa 24 da CTNBio.

Bibliografia

ALMEIDA, L.C. Broca da cana causa prejuízos milionários. 2016. Disponível em: <http://www.canalbioenergia.com.br/artigoprejuizos-bilionarios-causados-pela-broca-da-cana/>. Acessado em 05/06/2020.

AUSTRALIAN GOVERNMENT (2011). The Biology of the Saccharum spp. (Sugarcane). Disponível em [http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/biologysugarcane-toc/\\$FILE/biologysugarcane11.pdf](http://www.ogtr.gov.au/internet/ogtr/publishing.nsf/Content/biologysugarcane-toc/$FILE/biologysugarcane11.pdf). Acessado em 25/06/2019.

CERA - CENTER FOR ENVIRONMENTAL RISK ASSESSMENT, ILSI RESEARCH FOUNDATION (2011). A review of the environmental safety of the Cry1Ac protein. Environmental biosafety research, v. 10, n. 2, p. 27-49. Disponível em: <https://www.ebr-journal.org/articles/ebp/pdf/2011/02/ebp120002-s.pdf>

CODEX ALIMENTARIUS COMMISSION (2003). Joint FAO/WHO Food Standards Programme, Food and Agriculture Organization. Codex Principles and Guidelines on Foods Derived from Biotechnology. 26th session, Rome, Italy. 30 June–7 July, 2003. Report on the 4th session of the Codex ad hoc intergovernmental task force on foods derived from biotechnology. Yokohama, Japan, 11–14 March, 2003, ALINORM 03/34A, 1–56.

DANIELS, J., ROACH, B.T. (1987). Taxonomy and evolution. In: Heinz, D.J. Sugarcane. Improvement through Breeding. Elsevier, Amsterdam, 1987. p. 7-84.

D'HONT, A., GRIVET, L., FELDMAN, P., RAO, S., BERDING, N., GLASMANN, J.C. (1996). Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. *Molecular and General Genetics*, 250, p. 405-413.

DILLON, S.L., SHAPTER, F.M., HENRY, R.J., CORDEIRO, G., IZQUIERDO, L., LEE, L.S. (2007). Domestication to crop improvement: genetic resources for *Sorghum* and *Saccharum* (*Andropogoneae*). *Annals of Botany*, 100(5), p. 975-989.

GARCIA, A.A.F. et al. (2013). SNP genotyping allows an in-depth characterisation of the genome of sugarcane and other complex autopolyploids. *Scientific Reports* 3: 3399.

GRIVET, L., ARRUDA, P. (2002). Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an important tropical crop. *Current Opinion in Plant Biology*, 5(2), p.122-127.

MATSUOKA, S., GARCIA, A. A. F., & CALHEIROS, G. C. (1999). Hibridação em cana-de-açúcar. *Hibridação Artificial de Plantas*. Viçosa: Editora UFV, p. 221-254.

MIOCQUE, J.Y. (1977). Review of sugarcane varieties and breeding in Brazil. *Sugar Journal*, 40(7), p. 9-13.

MOORE, P.H., PATERSON, A.H., TEW, T. (2014). Sugarcane: the crop, the plant, and domestication. *Sugarcane: physiology, biochemistry and functional biology*. Wiley Blackwell, Oxford, p. 1-17.

OECD (2011). Consensus Document on Compositional Considerations for New Varieties of SUGARCANE (*Saccharum* spp. hybrids): Key Food and Feed Nutrients, Anti-nutrients and Toxicants. OECD Environment, Health and Safety Publications Series on the Safety of Novel Foods and Feeds. Paris. Disponível em: <http://www.oecd.org/env/ehs/biotrack/49343153.pdf>.

SREENIVASAN, T.V., AHLOOWALIA, B.S., HEINZ, D.J. (1987). Cytogenetics. Chapter 5, In: DJ Heinz, ed. *Sugarcane improvement through breeding*. Elsevier Amsterdam. p. 221-253.

Data: 15/09/2020

Paulo Augusto Viana Barroso

Presidente da CTNBio



Documento assinado eletronicamente por **Paulo Augusto Vianna Barroso, Presidente da Comissão Técnica Nacional de Biossegurança**, em 17/09/2020, às 09:24 (horário oficial de Brasília), com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site <http://sei.mctic.gov.br/verifica.html>, informando o código verificador **5887092** e o código CRC **10AB53EA**.