INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA GOIANO CAMPUS RIO VERDE – GO DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS-AGRONOMIA

DESEMPENHO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS PRÉ-COMERCIAIS DE SORGO SACARINO NO CENTRO-OESTE E SUL BRASILEIRO

Autor: Leandro Pavani de Oliveira

Orientador: Dr. Fernando Higino de Lima e Silva

INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA GOIANO CAMPUS RIO VERDE – GO DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS-AGRONOMIA

DESEMPENHO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS PRÉ-COMERCIAIS DE SORGO SACARINO NO CENTRO-OESTE E SUL BRASILEIRO

Autor: Leandro Pavani de Oliveira Orientador: Dr. Fernando Higino de Lima e Silva

Dissertação apresentada, como parte dos requisitos para a obtenção do título de MESTRE EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS-AGRONOMIA ao programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias-Agronomia do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – Campus Rio Verde

RIO VERDE – GO Dezembro, 2019

Sistema desenvolvido pelo ICMC/USP Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) Sistema Integrado de Bibliotecas - Instituto Federal Goiano

OLIVEIRA, LEANDRO PAVANI DE OLIVEIRA, LEANDRO PAVANI DE

DESEMPENHO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS PRÉCOMERCIAIS DE SORGO SACARINO NO CENTRO-OESTE E SUL
BRASILEIRO / LEANDRO PAVANI DE OLIVEIRA; orientador
FERNANDO HIGINO DE LIMA E SILVA; co-orientador PABLO
DIEGO DA SILVA CABRAL. -- Rio Verde, 2019.
24 p. OL437

Dissertação (em MESTRADO CIÊNCIAS AGRÁRIAS-AGRONOMIA) -- Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, 2019.

1. SORGHUM BICOLOR. 2. DISTÂNCIA DE MAHALANOBIS.
3. MELHORAMENTO GENÉTICO. 4. MÉTODO DE TOCHER . 5. VARIABILIDADE GENÉTICA. I. LIMA E SILVA, FERNANDO HIGINO DE, orient. II. CABRAL, PABLO DIEGO DA SILVA, co-orient. III. Título.



Repositório Institucional do IF Goiano - RIIF Goiano Sistema Integrado de Bibliotecas

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO PARA DISPONIBILIZAR PRODUÇÕES TÉCNICO-CIENTÍFICAS NO REPOSITÓRIO INSTITUCIONAL DO 1F GOIANO

Com base no disposto na Lei Federal nº 9.610/98, AUTORIZO o Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, a disponibilizar gratuitamente o documento no Repositório Institucional do IF Goiano (RIIF Goiano), sem ressarcimento de direitos autorais, conforme permissão assinada abaixo, em formato digital para fins de leitura, download e impressão, a título de divulgação da produção técnico-científica no IF Goiano.

Identificação da Produção Técnico-Científica

[] Tese	Artigo Científico
⋉] Dissertação	[] Capítulo de Livro
[] Monografia – Especialização	[] Livro
[] TCC - Graduação	[] Trabalho Apresentado em Evento
[] Produto Técnico e Educacional - T	ïpo:
Nome Completo do Autor: Leandro Pa Matrícula:2018102310140109. Título do Trabalho: Desempenho e Sacarino no Centro-Oeste e Sul Brasil	Diversidade Genética de Híbridos Pré-Comerciais de Sorgo
Restrições de Acesso ao Documen	to
Documento confidencial: [] Não [] não estará disponível em acesso a resultados por um período de 3 anos.	[] Sim, justifique: O artigo está em trabalho de submissão e berto, dessa forma, solicitamos que não seja divulgado os
Informe a data que poderá ser dispon O documento está sujeito a registro d O documento pode vir a ser publicado	ibilizado no RIIF Goiano: 16/02/2023 le patente? [] Sim [X] Não o como livro? [] Sim [X] Não
DECLARAÇÃO	DE DISTRIBUIÇÃO NÃO-EXCLUSIVA
e não infringe os direitos de qualquer 2. obteve autorização de quaisq direitos de autor/a, para conceder ao direitos requeridos e que este mater identificados e reconhecidos no texto 3. cumpriu quaisquer obrigações	uer materiais inclusos no documento do qual não detém os Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano os rial cujos direitos autorais são de terceiros, estão claramente ou conteúdo do documento entregue; exigidas por contrato ou acordo, caso o documento entregue ou apoiado por outra instituição que não o Instituto Federal de
Llomotro F	Autor e/ou Detentor dos Direitos Autorais
Ciente e de acordo:	sinatura do(a) orientador(a)

INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA GOIANO – CÂMPUS RIO VERDE DIRETORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS-AGRONOMIA

DESEMPENHO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS PRÉ-COMERCIAIS DE SORGO SACARINO NO CENTRO-OESTE E SUL BRASILEIRO

Autor: Leandro Pavani de Oliveira Orientador: Dr. Fernando Higino de Lima e Silva

TITULAÇÃO: Mestre em Ciências Agrárias-Agronomia - Área de Concentração em Produção Vegetal Sustentável no Cerrado.

APROVADA em, 16 de dezembro de 2019.

Prof. Dr. Pablo Diego Silva Cabral Avaliador externo

Palls DS C

IF Goiano - Campus Rio Verde

Prof. Dr. Pablo da Costa Gontijo

Avaliador interno

IF Goiano – Campus Rio Verde

Prof. Dr. Fernando Higino de Lima e Silva

Presidente da banca

IF Goiano - Campus Rio Verde

AGRADECIMENTOS

Agradeço acima de tudo a Deus Pai, todo poderoso, que em todo tempo está ao meu lado dando forças para prosseguir e não desanimar, a seu filho Jesus por derramar graças ao meu coração nas horas de dificuldade e ao Espirito Santo que consola minha alma em todos os momentos.

Obrigado em especial a minha família, mãe, pai e irmãos.

Agradeço ao grupo do Melhoramento do IF Goiano e aos meus orientadores Dr. Pablo e Dr. Fernando, pela parceria e orientação.

Gratidão a todos os amigos pelo incentivo e amizade ao longo da jornada.

BIOGRAFIA DO ALUNO

Leandro Pavani de Oliveira nasceu na cidade de Rio Verde-Goiás no ano de 1988, filho de Maria Conceição Pavani da Silva e Arinaldo Pereira de Oliveira, formou-se em 2017 em Ciências Biológicas pelo Instituto Federal Goiano Campus Rio Verde e no mesmo ano iniciou os estudos no Programa Pós-Graduação em Ciências Agrárias-Agronomia, também pelo Instituto Federal Goiano Campus Rio Verde.

ÍNDICE GERAL

	Página
ÍNDICE DE TABELAS	vi
LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE SÍMBOLOS, SIGLAS E TABELAS	viii
RESUMO	ix
ABSTRACT	x
INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERÊNCIAS	5
OBJETIVOS	8
CAPÍTULO I	9
RESUMO	9
INTRODUÇÃO	10
MATERIAL E MÉTODOS	11
RESULTADOS E DISCUSSÃO	12
CONCLUSÕES	21
REFERÊNCIAS	22

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1.	Resumo da aná	lise de variâ	ncia para I	Massa Seca (MS), Mas	sa Freso	ca (MF),
Etanol (E7	Γ), Teor de Sólio	dos Solúveis	(SST), Al	tura de Plant	as (ALT)	e Flores	scimento
(FLOR)	avaliados	em	Passo	Fundo,	RS	e	Sinop,
MT							13
Tabela 2.	Teste de média	as para Mas	sa Seca, N	Iassa Fresca	Etanol, 7	Геог de	Sólidos
	Altura de Plant	-					
	em		-			_	
		-					
Tabela 3.	Dissimilaridade	es entre 10	genótipos (de sorgo sac	arino aval	iados e	m Sinop
	diagonal princi		- 1	_			-
	-	•		generaliza	-	-	
	ois			gonoranz			17
1,1411414110	313				•		
T 1 1 4	G . 11 ~	1 . 1	., .	11	. 1 1		(G :)
	Contribuição			-	_		. •
-	entre 10 genóti				-		
RS,				om	_		
			•••••	•••••	•••••	•••••	20
Tabala 5	A arunamanta fa	rmada nala	mátada da	otimização d	la Taabar .	aanaida	randa aa
	Agrupamento fo	-		•			
	genótipos		-			em	
ambientes.							21

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	1.	Dispe	rsão (da di	ssir	nilari	idade	expr	essa	ıda j	pela	distân	cia	gen	erali	izada	de
Mahala	nobi	s entre	e pares	s de c	ulti	vares	de so	rgo s	acaı	rino a	avali	ados e	m P	asso	Fun	ido, R	lS e
Sinop,	MT.	Q1:	quadi	rante	1;	Q2:	quad	rante	2;	Q3:	qua	drante	3 (e Q	4: q	uadra	ınte
4			_				_										.18

LISTA DE SIGLAS

Anova	Análise de variância
ALT	Altura
Conab	Companhia Nacional de Abastecimento
Brix	Escala de Sólidos Solúveis: criada por
	Adolf Ferdinand Wenceslaus Brix,
CV	Coeficiente de Variação
Embrapa	Empresa Brasileira de Agricultura e
_	Abastecimento
ET	.Etanol
FLOR	.Florescimento
FV	.Fonte de Variação
GL	.Grau de Liberdade
GxE	.Genótipo x Ambiente
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e
	Estatística
k	Potássio
Kg	Kilograma
M	Metro
MAPA	.Ministério da Agricultura Pecuária
	Abastecimento
MF	Massa Fresca
MS	Massa Seca
N	Nitrogênio
O	Oxigênio
P	Fósforo
S	South
SST	Teor de Sólidos Solúveis

RESUMO

O sorgo (Sorghum bicolor (L) Moench) é espécie da família Poacea, de origem africana que chegou ao Brasil no século XX. De acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento em 2018 havia no Brasil 583 cultivares de sorgo e que, nos últimos 30 anos, apresentou considerável acréscimo na produção. O sorgo é comumente cultivado em regiões áridas e de clima quente, pois apresenta resistência à seca e ao calor devido ao seu metabolismo fotossintético do tipo C4. Do ponto de vista citogenético, todos os tipos sorgo possuem o mesmo complemento cromossômico de 2n = 20, e são reconhecidas hoje como variantes da mesma planta. Na condução de um programa de melhoramento genético, o sucesso está relacionado na existência de variabilidade na população de trabalho. Pesquisas que priorizam a diversidade e a variabilidade levando em conta tanto a dissimilaridade ou similaridade genética em culturas de grande importância agronômica vêm se fazendo cada vez mais relevantes para o melhoramento vegetal. São de considerável importância procedimentos a fim de estimar medidas de dissimilaridade com bases em variáveis quantitativas (distâncias euclidianas ou de Mahalanobis), binárias e multicategóricas, entre pares de materiais genotípicos, destinados à análise de agrupamento para avaliação da diversidade genética. Após gerada a matriz de dissimilaridade utilizando a distância de Mahalanobis, utiliza-se os métodos agrupamento de otimização que permitem estabelecer grupos em que exista homogeneidade, e heterogeneidade entre os mesmos. Nos métodos de otimização, como o de Tocher, realiza-se a divisão do conjunto de indivíduos (genótipos) em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida reestabelecida. Estabelece critério de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre qualquer grupo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L) Moench, melhoramento genético, distância de Mahalanobis, Tocher.

ABSTRACT

Sorghum (Sorghum bicolor (L) Moench) is a Poacea family species, from African origin and arrived in Brazil in the twentieth century. According to the Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento in 2018 there are 583 cultivars of sorghum in Brazil and over the past 30 years has shown a considerable increase in production. Sorghum is commonly grown in arid and warm climate regions, as has drought and heat resistance due to its C4 type photosynthetic metabolism. From a cytogenetic point of view, all sorghum types have the same chromosome complement of 2n = 20, and are now recognized as variants of the same plant. In conducting a breeding program, success is related to the existence of variability in the evaluated population. Research that prioritizes diversity and variability, taking into account both dissimilarity or genetic similarity in crops of great agronomic importance, is becoming increasingly relevant for plant breeding. Procedures for estimating dissimilarity measures based on quantitative (Euclidean or Mahalanobis distances), binary and multi-categorical, between pairs of genotypic materials, for cluster analysis to evaluate genetic diversity, are of considerable importance. After the dissimilarity matrix is generated using the Mahalanobis distance, the optimization clustering methods are used to establish groups where there is homogeneity within the groups, and heterogeneity between them. In optimization methods, such as Tocher's, the group of individuals (genotypes) are divided into nonempty and mutually exclusive subgroups by maximizing or minimizing some reestablished measure. It establishes the criterion that the average dissimilarity measures within each group should be less than the average distances between any group.

Keywords: Sorghum bicolor (L) Moench, genetic improvement, Mahalanobis distance, Tocher.

INTRODUÇÃO GERAL

O sorgo é uma espécie que pertence à família *Poacea*, gênero *Sorghum* e apresenta um conjunto diversificado de características agronômicas e morfológicas (Filho, 2015; Silva, 2017). Gramínea de origem africana, a domesticação do sorgo pode ter ocorrido por volta de 3.000 AC, de acordo com levantamento arqueológicos, em paralelo com a domesticação e cultivo de outros cereais (França, 2017).

No Brasil, o sorgo foi introduzido no início do século XX, principalmente através de iniciativas e esforços de institutos de pesquisa e universidades (Silva, 2017). No início observou-se resistência para ser reconhecida como cultura comercial, porém, nos últimos 30 anos, houve considerável aumento na produção em virtude de maior procura de fontes de proteína animal, que demandou no consumo de ração, desenvolvimento de híbridos adaptados a diversas regiões e criação nos anos 1990 do grupo Pró-Sorgo/APPS (Associação Paulista de Produção de Sementes e Mudas), que teve apoio da Embrapa Milho e Sorgo nas ações institucionais de divulgação (Duarte, 2010; Coelho, 2002).

É considerável o aumento da produção nos últimos 30 anos. Segundo dados Conab 2018, da década de 1990 até o ano de 2018, houve aumento na produção de média de 50 para 400 toneladas por hectare do sorgo forrageiro e para o sorgo granífero houve aumento de média de 480 para 2000 toneladas por hectare.

Em 2018 de acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento havia no Brasil 583 cultivares de sorgo (*Sorghum bicolor* (L) Moench) estas estão habilitadas para a produção e a comercialização de sementes (Mapa, 2019).

O sorgo divide-se em cinco grupos: sorgo granífero - grupo de porte baixo adaptados a colheita mecânica, sorgo forrageiro - utilizado principalmente para pastejo, corte verde, fenação e cobertura morta; sorgo sacarino - utilizado para a fabricação de açúcar e álcool; sorgo vassoura - a partir das panículas são confeccionadas vassouras; e o sorgo biomassa - utilizado para o fornecimento de matéria-prima para queima direta em industrias termoelétricas (Buso, 2011; França, 2017; May, 2013).

Do ponto de vista citogenético, todos os tipos sorgo possuem complemento cromossômico de 2n = 20, e são reconhecidas hoje como variantes da mesma planta *Sorghum bicolor* (National Research Council, 1996).

No que tange ao sistema reprodutivo, o sorgo apresenta, predominantemente, a autogamia, com baixa taxa de fecundação cruzada, que varia de 5 a 20 % conforme o

ambiente e o genótipo. Ainda, possuem flores completas e em geral não apresentam autoesterilidade (Rooney, 2004).

O sorgo é essencialmente cultivado em regiões áridas e de clima quente por possuir resistência à seca e ao calor devido a seu metabolismo fotossintético do tipo C4, que confere considerável adaptabilidade, rusticidade e versatilidade em ambientes de clima tropical e com altas temperaturas (Santos, 2015; Encyclopedia Britannica, 2019).

Os estados das regiões Centro-Oeste e Sudeste possuem a maior produção nacional de sorgo granífero, sendo o estado de Goiás o maior produtor e exportador deste grão. Ainda em Goiás, na safra de 2018, foram plantados 284 mil hectares de sorgo, que correspondeu a maior área plantada do país, correspondendo a produção em grãos de 978 mil toneladas, aumento este, de 200 mil toneladas em relação à safra do ano anterior (Ibge, 2018).

Segundo levantamento realizado pelo IBGE e Secretária de Planejamento do Estado de Goiás, desde o ano de 1998 o Estado lidera a produção de sorgo em grãos, sendo o município de Paraúna, estabelecido na mesorregião sul do estado, o maior produtor da cultura, totalizando 20% da produção estadual (Ibge, 2018).

Neste sentido, pela importância observada da cultura do sorgo justificam-se trabalhos que objetivam obtenção materiais genéticos superiores para a região em apreço.

O sucesso do melhoramento genético exige a existência de variabilidade na população de trabalho (Cruz, 2008). Assim sendo, é indispensável no início do programa de melhoramento conhecer a diversidade genética dos genótipos pertencentes às populações de trabalho (Souza, 2017).

A eficiência na escolha de materiais genéticos pode ser alcançada através da observação de diversas informações para a cultura do sorgo dentro de cada região. Dentre essas informações, as seguintes características devem ser levadas em consideração, como a adaptação à região, potencial produtivo, resistência ao acamamento de colmo e de raiz, ciclo, doenças e pragas, níveis de pluviosidade, estresse hídrico, rendimento da biomassa. Com base nessas informações, as quais devem ser atualizadas periodicamente e de acordo com as necessidades do agricultor, é possível selecionar o híbrido ou variedade mais apropriados para um sistema de produção específico (Coelho, 2002).

As pré-cultivares produzidas por entidades oficiais e particulares são testadas em vários locais do Brasil, através dos Ensaios Nacionais de Sorgo, auxiliadas pela Embrapa – Milho e Sorgo, a fim de proceder a avaliação do rendimento e do comportamento dessas

cultivares. Todavia a seleção de pré-cultivares superiores não é fácil, uma vez que os caracteres de interesse apresentam herança quantitativa e são facilmente influenciados pelo ambiente em que estão (Coelho,2002; Araújo, 2011).

Trabalhos que priorizam a diversidade e a variabilidade levando em conta tanto a dissimilaridade ou similaridade genética em culturas de grande importância agronômica vêm se tornando cada vez mais relevantes para o melhoramento vegetal (Kopp, 2007).

A expressão fenotípica de um indivíduo é a resposta da interação do efeito genotípico e o ambiente no qual está submetido. A presença da interação provoca aumento do desvio padrão fenotípico, reduzindo a herdabilidade ao longo dos ambientes e, consequentemente, diminuindo os ganhos genéticos potenciais (Takahashi et al.2014).

Os estudos sobre a interação genótipos x ambientes são de grande importância para os programas de melhoramento e proporcionam informações úteis à seleção. Para isso, deve se realizar estudos de adaptabilidade e estabilidade, que é a quantificação da interação e performance em diferentes ambientes, com as quais se torna possível identificar cultivares de comportamento previsível e que sejam responsivas às variações ambientais, tanto em condições específicas ou condições amplas (Cruz 2004). As características (caracteres ou variáveis resposta) são classificadas como qualitativas, apresentam um padrão de herança simples (monogênica ou oligogênica), que se baseia nas proporções das classes fenotípicas, avaliadas nas descendências de cruzamentos ou quantitativas, apresentam herança complexa (poligênica), são comumente condicionados por muitos genes com efeitos individuais pequenos e muito influenciados pelo ambiente (Souza, 2017).

São utilizados procedimentos a fim de estimar medidas de dissimilaridade com bases em variáveis quantitativas (distâncias euclidianas ou de Mahalanobis), binárias (Jaccard, Nei e li etc.) e multicategóricas, entre pares de materiais genotípicos, destinados à análise de agrupamento para avaliação da diversidade genética (Cruz 2008). Após gerada a matriz de dissimilaridade utiliza-se os métodos agrupamento de otimização que permitem estabelecer grupos em que exista homogeneidade dentro dos grupos, e heterogeneidade entre os mesmos. Nos métodos de otimização, como o de Tocher, realiza-se a divisão do conjunto de indivíduos (genótipos) em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida reestabelecida. Estabelece critério de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre qualquer grupo (Cruz, 2008).

Face ao exposto, estudos nesse sentido são importantes na seleção de matérias geneticamente superiores a fim de atender a crescente busca por fontes alternativas para produção de bioenergia.

REFERÊNCIAS

Araújo, B. L. Arnhold, E. Junior, E. D. O. Lima, C. F. Parâmetros genéticos em cultivares de sorgo granífero avaliados em safrinha. Revista Trópica: Ciências Agrárias e Biológicas.Universidade Federal do Maranhão, 2011.

Buso, W.H.D. et al. Utilização do sorgo forrageiro na alimentação animal. PUBVET, Londrina, V. 5, N. 23, Ed. 170, Art. 1145, 2011.

Coelho A. M., Waquil, J.M., Karam D., Casela C.R., Ribas M. Seja Doutor Do Seu Sorgo. Arquivo Do Agrônomo - Nº 14.Encarte do Informações Agronômicas Nº 100 – Dezembro/2002. Disponível em www.cnms.embrapa.br/sorgo/doutorsorgo.pdf acesso em 01/04/2019.

Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

Cruz, Cosme Damião. Progama: Genes: diversidade genética. Viçosa, Minas Gerais: Ed. UFV, 279 páginas, 2008.

Duarte, J.O. Sistemas de Produção 2, Cultivo do Sorgo. Embrapa Milho e Sorgo.6º edição setembro de 2010.

Embrapa Milho e Sorgo Sistemas de Produção, Cultivo do Sorgo, ISSN 1679-012X Versão Eletrônica - 6 ª edição Set./2010.

Encyclopedia Britannica- Sorghum: Nutrition, Uses e description. Disponível em: www.britannica.com/plant/sorghum-grain- Acesso em 21/03/2019.

Fernanda dos Santos, Rayssa et al. Sorgo Sacarino na produção de Agroenergia. Revista Brasileira de Energias Renováveis, Palotina R, v. 4, p. 01-12, abr. 2015.

Filho, I., A., Rodrigues, J., V., A., S., editores técnicos – Sorgo: o produtor pergunta a EMBRAPA responde. Brasília, DF: Embrapa, 2015. 327 páginas.

França Ivan Silva, SILVA José Cristológo de Sales, LIMA Pedro Queiroz de. A importância do sorgo na pecuária bovina leiteira no Brasil. Revista eletrônica on-line Nutritime Viçosa, v.14, n.01, . 4964-4969, jan/fev 2017.

Friske, É. Diversidade genética e mapeamento por associação em linhagens de milho para a maturação de grãos. Universidade Estadual do Oeste do Paraná, dissertação, fevereiro de 2016.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA Acesso em 27 de setembro de 2018.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – Elaboração: Instituto Mario Borges/ SEGPLAM-GO/ Gerência de Sistematização e Disseminação de Informações Socioeconômicas-2018.

Kopp, M., Souza, V.,Q. Coimbra, J.,L.,M. Luzv.,K. Marini, N. Oliveira A.,C. Melhoria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendrogramas. Revista da FZVA. Uruguaiana, v.14, n.2, p. 46-53. 2007.

May, A.; Silva, D. D.; Santos, F. C. Cultivo do sorgo biomassa para cogeração de energia elétrica Embrapa milho e sorgo. 2ª ed. Sete Lagoas Embrapa, 69 p. v. 1°, 2013.

Ministério da Agricultura e Abastecimento(MAPA). Cultivar Web, Registro Nacional de Cultivares. Disponível em: http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares registradas. php, acesso em junho de 2019.

National Research Council, Policy and Global Affairs, Development, Security, and Cooperation. Lost Crops of Africa: Volume I: Grains (1996) Chapter: 10 Sorghum: Specialty Types p.177, 1996.

Rosa, D., P., et al. Genetic diversity in soybean seed quality under different storage conditions. Revista Semina, Ciências Agrárias, Londrina, v.38, n.1, .57-72, jan./fev.2017.

Rooney, W. L. Sorghum Improvement - Integrating Traditional and New Technology to Produce Improved Genotypes. Advances in Agronomy. 83:37-109, 2004.

Silva M.J., Pastina M.M., de Souza V.F., Schaffert R.E., Carneiro P.C.S., Noda R.W., et al. (2017) Phenotypic and molecular characterization of sweet sorghum accessions for bioenergy production. PLOS ONE, Viçosa MG, August 17, 2017.

Souza, M. S. Análises discriminantes não paramétricas aplicadas ao estudo da diversidade genética baseado em dados fenotípicos quantitativos. 2017. 78 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia Tropical) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus, 2017

Takahashi, A. Interação genótipo x ambiente para produção de grãos e podridões de colmo em milho. Jaboticabal, 2014, 94 p. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2014.

Xiong H., Qin J.; Shi A. Genetic differentiation and diversity upon genotype and phenotype in cowpea. Euphytica, 2018.

OBJETIVOS

Geral

Estimar a diversidade genética entre híbridos pré-comerciais de sorgo em duas diferentes regiões, mediante caracteres quantitativos.

Específicos

Quantificar a diversidade genética por meio de caracteres quantitativos e confeccionar gráficos de dispersão da dissimilaridade para representação da diversidade genética existente;

Estimar a contribuição relativa das variáveis para a diversidade genética; Indicar possíveis cruzamentos entre os híbridos;

Fornecer dados sobre a performance dos híbridos pré-comerciais em diferentes ambientes para em futuros estudos determinar os melhores híbridos para comercialização em larga escala.

CAPÍTULO I

(Formatação de acordo com a revista Renewable Energy)

DESEMPENHO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE HÍBRIDOS PRÉ-COMERCIAIS DE SORGO SACARINO NOCENTRO-OESTE E SUL BRASILEIRO

RESUMO

O sorgo sacarino é fonte promissora na produção de etanol. Trabalhos de diversidade genética são úteis para pesquisas relacionadas ao cultivo de sorgo sacarino, que permitem entender a relação e a performance entre acessos e ajudam no desenvolvimento de novas cultivares. Para isto, dois experimentos compostos por 10 híbridos de sorgo sacarino foram instalados na época da safra de 2015/16 nos municípios de Sinop, Mato Grosso e em Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brasil. As características avaliadas foram: produção de massa fresca, produção de matéria seca, produtividade de etanol por hectare, teor de sólidos solúveis, altura de plantas e florescimento. Para o agrupamento de médias utilizou o teste de Skott-Knott. A distância genética entre pares de genótipos foi calculada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D_{ij}^2) formando uma matriz de dissimilaridade para cada ambiente. Foi realizado um teste de correlação entre as matrizes e comparado pelo teste de Mantel. Posteriormente, o método de otimização de Tocher foi utilizado para agrupar as cultivares, cinco grupos foram formados. A contribuição relativa das variáveis para a distância genética foi avaliada de acordo com os critérios descritos por Singh. Observou que, para ambos ambientes as variáveis massa fresca, etanol, florescimento e altura foram significativas, demonstrando a influência do ambiente no comportamento dos híbridos. Os cruzamentos entre os genótipos 8 e 4 (EXP2 e N31H2358), para Passo Fundo, e 10 e 9 (N31L5010 e N32J3252), para Sinop, podem ser favoráveis, pois todos esses genótipos apresentam boas características agronômicas e tecnológicas. Os cruzamentos entre N31H2358 x EXP1 (4x7) e N31H2358 x N32J3252 (4x9) são promissores para a obtenção de populações segregantes superiores para ambos ambientes, pois têm os maiores valores de diversidade.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L) Moench, energia renovável, distância de Mahalanobis, Tocher.

INTRODUÇÃO

O sorgo sacarino (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) é um dos principais tipos de sorgo cultivado, caracterizado pelo acúmulo de altos níveis de açúcar no colmo e de elevado potencial para a geração de bioenergia [1, 2]. Os híbridos de sorgo sacarino apresentam elevada produção de biomassa, excelente fonte de matéria-prima para produção de etanol e utiliza basicamente os mesmos equipamentos do processamento da cana, da colheita à destilação, diminuindo a ociosidade das usinas na entressafra da cana e aumenta a produção e a oferta do produto no mercado [3]. Uma das vantagens é que o custo de produção do sorgo sacarino para produção de etanol combustível é menor do que outras culturas e o caldo obtido do colmo possui excelente qualidade, pois é de grande digestibilidade, desta forma recomenda-se para alimentação animal e também para cogeração de energia [4, 5].

O Brasil é destaque na produção de energias de fontes renováveis e apresenta cultivares de sorgo desenvolvidas pela Embrapa que visam atender a demanda na produção e consumo de etanol. O sorgo sacarino apresenta alto potencial na produção de colmos, alcançando produção de até 80 toneladas por hectare, associado a altos teores de açúcares fermentáveis no caldo (18 a 22 °Brix) e com ótimo padrão de fermentação. [6]

Mundialmente existem diversas cultivares de sorgo que podem fornecer base genética diversificada para desenvolver plantas mais produtivas, no entanto, mesmo com tais vantagens ainda há limitação na produção industrial de etanol utilizando o sorgo sacarino [7]. Nesse sentindo, os estudos de diversidade genética são úteis para pesquisas relacionadas ao cultivo de sorgo sacarino, que permitem entender a relação e a performance entre acessos, e ajudam a definir estratégias de identificação de pais superiores para o desenvolvimento de novas cultivares [5]. Em programas de melhoramento as informações inerentes a diversidade genética são essenciais para a identificação das melhores combinações híbridas [8]. O estudo da diversidade genética utilizando técnicas multivariadas é fundamental para a execução de um programa de melhoramento, que indicará qual melhor combinação de alelos favoráveis para a obtenção das características de interesse [9,10, 11].

As técnicas biométricas são comumente utilizadas para avaliar a divergência genética e a predição da diversidade genética pode ser feita por vários métodos de análises multivariada. Os métodos aglomerativos estão relacionados com as medidas de

dissimilaridades estimadas previamente, como a distância euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis. Entretanto, a distância de Mahalanobis tem sido amplamente utilizada, porque leva em consideração as matrizes de covariância residuais estimadas a partir de ensaios experimentais com repetições [10, 11].

Nesse sentindo o presente estudo objetivou estimar a diversidade genética entre híbridos pré-comerciais de sorgo em duas diferentes regiões, mediante caracteres quantitativos.

MATERIAL E MÉTODOS

Dois experimentos foram instalados na época da safra de 2015/16 (novembro a abril), nos municípios de Sinop, Mato Grosso (11° 51' 51" S; 55° 30' 09" W e altitude de 345m) e em Passo Fundo, Rio Grande do Sul (28° 15' 46" S; 52° 24' 24" W e altitude de 687 m), Brasil.

Os experimentos foram compostos por 10 híbridos pré-comerciais de sorgo sacarino fornecidos pela empresa Nexsteppe Sementes do Brasil. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por quatro fileiras de cinco metros, espaçadas 0,50 m com população de 120.000,00 plantas por hectare, sendo que as avaliações foram realizadas nas duas fileiras centrais de cada parcela na época de maturação fisiológica. A semeadura foi realizada a 0,05 m de profundidade com adubação de base de 0,5 kg de N, 90 kg de P₂O₅ e 140 kg de K₂O por hectare. No 30° dia após a semeadura foi realizada a adubação de cobertura com 400 kg de 20-00-20 (NPK). Todos os tratos culturais seguiram o recomentado por manual técnico da Embrapa (12).

As características avaliadas foram: produção de massa fresca (MF): determinado em kg/parcela, através da pesagem das plantas (completas) contidas em dois metros linear de cada parcela e convertidos para t.ha⁻¹; produção de matéria seca (MS): uma massa de 200 gramas foi amostrada em cada parcela e posta em estufa de ar forçado a 55º por sete dias, após, foi pesado em balança analítica para obtenção da umidade, que foi utilizada para transformar a MF em MS; produtividade de etanol por hectare (ETANOL): foi estimado em litros por hectare pele metodologia Consesorgo (é um exclusivo sistema de medição para pagamento de fornecedores, semelhante ao Consecana), disponibilizado pela empresa NexSteppe Sementes do Brasil; teor de sólidos solúveis (SST), expressos

em °Brix: foi aferido no quarto entrenó de três plantas amostradas aleatoriamente de cada parcela, com o auxílio de refratômetro digital de leitura automática; altura de plantas (ALT): medida em metros da inserção da planta no solo até a inserção da folha bandeira de cinco plantas de cada parcela e florescimento (FLOR): número de dias entre a emergência das plântulas até que 50% das plantas da parcela apresentassem a panícula.

Primeiramente, realizou-se uma análise de variância individual para cada ambiente (Sinop e Passo Fundo). Após, procedeu-se a análise de variância conjunta considerando os efeitos dos genótipos como fixo e o do ambiente como aleatório de acordo com a Equação 1:

$$Y_{ijk} = \mu + B/E_{jk} + G_i + E_j + GE_{ij} + e_{ijk}$$

Em que Y_{ijk} é o valor do genótipo no k-th bloco, no i-th genótipo e j-th ambiente; μ é média geral dos ensaios; B/E_{jk} é o efeito do bloco k dentro do ambiente j; Gi é efeito do i-th genótipo; E_j é o efeito do j-th ambiente; GE_{ij} é o efeito da interação do genótipo i com o ambiente j; e_{ijk} é o erro experimental associado a observação Y_{ijk} , com $e_{ijk} \sim N(0;s^2)$.

Para o agrupamento de médias utilizou o teste de Skott-Knott a 5% de probabilidade.

A distância genética entre pares de genótipos foi calculada utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D_{ij}^2) formando uma matriz de dissimilaridade para cada ambiente. Foi realizado um teste de correlação entre as matrizes e comparado pelo teste de Mantel baseado em 5000 permutações e pelo teste "t" a 1% de probabilidade. Posteriormente, o método de otimização de Tocher foi utilizado para agrupar as cultivares com base no critério de que o intragrupo é menor do que as distâncias intergrupais [4]. A contribuição relativa das variáveis para a distância genética foi avaliada de acordo com os critérios descritos por Singh [13]. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o *software* Genes [14].

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se efeito significativo na fonte de variação genótipos para as variáveis (MF), (ET) e (FLOR), indicando que houve diferença no comportamento entre híbridos

para essas variáveis (Tabela 1). Para ambientes, essas mesmas variáveis foram significativas e também (ALT), demonstrando influência do ambiente no comportamento dos híbridos.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para Massa Seca (MS), Massa Fresca (MF), Etanol (ET), Teor de Sólidos Solúveis (SST), Altura de Plantas (ALT) e Florescimento (FLOR) avaliados em Passo Fundo, RS e Sinop, MT.

FV	/ G.L		MF	ET	SST	ALT	FLOR
1 · V	U.L.	t.ha ⁻¹	t.ha ⁻¹	1.ha ⁻¹	°Brix	Metros	Dias
Genótipos	9	19,1 ^{ns}	279,5*	2346862*	8,01 ^{ns}	$0,04^{ns}$	104,9*
Ambientes	1	71,5 ^{ns}	4612,9**	8075960**	1,66 ^{ns}	2,89**	7326**
GxE	9	11,5**	74,5**	526025**	2,74*	0,04**	30,5**
Media		13,8	60,54	2632,8	12,46	3,26	78,05
CV		7,57	6,87	15,25	8,69	3,1	1,11

Ns: não significativo, * significativo a 5%, **significativo a 1%.

A interação genótipo por ambiente (GxE) foi significativa para todas as variáveis, indicando que os híbridos se comportam de forma diferente nos ambientes em estudo. O coeficiente de variação (CV%) variou de 1,11 a 15,25% para FLOR e ET, respectivamente, demonstrando boa precisão experimental. Souza [16] estudando a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 25 cultivares de sorgo sacarino, em cinco ambientes, observaram coeficiente de variação de 14.86 e 10.38%, para produtividade de biomassa fresca e de sólidos solúveis totais, respectivamente, valores superiores aos observados no presente trabalho.

Devido a interação GxE altamente significativa para todas as variáveis, procedeuse o estudo da diversidade genética entre os genótipos de sorgo sacarino separadamente para cada ambiente e investigou o impacto dessa interação na diversidade entre os pares de genótipos. Segundo Cruz [14], para prever os melhores cruzamentos é necessário levar em consideração a distância genética entre os genótipos, além da performance agronômica satisfatória, assim foram comparadas as médias dos genótipos para orientar os melhores cruzamentos (Tabela 2).

Para massa seca (MS), na localidade de Sinop, o melhor hibrido foi o EXP1 com 18.3 t.ha⁻¹, diferindo significativamente dos outros híbridos. Em Passo Fundo o melhor hibrido foi o N31L5010 com 17.0 t.ha⁻¹, porém não diferindo significativamente do N31I2365, do N31H2358 e do EXP1. As médias dos híbridos N42A2140, N31G2174, EXP1 e N32J3252 não diferiram entre os dois ambientes, indicando possível estabilidade

na produção de MS, sendo que o EXP1 obteve a melhor média dos ambientes e o ambiente de Passo Fundo obteve maior média em comparação ao ambiente de Sinop.

Zhao et al [15], avaliando o acúmulo de massa seca nas épocas da antese, 20 e 40 dias após a antese de cinco cultivares de sorgo sacarino em Beijing, China, observaram que há acúmulo significativo com o tempo após a antese e relataram produtividade de matéria seca de 13,2 a 24,5 t.ha⁻¹ em 2006 e 14,8 a 35,2 t.ha⁻¹ em 2007 para as cinco cultivares. Resultados estes superiores aos encontrados neste estudo. Vale ressaltar que os autores do estudo acima citado também observaram relação do acúmulo de matéria seca com dias até a antese e com ciclo dos cultivares, sendo que as cultivares que eles avaliaram tiveram de 85 a 121 dias para a antese e de 113 a 165 dias para a maturação fisiológica, que são superiores aos encontrados neste trabalho, além de que as cultivares e as condições ambientais são diferentes entre os trabalhos.

Para a massa fresca (MF) para Sinop e Passo Fundo a cultivar EXP1 foi o com maior produtividade de 65.9 e 80.1 t.ha⁻¹, respectivamente, diferindo significativamente de todos os outros cultivares. Observou que dentre os ambientes, o ambiente de Passo Fundo (69.3 t.ha⁻¹) favoreceu a maior produtividade de MF para todos os cultivares. Estudando a adaptabilidade e estabilidade de cultivares de sorgo sacarino em Sete Lagoas, Nova Porteirinha e Jaíba no estado de Minas Gerais, Pelotas, RS e Sinop, MT, Souza [16] observaram médias para MF de 50,97, 51,62, 39,86, 27,31, 46,86 t.ha⁻¹, respectivamente, e média geral dos ambientes de 43,32 t.ha⁻¹.

A principal variável para a indústria sucroalcoleira é a produtividade de etanol, nesse sentido, em Sinop, os híbridos EXP1, EXP2 e N32J3252 foram os com as maiores média, com 3475, 3004 e 2894 l.ha⁻¹, respectivamente, e o EXP1 em Passo Fundo (4396 l.ha⁻¹), diferindo de todos os outros híbridos. Dentre os mais produtivos o EXP1 obteve a maior média nos dois ambientes e o EXP2 e o N32J3252 não diferiram estatisticamente entre os ambientes, indicando alto potencial produtivo e possível estabilidade e adaptabilidade a ambos ambientes. Valores similares de produtividade de Etanol foram obtidos por [15] na China. Ratnavathik [17] avaliando a produtividade de Etanol de cinco cultivares de sorgo sacarino em Rajendranagar, Hyderabad, Indian, observaram produtividade de 1570 até 4500 l.ha⁻¹.

Para a variável solido solúveis totais (SST), os híbridos EXP1, EXP2 e N32J3252 se destacaram dos demais em Sinop, com 14,7, 14,2 e 13,2 °Brix, respectivamente, sendo

a média dos híbridos de 12.6. Para Passo Fundo, além desses três híbridos os N31H2358, N31G2091 e N31G2174 foram estatisticamente superiores aos demais híbridos, sendo que a média para esse ambiente foi de 12,3 °Brix. Os híbridos EXP1 e EXP2 se destacam com as melhores medias dos ambientes, indicando potencial para cultivo nesses ambientes. Souza et al.[16], avaliando 25 genótipos de sorgo sacarino em Sete Lagoas, Nova Porteirinha, Janaúba, Pelotas e Sinop, observaram médias de brix variando de 15,4 até 18.6°, média superior as encontradas neste trabalho.

A altura de plantas (AP) em Sinop variou de 2.89 até 3.20 m, para os híbridos N31G2174 e EXP2, respectivamente, com média de 3.05 m. Já em Passo Fundo, os híbridos N31G2091 e N31L5010 obtiveram as maiores médias com 3.65 m, sendo a média para a localidade foi de 3.49 m. Há evidência de correlação alta e positiva entre altura de plantas, tombamento e quebramento de colmo, assim não se deve selecionar plantas demasiadamente altas com baixa qualidade de colmo.

Observou-se grande diferença entre os ambientes para florescimento, para Sinop a média foi de 67 dias e para Passo Fundo foi de 89.1 dias. O que pode ser explicado pela influência do fotoperíodo no desenvolvimento das cultivares, uma vez que em dias curto as cultivares tendem a florescer mais cedo e com isso reduzem o porte da planta, a massa seca e fresca.

Tabela 2. Teste de médias para Massa Seca, Massa Fresca, Etanol, Teor de Sólidos Solúveis, Altura de Plantas e Florescimento para os dez cultivares de sorgo sacarino avaliados em Sinop, MT e Passo Fundo, RS.

Genótipos –		Massa Seca			Massa Fresca		
(ID)	-		Media	Sinop	Passo Fundo	Medi a	
N31K2168 (1)	10,1Bd	14,4Ab	12,2	43,5Bc	62,8Ac	53,2	
N42A2140 (2)	12,9Ac	14,3Ab	13,6	48,8Bc	64,0Ac	56,4	
N31I2365 (3)	11,7Bd	16,4Aa	14,0	50,9Bc	69,9Ab	60,4	
N31H2358 (4)	10,7Bd	16,9Aa	13,8	45,3Bc	70,6Ab	58,0	
N31G2091 (5)	10,0Bd	14,5Ab	12,3	44,1Bc	72,3Ab	58,2	
N31G2174 (6)	10,6Ad	12,2Ac	11,4	44,0Bc	57,3Ac	50,7	
EXP1 (7)	18,3Aa	16,6Aa	17,4	65,9Ba	80,1Aa	73,0	
EXP2 (8)	14,9Ab	12,9Bc	13,9	58,0Bb	67,5Ab	62,8	
N32J3252 (9)	13,4Ac	14,1Ab	13,7	60,3Ab	67,0Ab	63,6	
N31L5010(10)	15,1Bb	17,0Aa	16,0	56,5Bb	81,2Aa	68,8	
Media	12,8	14,9	13,9	51,7	69,3	60,5	
Genótipos –		Etanol	°Brix				
Genotipos	Sinop	Passo Fundo	Media	Sinop	Passo Fundo	Media	
N31K2168	1614Ab	1716Ad	1665	11,4Ab	9,5Bb	10,4	
N42A2140	1832Ab	2226Ad	2029	11,9Ab	10,8Ab	11,3	
N31I2365	2257Ab	2707Ac	2482	12,7Ab	11,7Ab	12,2	
N31H2358	1866Bb	3191Ab	2528	12,1Ab	12,9Aa	12,5	
N31G2091	1781Bb	3563Ab	2672	11,9Ab	13,2Aa	12,5	
N31G2174	1649Bb	3026Ac	2337	11,5Bb	13,9Aa	12,7	
EXP1	3475Ba	4396Aa	3936	14,7Aa	14,2Aa	14,5	
EXP2	3004Aa	3401Ab	3202	14,2Aa	13,3Aa	13.8	
N32J3252	2894Aa	2904Ac	2899	13,2Aa	12,2Aa	12.7	
N31L5010	2283Ab	2863Ac	2573	12,3Ab	10,8Ab	11.6	
Media	2266	2999	2632	12,6	12,3	12.5	
Conótinos	Al	tura de Plantas		Florescimento			
Genótipos –	Sinop	Passo Fundo	Media	Sinop	Passo Fundo	Media	
N31K2168	3,05Bb	3,35Ac	3,20	64,6Bd	94,3Ab	79,5	
N42A2140	3,12Ba	3,57Aa	3,34	72,6Ba	88,6Ad	80,6	
N31I2365	3,02Bb	3,48Ab	3,25	65,6Bd	87,6Ad	76,6	
N31H2358	2,96Bb	3,47Ab	3,21	62,3Be	81,0Af	71,6	
N31G2091	2,94Bb	3,65Aa	3,29	65,3Bd	81,0Af	73,1	
N31G2174	2,89Bb	3,37Ac	3,13	61,3Be	83,6Ae	72,5	
EXP1	3,17Aa	3,23Ac	3,20	70,6Bb	92,0Ac	81,3	
EXP2	3,20Ba	3,63Aa	3,42	69,0Bc	92,6Ac	80,8	
N32J3252	3,09Ba	3,45Ab	3,27	69,6Bc	94,0Ab	81,8	
N31L5010	3,02Bb	3,65Aa	3,34	68,6Bc	96,0Aa	82,3	
Media	3,05	3,49	3,27	67,0	89,1	78,0	
				-			

Para o estudo da diversidade genética a distância generalizada de Mahalanobis foi calculada entre os pares de genótipos para cada ambiente separadamente (Tabela 3). Isso possibilitou observar a discordância entre os ambientes, sendo que em Passo Fundo os genótipos mais divergentes foram os 8 e 4 (EXP2 e N31H2358) e os mais similares foram 10 e 9 (N31L5010 e N32J3252). Já em Sinop, os mais contrastantes foram os 7 e 6 (EXP1 e N31G2174) e os 6 e 4 (N31G2174 e N31H2358) os mais concordantes.

Os cruzamentos entre os genótipos 8 e 4 (EXP2 e N31H2358), para Passo Fundo, e 10 e 9 (N31L5010 e N32J3252), para Sinop, podem ser favoráveis, pois todos esses genótipos apresentam boas características agronômicas (Tabela 2). Neste sentido, explorar a diversidade genética visa direcionar cruzamentos heteróticos e identificar populações que mostrem segregação transgressiva nas gerações avançadas. No entanto, apenas após uma análise de desempenho para as características mais importantes das cultivares podem ser considerados como potenciais progenitores na fase inicial de um programa de melhoramento.

Tabela 3. Dissimilaridades entre 10 genótipos de sorgo sacarino avaliados em Sinop (abaixo da diagonal principal) e em Passo Fundo (acima da diagonal principal) baseado na distância generalizada de Mahalanobis.

ID^1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	0,0	143,4	155,4	558,0	803,7	383,3	263,7	861,8	233,4	338,9
2	152,4	0,0	79,5	316,0	300,2	84,6	253,5	623,9	209,4	335,4
3	36,4	94,3	0,0	131,9	577,6	237,1	492,2	1111,2	463,5	622,5
4	14,3	219,9	41,4	0,0	719,3	425,1	1021,2	1730,0	1006,5	1240,5
5	10,0	105,1	1,9	27,9	0,0	130,1	474,4	441,7	460,7	568,6
6	18,4	257,3	64,3	3,5	39,3	0,0	307,1	496,7	261,5	403,2
7	224,2	41,8	120,2	270,3	164,3	317,6	0,0	254,0	35,7	59,6
8	103,8	32,2	39,2	135,6	66,2	171,9	25,6	0,0	205,9	183,0
9	183,6	46,6	73,8	222,4	114,3	267,0	40,4	34,4	0,0	29,5
10	102,3	32,1	32,1	128,2	61,0	162,8	35,9	8,1	32,3	0,0

¹ID: identificação dos genótipos na Tabela 1.

A correlação entre as matrizes de diversidade foi de 0.108 e não significativa pelo teste Mantel com 5000 permutações e pelo teste t, ambos a 5% de probabilidade (Figura 1), demonstrando alta influência da interação genótipo por ambiente corroborando com a Anova (Tabela 1) e demonstrando o comportamento diferenciado dos cultivares nos dois ambientes (Tabela 2).

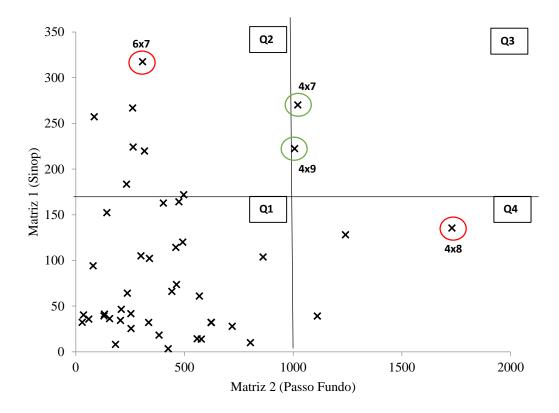


Figura 1. Dispersão da dissimilaridade expressada pela distância generalizada de Mahalanobis entre pares de cultivares de sorgo sacarino avaliados em Passo Fundo, RS e Sinop, MT. Q1: quartil 1; Q2: quartil 2; Q3: quartil 3 e Q4: quartil 4.

Segundo Cruz [14] e Halauer, Miranda Filho e Carena [17], genitores geneticamente similares tendem a compartilhar muitos alelos, e quando ocorre cruzamento envolvendo indivíduos relacionados há baixa complementariedade gênica atribuindo ao baixo nível de heterozigosidade alélica. Nesse sentido, os pares de indivíduos que estão no Q1 são indivíduos que têm baixa dissimilaridade genética em ambos os ambientes e não são indicados para serem cruzados para a obtenção de populações geneticamente superiores.

Os pares de indivíduos no Q2 e no Q4 são os que têm alta diversidade em um local e baixa no outro, o par N31G2174 x EXP1 (6x7) é o que tem a maior diversidade em Sinop e baixa em Passo Fundo, por outro lado o par N31H2358 x EXP2 (4x8) tem a maior diversidade em Passo Fundo e baixa em Sinop. Assim, os pares de genótipos são indicados para cruzamento para a obtenção de população superior em local específico, ou seja, N31G2174 x EXP1 para Sinop e N31H2358 x EXP2 para Passo Fundo.

Para explorar a diversidade genética é necessário direcionar cruzamentos heteróticos e identificar indivíduos com alto desempenho "per se" para as principais características da cultura. Nesse sentido, os cruzamentos entre N31H2358 x EXP1 (4x7) e N31H2358 x N32J3252 (4x9) podem ser promissores para a obtenção de populações segregantes superiores para ambos ambientes, pois têm as maiores diversidades nos dois e alto valor "per se". Santos [18], avaliando a dispersão gráfica da dissimilaridade entre pares de cultivares de algodão avaliados em Lucas do Rio Verde e Sapezal, Mato Grosso, Brasil, observaram que o par FM 910 x LD CV 02 obtiveram a maior diversidade genética para ambos os ambientes e recomendou esse cruzamento para a obtenção de população superior.

A contribuição relativa de cada variável para diversidade genética foi obtida utilizando o método proposto por Singh [13] baseado na variância (Tabela 4). O florescimento foi a variável que mais contribuiu para a separação dos genótipos em ambos os ambientes, com 55,15 e 31,97% em Sinop e Passo Fundo, respectivamente. Massa Fresca foi a segunda que mais contribuiu em Sinop (28,58%) e a terceira em Passo Fundo (19,90%), demonstrando a importância dessas variáveis. Para a variável massa seca, por sua vez, foi importante para discriminar os genótipos em Passo Fundo, mas não foi em Sinop, isso pode ser explicado pela alta interação genótipo por ambiente demonstrado na Tabela 1. Silva [19] estudando a divergência genética entre dezoito genótipos de canade-açúcar com base em dez caracteres agroindustriais, observaram que as variáveis que mais contribuíram para a divergência genética foram porcentagem de sacarose no caldo (Pol %) (23,81%), Tonelada de cana por hectare (22,63%), Sólidos Solúveis Totais (SST) (17,54%).

Tabela 4. Contribuição relativa das variáveis para a diversidade genética (S.j) e percentual entre 10 genótipos de sorgo sacarino avaliados em Sinop MT e Passo Fundo RS, de acordo com Singh (1981).

Variáveis	Sir	юр	Passo Fundo		
variaveis	S.j	S.j (%)	S.j	S.j (%)	
Massa Seca	120,62	2,16	6771,12	28,65	
Massa Fresca	1595,99	28,58	4703,29	19,90	
Etanol	82,89	1,48	1798,24	7,61	
Brix	310,71	5,56	1762,09	7,46	
Altura de Planta	394,08	7,06	1041,06	4,41	
Florescimento	3079,62	55,15	7554,92	31,97	

Pelo método de agrupamento de otimização de Tocher foi possível separar os genótipos em grupos, formando cinco grupos em ambos os ambientes (Tabela 5). Porém, nos grupos formados nos dois ambientes há discordância entre os genótipos agrupados, demonstrando grande influência da interação genótipo por ambiente. Em Sinop, o grupo 1 constitui dos genótipos 4; 6; 1 e 5, esse grupo tem características com as menores médias para as MS, MF e FLOR, dentre as quais, MF e FLOR foram as variáveis que mais contribuíram para diferenciar os genótipos em Sinop (Tabela 4). O Grupos 2, formado pelos 8; 10 e 7, sendo que esses têm altas médias de MS e MF e média em dias para o florescimento (Tabela 2). E os grupos 3, 4 e 5 são formados por apenas um genótipo cada, que são 2, 9 e 3, respectivamente. O genótipo 2 apresenta o maior FLOR, o 9 tem alta produtividade de MS e Etanol, já o 3 é mediano em todas as características.

Para Passo Fundo o Grupo 1 foi formado pelos genótipos 9; 10 e 7, esses assemelham-se pela alta produtividade de MS e longo período para o florescimento. Os genótipos 2, 3 e 1, compõem o Grupo 2 e são similares em baixa produtividade de ^oBrix e etanol. O Grupo 3 foi formado pelos híbridos 5 e 6, os quais são similares em ^oBrix e em florescimento. Os genótipos 8 e 4 formam os Grupos 4 e 5, respectivamente. O 8 se destaca pela baixa produtividade de MS, porém compensa com alta produtividade de Etanol, já o 4 pela alta produtividade de MS e ^oBrix e a menor quantidade de dias até o florescimento. Castrillon [20], avaliando a diversidade genética entre 61 genótipos de sorgo, sendo 25 de sacarino e 36 de biomassa, pelo método de otimização de Tocher, observou a formação de 11 grupos.

Observou-se a formação de grupos com apenas um genótipo em ambos os locais, assim. Segundo Benitez [21], a ocorrência de grupos com apenas um genótipo evidencia ampla divergência, já que os genótipos em grupos unitários são mais dissimilares em

relação ao conjunto. Tabela 5. Agrupamento formado pelo método de otimização de Tocher considerando os 10 genótipos de sorgo sacarino em dois ambientes.

Common	Genótipos (ID) ¹				
Grupos	Sinop, MT	Passo Fundo, RS			
1	4; 6; 1; 5	9; 10; 7			
2	8; 10; 7	2; 3; 1			
3	2	5; 6			
4	9	8			
5	3	4			

¹ID: identificação dos genótipos na Tabela 1

CONCLUSÕES

Os cruzamentos entre os genótipos 8 e 4 (EXP2 e N31H2358), para Passo Fundo, e 10 e 9 (N31L5010 e N32J3252), para Sinop, são indicados, pois todos esses genótipos apresentam boas médias das características avaliadas. Os cruzamentos entre N31H2358 x EXP1 (4x7) e N31H2358 x N32J3252 (4x9) são promissores para a obtenção de populações segregantes superiores para ambos ambientes, pois têm os maiores valores de diversidade.

REFERÊNCIAS

- [1] Ali, L.M. & Rajewsk, J.F & Baenziger, P. S & Baenziger, K. S. & Eskridge, K.M. & Dweikat I., "Assessment of genetic diversity and relationship among a collection of US sweet sorghum germoplasm by SSR markers, Assessment of genetic diversity and relationship among a collection of US sweet sorghum germoplasm by SSR markers" (2008), Molecular Breeding, vol. 21, pages 497-509. Doi: 10.1007/s11032-007-9149.
- [2] Silva M.J. & Pastina, M.M. & de Souza, V.F. & Schaffert, R.E. & Carneiro, P.C.S & Noda, R.W., et al., "Phenotypic and molecular characterization of sweet sorghum accessions for bioenergy production", (2017), PLoS ONE 12 (8): e0183504.https://doi.org/10.1371/journal.pone.0183504.
- [3] Durães F.O.M. "Sweet sorghum: agronomic and industrial technology for food and energy, Revista Agroenergia", vol.2 (2011) pages 2-5.
- [4] Filho, I. A. & Rodrigues, J.A.S., "Sorghum: producer asks EMBRAPA responds", Brasília, DF, Brazil, Embrapa, 327 páginas, 2015.
- [5] Briand, C.H. & Geleta, S.B. & Kratochvil, R.J., (2018). "Sweet sorghum (Sorghum bicolor [L.] Moench) a potential biofuel feedstock: Analysis of cultivar performance in the Mid-Atlantic," Renewable Energy, Elsevier, vol. 129(PA), pages 328-333. doi: 10.106/j.renene.2018.06.004.
- [6] Rocha, M.J. & Nunes, J.A.R. & Parrella, R.A.C. & S Leite, P.S.S. & Lombardi, G. M. R. & Moura, M. L. C.,(2018), "General and specific combining ability in sweet sorghum. Crop Breeding and Applied Biotechnology;" vol.18, pages 365-372.
- [7] Fernandes, G. et al., "Evaluation of potencial ethanol production and nutrients for four varietie of sweet sorghum during maturation" (2014), Renewable Energy, vol. 71, pages 518-524.
- [8] Ferreira, J.A.J. & Trevisoli S.H.U. & Espíndola S.M.C.G. & Vianna V.F. & Di Mauro A.O., "Genetic diversity in advanced soybean strains derived from biparental, four-way and eight-way crosses", (2015) Revista Ciência Agronômica, Fortaleza, Ceará, Brazil, vol.46, pages 339-351.
- [9] Almeida, A.S. & Jordão A. & Barbosa J., SIlva C. & Coutinho J. & Brites C. & Maçãs B., "The national rice breeding program the first varieties of the future. Great cultures".

- http://www.agrotec.pt/noticias/o-programa-nacional-de-melhoramento-genetico-do-arroz-as-primeiras-variedades-e-o-futuro/ (accessed 14 de janeiro de 2019).
- [10] Guedes, J. M. & Vilela, D.J.M. & Rezende J.C. & Silva L., Botelho C. S. & Carvalho, S., "Genetic divergence between coffee plants of Maragogie germplasm", (2013), Bragantia, vol.72 pages127-132. http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052013000200003.
- [11] Nardino, M. & Baretta, D. & Carvalho, I.R. & Follmann, D.N. & Ferrari M.& Pelegrin A.J. & Szareski V.J. & Konflanz V.A. & Souza V.Q, "Genetic divergence among corn (*Zea mays* L.) genotypes in distinct environments" (2017), Rev. de Ciências Agrárias, vol.40,pages 164-174. http://dx.doi.org/10.19084/RCA16013.
- [12] Teixeira, P.C. & Donagemma, G.K. & Fontana, A. & Teixeira, W.G., "Manual of soil analysis methods" EMBRAPA Solos Livro técnico (INFOTECA-E),. 3º edition,573 pages, 2017.
- [13] Singh, D., "The relative importance of characters affecting genetic divergence. The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding" (1981), vol.41, pages 237-245.
- [14] Cruz, C.D. & Regazzi, A.J. & Carneiro, P.C.S., "Biometric models applied to genetic improvement". UFV, Viçosa, Minas Gerais Brasil, 2012.
- [15] Zhao, R. & Ban, S.R. & Wang, D. & Park, S. H. & Schober, T. J. & Wilson, J. D., "Small-Scale Mashing Procedure for Predicting Ethanol Yield of Sorghum Grain" (2009) Journal of Cereal Science, vol.49, pages 230-238.
- [16] Souza, V.F. et al., "Adaptability and stability of sweet sorghum cultivars", (2013) *Crop breeding and applied biotechnology*, vol. 13, pages 144-151.
- [17] Ratnavathik C.V. & Suresh, K. & Vijaykumar B.S. & Pallavi, M. & Komala V.V. & Seetharama N., "Study on genotypic variation for ethanol production from sweet sorghum juice" (2010) Biomass and Bioenergy, volume 34, pages 947-952.
- [18] Santos, I.G. & Teodoro P.E. & Farias F.C. & Farias, F.J.C. & Carvalho L.P. & Rodigues J.I.S. & Cruz C.D., "Genetic diversity among cotton cultivars in two environments in the State of Mato Grosso" (2017). Genetics and Molecular Research, *16*(2), 1-8. doi: 10.4238/gmr16029628.

- [19] Silva, G.C. & Oliveira, F.J. & filho C.J.A. & Neto D.E.S. & Melo, L J. O. T., "Genetic divergence among sugarcane genotypes" (2011). Revista Brasileira de Ciências Agrárias. vol.6, pages 52-58.
- [20] Castrillon, M.A.S & Barelli M.A.A & Vendruscolo T. P. S & Silva R. S & Oliveira F. T & Lima C.C & Zago B.W & Tardin F. D., "Multicategorical variables for determining the genetic divergence among biomass and saccharin sorghum genotypes" (2017) International Journal of Current Research Vol. 9, Issue, 01, pp.45076-45081.
- [21] Benitez, L. C.; Rodrigues, I. C. S.; Arge, L. W. P.; Ribeiro, M. V.; Braga, E. J. B. Multivariate analysis of the genetic divergence of rice genotypes under saline stress during the vegetative phase. Agronomic.