

# DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO PELO MÉTODO DE AGRUPAMENTO UPGMA

Jackson Lauro Borges Ribeiro<sup>1\*</sup>; Thallita Santos Guimarães<sup>1</sup>; Carla Lima Corrêa<sup>1</sup>; Alex Júnior Sandol Floriano<sup>1</sup>; Gustavo Luíz Santos de Arruda; Flávio Dessaune Tardin<sup>2</sup>; Marco Antonio Aparecido Barelli<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres-MT.

<sup>2</sup>Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG. \*E-mail: jeck.borges@hotmail.com<sup>1</sup>.

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] está entre os cinco cereais mais produzidos em todo o mundo, principalmente pela sua tolerância a estresses ambientais e seu potencial produtivo. Nos últimos anos a área plantada de sorgo tem aumentado consideravelmente, devido as suas diversas utilidades, principalmente na alimentação animal e no setor industrial por conta da sua composição proteica. Objetivou-se com o presente trabalho caracterizar a divergência genética de 25 genótipos de sorgo forrageiro. O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia (LRG&B) da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Cáceres, MT. Foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro proveniente do banco de germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPms) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições, a parcela foi composta por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas a 0,70 m entre linhas, sendo apenas as duas fileiras centrais consideradas como parcela útil. As características morfoagronômicas avaliadas foram: período de florescimento (FLOR); diâmetro de colmo (DC); número médio de colmos (NC); altura média (AP); número médio de folhas (NF); peso de massa verde (PMV); peso de massa seca (PMS). Os dados foram submetidos à análise de divergência genética baseada na distância de *Mahalanobis* e submetido ao Método de ligação média entre grupos (UPGMA) utilizando software Genes. De acordo com as medidas de dissimilaridade entre os 25 genótipos de sorgo a maior distância está entre os genótipos 13F03033 e 21 14F21022, que apresentaram 160,04 de dissimilaridade e a menor distância, foi observada entre os genótipos 14F21005 e 13F23005, com distancia de 0,78. O coeficiente da correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento apresentou valor de 0.88, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma. Com base na análise de agrupamento, foi possível observar a formação de dois grupos, onde o grupo I foi constituído por 88% dos genótipos, e o grupo II por 12%, formado pelos genótipos 5, 20 e 6, sendo estes os mais divergentes em relação aos demais.

**Palavras chaves:** *Sorghum bicolor*; diversidade genética; dendrograma.