

## Caracterização da divergência genética de sorgo sacarino na região de Cáceres-MT

**Taniele Carvalho de Oliveira<sup>(1)</sup>; Danilo de Lima Gonçalves<sup>(2)</sup>; Ana Paula Sandoval Rodrigues<sup>(3)</sup>; Marco Antonio Aparecido Barelli<sup>(4)</sup>; Flávio Dessaune Tardin<sup>(5)</sup>; Leonarda Grillo Neves<sup>(6)</sup>.**

(1, 2) Mestranda(o) do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; (1, 2, 3, 4, 6) Universidade do Estado de Mato Grosso; Cáceres, Mato Grosso; tani.ele@hotmail.com; (3) Acadêmica do curso de Agronomia; (4, 6) Prof.(a) Dr.(a) do Departamento de Agronomia e do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; (5) Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

**RESUMO:** O sorgo sacarino constitui um vasto grupo de plantas de extrema variabilidade genética, que ao longo do tempo, para a aquisição das características atuais, foram selecionadas continuamente pelo valor que ofereciam para distintos aspectos de utilização. O objetivo do trabalho foi estimar a divergência genética entre genótipos de sorgo sacarino através dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA. O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), em Cáceres-MT. Foram avaliados 25 genótipos de sorgo sacarino em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. As variáveis analisadas foram: florescimento (FLORESC); altura de planta (ALTP); número de colmos (NC); número de folhas (NF); peso de massa verde (PMV); peso da massa seca (PMS); peso do caldo (DC); volume do caldo (VC) e sólidos solúveis totais ( $^{\circ}$ BRIX). A divergência genética entre os genótipos foi estimada a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* ( $D_{ii}^2$ ) e posterior agrupamento pelo método de otimização de Tocher e agrupamento médio entre grupos UPGMA, utilizando o recurso computacional Genes. O agrupamento realizado pelo método de Tocher permitiu a individualização de oito grupos. Com a análise realizada pelo método Hierárquico UPGMA, possibilitou a formação de quatro grupos distintos. Os resultados obtidos a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* evidenciou a existência de variabilidade genética entre os 25 genótipos de sorgo sacarino. O método de Otimização de Tocher e o método Hierárquico UPGMA, demonstraram semelhança no agrupamento dos genótipos.

**Termos de indexação:** *Sorghum bicolor* (L.) Moench, variabilidade genética, técnicas de agrupamento.

## INTRODUÇÃO

O sorgo sacarino constitui um vasto grupo de plantas de extrema variabilidade genética, que ao longo do tempo, para a aquisição das características atuais, foram selecionadas continuamente pelo valor que ofereciam para distintos aspectos de utilização, de tal forma, que as plantas se agruparam em diversas categorias agronômicas, baseadas nos seus principais produtos e utilidades (Ribas, 2000).

Os estudos de divergência genética são de grande importância para programas de melhoramento, pois fornecem estimativas que possibilitam a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Santos et al., 2013).

A utilização da análise multivariada fornece coeficientes de distância genética entre os genótipos, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético. Neste conceito, pressupõe que quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações mais promissoras (Chiorato, 2004).

Neste contexto o objetivo do trabalho foi de estimar a divergência genética entre genótipos de sorgo sacarino através dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA.

## MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia (LRG&B), na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), em Cáceres, MT (latitude de 16°04'59" Sul e longitude 57°39'01" Oeste), a 118 m de altitude.

O clima segundo classificação de Köppen é tropical quente e úmido, com inverno seco (Aw), com temperatura média anual de 26,24° C e pluviosidade de 1.335 mm ao ano. O solo da região foi classificado como Latossolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006).

O experimento foi conduzido em condições de sequeiro, o plantio foi realizado no dia 19/12/2012, com desbaste realizado 15 dias após a emergência, deixando uma população de 13.500 plantas.

## Tratamentos e amostragens

Foram avaliados 25 genótipos de sorgo sacarino proveniente do Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo (BR501, BR505, BRS506, BRS509, CMSXS630, CMSXS634, CMSXS642, CMSXS643, CMSXS644, CMSXS646, CMSXS647, CMSXS648, 201027013, 201027014, 201027015, 201027016, 201027017, 201027018, 201027019, 201027020, BRS601, Sugargraze, V82391, V82392 e V82393).

As variáveis analisadas foram: florescimento (FLORESC): número de dias decorridos do plantio até o ponto em que 50% das plantas da parcela estiverem em florescimento; altura de planta (ALTP): altura média de dez plantas (cm) da área útil da parcela, medida da superfície do solo ao ápice da panícula, na época da colheita; número de colmos (NC): número médio de colmos colhido de dez plantas na área útil da parcela; número de folhas (NF): número médio de folhas de dez plantas na área útil da parcela; peso de massa verde (PMV): peso médio de 5 plantas inteiras em kg; peso da massa seca (PMS): peso médio de 5 plantas inteiras em kg, desidratadas à 65 °C, por 72 horas; diâmetro de colmo (DC): diâmetro médio de colmos colhido de dez plantas na área útil da parcela (mm); volume do caldo (VC): volume médio do caldo extraído de 8 plantas inteiras (sem panículas), em ml, prensadas no moinho elétrico; sólidos solúveis totais (°Brix): determinado a porcentagem de Brix em refratômetro digital de leitura automática.

## Delineamento e análise estatística

O delineamento utilizado foi de Blocos ao Acaso, com três repetições, sendo que cada unidade experimental foi compostas por quatro linhas de 5 m, com espaçamento de 0,7 m entre linhas, sendo apenas as duas fileiras centrais consideradas como área útil.

A divergência genética entre os genótipos foi estimada a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* ( $D_{ij}^2$ ) e posterior agrupamento pelo método de otimização de Tocher e agrupamento médio entre grupos UPGMA, utilizando o recurso computacional Genes (Cruz, 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Através da matriz de dissimilaridade genética a amplitude observada entre os genótipos foi de 2,37 a 249,82 sendo um indicativo de variabilidade genética. A combinação entre CMSXS644 e 201027015 ( $d_{ij} = 249,82$ ) foi a mais divergente,

seguida pela combinação entre CMSXS644 e 201027017 ( $d_{ij} = 221,53$ ), uma vez que estes pares de acessos apresentaram as estimativas mais elevadas da Distância de *Mahalanobis*. Entretanto, a menor divergência foi observada entre os pares CMSXS630 e CMSXS643 ( $d_{ij} = 2,37$ ), bem como entre BR505 e V82392 ( $d_{ij} = 4,09$ ).

O agrupamento realizado pelo método de Tocher, baseado na distância de *Mahalanobis*, também permitiu a individualização de oito grupos (Tabela 1). O grupo I foi o mais numeroso, agrupando 56,0% dos genótipos. O grupo II reuniu apenas três genótipos com apenas 12,0% do total avaliado. Os grupos III e VI apresentaram formação com somente dois genótipos cada, caracterizando um bom grau de divergência. Os grupos V, VI, VII e VIII foram os menos expressivos, formados somente por um genótipo, CMSXS644, 201027018, 201027013 e BR501 respectivamente, sugerindo que estes sejam os mais divergente do total analisado.

Fagundes et al. (2013), avaliando 45 genótipos de sorgo sacarino em Lavras-MG obteve a formação de quatro grupos distintos, onde o primeiro grupo reuniu 86,6% dos genótipos avaliados. Campos et al. (2010) avaliando 53 acessos de mandioca em Cáceres-MT obteve a formação de 10 grupos distintos, onde os grupos I e II foram os mais representativos com 32,08% e 24,53% respectivamente.

Com a análise realizada pelo método Hierárquico UPGMA (Figura 1), submetido a um corte de 53% de distância genética e significativo pelo programa estatístico GENES, possibilitou a formação de quatro grupos distintos.

Dentre os grupos formados com o dendrograma, o grupo I é constituído por 18 dos 25 genótipos analisados, sendo subdividido em a e b, alocando os genótipos CMSXS630, CMSXS643, CMSXS648, 201027020, BR505, BRS506, CMSXS634, CMSXS647, BRS601, BR501, V82392, Sugargraze, V82391, BRS509 e V82393 por apresentar maior número de folha e maior diâmetro de colmo. No subgrupo I.b foram alocados os genótipos 201027013, CMSXS642 e CMSXS646 apresentando maior peso de massa verde e massa seca.

Os grupos II e III são formados por apenas um genótipo cada, CMSXS644 e 201027018 respectivamente, sendo o grupo II tendo como principal característica altura de planta e número de colmo e o grupo III maior volume de caldo e °brix.

O grupo IV formado por apenas cinco dos 25 genótipos avaliados (201027015, 201027017, 201027016, 201027014 e 201027019) por apresentar menor número de dias para o florescimento.

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) obtido entre a matriz de distância generalizada de

Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ) e a matriz de distância cofenética (C), é possível observar valores significativos para o método de agrupamento médio entre grupos (UPGMA), com ( $r \geq 0,72$ ) e significativo ( $P \leq 0,01$ ), evidenciando consistência dos agrupamentos.

Ambos os métodos demonstraram semelhança no agrupamento dos genótipos, podendo ser observados nos grupos I, V e VI do método de Tocher, os quais são formados pelos mesmos genótipos dos grupos I.a, II e III do método UPGMA. O método de agrupamento UPGMA permite a visualização das distâncias genéticas dos genótipos dentro dos grupos formados, entretanto, o método de agrupamento de Tocher proporciona a formação de grupos distintos. Campos et al. (2010) caracterizando a divergência genética em acessos de mandioca, concluiu que os métodos de agrupamento de Otimização Tocher e Hierárquico UPGMA, apresentaram semelhança na formação de grupos.

## CONCLUSÕES

Os resultados obtidos a partir da distância generalizada de Mahalanobis evidenciou a existência de variabilidade genética entre os 25 genótipos de sorgo sacarino.

O método de Otimização de Tocher e o método Hierárquico UPGMA, demonstraram semelhança no agrupamento dos genótipos.

## AGRADECIMENTOS

Ao Laboratório de Recursos genéticos & Biotecnologia, a Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Mato Grosso – FAPEMAT, Embrapa Milho e Sorgo e a Embrapa Agrossilvipastoril pelo apoio técnico e suporte financeiro.

## REFERÊNCIAS

CAMPOS, A. L.; ZACARIAS, A. J.; COSTA, D. L.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A.; SOBRINHO, S. P.; LUZ, P. B. Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso. **Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas**. v.4, n.2, p.44, 2010.

CHIORATO, A. F. **Divergência genética em acessos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) do Banco de Germoplasma do Instituto Agrônomo-IAC**. 2004. 85p. (Dissertação em Melhoramento Vegetal).

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

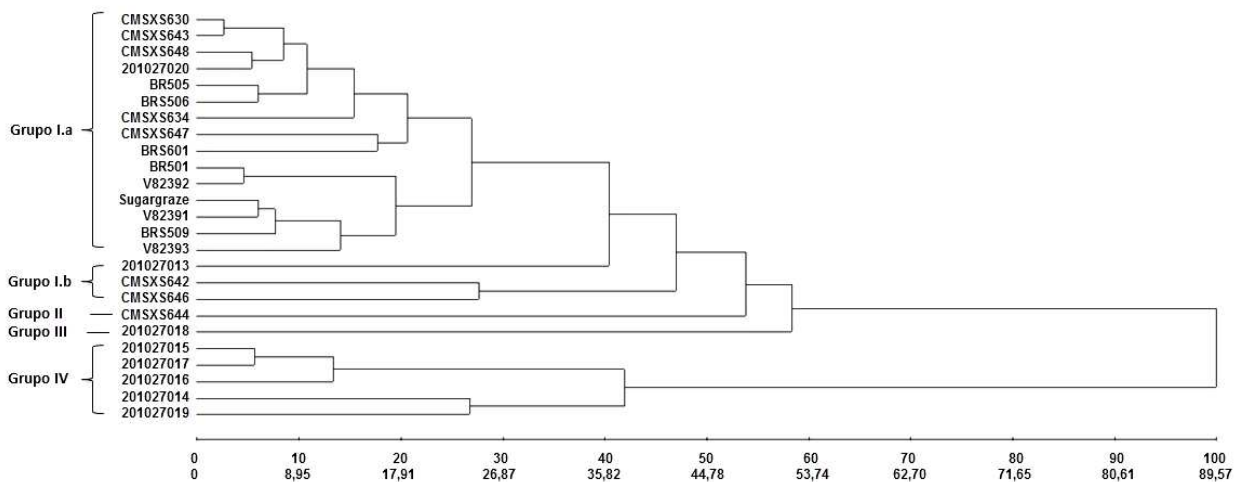
EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos (Rio de Janeiro, RJ). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2. ed. – Rio de Janeiro : EMBRAPA-SPI, 2006. 282p Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/338818/1/sistemabrasileirodeclassificacaodosolos2006.pdf>>. Acesso em 06 de maio de 2014.

RIBAS, P. M. **Sistema de produção: cultivo de sorgo**. 2000. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Sorgo/CultivodoSorgo/>>. Acesso em 06 de maio de 2014.

SANTOS, A.; CECCON, G.; NETO, A. L. N.; SILVA, J. F.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. C. F. Dissimilaridade genética em genótipos de feijão-caupi através de análise multivariada. In: III CONAC - Congresso Nacional de Feijão – Caupi, 2013, Recife, **Anais...** Recife: IPA/CONAC, 2013. p. 1-4.

**Tabela 1** - Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 25 genótipos de sorgo sacarino, Cáceres-MT, 2013.

Grupos	Genótipos	% de Genótipos
I	CMSXS630, CMSXS643, CMSXS648, BR505, 201027020, BRS506, BRS509, CMSXS634, Sugargraze, CMSXS647, BRS601, V82391, V82392 e V82393	56,0
II	201027015, 201027016 e 201027017	12,0
III	201027014 e 201027019	8,0
IV	CMSXS642 e CMSXS646	8,0
V	CMSXS644	4,0
VI	201027018	4,0
VII	201027013	4,0
VIII	BR501	4,0
<b>Total</b>	<b>25</b>	<b>100,0</b>



**Figura 1.** Dendrograma representativo do agrupamento dos 25 genótipos de sorgo sacarino, pelo método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de nove características quantitativas, Cáceres-MT, 2013.