

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE CÁCERES JANE VANINI
FACULDADE DE CIÊNCIAS ÁGRARIAS E BIOLÓGICA - FACAB
CURSO DE AGRONOMIA**

JOÃO PEDRO SANTOS TONHÁ ALVES

**DIVERGENCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SORGO
SACARINO QUANTO À REAÇÃO À MANCHA DA
RAMULISPORA**

**CÁCERES – MT
2015**

JOÃO PEDRO SANTOS TONHÁ ALVES

**DIVERGENCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO
QUANTO À REAÇÃO À MANCHA DA RAMULISPORA**

Monografia apresentada como requisito obrigatório para obtenção do título de Engenheiro Agrônomo a Universidade do Estado de Mato Grosso – Campus Cáceres.

Orientador

Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli

**CÁCERES - MT
2015**

JOÃO PEDRO SANTOS TONHÁ ALVES

**DIVERGENCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO
QUANTO À REAÇÃO À MANCHA DA RAMULISPORA**

Esta monografia foi julgada e aprovada como requisito para obtenção do Diploma de Engenheiro Agrônomo no Curso de Agronomia da Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT.

Cáceres, 27 de novembro de 2015

BANCA EXAMINADORA

Eng. Agr. Fábio Tomaz de Oliveira - (UNEMAT)

Dra. Carla Lima Corrêa - (UNEMAT)

Coorientadora

Prof Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli - (UNEMAT)

Orientador

Dedico ao meu querido pai Renato Tonhá Alves e, principalmente, a minha mãe Célia Maria dos Santos Tonhá Alves, motivo maior de estar aqui concluindo este curso, também a meu irmão Renato Tonhá Alves Junior pelo exemplo de vida, amor e dedicação.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente à DEUS, pois sem Ele nada seria possível.

À Universidade do Estado de Mato Grosso, UNEMAT, Cáceres – MT, pela oportunidade de realização do curso de Graduação.

Ao laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia pelo material disponibilizado para realização do experimento.

Ao professor Prof. Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli e Dr^a. Carla Lima Corrêa pelo conhecimento transmitido e orientação durante a execução do trabalho.

À todos os bolsistas e voluntários do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia pela ajuda na elaboração do trabalho.

Aos professores da UNEMAT com os quais tive a oportunidade de adquirir conhecimentos valiosos para a minha formação acadêmica.

Aos meus amigos Josemar, Allan, Diego, Tiago, Weverton, Jales, Christiany, Mauricio, Cleomar, Jefferson, Valvenarg, Bruno, Aline, minha namorada Ludmila e muitos outros com quem tive oportunidade em conviver, pela amizade e experiências compartilhadas durante o período de graduação.

RESUMO

A demanda por combustíveis renováveis vem crescendo ao longo dos anos, portanto os biocombustíveis apresentam futuro promissor no mercado, além de possibilidades de alavancar a economia agrícola. Na cadeia de produção de combustíveis renováveis se destaca o etanol produzido pela cana de açúcar (*Saccharum spp.*), porém, como alternativa de sucessão de cultura o sorgo sacarino (*Sorghum bicolor* (L.) moench) vem se destacando pelo seu curto ciclo, colmos suculentos, grãos são usados como coproduto para ração animal e seu bagaço é utilizado para a queima, resultando em produção de energia térmica. Entretanto, o sorgo vem enfrentando problemas com novas doenças que vem surgindo, dentre elas a mancha da ramulispóra, causada pelo fungo *Ramulispóra sorghi*, a doença é caracterizada por pequenos pontos arredondados de cor avermelhada, que aparecem nas folhas e bainhas, e se desenvolvem em lesões alongadas, elípticas, com centro cor de palha e margem amarelada. Essa doença é favorecida por alta umidade relativa e altas temperaturas. O patógeno tem como hospedeiro somente espécies de sorgo, podendo afetar a planta em todos os estágios de seu desenvolvimento. No Brasil a doença vem ocorrendo com frequência e em alguns lugares com alta intensidade. No entanto, os programas de melhoramento, até o momento, não têm buscado fontes de resistência a *Ramulispóra sorghi*, o que está relacionado à ocorrência da doença no Brasil em alta intensidade e severidade. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a divergência genética entre os genótipos de sorgo e a reação destes à mancha da ramulispóra. O experimento foi conduzido na Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, na safra 2014/2015, na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, localizado na Cidade Universitária do Campus de Cáceres. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e avaliados 14 genótipos de sorgo sacarino. As variáveis analisadas foram período de florescimento, altura de planta, peso de massa fresca e massa seca, peso de calda, volume de calda, diâmetro de colmo e severidade da doença. De acordo com as análises estatísticas o genótipo CMSXS648 obteve melhores médias de produtividade e baixa incidência da doença mancha da ramulispóra, sendo assim, o mais indicado para programas de melhoramento genético de sorgo.

Palavras-chave: Doença. *Sorghum bicolor*. *Ramulispóra Sorghi*

SUMÁRIO

ARTIGO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	8
1 INTRODUÇÃO.....	9
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	12
4 CONCLUSÃO.....	20
5 LITERATURA CITADA.....	21

Divergência genética entre genótipos de sorgo sacarino quanto à reação à mancha da ramulispora

Preparo de acordo com as normas da Revista Brasileira de Ciências Agrárias – Versão preliminar

Resumo: Na cadeia de produção de combustíveis renováveis se destaca o etanol, onde o sorgo sacarino (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) vem se destacando pelo seu curto ciclo, colmos suculentos e pela utilização do seu bagaço em produção de energia térmica. Entretanto, o sorgo vem enfrentando problemas com novas doenças, dentre elas a mancha da ramulispora, causada pelo fungo *Ramulispora sorghi*, o qual danifica a parte aérea da planta. O objetivo do trabalho foi avaliar a divergência genética entre os genótipos de sorgo e a reação destes à mancha da ramulispora. O experimento foi conduzido na Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, na safra 2014/2015, na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, localizado na Cidade Universitária do Campus de Cáceres. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e avaliados 14 genótipos de sorgo sacarino. As variáveis analisadas foram período de florescimento, altura de planta, peso de massa fresca e massa seca, peso de calda, volume de calda, diâmetro de colmo e severidade da doença. De acordo com as análises estatísticas o genótipo CMSXS648 obteve melhores médias de produtividade e baixa incidência da doença mancha da ramulispora, sendo assim, o mais indicado para programas de melhoramento genético de sorgo.

Palavras-chave: Doença. *Sorghum bicolor*. *Ramulispora Sorghi*.

Genetic diversity among sorghum genotypes saccharine for reaction to stain ramulispora

Abstract: In the renewable fuels production chain stands ethanol, where sweet sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) has stood out for its short cycle, succulent stems and the use of their bagasse for production of thermal energy. However, sorghum has faced problems with new diseases, among them the stain of ramulispora, caused by the fungus *Ramulispora sorghi*, which damage the aerial part of the plant. The objective was to evaluate the genetic divergence between sorghum genotypes and response to these stain ramulispora. The experiment was conducted at the State University of Mato Grosso - UNEMAT in the 2014/2015 crop in the experimental area of the Laboratory of Genetic Resources & Biotechnology, located in University City Campus of Cáceres. The experimental design consisted of randomized blocks, with three replications and evaluated 14 genotypes of sorghum. The variables analyzed were flowering period, plant height, fresh matter weight and dry weight, weight syrup, spray volume, stem diameter and severity of the disease. According to the statistical analysis CMSXS648 genotype achieved better average productivity and low incidence of the disease stain ramulispora, therefore, the most suitable for breeding of sorghum programs.

Key-words: Disease. *Sorghum bicolor*. *Ramulispora sorghi*.

1. INTRODUÇÃO

O sorgo (*Sorghum bicolor* L.) é o quinto cereal mais importante do mundo, superado apenas por trigo, arroz, milho e cevada. É cultivado em áreas e situações ambientais muito secas e/ou muito quentes, onde a produtividade de outros cereais é antieconômica (AWIKA; ROONEY, 2004). Portanto, dentre as classes de sorgo, o sorgo sacarino tem se destacado, mostrando grande potencial para a expansão de cultivo em zonas tradicionais e novas do setor sucroalcooleiro, favorecendo a produção de etanol de sorgo sacarino em complementação ao etanol de cana-de-açúcar. Estudos e estimativas demonstram opções para reforma de 10-15% de área anual de cana-de-açúcar, que possam amortizar cerca de 30-40% de custo de implantação de um novo canavial. A rotação de culturas na reforma melhora em até 20% na produtividade do canavial e a seleção de espécies de expressão econômica deve contribuir para atender aos interesses de produção de alimento e energia (DURÃES, 2011).

Na tecnologia de produção de etanol de segunda geração, a matéria prima utilizada para a produção do álcool é a biomassa vegetal, a qual tem seus polímeros de parede celular transformados em açúcares simples (pré-tratamento e sacarificação) e convertidos em etanol por meio da fermentação (RUBIN, 2008).

Com a expansão do cultivo de sorgo vem surgindo novas doenças, dentre elas a mancha da ramulispóra, causada pelo fungo *Ramulispóra sorghi*. A mesma vem preocupando os produtores devido ao seu dano foliar e a diminuição da área fotossintética que resulta em perdas finais da produção.

A mancha da ramulispóra é uma doença de grande importância na China e nos Estados Unidos da América, e tem sido eventualmente detectada na cultura do sorgo no Brasil. O patógeno tem como hospedeiro somente a espécie de sorgo, podendo afetar a planta em todos os estágios de seu desenvolvimento.

O patógeno foi descrito pela primeira vez em 1903, nos Estados Unidos e, desde então, tem sido comum em importantes regiões produtoras de sorgo do mundo, tendo causado graves perdas na produção na África, na Ásia e na América. No Kansas, Estados Unidos, foi relatado a incidência de 80% no campo e perdas na produção de 10 a 26% (BRADY *et al.*, 2011). Resultados em Mali apontaram que em cultivares suscetíveis à doença e sob condições ambientais favoráveis, as perdas na produção de grãos podem chegar a 46% (THOMAS *et al.*, 1993).

A doença é caracterizada por pequenos pontos arredondados de cor avermelhada, que aparecem nas folhas e bainhas, e se desenvolvem em lesões alongadas, elípticas, com centro cor de palha e margem amarelada. Com o envelhecimento, o centro das lesões escurece e torna-se acinzentado com pontos negros, constituídos por microescleródios (WILLIAMS *et al.*, 1978; BANDYOPADHYAY, 2000; FERREIRA *et al.*, 2007; BRADY *et al.*, 2011; GHINI *et al.*, 2011;).

Essa doença é favorecida por alta umidade relativa e altas temperaturas. Sabe-se que o vento e a chuva são importantes disseminadores deste inóculo inicial que pode infectar plantas saudáveis, porém, as condições de propagação da doença ainda são pouco conhecidas (THOMAS *et al.*, 1993; BANDYOPADHYAY, 2000).

No Brasil, tem sido verificada a ocorrência frequente da mancha de ramulispora em algumas lavouras e, em alguns casos, com alta intensidade (FERREIRA *et al.*, 2007). Principalmente na região de Cáceres – MT a doença surgiu com severidade preocupando os pesquisadores e produtores. Entretanto, vale ressaltar que, para a referida doença nas condições brasileiras, as informações quanto à eficiência de controle são escassas.

Dessa forma, surgiu a ideia de verificar dentre a divergência genética a reação da doença em genótipos de sorgo, onde podem futuramente resultar em programas de melhoramento genético selecionando materiais resistentes à doença.

A resistência genética é uma das mais importantes medidas de controle de doenças em sorgo, pois combina algumas vantagens como a diminuição do uso de defensivos, evitando a poluição do ambiente, além de ser uma tecnologia que não onera os custos de produção, já que as sementes de um híbrido resistente possuem o mesmo valor comercial de um suscetível (MICHEREFF, 2001).

No Brasil, a doença ainda é considerada secundária. No entanto, tem-se verificado a ocorrência frequente da doença em algumas lavouras e, em alguns casos, em alta intensidade (FERREIRA *et al.*, 2007.). Dessa forma, a informação sobre a divergência de linhagens de sorgo e dos híbridos comerciais é necessário para desenvolver estratégias satisfatórias visando resistência e o controle desta doença. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a divergência genética entre os genótipos de sorgo sacarino e a reação destes à mancha da ramulispora.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, na Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, na safra 2014/2015, localizado na cidade de Cáceres-MT, situada na latitude 16°04'59" Sul e longitude 57°39'01" Oeste, com altitude de 118 metros. A temperatura média anual é de 26,24° C, onde as maiores temperaturas ocorrem no período úmido e as menores no período seco, configurando o clima local em duas estações definidas pela distribuição espacial e temporal das chuvas e, apresenta uma precipitação total anual de 1335 mm (NEVES *et al.* 2011).

O preparo da área experimental foi realizado de modo convencional, onde conforme resultados da análise de solo, efetuaram-se os cálculos de recomendação para a cultura procedendo-se a adubação, gradagem da área, após o plantio foram feitos desbastes, capina manual e aplicações de produtos químicos conforme as necessidades. Foram avaliados 14 genótipos de sorgo sacarino quanto à divergência genética e a reação destes à mancha da ramulispóra, sendo os materiais provenientes do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições, sendo que a unidade experimental foi composta de quatro linhas de 5,0 metros de comprimento por 2,8 metros de largura, espaçadas de 0,7 metros entre linhas, totalizando 14 m² por parcela, analisando-se apenas as linhas centrais de cada parcela na avaliação dos tratamentos.

Após 30 dias da emergência foi realizado o desbaste, deixando 50 plantas por linha. Foram adotadas medidas básicas de manejo conforme recomendações por Karam (2010), tais como a capina manual, de forma a não prejudicar o desenvolvimento da cultura, uma vez que deve ser evitado a competição e influência de qualquer condição que possa interferir no desenvolvimento.

As características agrônômicas avaliadas foram: período de florescimento, altura de planta, peso de massa fresca e massa seca, peso de calda, volume de calda, diâmetro de colmo e severidade da doença. O período de florescimento foi avaliado após cerca de 50% das parcelas já estarem floridas, altura foi avaliado após as plantas entrarem em período de maturação, então foram cortadas as plantas cerca de 10 cm acima da base e depois medidas com uma fita métrica e a altura foi mensurada em metros, peso de massa fresca foi pesado com uma balança de mão, depois foram levadas para estufa para extrair peso de massa seca, ambos mensurados em kg, plantas também foram moídas para extrair peso e volume de caldo,

onde foi utilizado uma balança de precisão e um Becker de 1000 ml, peso foi mensurado em kg e volume em litros, diâmetro foi medido com o auxílio de um paquímetro e mensurado em cm e a severidade da doença foi avaliada utilizando a escala diagramática de severidade do guia de sanidade Agrocerec (1996), variando notas de 1 a 9, onde 1 corresponde a 0%, 2 a 2%, 3 a 4%, 4 a 8%, 5 a 15%, 6 a 25%, 7 a 35%, 8 a 50% e 9 acima de 50%. Os dados de severidade foram expostos em porcentagens e depois transformados por raiz quadrada.

Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de agrupamento de médias Scott & Knott a 5% de probabilidade. A divergência genética entre os genótipos foi estimada a partir da distância generalizada de *Mahalanobis* e posterior agrupamento pelo método de otimização de Tocher e agrupamento médio entre grupo (UPGMA), utilizando software Genes (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os quadrados médios para o efeito de blocos, genótipos e resíduo para as oito características estudadas com base na análise de variância individual em um delineamento de bloco completos casualizados são apresentados na Tabela 1.

TABELA 1. Quadrado médio (QM) e coeficientes percentuais da variação experimental para as características avaliadas, em genótipos de sorgo sacarino (Cáceres - MT, 2015).

FV	GL	Quadrado médio							
		FLORES	ALTU	PMV	PMS	PC	VC	DIAM	SEV
Blocos	2	0,7181	0,0778	0,0083	0,0253	0,1712	18244,7381	0,4802	0,4198
Tratamentos	13	22,3590**	0,3343**	0,5499**	0,3716**	0,2883**	251030,0952**	6,1941ns	0,6561**
Resíduos	26	0,9689	0,0385	0,0603	0,0183	0,0542	14578,1996	3,0054	0,0302
Médias		67,67	2,83	1,97	1,25	1,05	1070,05	17,47	7,73
CV (%)		1,45	6,94	12,46	10,83	22,19	11,28	9,95	2,25

FLORES = Número de dias para o florescimento; ALTU = Altura média final de planta; PMV = Peso de massa verde; PMS = Peso de massa seca; PC = Peso de calda; VC = Volume de calda; DIAM = Diâmetro de colmo; SEV = Severidade da doença.

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade; respectivamente; pelo teste F ns não-significativo; pelo teste F.

Diferenças significativas ($P < 0,01$) foram encontradas para todas as características estudadas, exceto para diâmetro de colmo (DIAM), confirmando existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados.

O coeficiente de variação experimental variou entre 1,45 a 22,19 %, o que de acordo com a literatura, é confiável tendo em vista que, Oliveira (2015) com um coeficiente de variação entre 2,97 e 21,22 %, analisando a variabilidade genética entre 25 genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres-MT, considera o coeficiente de variação significativo ($P < 0,01$) para sete características analisadas e significativa ($p < 0,05$) para outras duas características.

As médias dos genótipos com base nas características estudadas, juntamente com o teste de comparação entre médias pelo método de agrupamento de Scott e Knott, (1974), são apresentados na Tabela 2.

TABELA 2. Agrupamento das médias dos genótipos de sorgo sacarino pelo método de Scott-Knott, estimado a partir das características agrônômicas (Cáceres - MT, 2015).

GENÓTIPOS	FLORES	ALTUR	PMV	PMS	PC	VC	DC	SEVER
CMSXS5010	68,30 b	2,65 c	1,56 c	0,93 d	0,72 b	751,66 d	14,79 a	7,74 c
CMSXS639	64,30 c	2,63 c	1,93 b	1,17 c	0,96 b	945,00 c	16,59 a	7,60 c
BRS 508	70,00 a	2,79 b	2,46 a	1,70 a	1,41 a	1145,00 c	18,52 a	7,74 c
CMSXS648	67,60 b	2,92 b	2,78 a	1,89 a	1,35 a	1443,33 b	19,24 a	7,74 c
V82392	71,00 a	3,05 b	1,94 b	1,10 c	1,05 b	1072,33 c	17,24 a	7,89 c
V82391	68,30 b	2,88 b	1,79 b	1,07 c	0,77 b	1073,33 c	16,59 a	8,04 b
CMSXS647	68,00 b	2,86 b	2,35 a	1,49 b	1,29 a	1303,33 b	18,59 a	7,74 c
BRS 509	70,60 a	2,81 b	1,86 b	1,18 c	1,08 b	1025,00 c	17,63 a	8,45 a
CMSXS5004	68,00 b	2,28 c	1,51 c	0,88 c	1,05 b	1106,66 c	15,63 a	7,12 d
Sugargraze	64,30 c	3,19 a	2,27 a	1,51 b	1,61 a	1666,66 a	17,93 a	7,89 c
CV 568	69,00 b	3,33 a	2,38 a	1,65 b	1,28 a	1273,33 b	18,08 a	8,32 a
CMSXS5003	61,00 d	2,39 c	1,47 c	1,13 c	0,59 b	653,33 d	15,92 a	6,91 d
CMSXS5006	67,60 b	2,41 c	1,36 c	0,64 e	0,76 b	815,00 d	16,99 a	6,91 d
CMSXS644	69,00 b	3,35 a	1,85 b	1,07 c	0,70 b	706,66 d	19,94 a	8,04 b

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de Scott & Knott ($P \leq 0,05$). FLORES = número médio de dias para florescimento; ALTUR = Altura média das plantas; PMV = Peso médio de massa verde; PMS = Peso médio de massa seca; PC = Peso médio de calda; VC = Volume médio de calda; DC = Diâmetro médio de colmo; SEVER = Severidade média da doença.

De acordo com a análise de variância houve diferenças significativas entre as médias dos genótipos avaliados para os caracteres: período de florescimento (FLORES), Altura de Planta

(ALTUR), Peso de Massa Verde (PMV), Peso de Massa Seca (PMS), Peso de Calda (PC), Volume de Calda (VC) e Severidade (S).

Para a característica período de florescimento foram formados quatro grupos. O genótipo mais precoce foi o CMSXS5003 florescendo em torno dos 60 dias. A precocidade é uma característica que influencia na quantidade de ciclos possíveis durante o ano, rápido retorno de capital, e maior flexibilidade no manejo dos sistemas de produção.

Em relação à altura de planta, as maiores médias foram representadas por CMSXS644 (3,35 m), CV568 (3,33 m) e Sugargraze (3,19 m). Essa característica é muito importante, pois está diretamente relacionada a produção de massa verde e massa seca, o que é crucial para produção de energia na queima de biomassa e também para cobertura de solo.

Quanto a peso de massa verde, foram formados três grupos de média. Entre os genótipos que apresentaram maiores pesos de massa verde se destacaram o CMSX648 (2,78 kg), BRS 508 (2,46 kg), CV 568 (2,38 kg), CMSXS647 (2,35 kg) e Sugargraze (2,27 kg). A massa verde é uma característica que influencia na produção de caldo, onde resulta na produção de açúcar ou álcool, subproduto que tem alto valor econômico.

A característica peso de massa seca selecionou como os mais pesados os genótipos CMSX648 (1,89 kg) e BRS 508 (1,70 kg). A produção de massa seca pode resultar na produção de energia na queima do bagaço, que é subproduto da produção de álcool e açúcar, devido ao alto valor calorífico do sorgo e também pode ter como destino a produção de ração animal.

Em relação ao peso de calda os genótipos que apresentaram maiores pesos foram Sugargraze (1,61 kg) BRS 508 (1,41 kg), CMSXS648 (1,35 kg), CMSXS647 (1,29 kg), e CV568 (1,28 kg). Segundo Cunha (2010), o peso de calda influencia na produtividade dos derivados do sorgo, dentre eles o biocombustível. O caldo de sorgo sacarino difere principalmente do caldo de cana por seu conteúdo mais alto de goma, pois a produção de etanol aumenta conforme o maior teor de goma no grão.

O volume de calda selecionou como genótipo mais volumoso o Sugargraze (1666,66 l). O volume de calda é definitivo para a produção de açúcar e álcool, pois sua alta produção resultará na maximização dos derivados. Resultados semelhantes foram observados por Oliveira (2015), quanto ao número de dias para florescimento, altura média de plantas, diâmetro médio de colmos, produção de massa verde e produção de massa seca, onde, dos 14 genótipos, sete também foram avaliados como Sugargraze, BRS509, CMSXS644, CMSXS647, CMSXS648, V82391 e V82392.

Como último dado analisado, a severidade selecionou como os mais susceptíveis a doença os genótipos BRS 509 (8,45) e CV 568 (8,32). A severidade da doença é um dado de grande importância pelo fato de influenciar diretamente nas características avaliadas, dentre elas a produção de massa verde, a produção de massa seca e a altura de planta, entre outras, pois a doença reduz a área foliar e, conseqüentemente, a área fotossintética ativa, e assim, resultando na baixa produção final.

As medidas que determinam a dissimilaridade genética são apresentadas na Tabela 3, de acordo com as oito características estudadas, utilizando a distância generalizada de *Mahalanobis* (D^2_{ii}), onde observa que os genótipos que apresentaram maior divergência genética foram o CMSXS644 e o CMSXS648 ($D^2_{ii} = 536,25$). A existência de ampla divergência genética entre os genótipos pode auxiliar em programas de melhoramento genético e formação de populações superiores. Por sua vez, os genótipos que apresentaram as menores distâncias de divergência genética foram V823291 e o V823292 ($D^2_{ii} = 15,31$).

TABELA 3. Estimativas da dissimilaridade (D^2_{ii}) para as 14 combinações de genótipos mais similares e mais divergentes, respectivamente, mediante a avaliação de oito características agronômicas quantitativas, envolvendo 14 genótipos de sorgo sacarino (Cáceres - MT, 2015)

* 1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	57,73	162,48	312,94	25,66	30,54	122,37	50,67	66,18	216,43	141,52	181,10	97,36	51,83
2		97,87	169,57	99,74	62,67	50,00	105,00	31,25	94,77	130,29	82,63	130,56	179,09
3			45,42	148,63	134,72	23,69	115,10	135,50	93,48	62,60	268,68	375,75	335,19
4				281,77	227,82	49,60	227,94	237,29	61,57	101,65	368,10	533,77	536,25
5					15,30	106,72	16,83	1071,51	191,17	89,59	301,22	168,47	56,37
6						73,89	19,35	88,84	124,94	71,01	252,86	171,14	84,22
7							84,01	86,26	36,81	49,33	221,46	275,41	270,40
8								132,53	156,61	53,45	334,32	237,55	99,60
9									167,81	206,33	88,19	64,56	179,54
10										74,55	278,81	392,28	368,37
11											385,88	408,22	246,57
12												126,84	321,47
13													130,46

(1) CMSXS5010, (2) CMSXS639, (3) BRS 508, (4) CMSXS648, (5) V82392, (6) V82391, (7) CMSXS647, (8) BRS 509, (9) CMSXS5004, (10) Sugargraze, (11) CV 568, (12) CMSXS5003, (13) CMSXS5006 e (14) CMSXS644.

Com base na distância generalizada de *Mahalanobis*, o agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher proporcionou a formação de cinco grupos, diferenciando quanto aos genótipos contidos em cada grupo, conforme apresentado na Tabela 4. Este método leva ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

TABELA 4. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis para os genótipos de sorgo sacarino (Cáceres - MT, 2015).

Grupos	Genótipos	% Genótipos
I	V82392, V82391, BRS509, CMSXS5010, CMSXS644	35,72
II	BRS508, CMSXS647, CMSXS648, Sugargraze, CV 568	35,72
III	CMSXS639, CMSXS5009	14,28
IV	CMSXS5003	7,14
V	CMSXS5006	7,14
Total	14	100

Características como número de dias para florescimento, altura de planta, peso de massa verde e seca, diâmetro de colmo e severidade são características de grande interesse para os produtores, pois boas médias resultaram em alta produtividade por hectare, portanto o cruzamento de materiais mais divergentes pode gerar genótipos de grande potencial e de interesse aos produtores.

Os grupos I e II foram os mais numerosos, ambos com cinco genótipos representando 35,72% cada. O grupo I foi constituído pelos genótipos V82392, V82391, BRS509, CMSXS5010, CMSXS644, enquanto o grupo II foi formado por BRS508, CMSXS647, CMSXS648, Sugargraze, CV 568; já o grupo III foi formado por dois genótipos somando 14,28%, sendo eles CMSXS639, CMSXS5009; o grupo IV com 7,14% representado pelo genótipo CMSXS5003 e, o grupo V também com 7,14%, representado pelo genótipo CMSXS644.

Desta forma, baseado na análise de agrupamento, recomenda-se para obtenção de linhagens mais promissoras os genótipos CMSXS5003 e CMSXS5006, pelo fato de apresentarem maiores dissimilaridades entre os grupos.

Resultados semelhantes foram observados por Oliveira (2015), onde avaliando 25 genótipos de sorgo sacarino em Cáceres-MT, obteve-se a formação de oito grupos distintos. Silva et al. (2014), avaliando 40 genótipos de sorgo sacarino em Sete Lagoas-MG, obteve a formação de três grupos distintos.

Com base na Tabela 5, pode-se observar as médias da distância intragrupos e intergrupos, determinando que a menor distância intragrupos foi de 31,2464 para o grupo III com ele mesmo e, a maior distância intergrupos foi de 392,0844 do grupo II com o grupo V, ambos em negrito na Tabela, onde pode-se sugerir cruzamentos entre os genótipos desses dois grupos, com a finalidade de se obter maior variabilidade genética.

TABELA 5. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os genótipos de sorgo sacarino (Cáceres – MT, 2015).

Grupos	I	II	III	IV	V
I	45,0373	191,9959	107,8830	278,1912	161,5989
II		59,8696	137,5693	304,5854	392,0844
III			31,2464	85,4098	97,5613
IV				-	126,8421
V					-

Resultados semelhantes foram encontrados por Kolling (2014), estimando a dissimilaridade genética de 25 genótipos de sorgo sacarino em Cáceres – MT, em que obteve os maiores valores de dissimilaridade entre os genótipos CMSXS644 e CMSXS648.

O método de agrupamento UPGMA (Figura 1) submetido a um corte significativo de 60 % de distância genética permitiu a formação de três grupos distintos.

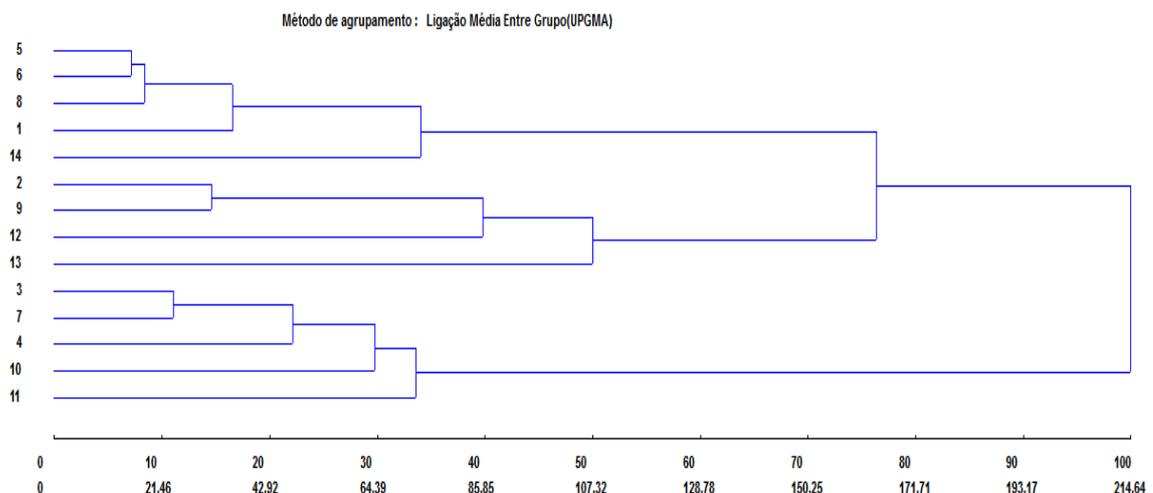


FIGURA 1. Dendrograma da dissimilaridade genética dos 14 genótipos de sorgo sacarino, obtido pelo método hierárquico de UPGMA (Cáceres - MT, 2015).

O grupo I formou dois subgrupos, sendo o subgrupo Ia contendo cinco genótipos (V82392, V82391, BRS 509, CMSXS5010 e CMSXS644), que foi formado em função das características PC, PMV, DC e PMS, após consultar agrupamento de médias pelo método Scott & Knott. O subgrupo Ib foi formado por quatro genótipos (CMSXS639, CMSXS5004, CMSXS5003 e CMSXS5006) devido a semelhança nas características ALTUR, PC e DC. No grupo II agruparam-se cinco genótipos (BRS 508, CMSXS647, CMSXS648, Sugargraze e CV 568), onde PMV, PC e DC foram responsáveis por formar este grupo.

O presente agrupamento formou menos grupos se comparado com Kolling et al. (2014), que caracterizou genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres - MT, onde o agrupamento médio entre grupos (UPGMA) formou quatro grupos divergentes para os 25 genótipos analisados.

A análise para estimar a contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética segundo o método de Singh (1981) indicou que os caracteres PMS (29,99 %) e VC (19,73 %) foram os que mais contribuíram para a divergência total entre os 14 genótipos de sorgo sacarino avaliado (Tabela 6).

TABELA 6. Contribuição relativa percentual de nove caracteres agronômicos avaliados para divergência ($2 \text{ ii } ' D$) entre 14 genótipos de sorgo sacarino. (Cáceres - MT, 2015)

Variáveis	S.j	Valor (%)
PMS (kg)	1792.446583	29.9984
VC (kg)	3256.707523	19.733
Severidade	2715.452138	16.4534
Flores	1970.961223	11.9424
PMV (kg)	1792.446583	10.8608
Altura (m)	820.383235	4.9709
DC (cm)	592.127596	3.5878
PC (kg)	404.89571	2.4533

PMS = peso de massa seca; VC = volume de calda; Severidade = severidade da doença; Flores = número médio de dias para o florescimento; PMV = peso de massa verde; Altura = altura média final das plantas; DC = diâmetro de colmo; PC = peso de calda.

Estes resultados evidenciam a importância do peso de massa seca e volume de calda para os genótipos, indicando que essas características são essenciais para futuros programas de melhoramento genético. Resultados diferem de Oliveira (2015), que avaliando 25 genótipos

de sorgo sacarino na região de Cáceres – MT, observaram que os caracteres altura de planta e florescimento foram os que mais contribuíram para a divergência total.

4. CONCLUSÃO

Há variabilidade genética entre os genótipos de sorgo sacarino avaliados quanto aos caracteres morfoagronômicos.

Os genótipos CMSXS648 e CMSXS644 são os mais divergentes segundo a matriz de dissimilaridade.

As características que mais se destacam são peso de massa seca e volume de calda, segundo a importância dos caracteres.

Os genótipos que apresentam menores valores de severidade da doença mancha da ramulíspora são CMSXS5003, CMSXS5004 e CMSXS5006.

O genótipo CMSXS648 apresenta boas características de produtividade e baixa incidência da doença mancha da ramulíspora, podendo ser indicado para o uso em programas de melhoramento genético de sorgo.

5. LITERATURA CITADA

- AGROCERES. **Guia agrocere de sanidade**. 2. ed. São Paulo: Sementes Agrocere, 1996.
- AWIKA, J. M.; ROONEY, L. W. Sorghum phytochemicals and their potential aspects on human health. **Phytochemistry**, Elmsford, v. 65, p. 1199-1221, 2004.
- BRADY, C. R.; NOLL, L. W.; SALEH, A. A.; LITTLE, C. R. **Disease severity and microsclerotium properties of the sorghum sooty stripe pathogen, *Ramulispora sorghi***. **Plant Disease**, St. Paul, v. 95, p. 853-859, 2011.
- BANDYOPADHAY, R. Sooty stripe. In: FREDERIKSEN, R. A (Ed.). **Compendium of sorghum diseases**. St. Paul: American Phytopathological Society, 2000, p. 14-15.
- CUNHA, S.P.; SEVERO FILHO, W. A. **Avanços tecnológicos na obtenção de etanol a partir de sorgo sacarino (*Sorghum bicolor* (L.) Moench)**. Santa Cruz do Sul. **Tecnológica**. V. 14, n. 2, p. 69 – 75, 2010.
- 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.
- DURÃES, F.O.M.: **Sorgo sacarino: tecnologia agrônômica e industrial para alimentos e energia**. **Revista Agroenergia**, Ano II, nº3, agosto de 2011.
- FERREIRA, A. S.; CASELA, C. R.; PINTO, N. F. J. A. **Manejo de doenças na cultura do sorgo. Sete Lagoas. Embrapa Milho e Sorgo**. 2007. 20 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular técnica, 89).
- GHINI, R.; HAMADA E.; BETTIOL, W. **Impactos das mudanças climáticas sobre doenças de importantes culturas no Brasil**. Jaguariuna. Embrapa meio ambiente, 2011, 356 p.
- KARAM, D. **Cultivo do sorgo: plantas daninhas. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010.** Disponível em: http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_6_ed/plantasdanhinha.htm. Acesso em 17, jun. 2014.

KOLLING, M. D.; TARDIN, F. D.; OLIVEIRA, T. C.; COSTA, J.S.; RODRIGUES, C.L.; BARELLI, M. A. A. Caracterização de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres, Mato Grosso. In: XXX Congresso Nacional de Milho e Sorgo, Salvador – BA, 2014. **Caracterização de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres, Mato Grosso.** Salvador – BA, p. 1 – 4.

MICHEREFF, S. J. **Fundamentos de fitopatologia.** Recife: [s.n], 2001.

NEVES, S. M. A. S.; NUNES, M C. M.; NEVES, R. J. **Caracterização das condições climáticas de Cáceres/MT Brasil, no período de 1971 a 2009:** subsídio às atividades agropecuárias e turísticas municipais. Boletim Goiano de Geografia. 31:p. 55-68. 2011.

OLIVEIRA, T. C. **Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres – MT.** Cáceres-MT: Universidade do Estado de Mato Grosso, 2015. 90p. (Dissertação - Mestrado em Melhoramento Genético).

RUBIN, E. M. **Genomics of cellulosic biofuels.** Nature, v. 454, p. 841-845, 2008.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. **Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance.** Biometrics. 30: 507-512, 1974.

SILVA, M. J.; PARRELLA, R. A. C.; DAMASCENO, C. M. B.; SCHAFFERT, R. E.; SOUZA, V. F.; FRANÇA, A. E. D.; ECULICA, G. C.; OLIVEIRA, C. Estimativa da diversidade genética entre genótipos de sorgo sacarino baseando-se em caracteres agroindustriais. In: IX Congresso Internacional de Bioenergia, São Paulo - SP, 2014. **IX Congresso Internacional de Bioenergia,** São Paulo – SP. p. 1 - 6.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding.** 41:237-245, 1981.

THOMAS, M. D.; BOCOUM, F.; THERA, A. **Field inoculations of sorghum with sclerotia and conidia of *Ramulispora sorghi* formed in vivo.** Mycologia, New York, v. 85, p. 807-810, 1993.

WILLIAMS, R. J.; FREDERIKSEN, R. A.; GIRARD, J. C. **Sorghum and pearl millet disease identification handbook**. Hyderabad: ICRISAT, 1978. 88 p. (ICRISAT. Information bulletin, 2).