

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

JOSEMAR SILVA DA COSTA

**CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE
SORGO FORRAGEIRO**

**CÁCERES – MT
2015**

JOSEMAR SILVA DA COSTA

**CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE SORGO
FORRAGEIRO**

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**

JOSEMAR SILVA DA COSTA

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGIA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO

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

Dra. Carla Lima Corrêa/Coorientadora - (UNEMAT)

Msc. Bruno Wagner Zago - (UNEMAT)

Prof Dr. Marco Antonio Aparecido Barelli - (UNEMAT)

Orientador

Dedico ao meu querido pai Joaquim Costa de Paula e, principalmente, a minha mãe Luzia da Silva, motivo maior de estar aqui concluindo este curso, também a minha irmã Leticia Silva de Paula pelo exemplo de vida, amor e dedicação.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

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

A 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.

A 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 Joao Pedro Tonhá, Allan Cebalio, Diego Arcanjo, Tiago Lacerda, Weverton Moraes, Jales Filho, Christiany Lamota, Mauricio Kolling, Jefferson Wesley, Ricardo Alvares, Rafael Takaki, Valkerson Zakarkim, Paulo Junges, Taniele Oliveira, Bruno Zago, Fernando Landi, Lucas Peline e muitos outros com quem tive oportunidade em conviver, pela amizade e experiências compartilhadas durante o período de graduação.

RESUMO

O sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) moench) é uma das opções para cultivo em sucessão, em áreas de Cerrado, visando tanto à produção de massa usual na alimentação animal quanto de grãos, ou com palha residual para o sistema plantio direto. A presente pesquisa foi conduzida com objetivo de avaliar a variabilidade genética existente em diferentes genótipos de sorgo forrageiro na região de Cáceres Mato grosso. Implantados na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, na Universidade do Estado de Mato Grosso, localizada na Cidade Universitária do *Campus* de Cáceres - MT, situada na latitude 16°04'59" Sul e longitude 57°39'01" Oeste, com altitude de 118 metros, em delineamento de blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas foram: número de dias do plantio ao florescimento; altura média de planta; Pigmentação verde da lamina da folia; Pigmentação da nervura central; Cerosidade da bainha; Ondulação da margem laminar da folia; Panícula Densidade; Capacidade de perfilhamento; Sincronização dos perfilho com florescimento da planta mãe; Pigmentação do coleótilo pela antocianina; Pigmentação da parte dorsal pela antocianina e Pigmentação da bainha pela antocianina. Os dados foram submetidos a análise multivariada utilizando o recurso computacional Genes. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro provenientes do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo. Foram avaliadas 12 características morfológica submetidos ao método a divergência genética entre os genótipos foi caracterizada com o emprego da Análise Multicategóricas como medida de dissimilaridade e, para o agrupamento dos genótipos mais similares, foi utilizado o método de otimização de Tocher e o método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), empregando-se o recurso computacional genes. Pelos agrupamentos obtidos, que alocaram os materiais em diferentes grupos, foi possível observar um agrupamento parecidos entre Tocher formando seis grupos e Distância em planos, formando três grupos. No entanto o agrupamento Tocher alocou os genótipos em dois grupos distintos. Os resultados obtidos a partir da matriz de dissimilaridade, evidenciaram a existência de variabilidade genética entre os 25 genótipos.

Palavras-chave: Variabilidade Genética. *Sorghum bicolor* (L.) moench.

SUMÁRIO

ARTIGO

RESUMO.....	8
ABSTRACT.....	8
1 INTRODUÇÃO.....	9
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	10
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	12
4 CONCLUSÃO.....	17
5 LITERATURAS CITADAS.....	18

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO

Preparo de acordo com as normas da Revista Brasileira de Ciências agrárias – Versão Preliminar

RESUMO: A presente pesquisa foi conduzida com objetivo de avaliar a variabilidade genética existente em diferentes genótipos de sorgo forrageiro (*Sorghum bicolor* (L.) moench) na região de Cáceres Mato grosso. O experimento de campo foi conduzido na Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, na safra 2013/2014, na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia. Foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro, provenientes do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo. Pode-se observar que o método de agrupamento de Tocher possibilitou a divisão dos 25 genótipos em seis grupos distintos, sendo dois deles com apenas um genótipo em cada grupo, o que caracteriza a divergência entre os materiais (12F39007 e VOLUMAX). A partir da matriz de dissimilaridade com as distâncias genéticas, pelo método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), pode se distinguir quatro divergentes grupos de genótipos, realizando-se um corte significativo pelo programa estatístico GENES a aproximadamente 79% no eixo horizontal, onde isolou o genótipo 12F37007 evidenciando como o mais divergente entre os grupos analisados. Os genótipos apresentaram divergência entre as 12 características estudadas.

Palavra-chave: Variabilidade Genética. Divergência. *Sorghum bicolor* (L.) Moench.

Morphological Characteristics of Forage Sorghum Genotypes

Abstract: This research was conducted to evaluate the genetic variability in different genotypes of sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) in the Cáceres Mato Grosso region. The field experiment was conducted at the State University of Mato Grosso - UNEMAT in the 2013/2014 crop in the experimental area of Biotechnology & Genetic Resources Laboratory. They evaluated 25 genotypes of sorghum, from the breeding program of Embrapa Maize and Sorghum. It can be observed that the Tocher grouping method enabled the division of the 25 genotypes in six distinct groups, two of them with a single genotype in each group, which characterizes the divergence between the materials (12F39007 and Volumax). From the dissimilarity matrix with genetic distances, the hierarchical method Medium Grouping Between Groups (UPGMA), can distinguish four different groups of genotypes, carrying out a significant cut by the statistical program GENES approximately 79% on the horizontal axis, where isolated 12F37007 genotype showing as the most divergent among the groups. The genotypes showed divergence among the 12 traits.

Key-words: Genetic variability. Divergence. *Sorghum bicolor* (L.) Moench.

1. INTRODUÇÃO

O aumento de área plantada e produção de sorgo, no Brasil, resultaram da conjugação de vários fatores que alavancaram a demanda por matérias-primas energéticas (METIDIARI, 2000; TSUNECHIRO et al., 2002). O Brasil ocupa o décimo lugar em produção a nível mundial com 857.000 t de grãos (FAOSTAT., 2001). Dados do IBGE (2001) mostram os estados de Goiás, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso e Rio Grande do Sul como os principais produtores.

A cultura de sorgo contribui com, aproximadamente, 10 a 12% da área total cultivada para silagem no Brasil e se destaca, de modo geral, por apresentar produção de matéria seca mais elevada do que a do milho, principalmente em condições de difícil cultivo, como nas regiões de solos de baixa fertilidade natural e locais onde é frequente a ocorrência de longos períodos de estiagem (ROCHA JR. et al., 2000).

O sorgo é uma das opções para cultivo em sucessão, em áreas de Cerrado, visando tanto à produção de massa usual na alimentação animal quanto de grãos, ou com palha residual para o sistema plantio direto. Sua importância na sucessão, em condições de Cerrado, advém de sua tolerância ao déficit hídrico. Além disso, o sorgo suporta altas temperaturas, apresenta média tolerância à acidez do solo e se desenvolve bem em zonas secas e quentes, apresentando boa produção de massa seca (RODRIGUES FILHO et al., 2006).

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] é uma cultura que no contexto da agropecuária brasileira vem se destacando a cada dia mais, por ser uma gramínea bastante energética, com alta digestibilidade. A planta é utilizada para silagem ou corte verde, para pastejo e, os grãos, em rações animais e para o consumo humano. Visando aumentar a produtividade da bovinocultura durante o verão, podem-se fazer uso de pastagens cultivadas de estação quente. Em função do crescente processo de verticalização da atividade pecuária brasileira, apresentam-se como uma alternativa estratégica à sustentabilidade e eficiência de uso da terra em sistemas de recria e engorda de bovinos em pastejo (NEUMANN et al., 2005).

O sorgo forrageiro surge com grandes avanços na parte de melhoramento, tendo em vista que se trata de uma cultura de fácil manuseio e de alta produtividade, rendimento de biomassa, além de oferecer um produto de alta qualidade e de baixo custo na pecuária de leite e de corte. Esses segmentos podem se tornar, em pouco tempo, o grande mercado consumidor de forragem e de grãos de sorgo, e poderão contribuir decisivamente para a consolidação da cultura no mundo. (EMBRAPA., 2010).

A pesquisa sobre diversidade genética é de fundamental importância na seleção preliminar de genótipos com características superiores e a utilização desses materiais para obter sucesso em programas de melhoramento genético. A avaliação da divergência genética é efetuada através de métodos que levam em consideração características agrônomicas, morfológicas e moleculares (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, sem preocupação com o número ótimo de grupos. Para este caso, Cruz & Regazzi (2001) apresentam formas distintas de representar a estrutura de agrupamento com base na distância entre os pares de genótipos. Uma dessas formas é utilizando a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, denominado método da distância média (UPGMA). No método de otimização de Tocher, é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO 1952).

A presente pesquisa foi conduzida com objetivo de avaliar a variabilidade genética com base em variáveis multicategóricas existente em diferentes genótipos de sorgo forrageiro [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] na região de Cáceres Mato grosso.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento de campo foi conduzido na Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, na safra 2013/2014, na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, localizada na Cidade Universitária do *Campus* de Cáceres - MT, situada na latitude 16°04'59" Sul e longitude 57°39'01" Oeste, com altitude de 118 metros. Com temperatura média anual de 26,24°C, configurando o clima local em duas estações bem definidas (estação seca e chuvosa), pela distribuição espacial e temporal das chuvas, apresenta uma precipitação total anual de 1335 mm, e o solo da região foi classificado como Latossolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006; NEVES et al. 2011).

Foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro, provenientes do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, sendo eles, (1) 12F38019, (2) 12F38006, (3) 12F40006, (4) 12F40005, (5) 12F40019, (6) 12F37016, (7) 12F37005, (8) 12F37043, (9) 12F39006, (10) 12F39005, (11) 12F39019, (12) 12F38005, (13) 12F38007, (14) 12F37007, (15) 12F39007, (16) 12F40007, (17) 12F38014, (18) 12F37014, (19) 12F39014, (20) 12F40014, (21) 12F38009, (22) 1F305, (23) BRS 655, (24) VOLUMAX e (25) BRS 610.

A área experimental foi preparada de modo convencional, sendo realizada uma gradagem e a adubação de acordo com a análise de solo e recomendação da cultura (EMBRAPA 2008).

Empregou-se o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela foi composta por quatro linhas de 5,0 m de comprimento, espaçamento de 0,7 metros entre linhas, sendo que a área útil das parcelas foi obtida considerando apenas as duas fileiras centrais.

Quando as plantas estavam com três folhas totalmente expandidas, 10 dias após o plantio, foi realizado o desbaste deixando 50 plantas por fileira. Adotaram-se medidas básicas de manejo conforme recomendações por Karam (2010), também foi feita a capina manual, para não prejudicar o desenvolvimento da cultura, uma vez que deve ser evitada a competição e influência de qualquer condição que possa interferir no desenvolvimento. A colheita foi realizada de acordo com a maturação fisiológica de cada genótipo, quando os grãos se apresentavam no estágio leitoso/pastoso.

Os dados avaliados foram de acordo com os descritores do Ministério da Agricultura, Pecuária e abastecimento (MAPA 1997), são eles: Número de dias decorridos do plantio até o ponto em que 50% das plantas da parcela estiverem em florescimento; Altura de planta (FLOR); - na época da colheita, a altura média das plantas (m) da área útil da parcela, medida a 10 cm da superfície do solo ao ápice da panícula Altura de planta (ALTP); Número médio de folhas (NMF) – na época da colheita, a média de folhas das plantas; Pigmentação verde da lamina foliar (PLF) – observou a presença ou ausência da pigmentação; Pigmentação da nervura central das folhas (PNC) – observou a tipo de pigmentação de 10 plantas ; Cerosidade da bainha (CB) – foi classificado como presente ou ausente; Ondulação da margem laminar da folha (OML) – foi analisada se a bainha de 10 plantas eram onduladas ou plana; Capacidade de perfilhamento (CP) – foi classificado como baixa, ausente e alta; Sincronização dos perfilhos com a planta mãe (SPF) – foi observado se o perfilho crescia junto a planta mãe; Pigmentação do coleóptilo pela antocianina (PCA) foi analisado a presença ou ausência de quatro coleóptilo por linhas centrais; Pigmentação da parte dorsal pela antocianina (PDA) – foi avaliada a parte dorsal de 10 plantas; pigmentação da bainha pela antocianina (PBA) – foi classificada a pigmentação de 10 plantas como ausente, média e forte.

A divergência genética entre os genótipos foi caracterizada com o emprego da Análise Multicategóricas como medida de dissimilaridade e, para o agrupamento dos genótipos mais similares, foi utilizado o método de otimização de Tocher (Rao 1952) e o método hierárquico

de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), empregando-se o recurso computacional GENES (Cruz 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da matriz de dissimilaridade genética, com base na distância das variáveis multicatóricas em relação às 12 características morfoagronômicas avaliadas, pôde-se verificar que a combinação mais divergente ocorreu entre os genótipos 12F37016 e BRS610, que apresentaram valor de dissimilaridade de 0,66. (Tabela 3).

Conforme observado na mesma matriz, que outros materiais não possuem dissimilaridade, uma vez que na mesma, duas combinações foram denominadas como iguais, pelo fato do valor de dissimilaridade ser igual a zero nas variáveis multicategóricas, estas combinações tiveram menor magnitude no valor de dissimilaridade sendo os genótipos BRS655 e BRS610. Pode observar que houve valores similares entre os genótipos 12F40006 e 12F38005, sendo estes os mais similares entre os demais analisados. Resultados semelhantes foram encontrados por Kolling., 2014, avaliando 25 genótipos de sorgo sacarino.

Pode-se observar que o método de agrupamento de Tocher possibilitou a divisão dos 25 genótipos em seis grupos distintos, sendo dois deles com apenas um genótipo em cada grupo, o que caracteriza a divergência entre os materiais (Tabela 1).

TABELA 2 Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 25 genótipos de sorgo forrageiro (Cáceres-MT, 2014).

Grupos	Genótipos	% de genótipo
I	12F38006, 12F39006, 12F40006, 12F38005, 12F40019, 12F39005, 12F39019, 12F40007, 12F40007, 12F37005, 12F38007, 12F38009, 12F40005, 12F38014, 12F37014 e 12F40014	64
II	12F39014, 1F305, 12F37016	12
III	BRS655 e BRS610	8
IV	12F38019 e 12F37007	8
V	12F39007	4
VI	VOLUMAX	4
Total	25	100,0

Este método leva ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

O grupo I reuniu o maior número de genótipos, um total de 64%, sugerindo que estes fazem parte de um mesmo grupo heterótico. O resultado obtido indica variabilidade genética entre os genótipos, uma vez que se observa um agrupamento mais numeroso nos primeiros grupos.

O conhecimento de diferenças em constituições genéticas dentro de grupos de genótipos tem sido de grande importância para qualquer programa de melhoramento (CRUZ e REGAZZI, 1997).

No grupo II teve 12,0 % dos genótipos sendo o segundo mais numeroso, já no grupo III e IV, respectivamente, tiveram o mesmo número de genótipos com 8,0% e os dois últimos grupos V e VI, respectivamente, tiveram 4,0%.

Os materiais mais divergentes gerados no método de análise são os genótipos 12F39007 E VOLUMAX, alocados no grupo IV e V, respectivamente. Isso mostra que 40% dos grupos formados, apresentam apenas um genótipo. Segundo Vasconcelos et al. (2007) a maioria dos casos, cada genótipo forma um grupo específico (com apenas um genótipo) em virtude de este agrupamento ser influenciado pela distância dos genótipos já agrupados. Isso ocorre devido ao fato de o método se utilizar de um critério global de agrupamento, ou seja, baseia-se na maior entre as menores distâncias encontradas na matriz de dissimilaridade durante o processo.

De acordo com Vieira et al.; (2005) grupos formados por apenas um indivíduo, apontam na direção de que tais genótipos sejam mais divergentes em relação aos demais. Isto facilita a projeção dos trabalhos de melhoramento, encontrando-se genótipos distintos para futuros cruzamentos.

Com base no método de otimização de Tocher foi estimada a dissimilaridade intra e intergrupos (Tabela 2). A maior distância média intragrupo foi observada no grupo IV (0,25), enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada no grupo III (0,17).

A distância intergrupo de menor proporção foi observada entre os grupos I e V (0,28). Por outro lado, a distância intergrupos mais elevada foi verificada entre os grupos V e VI (0,50), apresentando valores mais elevados de divergência genética. Entretanto, para os grupos V e VI não foi possível estimar as distâncias intragrupos, uma vez que cada um deles foi constituído por um único genótipo (Tabela 2).

TABELA 3 Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 25 genótipos de sorgo forrageiro (Cáceres – MT, 2014).

	I	II	III	IV	V	VI
I	0,21	0,31	0,46	0,34	0,28	0,34
II		0,22	0,44	0,36	0,42	0,47
III			0,17	0,42	0,33	0,33
IV				0,25	0,29	0,42
V					0,00	0,50
VI						0,00

Dessa forma, a hibridação entre os genótipos alocados no grupo V com os genótipos alocados no grupo VI (grupos mais divergentes), tenderiam a proporcionar ganhos superiores àqueles resultantes do cruzamento entre genótipos do grupo I com os genótipos do grupo V (grupos menos divergentes).

No método de otimização de Tocher, é adotado o critério de manter a distância média intragrupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO., 1952).

Essas metodologias de agrupamento são bastante utilizadas para caracterizar materiais, tais como Sávio et al. (2008), avaliando divergência genética em híbridos de sorgo. A partir da matriz de dissimilaridade com as distâncias genéticas entre os 25 materiais analisados, pelo método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), pode se distinguir quatro divergentes grupos de genótipos, realizando-se um corte significativo pelo programa estatístico GENES a aproximadamente 79% no eixo horizontal (figura 3).

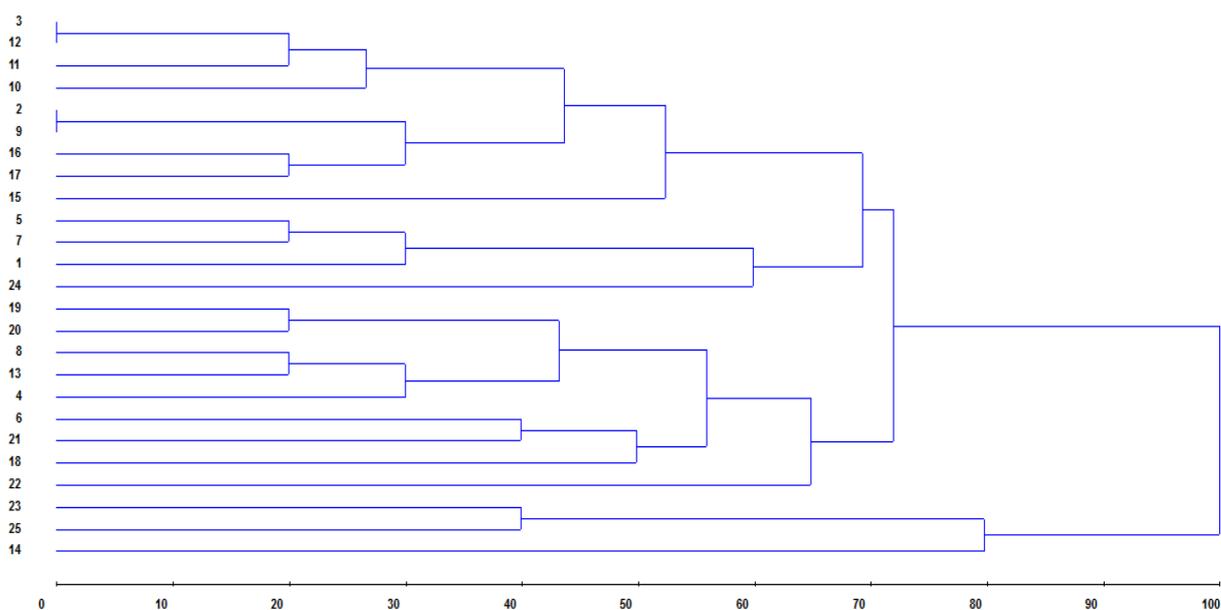


Figura 4 Dendrograma representativo do agrupamento de 25 genótipos de sorgo sacarino pelo Método UPGMA (Cáceres - MT, 2014).

O grupo I foi o mais numeroso, composto por 22 dos 25 genótipos, sendo eles, 12F38019, 12F38006, 12F40006, 12F40005, 12F40019, 12F37016, 12F37005, 12F37043, 12F39006, 12F39005, 12F39019, 12F38005, 12F38007, 12F39007, 12F40007, 12F38014, 12F37014, 12F39014, 12F40014, 12F38009, 1F305 e VOLUMAX, apresentando também dissimilaridade entre, no mínimo seis, das doze características avaliadas entre todos do grupo, sendo elas: florescimento, panícula densidade, pigmentação verde da lamina foliar,

pigmentação da nervura central das folhas, capacidade de perfilhamento e sincronização dos perfilhos com florescimento da planta mãe.

O grupo IIa foi composto por apenas dois dos 25 genótipos, sendo eles BRS 655 e BRS 610, apresentando dissimilaridade entre, no mínimo 2, das 12 características avaliadas entre todos do grupo, sendo elas: Pigmentação verde da lamina foliar e sincronização dos perfilhos com florescimento da planta mãe.

O genótipo 12F37007 permaneceu isolado hierarquicamente dos demais grupos, sendo o mais distante geneticamente, formando assim o grupo IIb.

O presente agrupamento mostrou ser menos divergente se comparado com Bertan et al. (2006), que comparou métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo, onde o Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA) formou 5 grupos divergentes para os 19 genótipos avaliados.

Por meio da matriz de dissimilaridade genética, com base na distância das variáveis multicategóricas em relação às 12 características morfológicas avaliadas, pôde-se verificar que a combinação mais divergente ocorreu entre os genótipos 12F37016 e BRS610, que apresentaram valor de dissimilaridade de 0,66.

4. CONCLUSÃO

- Os resultados obtidos a partir da matriz de dissimilaridade, evidenciaram que existência de variabilidade genética entre os 25 genótipos de sorgo forrageiro.
- Os métodos de agrupamento Tocher e pelo método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA) demonstraram diferença no agrupamento dos genótipos.
- Os genótipos 12F37007, 12F39007 e VOLUMAX os que apresentaram maior divergência em relação aos demais, uma vez que foram os mais isolados hierarquicamente.

5. LITERATURAS CITADAS

Banco de dados agregados-SIDRA. Disponível em: <<http://www.Ibge.gov.br>> Acesso em 28 nov. 2003.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G.; VALERIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. R. Bras. Agrociência, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, jul-set, 2006.

BRASIL, MAPA. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de sorgo (*Sorghum bicolor*). Diário oficial da união, 7 nov, 1997.

BRASIL, MAPA. Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de sorgo (*Sorghum bicolor*). Diário oficial da união, 7 nov, 1997.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G.V.; MOREIRA, G.R.; SILVA D.J.E. da; CARNEIRO, P.C.S; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J; MARCASSO, R.R.; CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada descritores qualitativos. In: SIMPOSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3., 2001, Londrina, Anais..., Londrina: SIRGEALC, 2001. P.401-402.

CRUZ CD; CARNEIRO PCS; REGAZZI AJ. 2003. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Viçosa: UFV, v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento. UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV, 2001. 390 p. 275.

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.

CRUZ, C.D; REGAZZI, A.J. Divergência genética. In: CRUZ, D.; REGAZZI, A.J. Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, 1997. cap. 6, p.287-32.

EMBRAPA Milho e Sorgo. Disponível em <<http://www.embrapa.br/imprensa/noticias/2009/maio/2a-semana/sorgo-sacarino-desponta-como-alternativa-promissora-na-producao-de-etanol/>>Acessado em 15/05/2010.

EMBRAPA MILHO E SORGO. Disponível em <www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_4_ed/adubacao.htm> Acesso em 27/11/2015.

FAO. FAOSTAT Agriculture Data. Disponível em: <<http://www.apps.fao.org/cgi-bin/nph-db.pl>>. Acesso em: 28 nov. 2001. IBGE.

FERNANDES, C.S. Sorgo - Fertilidade do solo e nutrição de plantas. In: CURSO DE EXTENSÃO SOBRE A CULTURA DO SORGO, 1980, Vitória de Santo Antão, PE. Curso de Extensão sobre a Cultura do Sorgo. Brasília: EMBRAPADID, 1981. p.7-13. (IPA. Documentos, 1). genético. Viçosa: UFV, 2003. 585 p. 273.

IBGE. Banco de dados agregados-SIDRA. Disponível em: Acesso em 28 nov. 2003. INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. Disponível em: Acesso em: 09 jun. 2008.

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/plantasdaninha.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.

METIDIERI, F.J. Pé no fundo com o sorgo. Cultivar, Porto Alegre, v.2, n.23, p.10-11, 2000

NEUMANN, M.; RESTLE, J.; BRONDANI, I.L.; NORBERG, J.L.; MELLO, R.O.; SOUZA, A.N.M.; PELLEGRINI, L.G. Efeito do tamanho da partícula e do tipo de silo sobre o valor nutritivo da silagem de sorgo (*Sorghum bicolor*, L. Moench). Revista Brasileira de Milho e Sorgo, Sete Lagoas, v.4, n.2, p.224-242, 2005.

NEUMANN, M.; RESTLE, J.; FILHO, D.C.A.; MACCARI, M.; PELLEGRINI, L.G.; SOUZA, A.N.M.; PEIXOTO, L.A.O. Produção de forragem e custo de produção da pastejo contínuo. Revista Brasileira de Agrociência, Pelotas, v.11, n.2, p.215-220, 2005.

RAO, R. C. Advanced statistical methods in biometric research. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390 p.

RIBAS, P.M. Cultivo do sorgo. 2008. Disponível em: http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_4_ed/plantio-plantio.html Acesso em: 10 de agosto de 2010.

ROCHA Jr., V.R. et al. Avaliação de sete genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) para produção de silagem. I - Características agronômicas. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária Zootecnia, Belo Horizonte, v.52, n.5, p.506- 511, 2000.

RODRIGUES FILHO, O. et al. Produção e composição bromatológica de quatro híbridos de sorgo forrageiro [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] submetidos a três doses de nitrogênio. Ciência Animal Brasileira, Goiânia, v. 7, n. 1, p. 37-48, 2006.

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; VINICIUS, E. Divergência genética em genótipos de milho, no estado do Tocantins. Revista Ciência Agronômica, vol. 43, núm. 3, jul-set, 2012, p. 516-521.

SÁVIO, F. L.; FARIA, P. N.; PEREIRA, W. A.; OLIVEIRA, A. B.; TARDIN, F. D.; 303
RODRIGUES, J. A. S.; SCHAFFERT, R. E. Divergência genética em híbridos de sorgo 304

cultivados sob diferentes níveis de fósforo, em solução nutritiva. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.7, n.3, p. 305-321, 2008.

TSUNECHIRO, A.; MARIANO, R.M.; MARTINS, V.A. Produção e preços de sorgo no Estado de São Paulo, 1991-2001. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.1, n.1, p.15-24, 2002.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. Pesq. Agropec. Bras., v.42, n.10, p.1421-1428, 2007.

VIEIRA, E. A. et al. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005, Campo Grande. Anais... Campo Grande: Embrapa. 1 CD-ROM.

