

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE
PLANTAS

TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA

**Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de
sorgo sacarino na região de Cáceres – MT**

CÁCERES

MATO GROSSO – BRASIL

FEVEREIRO – 2015

TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA

Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres – MT

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. MARCO ANTONIO APARECIDO BARELLI

CÁCERES

MATO GROSSO – BRASIL

FEVEREIRO – 2015

Oliveira, Taniele Carvalho de.

Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres-MT./Taniele Carvalho de Oliveira. – Cáceres/MT: UNEMAT, 2015.

89 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade do Estado de Mato Grosso. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, 2015.

Orientador: Marco Antônio Aparecido Barelli

1. Sorgo sacarino. 2. Sorgo sacarino – variabilidade genética. 3. Sorgo sacarino – correlação entre caracteres de genótipos. 4. Volume de caldo – seleção de plantas – massa verde. 5. Sorghum bicolor (L.) Moench. I. Título.

CDU: 633.174(817.2)

Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Regional de Cáceres

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES
DE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO NA REGIÃO DE
CÁCERES – MT

Taniele Carvalho de Oliveira

Dissertação apresentada à UNIVERSIDADE
DO ESTADO DE MATO GROSSO, como parte
das exigências do Programa de Pós-
Graduação em Genética e Melhoramento de
Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Aprovada em 09 de fevereiro de 2015.

Comissão Examinadora:



Prof. D.Sc. Flavio Dessaune Tardin – EMBRAPA



Prof. D.Sc. Peterson Baptista da Luz – UNEMAT



Prof. D.Sc. Marco Antonio Aparecido Barelli – UNEMAT
(Orientador)

À Deus por ter me proporcionado mais uma conquista. E aos meus pais Paulo Rodrigues de Oliveira e Thelma do Carmo Carvalho de Oliveira, pelo amor e exemplo de vida.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela proteção, saúde, por me guiar e conduzir durante a minha vida e por estar comigo sempre.

À Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT pela oportunidade conferida. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas de Nível Superior – CAPES pela bolsa oferecida.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, pelo apoio técnico.

Ao meu orientador, Marco Antonio Aparecido Barelli, pela amizade, pela orientação, pelos ensinamentos e pela valiosa colaboração durante todo trabalho de pesquisa.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - PGMP por participar deste passo tão importante em minha vida profissional e pelas oportunidades de geração de conhecimentos e qualificação.

Ao pesquisador Flávio Dessaune Tardin pela contribuição nesta pesquisa.

Aos meus pais Paulo Rodrigues de Oliveira e Thelma do Carmo Carvalho de Oliveira, pelo apoio, compreensão, e, em especial, por todo carinho ao longo deste percurso e por sempre depositarem confiança em mim.

As minhas irmãs Camila C. de Oliveira e Maria Paula C. de Oliveira pelo carinho e compreensão. Ao meu cunhado Wagner Ribeiro da Cruz pela grande ajuda durante esta conquista. À Diego M. de Oliveira pelo amor, companheirismo, incentivo e paciência.

Aos meus amigos Denise R. Neves, Kleber G. Bárbara, Marilene S. Castro, Henrique G. Favare e Maurício Kolling, pelo carinho e amizade. E especialmente ao Danilo de Lima Gonçalves e o Paulo Ricardo Junges dos Santos pela cumplicidade, ajuda e amizade.

Aos amigos da Pós, Thalita N. Marostega, Adryellison L. de Campos, Mariana Batistti, Alan Chrisleyr, Natan R. Cavalcante, Deizimary Stella, Tatiane L. Varella e Viviane Hunhoff, por estarmos sempre juntos, nos ajudando mutuamente em momentos difíceis. E a todos que me ajudaram durante essa trajetória colaborando direta e indiretamente para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

TANIELE CARVALHO DE OLIVEIRA nasceu em 16 de março de 1991 na cidade de Cáceres - MT, filha de Paulo Rodrigues de Oliveira e Thelma do Carmo Carvalho de Oliveira.

Diplomou-se em Engenharia Agrônômica, em Agosto de 2012, pela Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Campus de Cáceres, MT.

Em março de 2013, iniciou o curso de Mestrado pelo Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, na linha de pesquisa em Melhoramento Genético Vegetal, na Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, em Cáceres, MT.

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	1
2.	REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1	Origem e domesticação	3
2.2	Morfologia e aspectos gerais	4
2.3	Importância econômica.....	5
2.4	Divergência genética e análise multivariada.....	7
2.4.1	Análise de agrupamentos.....	8
2.5	Variáveis canônicas	10
2.6	Importância relativa dos caracteres	12
2.7	Correlações genéticas.....	13
3.	MATERIAL E MÉTODOS.....	16
3.1	Material experimental	16
3.2	Instalação e condução do experimento.....	16
3.2.1	Área experimental.....	16
3.2.2	Clima	16
3.2.3	Delineamento experimental	18
3.2.4	Tratos culturais	18
3.2.5	Plantio.....	18
3.3	Características avaliadas.....	19
3.4	Análises estatísticas	20
3.4.1	Análise de variância univariada.....	20
3.4.2	Agrupamento entre médias.....	21

3.4.3	Análise multivariada	21
3.4.3.1	Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i>	22
3.4.3.2	Análise de agrupamento	22
3.4.3.2.1	Método de otimização de Tocher	23
3.4.3.2.2	Método hierárquico de UPGMA	24
3.4.3.2.3	Coeficiente de correlação cofenética	24
3.4.4	Variáveis canônicas	25
3.4.5	Importância relativa dos caracteres	28
3.4.6	Estimadores de correlação genética	29
3.4.6.1	Teste de multicolinearidade	30
3.4.6.2	Análise de trilha	31
4.	RESULTADOS E DISCUSSÕES	35
4.1	Análise de variância univariada	35
4.2	Parâmetros genéticos	42
4.3	Análise multivariada	43
4.3.1	Distância generalizada de <i>Mahalanobis</i>	43
4.4	Análise de grupamento pelo método Tocher e UPGMA	46
4.5	Variáveis canônicas	51
4.6	Importância relativa dos caracteres	55
4.7	Correlação genética	56
4.8	Análise de trilha	59
5.	CONCLUSÕES	63
6.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	64

RESUMO

OLIVEIRA, Taniele Carvalho de, M. Sc., UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, Fevereiro de 2015. **Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres – MT.** Professor Orientador: Marco Antonio Aparecido Barelli. Professores Conselheiros: Leonarda Grillo Neves e Claudete Rosa da Silva.

O sorgo sacarino é uma espécie nativa do noroeste da África onde atualmente se encontra a maior variabilidade em espécies silvestres e cultivadas. Apresenta alto potencial forrageiro, colmos suculentos, rico em açúcares fermentescíveis, ciclo rápido (quatro meses), cultura totalmente mecanizável e com altos rendimentos de etanol. A cultura se apresenta como uma das fontes renováveis capaz de contribuir para o aumento na produção de etanol, podendo ser usada para complementar o cultivo da cana-de-açúcar. Objetivou-se com o presente trabalho avaliar a divergência genética de genótipos de sorgo sacarino, determinar correlações genéticas entre os caracteres e realizar análise de trilha entre o volume de caldo e seus componentes. 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, e as variáveis analisadas foram: número de dias para o florescimento; altura média de planta; número médio de colmos; produção de massa verde; produção de massa seca; número médio de folhas; diâmetro médio de colmos; volume médio do caldo extraído e porcentagem de sólidos solúveis totais. Os dados foram submetidos à análise de variância e a análise multivariada com base na distância generalizada de *Mahalanobis* para estimar a divergência genética, onde se empregou o método de agrupamento de Tocher, UPGMA, variáveis canônicas e importância relativa dos caracteres. As correlações genotípicas e seus desdobramentos em efeitos diretos e indiretos foram estimados por meio da análise de trilha, realizada após o diagnóstico de multicolinearidade. Houve diferenças significativas a 1 e 5% de probabilidade para as características avaliadas, evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos de sorgo sacarino com base nas características morfoagronômicas. Os genótipos CMSXS642, CMSXS646 e CMSXS647 foram os

que apresentaram maior potencial agrônômico para a produção de etanol por apresentarem maiores médias para volume de caldo e porcentagem de °BRIX. A combinação entre os genótipos CMSXS644 e 201027015 ($D_{ii}^2 = 249,82$) foi a mais divergente e a combinação entre os genótipos CMSXS630 e CMSXS643 ($D_{ii}^2 = 2,37$) a mais similar, os agrupamentos gerado pelo método de otimização de Tocher, hierárquico UPGMA e dispersão gráfica demonstraram semelhança no agrupamento dos genótipos, sendo que as combinações mais similares se mantiveram no mesmo grupo em ambos os métodos de agrupamento e as combinações mais dissimilares apresentaram-se isoladas. Com base nos resultados de desempenho agrônômico e diversidade genética sugerem-se as seguintes combinações: CMSXS644 x 201027018; CMSXS642 x CMSXS644; CMSXS642 x 201027018; CMSXS646 x CMSXS644; CMSXS646 x 201027018; CMSXS647 x CMSXS644 e CMSXS647 x 201027018. A seleção indireta de caracteres visando à produção de volume de caldo é recomendada para os caracteres produção de massa verde (0,7007) e altura média de plantas (0,5573) por apresentarem correlação favorável e significativa. A produção de massa verde foi o caráter que apresentou a mais alta correlação com volume médio de caldo o efeito direto alto (0,5538) e efeitos indiretos baixos sobre esta variável, assim, genótipos com maior volume de caldo podem ser obtidos a partir da seleção de plantas com maior produção de massa verde.

Palavras-Chave: Sólidos solúveis totais; *Sorghum bicolor* (L.) Moench; Variabilidade genética; Volume de caldo.

ABSTRACT

OLIVEIRA, Taniele Carvalho de, M. Sc., UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO, February, 2015. **Genetic divergence and correlation between characters of sorghum saccharin genotypes in Caceres Region.** Adviser Professor: Marco Antonio Aparecido Barelli. Committee Members: Leonarda Grillo Neves and Claudete Rosa da Silva.

Sweet sorghum is a species native from Northwest Africa where currently is found the largest variability in wild and cultivated species. It shows high forage potential, succulent stalk, rich in fermentable sugars, fast cycle (four months), a crop easily for harvesting with machines with high ethanol yields. Crop is characterized as a renewable source capable of contributing to the increase in ethanol production, which may be used to complement sugar cane cultivation. The objective of this work was to evaluate the genetic divergence of sweet sorghum genotypes, to determine genetic correlations between characters and to perform track analysis between stock volume and its components. The experiment was conducted at an experimental area belonging to Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, na Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT, Caceres County, Mato Grosso State. Twenty five sorghum sacarine genotypes were evaluated in randomized blocks design, with three repetitions, and the variables analyzed were: number of days to flowering; medium of plant height; medium number of stalks; green mass production; dry mass production; medium number of leaves; medium diameter of stalks; medium volume of extracted juice and percentage of total soluble solids. Data were submitted to variance analysis and multivariate analysis based on generalized distance of *Mahalanobis*, in order to estimate genetic divergence, by using clustering method of Tocher, UPGMA, canonic variables and relative importance of characters. Genotype correlations and their developments in direct and indirect effects were estimated by means of track analysis, performed after the diagnosis of multicollinearity. There were significant differences at 1 and 5% probability level, for evaluated characteristics, demonstrating the existence of genetic variability among the genotypes of sweet sorghum based on morph agronomic characteristics. CMSXS642, CMSXS646 and CMSXS647 genotypes were the ones with more

agronomic potential for ethanol production, presenting major mediuns for stock volume and BRIX percentage. The combination between CMSXS644 e 201027015 genotypes were the most divergent ($D_{ii}^2 = 249.82$), while CMSXS630 and CMSXS643 genotypes showed the most similar one ($D_{ii}^2 = 2.37$). Groups generated by Tocher optimization method, UPGMA hierarchic and graphic dispersion demonstrated similarity in grouping genotypes, with more similar combinations remained in the same group in both grouping methods and most dissimilar combinations were isolated. Based on the results of agronomic performance and genetic diversity it is suggested the following combinations: CMSXS644 x 201027018; CMSXS642 x CMSXS644; CMSXS642 x 201027018; CMSXS646 x CMSXS644; CMSXS646 x 201027018; CMSXS647 x CMSXS644 x CMSXS647 and 201027018. Indirect selection of characters for juice volume production is recommended for the characters: green mass production (0.7007) and medium plant height (0.5573) for presenting favorable and significant correlation. Green mass production was the character that presented the highest correlation with juice medium volume. High direct effect (0.5538) and inferior indirect effects on it variable, show that genotypes with major juice volume may be obtained from plants selection with higher green mass production.

Key words: Total soluble solids; *Sorghum bicolor* (L.) Moench; Genetic variability; juice volume.

1. INTRODUÇÃO

O sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] pertence à família das *Poaceae*, assemelha-se à cana-de-açúcar, por apresentar colmos suculentos e com altos teores de açúcares fermentescíveis, além de potencial para uso na produção de forragem (Parrella, 2011). O sorgo apresenta tolerância média à acidez do solo, suporta temperaturas elevadas e desenvolve-se bem em zonas secas e quentes (Rodrigues Filho et al., 2006). Por apresentar metabolismo C4, suporta elevados níveis de radiação solar, respondendo com altas taxas fotossintéticas (Landau e Sans, 2010).

O setor sucroalcooleiro e energético do país busca alternativas para aumentar rendimentos agrícolas e industriais, reduzindo custos de produção e aumentando a operacionalidade das usinas, sobretudo na entressafra de cana-de-açúcar (Durães et al., 2012). O cultivo de sorgo sacarino oferece ao produtor algumas vantagens como a rapidez no ciclo, cultura totalmente mecanizável, produção de grãos em torno de $2,5 \text{ t ha}^{-1}$, que podem ser utilizados para alimentação humana e/ou animal, produção de biocombustível, utilização do bagaço como fonte de energia e produção de forragem para alimentação de animais (Parrella, 2011). Além do fornecimento de matéria-prima para destilarias, pois apresenta grande quantidade de açúcares, o que faz dele uma fonte de açúcar e álcool, cerca de 8% inferior a da cana-de-açúcar, com o °brix variando de 16 até 23% e biomassa entre $40\text{-}70 \text{ t ha}^{-1}$ (Olivetti e Camargo, 1997; Almodares e Hadi, 2009).

Há pesquisas que indicam a viabilidade de uso do sorgo sacarino na entressafra canavieira no Brasil, proporcionando as usinas a antecipação e ampliação no período de moagem (Teixeira et al., 1997). A cultura se apresenta como uma das fontes renováveis capaz de contribuir para o aumento na produção de etanol, podendo ser usada como cultura complementar à cana-de-açúcar em áreas de reforma, áreas consideradas marginais para a cana ou áreas que não tenham sido contempladas no zoneamento de riscos climáticos da cultura (Emygdio et al., 2011).

O sorgo possui ampla variabilidade genética (Ribas, 2000), sendo que a variabilidade genética é essencial para o sucesso dos programas de melhoramento de praticamente todos os caracteres de importância econômica (Ramalho et al.,

1993). Dentre as diversas medidas de dissimilaridade propostas para a quantificação das distâncias entre genótipos, a distância generalizada de *Mahalanobis* tem sido amplamente utilizada quando se dispõem de experimentos com repetições, pois esta se diferencia das demais técnicas por levar em consideração as correlações entre os caracteres avaliados (Cruz e Regazzi, 2001). A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética, tem se tornado comum em diferentes espécies, como é o caso do melhoramento do sorgo (Geleta et al., 2006; Sávio et al., 2008; Quintero et al., 2012).

Uma das formas de aumentar a eficiência da seleção de um caráter é o uso de caracteres correlacionados (Carpentieri-Pípolo e Bruel, 2002). Segundo Hallauer e Miranda Filho (1981), a correlação medida através do coeficiente de correlação tem grande importância no melhoramento de plantas, porque mede o grau de associação genética ou não genética entre dois ou mais caracteres.

A análise de trilha ou "*Path analysis*" é um artifício que o melhorista dispõe para entender as causas envolvidas nas associações entre caracteres e decompor a correlação existente em efeitos diretos e indiretos, através de uma variável principal e as variáveis explicativas, ou seja, os componentes primários da variável básica (Kurek et al., 2001).

Dentre as estratégias para maximizar ou ampliar a capacidade produtiva, a avaliação de novas possibilidades como o uso do sorgo sacarino na produção de etanol é grande importância para o Estado, pois promove o avanço na geração de conhecimentos, melhoria da qualidade dos produtos e incorporação de processos produtivos de menor impacto ambiental, promovendo o fortalecimento do sistema de produção de etanol do Estado bem como a sua diversificação.

Diante do exposto, objetivou-se com o presente trabalho avaliar a divergência genética de genótipos de sorgo sacarino, com base em características morfoagronômicas por meio de técnicas de análise multivariada e determinar as correlações genéticas entre os caracteres e realizar análise de trilha entre o volume de caldo e seus componentes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Origem e domesticação

O sorgo originou-se no quadrante noroeste da África onde atualmente se encontra a maior variabilidade em espécies silvestres e cultivadas. Foi provavelmente domesticado na Etiópia, pela seleção de espécies silvestres (*Sorghum arundinaceum* ou *Sorghum verticilliflorum*) aproximadamente há 7000 anos (Santos et al., 2005).

O sentido da seleção foi de tipos silvestres de sementes pequenas e quebradiças para sementes maiores e robustas. Essa seleção resultou em plantas com características muito diferentes em altura, tipo de inflorescência, e utilização final (alimentação, forragem, grãos, etc.) (Olembo et al., 2010).

O sorgo foi distribuído do nordeste da África para o continente através do transporte e do comércio pelas rotas do Oriente Médio para a Índia. Da Índia, acredita-se ter sido levado para a China ao longo da rota da seda e através de navegação de cabotagem para o Sudeste Asiático. Da África Ocidental o sorgo foi levado para as Américas através do tráfico de escravos e introduzido nos Estados Unidos para o cultivo comercial no final do século XIX. Posteriormente, foi introduzido na América do Sul e Austrália. Sendo amplamente cultivada em áreas mais secas da África, Ásia, Américas, Europa e Austrália entre as latitudes de até 50° N na América do Norte e da Rússia e 40° S, na Argentina (Balole e Legwaila, 2006).

No Brasil, a sua introdução se atribui aos escravos, onde a cultura ficou conhecida como milho d'Angola (Lira, 1981), e é considerada uma cultura bastante recente, a partir da década de 60 que começou a ser conhecido (Olivetti e Camargo, 1997). Somente no final do século XIX que apresentou importância dentre os cereais, passando a ser o quinto do mundo em área cultivada, após o trigo, milho, arroz e cevada (Kill e Menezes, 2005).

2.2 Morfologia e aspectos gerais

O sorgo pertence ao Reino *Plantae*; Divisão *Magnoliophyta* (Angiospermas); Classe *Liliopsida* (Monocotiledonea); Ordem *Poales*; Família *Poaceae* (Gramíneas); Gênero *Sorghum*; Espécie: *Sorghum bicolor*. A espécie *Sorghum bicolor* (L.) Moench é uma espécie diplóide com $2n = 20$ cromossomos (Santos et al., 2005). O sistema radicular é fibroso que se ramifica profusamente. As raízes possuem sílica na endoderme, grande quantidade de pelos absorventes e altos índices de lignificação de periciclo (Durães, 2011) e sob condições favoráveis, os nós acima do solo podem produzir raízes adventícias fortes, que ajudam a ancorar a planta (Bassam, 2010).

O caule é cilíndrico e ereto, dividido em nós e entrenós, cada entrenó tem a capacidade de desenvolver um sistema radicular independente, ainda que permaneça ligado à da haste principal. A altura da planta varia entre os 0,4 e 5 m, e a largura, na base, entre 1,5 a 5 cm de diâmetro (Magalhães et al., 2008; Bassam, 2010; May et al., 2013). Algumas espécies podem acumular níveis elevados de açúcar no parênquima do colmo (Quintero et al., 2012) e o caldo extraído contém altos níveis de sacarose e açúcar invertido que são facilmente fermentados para produção de etanol (Prasad et al., 2007).

As folhas são alternadas e as bainhas são compridas sobrepondo-se umas às outras. As variedades apresentam folhas com diferentes comprimentos, sendo que durante o período da seca as folhas enrolam-se contribuindo para reduzir a transpiração (Campos et al., 1973).

É uma planta autógama, com baixa taxa de fecundação cruzada que varia conforme o ambiente e o genótipo, de 5 a 20%. Possuem flores completas e em geral não apresenta autoesterilidade (Rooney, 2004; Borém, 2005). A inflorescência é composta por uma panícula com cachos em ráquis terciárias, cada uma com uma ou várias espiguetas. Algumas espiguetas são sésseis e outras são pediceladas, exceto as espiguetas sésseis terminal, o qual é acompanhado por duas espiguetas pediceladas. As espiguetas sésseis têm ambos os sexos, masculino (androceu) e feminino (gineceu), e as pediceladas são geralmente do sexo masculino ou do sexo feminino (Reddy et al., 2008). O fruto é uma cariopse ou grão seco, podendo apresentar coloração preta, marrom, marrom clara, vermelha, bronze, amarela, creme, cinza e branca (MAPA, 1997).

A planta apresenta metabolismo C4, resposta fotoperiódica típica de dias curtos e altas taxas fotossintéticas (Magalhães, 2000), embora a cultura seja nativa dos trópicos, possui boa adaptação em regiões temperadas e tropicais. No Brasil, o sorgo tem despontado como alternativa para diversas regiões, pois se adapta a diversos ambientes, principalmente onde ocorre deficiência hídrica, temperaturas altas, podendo também ser cultivada em solos ácidos e alcalinos (Santos et al., 2005).

Agronomicamente o sorgo é classificado em 5 grupos distintos: Sorgo granífero que inclui tipos de sorgo de porte baixo, altura de planta até 170 cm, que produz na extremidade superior, uma panícula (cacho), onde se localizam os grãos (principal produto deste tipo de sorgo); Sorgo forrageiro que compreende um tipo de sorgo de porte alto, com altura de planta superior a dois metros, muitas folhas, panículas abertas, com poucas sementes, elevada produção de forragem (variedades de *Sorghum bicolor* e capim sudão ou híbridos inter específicos destes, ou seja, *Sorghum bicolor* x *Sorghum sudanense*); Sorgo sacarino possui porte elevado sua altura é superior a dois metros, caracterizado principalmente por apresentar colmo doce e succulento apropriados para produção de açúcar e álcool e/ou confecção de silagem; Sorgo vassoura inclui tipos de cujas panículas são confeccionadas vassouras (Ribas, 2000); e o Sorgo biomassa são plantas de porte alto, podendo atingir mais de 5 m de altura, sua principal finalidade é produção de biomassa utilizada como fonte renovável de energia (May et al., 2013).

2.3 Importância econômica

O sorgo sacarino apresenta colmos com caldo semelhante ao da cana-de-açúcar, rico em açúcares fermentescíveis, e pode ser utilizado para a produção de etanol utilizando a mesma instalação da cana-de-açúcar (Durães, 2011). Seu cultivo permite a otimização da produção de biocombustíveis pela utilização complementar da área cultivada com cana-de-açúcar, devido á complementariedade temporal destas culturas ocasionada pela expansão do setor produtivo (Cunha e Severo Filho, 2010).

A expansão da cultura de sorgo sacarino no Brasil tem amplas perspectivas e admite modelos diferenciados. O modelo de expansão preferencial da cultura de

sorgo sacarino é na entressafra da cana-de-açúcar ou renovação de canaviais, objetivando complementar a produção de etanol, antecipando a oferta de matéria-prima de qualidade, visando competitividade com sustentabilidade, aumentos de produtividade e redução de custos de produção e maior eficiência do uso de recursos e insumos (Durães et al., 2012).

As usinas têm agora a possibilidade de iniciar suas atividades industriais com o sorgo sacarino a partir da segunda quinzena de março, visto que a janela ideal de plantio de sorgo é de 15 de novembro a 15 de janeiro, período em que essa cultura encontra as melhores condições de desenvolvimento, proporcionando, assim, um aumento na amplitude da janela de colheita. O potencial mínimo de geração de etanol de sorgo sacarino está estimado em 3.223 L ha⁻¹, com uma produtividade que gira em torno de 55 t ha⁻¹, o que representa cerca de 58,6 L t (Assis e Moraes, 2014).

Resultado obtidos por Giacomini et al. (2013) avaliando o potencial de sorgo sacarino para a produção de etanol no estado do Tocantins, observaram que cultivar CMSXS647 apresentou a maior produção em volume e concentração de caldo, 17,19 L ha⁻¹ e 25,44% respectivamente. E as cultivares BRS507 e CMSXS637 destacaram na produção de sólidos solúveis totais (°Brix) com 23,66%.

Obtendo resultados de aproximadamente 50 a 77 litros de etanol e 80 a 127 kg de açúcar por tonelada de massa verde, enquanto a cana-de-açúcar produz em média 85 litros de etanol e 135 kg de açúcar, utilizando-se a mesma tecnologia utilizada nas usinas atualmente (Durães, 2011).

Estudos realizados por Teixeira et al. (1997) utilizando sorgo sacarino como matéria-prima complementar à cana-de-açúcar para a produção de etanol em micro destilaria obtiveram rendimentos de 53 a 54 litros por tonelada de colmos processados e de 55 a 57 litros para o caso da cana-de-açúcar, entretanto, se os colmos de cana-de-açúcar tivessem sido processados no ponto de maturação completa, o rendimento poderia ter ser de 67 a 70 litros.

Segundo Makanda et al. (2009) a identificação de genótipos superiores de sorgo sacarino, geraram 64 híbridos a partir de 16 linhagens de sorgo sacarino utilizadas na Carolina do Norte. Estes híbridos foram cultivados e avaliados na África sendo identificadas as linhagens que produziram híbridos com satisfatório aumento

de biomassa nos colmos e melhoramento em termos de °Brix, em relação às cultivares de linhagens puras.

2.4 Divergência genética e análise multivariada

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

Para determinar quão distante geneticamente uma população ou genótipo é de outra são utilizados métodos biométricos, onde se quantifica ou se estima a heterose, que são analisados pela estatística multivariada permitindo unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres. Vários métodos podem ser utilizados, dentre eles estão à análise por componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (Cruz e Regazzi, 2001).

A quantificação da diversidade genética pode ser realizada por meio de caracteres agrônômicos, morfológicos e moleculares entre outros. No caso de variáveis quantitativas essa variabilidade pode ser acessada utilizando-se medidas de dissimilaridade, destacando-se, entre elas: a distância Euclidiana e a distância generalizada de *Mahalanobis*. Essa última leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características mensuradas, quando o experimento se encontra sob delineamento experimental (Cruz e Carneiro, 2003).

Em trabalho realizado por Rotili et al. (2012) avaliando a divergência genética em genótipos de milho no sul do estado do Tocantins, adotaram-se a distância generalizada de *Mahalanobis* como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as variáveis estudadas. Simon et al. (2012) estimando a divergência genética entre 19 híbridos simples de milho cultivados na safra de verão e safrinha no município de Rio Verde - GO utilizaram a distância generalizada de *Mahalanobis* obtidas a partir dos dados padronizados como medidas de dissimilaridades.

Técnicas multivariadas têm sido utilizadas para a quantificação da diversidade genética em diferentes espécies, como, trabalho realizado por Lopes et al. (2014) avaliando a divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos nos municípios de Paranaíba, Colorado e Iguatemi no estado do Paraná, observaram variabilidade genética entre os clones de cana-de-açúcar estudados, em todos os ambientes estudados.

Em estudos realizado por Benitez et al. (2011) avaliando a divergência genética, quanto à tolerância ao sal, entre genótipos de arroz, através de técnicas multivariadas, observaram que os métodos de otimização de Tocher e dispersão gráfica das variáveis canônicas são concordantes entre si, seguindo a mesma tendência de agrupamento dos genótipos.

De acordo com Dutra Filho et al. (2011) avaliando a divergência genética em progênies de cana-de-açúcar oriundas de autofecundação, com base em oito caracteres agroindustriais, observaram que as técnicas multivariadas mostraram-se eficientes na identificação das progênies mais divergentes no material genético considerado.

2.4.1 Análise de agrupamentos

Entre os procedimentos estatísticos mais utilizados para estimar a distância genética com base em caracteres morfológicos estão às estimativas de distâncias entre cada par de genótipos e sua apresentação em uma matriz simétrica. A partir da obtenção desta, sua interpretação pode ser facilitada pela utilização de métodos de agrupamento, que tem por finalidade separar um grupo original em subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos (Bertan et al., 2006).

Segundo Cruz e Regazzi (1997), a análise de agrupamento envolve duas fases, sendo a primeira relacionada com a estimação de uma medida de dissimilaridade entre os genitores e a segunda com a utilização de um método para a formação dos grupos. Esta técnica depende de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, sendo a distância generalizada de *Mahalanobis* a mais utilizada (Cruz et al., 2004), e os métodos de agrupamento podem ser divididos em hierárquicos e de otimização (Cruz, 2005).

Entre os métodos de otimização, o método de Tocher proposto por Rao (1952) é um dos mais utilizados. Neste método adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (Cruz, 2005). Formado o grupo inicial pela identificação do par de genitores mais similar, é avaliada a possibilidade de inclusão dos outros genitores, considerando o critério assumido anteriormente (Cruz e Regazzi, 1994).

Este método têm sido utilizado em diferentes espécies, Bonett et al. (2006) avaliando a diversidade genética em 63 cultivares de feijão, por meio de técnicas uni e multivariadas, com base em 11 características morfoagronômicas obteve a formação de nove grupos distintos. Benitez et al. (2011) avaliando a divergência genética de 10 genótipos de arroz através da análise de agrupamento pelo método de Tocher baseada na matriz de *Mahalanobis*, obteve a formação de seis grupos distintos.

Segundo Moro et al. (2007) estimando a dissimilaridade genética em 64 linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo enfezamento e identificação das possíveis combinações híbridas promissoras, observaram que o método de Tocher separou as linhagens em sete grupos distintos.

Por sua vez, nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de um dendrograma de alto conteúdo informativo. Dentre os métodos que vêm sendo comumente utilizados pode-se destacar o UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*) (Cruz, 2005).

O UPGMA é um método de agrupamento não-ponderado, que utiliza médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo e mínimo) entre os genótipos. A construção do dendrograma é estabelecida pelos modelos ajustados de menor dissimilaridade (Cruz et al., 2004).

A distorção produzida no processo de agrupamento é estimada por um coeficiente de correlação cofenética (CCC) proposto por Sokal e Rohlf (1962). O CCC é um coeficiente de correlação produto momento que quantifica a concordância entre os valores originais da matriz de dissimilaridade e os elementos da matriz cofenética (Cruz e Carneiro, 2006).

De acordo com Rohlf (1970), o ajuste do coeficiente de correlação cofenética é considerado bom, quando o mesmo apresenta significativo e valores iguais ou superiores a 0,7. Estes resultados indicam que houve um bom ajuste entre as matrizes originais de distâncias e as distâncias da matriz cofenética.

Em trabalho realizado por Aramendiz-Tatis et al. (2011) avaliando o comportamento de oito variedades locais, sete cultivares e nove híbridos comerciais de berinjela quanto às características produtivas na região do Caribe Colombiano, observaram que quatro grupos foram determinados como ideais para análise do agrupamento UPGMA com coeficiente de correlação cofenética de 0,90, revelando um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original.

Segundo De Paula (2009) avaliando a adaptabilidade e estabilidade, divergência genética e otimização experimental em dez genótipos de milho pipoca nas regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, observou a formação de quatro grupos pelo método UPGMA e coeficiente de correlação cofenética de 0,61 demonstrando pouca confiabilidade do dendrograma. Segundo mesmo o autor, não se pode descartar o uso do dendrograma, pois ainda que tenha apresentado um CCC considerado baixo, a formação dos grupos se mostra bastante coerente, principalmente quanto à proximidade genética.

De acordo com Bertan et al. (2006) avaliando a eficiência de três diferentes métodos de agrupamento (Tocher, UPGMA e projeção 2D) na representação da distância genética estimada por meio de caracteres morfológicos entre 19 genótipos de trigo, observaram que o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA se apresentou similar ao método de Tocher quando da formação de grupos entre genótipos mais divergentes. Silva et al. (2011) estimando a divergência genética entre sete variedades-padrões e onze clones RB (Republica do Brasil) de cana-de-açúcar observaram a formação de dois grupos pelo método de agrupamento UPGMA, entretanto, pelo método de Tocher ocorreu a formação de quatro grupos distintos.

2.5 Variáveis canônicas

Para determinar a divergência genética de uma população ou linhas, vários métodos multivariados podem ser aplicados, dentre eles, esta a análise por variáveis

canônicas. Neste método avalia-se a similaridade dos progenitores por meio de dispersão gráfica, onde se consideram dois eixos cartesianos (Cruz et al., 2004).

A análise multivariada, baseada em Variáveis Canônicas, foi relatada por Rao (1952) e sua utilização permite: i) reduzir o número de características em avaliação; ii) determinar a contribuição de cada variável original para a variação total observada entre as unidades amostrais; e iii) agrupar os indivíduos com mais alto grau de similaridade, por meio de dispersões gráficas. Para a interpretação satisfatória da variabilidade manifestada entre genótipos é necessário que as duas primeiras variáveis canônicas reúnam variação mínima de 80% do total, contida no conjunto de características analisadas (Cruz et al., 2004).

Ao avaliarem a divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico em Viçosa - MG, Oliveira et al. (2004), observaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 89,09% da variação total, possibilitando boa confiabilidade dos resultados no plano bidimensional.

De acordo Vogt et al. (2010) estimando a divergência genética entre 17 cultivares de girassol com base em caracteres morfológicos e fisiológicos no planalto norte catarinense observaram que apenas duas variáveis canônicas foram suficientes para representar 83,90% da variância genética dos cultivares. Miranda et al. (2003) avaliando o potencial de melhoramento e a divergência genética de nove cultivares tropicais de milho-pipoca em Viçosa - MG observaram que apenas duas variáveis canônicas foram suficientes para representar 96,558% da variância genética das cultivares.

Em estudos realizados por Colombo et al. (2014) para a fenotipagem de genótipos de milho em condições de estresse por alumínio e determinar sua correlação com a produtividade de grãos, além de quantificar a variabilidade genética dos híbridos em função da dissimilaridade genética e identificar híbridos promissores na seleção de progênies em Gurupi - TO, observaram que as três primeiras variáveis canônicas representaram 85,10% da variação total.

Vogt et al. (2012) estimando a divergência fenotípica entre 17 cultivares de girassol com base em descritores morfológicos em Papanduva - SC, utilizando técnicas de análise multivariada as duas primeiras variáveis canônicas foram suficientes para representar apenas 70,37% da variância dos genótipos.

2.6 Importância relativa dos caracteres

A importância relativa dos caracteres estimada pelo método de Singh avalia a importância dos caracteres na determinação dos valores da distância entre pares de acessos. Para identificar a variável menos importante pelo método de Singh ou das variáveis canônicas, dentre aquelas incluídas na análise, deve-se, então, realizar novas análises, excluindo-se, passo a passo, dentro do conjunto de variáveis, aquelas de menor importância. Considera-se uma variável de realmente possível descarte quando a sua exclusão não altera o padrão de agrupamento anteriormente obtido (Cruz, 2006).

De acordo com De Paula (2009) o estudo deste método é de grande importância para os pesquisadores, pois, possibilita avaliar com segurança a respeito das características que poderão ser utilizadas em estudos de divergência genética.

A utilização da importância relativa dos caracteres para estimar a divergência genética tem se tornado comum em diferentes espécies. Em pesquisa realizada por Coimbra et al. (2010) caracterizando e avaliando o potencial produtivo e a divergência genética de populações de milho resgatadas do sudeste de Minas Gerais, com intuito de identificar os genótipos promissores para o melhoramento genético, observaram que os descritores quantitativos que mais contribuíram para divergência genética foram o número de fileiras de grãos, largura de grãos e diâmetro de espiga.

De acordo com Rotili et al. (2012), ao estudarem a divergência genética em genótipos de milho no sul do estado do Tocantins observaram que a característica que mais contribuiu para a divergência foi à produtividade. Já Simon et al. (2012) avaliaram a divergência genética entre 19 híbridos simples de milho cultivados na safras de verão e de safrinha no município de Rio Verde - GO, e observaram que as características que mais contribuíram para a explicação da divergência genética entre os híbridos, tanto na safra quanto na safrinha foram o índice de área foliar, peso de mil grãos, produtividade de grãos, número de grãos por fileira e número de fileiras de grãos por espiga.

Estudos realizados por Souza et al. (2011) com dez famílias RB (República do Brasil) de irmãos germanos de cana-de-açúcar com potencial de produção na

maturação, visando à seleção de indivíduos para uso no melhoramento e comercial no município de Igarassu - PE, observaram que os caracteres tonelada de cana por hectare e toneladas de sólidos solúveis por hectare foram os que mais contribuíram para a divergência entre as famílias. Marim et al. (2009), que caracterizaram a diversidade genética de acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) e avaliaram a importância relativa de caracteres na determinação dessa diversidade, conseguiram observar que as características com maiores contribuições relativas para a avaliação da diversidade dos acessos foram massa total dos frutos, massa média dos frutos, comprimento do fruto e largura do fruto.

Segundo Sapucay et al. (2009) estimando a diversidade genética entre acessos de *Capsicum* pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Paraíba, Areia - PB, calcularam a importância relativa e a correlação entre os caracteres quantitativos avaliados e observaram que as variáveis que explicaram a variação encontrada, segundo a metodologia de Singh (1981), foram o teor de matéria seca e o número de frutos por planta.

2.7 Correlações genéticas

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento genético, principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, e, ou, tenha dificuldade de medição e identificação (Cruz et al., 2012). Em diversas culturas, a obtenção de genótipos superiores ocorre normalmente mediante a variável produção, que é resultado da interação de fatores genéticos, fisiológicos e ambientais. A complexidade desses fatores e a necessidade de maior eficiência no processo de seleção requerem o desdobramento das estimativas de correlação genética (Tavares et al., 1999).

A estimativa de correlação genética é obtida em função do quadrado médio do tratamento e do quadrado médio do resíduo, cada um associado a números diferentes de graus de liberdade, o que torna difícil o estabelecimento dos graus de liberdade associados à estimativa da correlação. Pelo mesmo motivo, o coeficiente

de correlação ambiental também não pode ser avaliado pelo teste t, apesar de que, muitas vezes, tem sido utilizado com os graus de liberdade associados ao resíduo da análise de variância (Ferreira et al., 2008).

A correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, sendo que somente as correlações genotípicas que envolvem uma associação de natureza herdável, que é de maior interesse para o melhoramento (Nogueira et al., 2012). A correlação genética é ocasionada principalmente pelo pleiotropismo (é a propriedade pela qual um gene condiciona mais de um caráter simultaneamente) e pelo desequilíbrio de ligação (associação não aleatória entre alelos de diferentes locus) (Falconer, 1987).

A correlação fenotípica pode ser diretamente mensurada a partir das medidas de dois caracteres, em certos números de indivíduos da população. O ambiente torna-se causa de correlações quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais (Cruz et al., 2012).

De acordo com Nogueira et al. (2012) na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de coeficiente de correlação positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui.

A magnitude está relacionada com a estimativa do parâmetro e pode variar de -1 até +1, sendo que, quanto mais próximo da unidade, maior será a influência da seleção de um caráter em outro (Souza et al., 2008). A significância das correlações é importante para todos os estudos, análises e interpretações, pois permite o discernimento mais preciso das estimativas de correlações, principalmente, das de pequenas magnitudes. No entanto, não existe teste exato para se avaliar a significância das correlações genéticas e a hipótese de que o coeficiente de correlação genotípica é igual a zero não pode ser avaliada por um teste paramétrico usual, como o teste t associado a $n-2$ graus de liberdade (Ferreira et al., 2008).

A correlação é apenas uma medida de associação, portanto não permite conclusões sobre causa e o efeito, não possibilitando inferências sobre o tipo de associação que governa o par de caracteres Y/X (Coimbra et al., 2005; Barili, et al., 2011). Dada a importância das relações causais entre caracteres, nas estratégias de melhoramento, foi que se desenvolveu um método próprio que investiga estas

relações. Tal método denominado de “*path coeficiente analysis*” fornece quantidades, chamadas coeficientes de trilha (Vencovsky e Barriga, 1992).

A análise de trilha, proposta por Wright (1921) permite particionar o coeficiente de correlação em efeitos diretos e indiretos. Assim com a utilização desta técnica, pode-se avaliar se o efeito do ambiente interfere na inter-relação dos caracteres.

Segundo Menezes et al. (2014) avaliando os coeficientes de correlação e os desdobramentos das correlações genóticas em efeitos diretos e indiretos em capim elefante em Campos dos Goytacazes - RJ, observaram que pode-se obter maior produção de matéria seca selecionando diretamente plantas mais altas e com maior diâmetro do colmo. Ao selecionar plantas com maior número de perfilhos por metro linear, poderá ocorrer aumento da altura de planta e, com isto, indiretamente maior produção de matéria seca.

Em pesquisa realizado por Espósito et al. (2011) avaliando o uso de valores fenotípicos e genotípicos na análise de trilha envolvendo características agrônômicas em cana-de-açúcar, nos estágios de cana-planta e cana-soca no município de Oratórios - MG observaram que uso da matriz de correlação fenotípica ou genotípica foram semelhantes. A variável número de colmos foi o componente que apresentou maior contribuição para a produção de cana-de-açúcar, com possibilidade de obtenção de ganhos significativos por meio da seleção indireta para tonelada de colmos por hectare via número de colmos ou por meio de índice de seleção via número de colmos e diâmetro de colmos.

De acordo com Ribeiro et al. (2001) estimando as correlações genéticas entre a produção de grãos e identificando os caracteres que evidenciam os maiores efeitos diretos e indiretos sobre o rendimento de grãos de feijoeiro em Santa Maria - RS, observaram que os caracteres número de grãos e legumes por planta, e números de grãos por legume têm maior correlação genética com o rendimento de grãos, devendo ser priorizados na seleção indireta. Os maiores efeitos diretos sobre o rendimento de grãos em feijão carioca estão relacionados a plantas com maior número de grãos por planta.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material experimental

Os 25 genótipos de sorgo sacarino utilizados neste estudo, foram cedidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA Milho e Sorgo, sendo parte deles cultivares comerciais e o restante cultivares experimentais: (1)BR501, (2)BR505, (3)BRS506, (4)BRS509, (5)CMSXS630, (6)CMSXS634, (7)CMSXS642, (8)CMSXS643, (9)CMSXS644, (10)CMSXS646, (11)CMSXS647, (12)CMSXS648, (13)201027013, (14)201027014, (15)201027015, (16)201027016, (17)201027017, (18)201027018, (19)201027019, (20)201027020, (21)BRS601, (22)Sugargraze, (23)V82391, (24)V82392 e (25)V82393.

3.2 Instalação e condução do experimento

3.2.1 Área experimental

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), com altitude de 118 m. O solo da região foi classificado como Latossolo vermelho amarelo distrófico (EMBRAPA, 2006).

3.2.2 Clima

Segundo classificação de Köppen o clima da região é tropical quente e úmido, com inverno seco (Awa). As maiores temperaturas médias ocorrem no período úmido e as menores no período seco, configurando o clima local em duas estações definidas, com período de regime de chuvas variando de outubro a março, e de seca de abril a setembro (Neves et al., 2011).

A média da precipitação total anual da região é de 1.335 mm (Neves et al., 2011). Os dados climáticos de temperatura e umidade (máxima e mínima,

respectivamente) no período de condução do experimento, encontram-se na figura 1 e 2 (INMET, 2014).

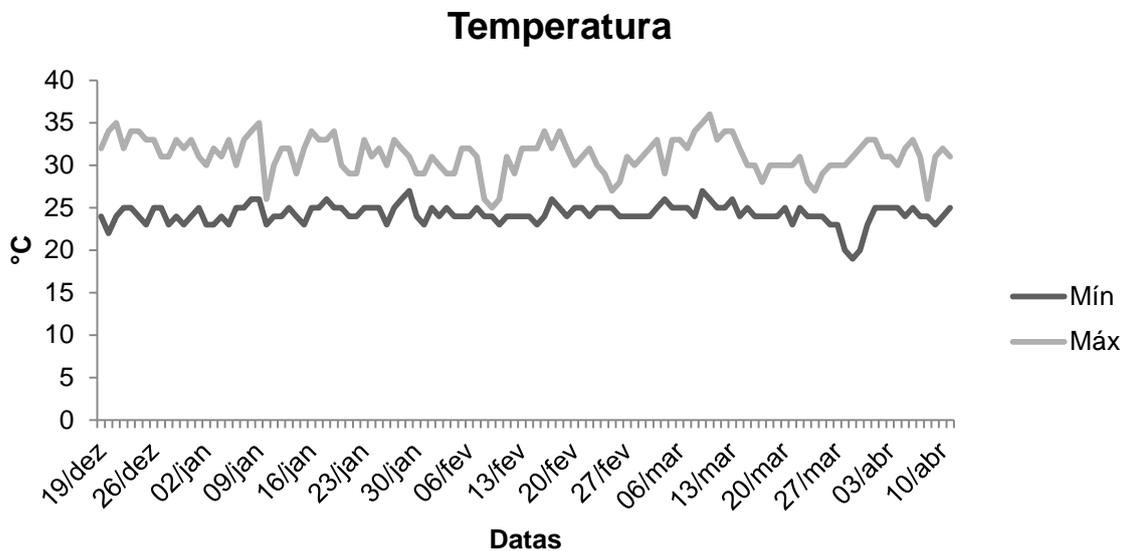


Figura 1. Temperatura máxima e mínima do período de 19 de dezembro de 2012 a 11 de abril de 2013. Cáceres - Mato Grosso, 2013.

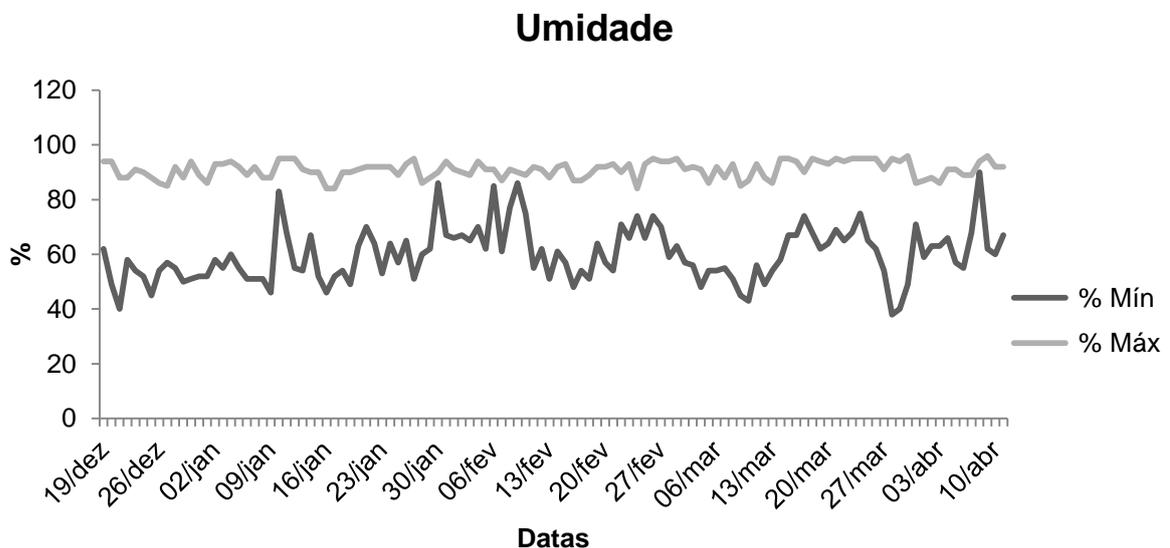


Figura 2. Umidade máxima e mínima do período de 19 de dezembro de 2012 a 11 de abril de 2013. Cáceres - Mato Grosso, 2013.

3.2.3 Delineamento experimental

Foi empregado o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, e a unidade experimental foi composta por quatro linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 0,70 m entre linhas, totalizando 14 m² por parcela, sendo apenas as duas linhas centrais consideradas como área útil.

3.2.4 Tratos culturais

Antes da implantação do experimento realizou-se a coleta de amostras de solos para determinação da análise química na profundidade de 0-20 cm (Tabela 1). Foi realizada a adubação de 150 kg ha⁻¹ do formulado mineral 20-05-20 N-P₂O₅-K₂O e 375 kg ha⁻¹ de P₂O₅ no plantio e a adubação de cobertura foi realizada aos 45 dias do plantio utilizando 89 kg ha⁻¹ de uréia.

Tabela 1. Características químicas do Latossolo vermelho amarelo distrófico da área experimental, coletado na profundidade de 0-20 cm^{1/}

Análise Química										Análise Física		
	pH	pH	P	K	Ca	Mg	Al	H+Al	M.O	Areia	Silte	Argila
Camada	H ₂ O	CaCl ₂	mg.dm ⁻³	Cmol _c .dm ⁻³					g.dm ⁻³		g.kg ⁻¹	
0 – 20	5,40	5,90	4,7	77,1	3,0	0,8	0,0	2,3	13,2	72,5	12,6	14,9

^{1/} Análise realizada no Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia de Mato Grosso - Campus de Cáceres-MT, Laboratório de Análise de Solo.

3.2.5 Plantio

O experimento foi conduzido em condições de sequeiro, a semeadura foi realizada no dia 19 de dezembro de 2012, com densidade de 3 g de sementes por linha de 5 m. Para o plantio foi realizado a abertura de sulcos com enxada, espaçados a 0,70 m entre linhas. As sementes foram distribuídas uniformemente, a uma profundidade de aproximadamente 3 a 4 cm, após a cobertura das sementes,

as linhas de plantio foram compactadas para que a semente tivesse bom contato com o solo.

O desbaste foi realizado 10 dias após a emergência, onde as parcelas úteis ficaram com 90 plantas em cada linha, simulando uma população de 140.000 plantas ha⁻¹. Nos primeiros 45 dias de desenvolvimento da cultura foi realizada capina a cada 15 dias para evitar a competição com plantas daninhas, pois, segundo Karam, (2010) esse intervalo de tempo é considerado o período crítico para o desenvolvimento da cultura.

O controle de pragas foi realizado sempre que necessário, de acordo com o nível de infestação, realizou-se a aplicação de inseticidas à base de Clorpirifós na dosagem de 0,50 L ha⁻¹ do produto comercial para o controle da Lagarta-do-Cartucho (*Spodoptera frugiperda*) e inseticida à base de Fipronil na dosagem 10 g de isca a cada 5 m² para o controle de formiga cortadeira (*Atta bisphaerica*).

A colheita dos genótipos foi realizada nos dias 10 e 11 de abril de 2013, quando os grãos apresentaram no estágio duro/farináceo (aproximadamente 113 dias após o plantio). As análises de extração de caldo foram realizadas com o auxílio de uma moenda elétrica (motor 1KW), os colmos foram passados duas vezes para a extração do caldo.

3.3 Características avaliadas

- a. Florescimento (FLOR): número de dias decorridos do plantio até a data em que 50% das plantas da parcela se encontrava com pelo menos as flores do terço superior da panícula liberando pólen.
- b. Altura de planta (ALT): altura média de 10 plantas da área útil da parcela, medida da base da planta até o ápice da panícula na época da colheita (m).
- c. Número de colmos por hectare (NCH): número médio de colmos colhido de 10 plantas na área útil da parcela na época da colheita (colmo ha⁻¹).
- d. Número de folhas (NMF): número médio de folhas de 10 plantas na área útil da parcela na época da colheita.
- e. Diâmetro de colmo (DMC): diâmetro médio de colmos colhido de 10 plantas na área útil da parcela, medido a 10 cm da superfície do solo com auxílio de paquímetro digital na época da colheita (mm).

- f. Produção de massa verde (PMV): peso médio de 5 plantas inteiras, cortadas a 10 cm da superfície do solo (sem panículas) na época da colheita (kg ha^{-1}).
- g. Produção da massa seca (PMS): peso médio de 5 plantas inteiras, cortadas a 10 cm da superfície do solo (sem panículas) desidratadas em estufa de aeração forçada, na época da colheita (kg ha^{-1}). Na temperatura de $65\text{ }^{\circ}\text{C}$, por 72 horas (Albuquerque et al., 2009).
- h. Volume médio do caldo (VMC): volume médio do caldo extraído de 8 plantas inteiras (sem panículas), em L ha^{-1} , prensadas no moinho elétrico na época da colheita.
- i. Teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}\text{BRIX}$): determinado no caldo a porcentagem de sólidos solúveis totais (%) por meio de refratômetro digital de leitura automática, na época da colheita.

3.4 Análises estatísticas

3.4.1 Análise de variância univariada

Antes das análises, foram realizados os testes de normalidade e homogeneidade e os dados de NCH, DMC e $^{\circ}\text{BRIX}$ foram transformados em $(x+0,5)^{0,5}$ (Banzatto e Kronka, 2013). As demais características avaliadas não necessitaram de transformação.

Os dados foram submetidos à análise de variância univariada, considerando o delineamento experimental em blocos casualizado, com três repetições, sendo o valor de cada observação fornecido pelo modelo estatístico, considerando o efeito de genótipo como fixo.

$$Y_{ij} = m + g_i + b_j + E_{ij}$$

Em que:

Y_i = observação do tratamento i no bloco j ($i = 1, 2, \dots, g = 6$; $j = 1, 2, \dots, b = 10$);

m = média geral;

g_i = efeito do acesso i ;

b_j = efeito do bloco j ;

E_{ij} = erro experimental.

O esquema da análise de variância e as esperanças de quadrados médios para a fonte de variação do modelo estatístico encontram-se na Tabela 2:

Tabela 2 - Análise de variância das características avaliadas

FV	GL	SQ	QM	E (QM)	F
Blocos	b-1	SQB	QMB	$\sigma_e^2 + g\sigma^2 b$	
Genótipos	g-1	SBG	SQG	$\sigma_e^2 + b\phi g^2$	$\frac{QMg}{QMr}$
Resíduo	(b-1)(g-1)	SQR	SQR	σ_e^2	
Total	ij-1	SQT			

onde:

$$SQB = \frac{1}{g} \sum_{j=1}^b Y_{.j}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQG = \frac{1}{b} \sum_{i=1}^g Y_{i.}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQT = \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^b Y_{ij}^2 - \frac{Y_{..}^2}{gb}$$

$$SQR = SQT - SQG - SQB$$

3.4.2 Agrupamento entre médias

Foi utilizado o teste de Scott-Knott (1974), em nível de significância de 1% de probabilidade, para agrupar as médias entre as colunas.

3.4.3 Análise multivariada

A divergência genética entre os genótipos foi avaliada por meio da Análise de Variáveis Canônicas, posteriormente, realizando as análises pelos métodos de

agrupamento de otimização de Tocher (Rao, 1952) e o método hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D_{ii'}^2$).

3.4.3.1 Distância generalizada de *Mahalanobis*

As estimativas da distância generalizada de *Mahalanobis* $D_{ii'}^2$ são obtidas através da expressão:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta, \text{ em que:}$$

$D_{ii'}^2$: é a distância de *Mahalanobis* entre os genótipos i e i' ;

ψ : matriz da variância e covariâncias residuais;

δ : $[d_1, d_2, \dots, d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : é a média do i -ésimo genótipo em relação a j -ésima variável.

Através da distância de *Mahalanobis* $D_{ii'}^2$ tem-se a possibilidade de estimação da diversidade genética, além da quantificação da contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando-se o critério proposto por Singh (1981), baseado na estatística $S_{.j}$. Considerando-se que:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \psi^{-1} \delta = \sum_{j=i}^n \sum_{j'=i}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'},$$

em que $\omega_{jj'}$ é o elemento da j -ésima linha e j' -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

3.4.3.2 Análise de agrupamento

O agrupamento dos genótipos foi obtido com o emprego dos métodos de agrupamento de Otimização de Tocher utilizando o programa computacional Genes (Cruz, 2013) e o método Hierárquico de Agrupamento Médio Entre Grupos (UPGMA), através do programa computacional R (R Development Core Team 2012),

determinando o coeficiente de correlação cofenética para certificar o ajustamento entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado pelo método UPGMA.

3.4.3.2.1 Método de otimização de Tocher

O método de otimização de Tocher foi realizado a partir da matriz de distâncias de *Mahalanobis*. Para a formação do grupo inicial, foi utilizada a menor distância de $D_{ii'}^2$ na matriz de dissimilaridade entre as linhas. A inclusão de novos indivíduos foi baseada no critério de que a distância média intragrupo é inferior às distâncias intergrupos (Cruz e Carneiro, 2003).

Para estabelecimento dos grupos, sendo a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

Para a inclusão, ou não, do indivíduo k no grupo é considerado:

- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$, inclui-se o indivíduo k no grupo;
- se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$, o indivíduo k não é incluído no grupo;

sendo n o número de indivíduos que constitui o grupo original.

Para determinar a distância média intragrupo tem-se:

$$\bar{d}_i = \frac{2 \sum_{j>}^n \sum_{j'}^n d_{jj'}}{n(n-1)}$$

E para determinar a distância média intergrupo temos:

$$\bar{d}_{ii'} = \frac{\sum_{j=1}^{n_1} \sum_{j'=1}^{n_2} d_{jj'}}{n_1 n_2}$$

Em que n_1 e n_2 são o número de genótipos dentro dos grupos i e i', respectivamente.

3.4.3.2.2 Método hierárquico de UPGMA

O método de agrupamento hierárquico UPGMA é um método não ponderado, e promove o agrupamento dos genótipos avaliados aos pares por média aritmética, que consiste em atribuir pesos iguais a cada indivíduo do grupo, calculando a similaridade média de um indivíduo que pretende ser juntado ao grupo já existente.

A distribuição dos indivíduos no dendrograma não segue um critério de formação de grupos mutuamente exclusivos, já que a principal característica desse método é a formação de ramificações ou diagramas arborescentes (dendrograma).

Neste método identifica a distância de um grupo em relação aos demais indivíduos (Cruz, 2006). Onde a distância entre um indivíduo k e um grupo formado pelos indivíduos i e j é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

onde, $d_{(ij)k}$ é dado pela média das distâncias dos pares de indivíduos (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo. Com a construção do dendrograma, novas distâncias serão estimadas, de forma que, se um genótipo k for incorporado a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij.k) em relação ao genótipo (l) ou a outro grupo (lm), dado por:

$$d_{(ij.k)l} = \frac{d_{il} + d_{jl} + d_{kl}}{3}$$

e

$$d_{(ij)lm} = \frac{d_{il} + d_{im} + d_{jl} + d_{jm} + d_{kl} + d_{km}}{6}$$

3.4.3.2.3 Coeficiente de correlação cofenética

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) mede o grau de ajuste entre a matriz de similaridade original (matriz fenética F) e a matriz resultante da simplificação proporcionada pelo método de agrupamento (matriz cofenética C).

De acordo com a expressão proposta por Bussab et al. (1990).

$$CCC = \frac{\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})(d_{ij} - \bar{d})}{\left(\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (c_{ij} - \bar{c})^2\right)^{1/2} \left(\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n (d_{ij} - \bar{d})^2\right)^{1/2}}$$

em que :

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n c_{ij}, \quad \bar{d} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n d_{ij}$$

c_{ij} = é o valor da distancia entre os indivíduos i e j na matriz cofenética;

d_{ij} = é o valor da distancia entre os mesmos indivíduos na matriz original de distâncias; e

n = é a dimensão da matriz.

Quanto maior o valor obtido para o CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos. De acordo com Rohlf (1970), dendrograma com CCC menor que 0,7 indicariam a inadequação do método de agrupamento para resumir a informação do conjunto de dados, sendo esse o critério adotado neste estudo conjuntamente com a representação do dendrograma, para a escolha do melhor método entre as três metodologias utilizadas.

3.4.4 Variáveis canônicas

Esta técnica permite a simplificação no conjunto dos dados, resumindo as informações de um conjunto de variáveis, em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reter o máximo da variação originalmente disponível e de ser independentes entre si. Entretanto, esta técnica baseia-se em informações entre e dentro de genótipos, havendo a necessidade de dados, com repetições (Cruz, 2006).

Para determinar o número de Variáveis Canônicas, transformando as médias originais dos caracteres, por um processo de condensação pivotal dando origem a novas variáveis, caracterizando por apresentar covariâncias residuais nulas e variâncias residuais igual a 1, determinado por:

a) Se Y_{ij} é uma Variável Canônica, definida pela combinação linear:

$$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + \dots + a_nX_{in}$$

b) Se Y_{ij} é uma Variável Canônica, tem-se uma nova combinação linear então:

$$Y_{ij'} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + \dots + b_nX_{in}$$

e

$$\sum_j \sum_{j'} a_j a_{j'} \sigma_{jj'} = \sum_j \sum_{j'} b_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 1$$

$$\sum_j \sum_{j'} a_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 0$$

em que $\sigma_{jj'}$ é a covariância residual entre os caracteres j e j' .

c) Entre todas as variáveis canônicas, Y_{i1} apresenta a maior variância, Y_{i2} apresenta a segunda maior e assim sucessivamente.

Admitindo que a matriz \mathbf{T} seja a matriz de covariância entre as médias dos genótipos, a matriz \mathbf{E} , seja a matriz da covariância residual, verifica-se que, após a condensação pivotal, as variáveis transformadas apresentam matriz de covariância entre médias dada por \mathbf{T}^* e a matriz de covariâncias residuais igual à identidade ($\mathbf{E}^*=\mathbf{I}$) (Cruz e Carneiro, 2006).

A transformação é obtida por meio de $\mathbf{Z}'=\mathbf{VX}$, em que:

Z: matriz $\mathbf{g} \times \mathbf{n}$ de médias transformadas de \mathbf{g} genótipos em relação aos \mathbf{v} caracteres;

X: matriz $\mathbf{g} \times \mathbf{n}$ de médias originais; e

V: matriz $\mathbf{n} \times \mathbf{n}$ de transformação, obtida pelo processo de condensação pivotal.

As estimativas dos autovalores, que medem a variância de cada variável canônica, são obtidas através de:

$$\det(\mathbf{T}^*-\lambda)=0$$

que equivalem aos autovalores obtidos de:

$$\det(\mathbf{E}^{-1}\mathbf{T}-\lambda)=0.$$

As estimativas dos autovetores associados às variáveis transformadas por condensação pivotal são obtidas por:

$$(\mathbf{T}^*-\lambda)\alpha=\phi$$

onde α representa o autovetor cujos elementos são coeficientes de ponderação das variáveis obtidas por condensação pivotal.

As estimativas dos coeficientes de ponderação associados às variáveis originais permitem avaliar a contribuição de cada característica para uma determinada Variável Canônica. Estes coeficientes constituem o autovetor \mathbf{a} , que pode ser obtido de α ou a partir do sistema:

$$(E^{-1}T - I\lambda)\mathbf{a} = \phi$$

A análise gráfica, em estudos de comparação da similaridade entre genótipos, deve ser considerada quando for possível resumir em poucas variáveis (até três) mais de 80% da variação total disponível. Assim, considera-se que:

$$C_1 = \alpha_{11}Z_1 + \alpha_{12}Z_2 + \dots + \alpha_{1n}Z_n = a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + \dots + a_{1n}X_n$$

...

$$C_n = \alpha_{n1}Z_1 + \alpha_{n2}Z_2 + \dots + \alpha_{nn}Z_n = a_{n1}X_1 + a_{n2}X_2 + \dots + a_{nn}X_n$$

Em C_1, C_2, \dots, C_n , tem-se:

$$\sum_j \alpha_{jj}^2 = 1, \text{ para cada } j' = 1, 2, \dots, n;$$

e

$$\sum_j \alpha_{jj'} \alpha_{jj''} = 0, \text{ para qualquer par } j' \text{ e } j'' \text{ de Variáveis Canônicas estimadas.}$$

Estimados os coeficientes $\alpha_{jj'}$, podem ser calculados os coeficientes $a_{jj'}$, associados as variáveis originais, por meio de:

$$[a_{j1} \ a_{j2} \ \dots \ a_{jn}] = [\alpha_{j1} \ \alpha_{j2} \ \dots \ \alpha_{jn}] V.$$

Com a determinação do número de Variáveis Canônicas, envolvendo no mínimo 80% da variação, podem-se estimar os escores relativos às primeiras Variáveis Canônicas, utilizando a dispersão gráfica dos genótipos, permitindo uma análise visual das divergências entre eles.

3.4.5 Importância relativa dos caracteres

O estudo de diversidade genética entre um conjunto de genótipos é feito partir de um conjunto de informações. Nesses estudos, é necessário avaliar a importância de cada um deles, identificando aqueles que menos contribuem, sendo recomendável seu descarte em estudos futuros. Caracteres possíveis de descarte são aqueles invariantes ou redundantes (Cruz, 2006).

A Importância Relativa dos Caracteres, avaliados no estudo da diversidade dos genótipos, pode ser quantificada por intermédio das Variáveis Canônicas. Dessa forma, os coeficientes a_j s devem ser multiplicados pelo desvio padrão do erro experimental, de modo que:

$$\theta_j x_j = a_j \hat{\sigma}_j \left(X_j / \hat{\sigma}_j \right)$$

onde:

$$\theta_j = a_j \hat{\sigma}_j$$

Portanto, os valores θ_j medem a importância relativa de uma característica em cada Variável Canônica (Cruz e Carneiro, 2006). Com base no princípio de que a importância relativa das Variáveis Canônicas decresce da primeira para a última, a variável com maior coeficiente de ponderação no componente de menor autovalor por ser descartada, por apresentar relevância para uma Variável Canônica de participação pequena, na variação total (Amaral Junior, 1996).

Para o descarte de novas variáveis, procede-se da seguinte forma: na penúltima Variável Canônica, identifica-se o maior elemento e, caso este esteja associado à característica já descartada, passa-se imediatamente para a antepenúltima Variável Canônica, sem identificar na Variável Canônica anterior uma segunda característica de menor importância.

Caso contrário, identifica-se o maior elemento na penúltima Variável Canônica, e, conseqüentemente, a segunda característica menos importante torna-se definida. De acordo com Amaral Junior, (1996) este procedimento continua até alcançar-se a primeira Variável Canônica, classificando-se as características

originais quanto aos graus relativos de participação na dispersão geral dos genótipos avaliados.

3.4.6 Estimadores de correlação genética

A associação da correlação entre caracteres pode ser mensurada a partir de medidas entre caracteres, podendo ser avaliada a correlação genética. Para estimar os coeficientes de correlação genotípica, fenotípica e de ambiente entre os dois caracteres (X e Y), recomendando as análises individuais e a soma dos valores de X e Y, de tal forma que os produtos médios (covariância), possam ser associados a cada fonte de variação (Cruz et al., 2012).

Determinado por:

$$Cov(X, Y) = \frac{V(X + Y) - V(X) - V(Y)}{2}$$

Em que as covariâncias são dadas por:

a) Covariância Fenotípica:

$$C\hat{O}V_F(X, Y) = \frac{PMG(X, Y)}{r}$$

b) Covariância Genotípica:

$$C\hat{O}V_G(X, Y) = \hat{\Phi}_g(X, Y) = \frac{PMG(X, Y) - PMR(X, Y)}{r}$$

c) Covariância de Ambiente:

$$CoV_A(X, Y) = PMR(X, Y)$$

Após determinar a esperança do produto médio das fontes de variação, através da fórmula:

$$PMg(X, Y) = \frac{QMg(X + Y) - QMg(X) - QMg(Y)}{2}$$

e

$$PMr(X, Y) = \frac{QMr(X + Y) - QMr(X) - QMr(Y)}{2}$$

Correlação Fenotípica:

$$r_F = \frac{PMG_{XY}}{\sqrt{QMR_X \cdot QMR_Y}}$$

Correlação de Ambiente:

$$r_A = \frac{PMR_{XY}}{\sqrt{QMR_X \cdot QMR_Y}}$$

Correlação Genotípica:

$$r_G = \frac{(PMG_{XY} - PMR_{XY}) / r}{\sqrt{\hat{\Phi} g_X \cdot \hat{\Phi} g_Y}} = \frac{\hat{\Phi} g_{(X,Y)}}{\sqrt{\hat{\Phi} g_X \cdot \hat{\Phi} g_Y}}$$

Foi empregado o método de Estimadores de Correlação Simples, realizado pelo teste t, para determinar a correlação fenotípica, e o método de *bootstrap* com 5000 simulações para determinação do coeficiente de correlação genética e ambiental.

Para classificação da magnitude das correlações, adotou-se a classificação proposta por Shimakura e Ribeiro Junior (2012) de acordo com a magnitude das correlações, dividindo nas seguintes classes: 0,0 a 0,19 – muito fraca; de 0,20 a 0,39 – fraca; de 0,40 a 0,69 – moderada; de 0,70 a 0,89 – forte; e de 0,90 a 1,00 – muito forte.

3.4.6.1 Teste de multicolinearidade

O diagnóstico de multicolinearidade foi realizado com o intuito de descartar caracteres redundantes. O método utilizado para diagnóstico foi o exame do número de condição (NC), conforme proposto por Carvalho (1995). Segundo Montgomery e Peck (1981), se $NC < 100$, a multicolinearidade é denominada fraca e não constitui

problema para a análise; se $100 < NC < 1000$, a multicolinearidade é considerada de moderada a forte; e se $NC > 1000$, é considerada severa.

3.4.6.2 Análise de trilha

Através da análise de trilha, foram avaliados efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre a variável básica volume do caldo (figura 3), cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas.

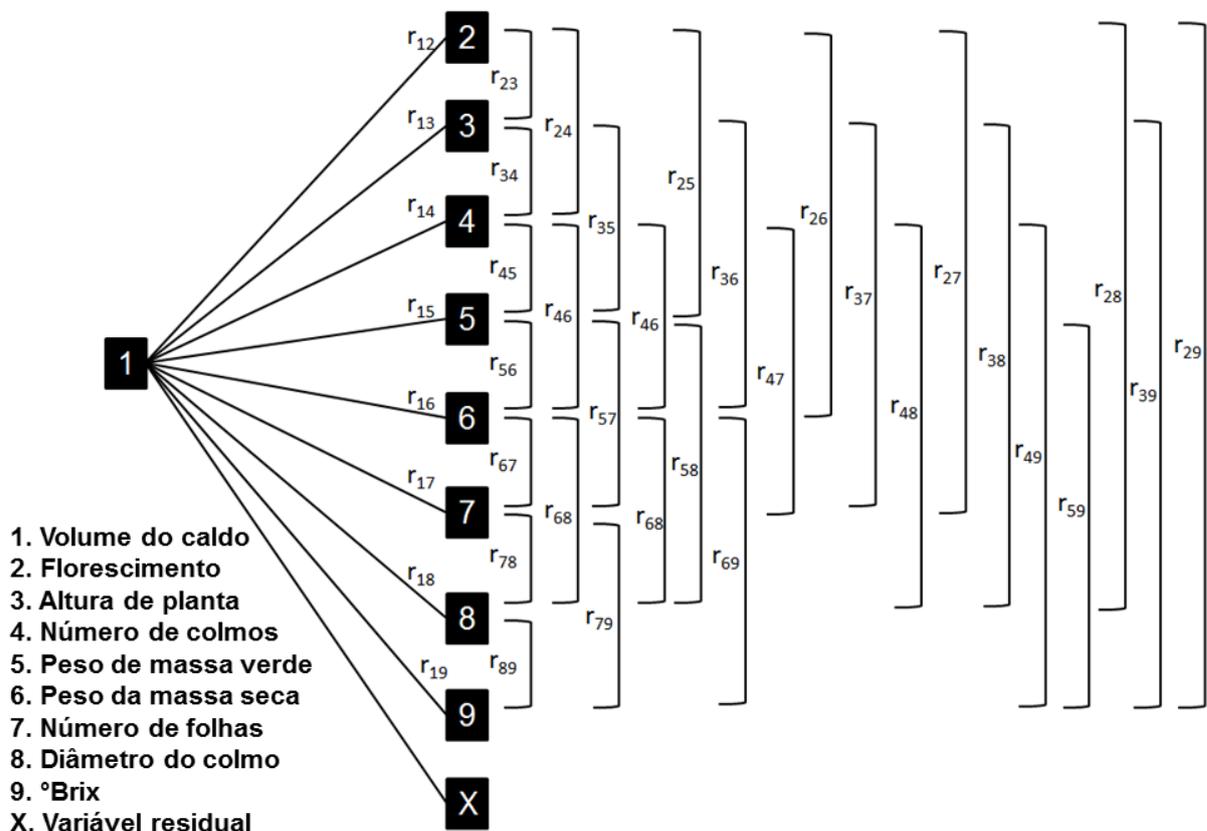


Figura 3. Diagrama causal dos efeitos diretos e indiretos das variáveis 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 e 9 correlacionadas com 1 e X, variável residual não correlacionada.

Padronização de variáveis:

A padronização de uma variável é obtida dividindo-se o desvio de cada observação em relação à média pelo desvio-padrão da amostra:

$$u_{i=} \frac{x - \bar{x}}{\hat{\sigma}_x}$$

As seguintes propriedades são verificadas, em relação às variáveis padronizadas:

- a) Uma variável padronizada tem média igual à zero e variância igual a 1, ou seja:

$$\bar{u} = \frac{\sum u_i}{n} = 0, \text{ pois } \sum u_i = 0$$

e

$$\hat{\sigma}_u^2 = 1 \Leftrightarrow \sum u_i^2 = (n - 1)$$

- b) A covariância entre duas variáveis padronizadas é igual à correlação entre estas variáveis (padronizadas ou não), ou seja:

$$\text{Se } v_i = \frac{Y_i - \bar{Y}}{\hat{\sigma}_y}$$

$$\text{Côv}(u,v) = r_{uv} = r_{xy} \Leftrightarrow \sum u_i v_i = (n-1) r_{uv}$$

- c) O coeficiente de regressão linear entre duas variáveis padronizadas é dado por:

$$\hat{b} = \text{Côv}(u,v) = r_{uv} = r_{xy}$$

Assim, o coeficiente de regressão linear de u em função de v é idêntico ao de v em função de u. O coeficiente de regressão padronizado mantém a seguinte relação com o coeficiente de regressão entre variáveis originais:

$$\hat{b}_{v(u)} = \hat{b}_{y(x)} \cdot \frac{\hat{\sigma}_x}{\hat{\sigma}_y}$$

Estimação dos coeficientes de trilha – efeito direto e indireto:

Onde será considerada uma variável básica Y e três variáveis explicativas (X_1 , X_2 e X_3), dado pelo modelo:

$$Y - \bar{Y} = b_{01} (X_1 - \bar{X}_1) + b_{02} (X_2 - \bar{X}_2) + b_{03} (X_3 - \bar{X}_3) + \varepsilon$$

De maneira análoga, tem-se:

$$\frac{Y - \bar{Y}}{\sigma_y} = b_{01} \frac{\sigma_{X1}}{\sigma_Y} \frac{X_1 - \bar{X}_1}{\sigma_{X1}} + b_{02} \frac{\sigma_{X2}}{\sigma_Y} \frac{X_2 - \bar{X}_2}{\sigma_{X2}} + b_{03} \frac{\sigma_{X3}}{\sigma_Y} \frac{X_3 - \bar{X}_3}{\sigma_{X3}} + \frac{\sigma_\varepsilon}{\sigma_Y} \frac{\varepsilon}{\sigma_\varepsilon}$$

da qual se obtém:

$$Y = p_{01}x_1 + p_{02}x_2 + p_{03}x_3 + p_\varepsilon u$$

em que:

$$Y = (Y - \bar{Y})/\sigma_Y;$$

$$X_i = (X_i - \bar{X}_i)/\sigma_{X_i};$$

$$u = \varepsilon/\sigma_\varepsilon;$$

$$p_\varepsilon = \sigma_\varepsilon/\sigma_Y;$$

$$p_{oi} = (b_{oi}\sigma_{x_i}/\sigma_Y).$$

Neste modelo é verificado que:

$$V(y) = V(x_i) = V(u) = 1$$

$$\text{Côv}(y, x_i) = r_{oi}$$

$$\text{Côv}(x_i, x_i) = r_{ij}$$

$$\text{Côv}(u, x_i) = 0$$

Tendo a seguinte relação:

$$\hat{V}(y) = \hat{p}_{01}^2 + \hat{p}_{02}^2 + \hat{p}_{03}^2 + 2\hat{p}_{01}\hat{p}_{03}r_{13} + 2\hat{p}_{02}\hat{p}_{03}r_{23} + \hat{p}_\varepsilon^2$$

Estimando o coeficiente de determinação do modelo causal ($R^2_{0.123}$), medindo o efeito das três variáveis explicativas (x_1 , x_2 e x_3) sobre y , ou seja:

$$\hat{R}_{0.123} = \hat{p}_{01}^2 + \hat{p}_{02}^2 + \dots + 2\hat{p}_{02}\hat{p}_{03}r_{23}$$

Também estima-se o efeito da variável residual sobre a variável principal, dado por:

$$\hat{p}_\varepsilon = \sqrt{1 - R^2_{0.123}}$$

Decomposição da correlação r_{oi} em efeitos diretos de x_i sobre a variável básica, expressa por ρ_{oi} , e os efeitos indiretos de x_i via x_j , expresso por $\hat{\rho}_{oi} r_{ij}$.

$$\text{Côv}(y, x_1) = r_{01} = \hat{\rho}_{01} \hat{\rho}_{02} r_{12} + \hat{\rho}_{03} r_{13}$$

$$\text{Côv}(y, x_2) = r_{02} = \hat{\rho}_{01} r_{12} + \hat{\rho}_{02} + \hat{\rho}_{03} r_{23}$$

$$\text{Côv}(y, x_3) = r_{03} = \hat{\rho}_{01} r_{13} + \hat{\rho}_{02} r_{23} + \hat{\rho}_{03}$$

Onde, a estimação dos efeitos diretos e indiretos é obtida pela solução do sistema da equação descrito por:

$$\begin{array}{cccccc} r_{01} & 1 & r_{12} & r_{13} & \hat{\rho}_{01} & \\ r_{02} = r_{21} & & 1 & r_{23} & = \hat{\rho}_{02} & \\ r_{03} & r_{31} & r_{32} & 1 & \hat{\rho}_{03} & \end{array}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

4.1 Análise de variância univariada

Por meio da análise de variância (Tabela 3), observam-se diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) pelo teste F para as variáveis: FLOR, ALT, NCH, PMS, NMF, DMC e °BRIX, e significativas ($P < 0,05$) para as variáveis PMV e VMC, evidenciando variabilidade genética entre os genótipos, para todas as características avaliadas.

O menor coeficiente de variação observado foi para a característica FLOR, com valor de 2,97% e o PMS demonstrou o maior coeficiente de variação com 21,22% (Tabela 3). De acordo com a classificação proposta por Pimentel Gomes (2009), os coeficientes de variação de FLOR, ALT, NCH, NMF, DMC e °BRIX podem ser considerados como baixos, PMV e VMC como médio e PMS como alto.

Estes resultados demonstrar que houve pouca influência das variações experimentais não-controláveis, e os valores do coeficiente de variação estão dentro de limites encontrados por outros autores como Tardin et al. (2013) avaliando 49 híbridos de sorgo granífero cultivados sob irrigação e estresse hídrico, obtiveram coeficientes de variação para florescimento de 1,24% e altura de planta 8,05%. Moraes et al. (2013) avaliando a produção e composição química de híbridos de sorgo e de milho para silagem em Santo Inácio - PR, obtiveram coeficientes de variação de 18,99 % para produção de massa verde, 19,75% para produção de massa seca, 20,67% para produção de folha e 23,31% para produção de colmos.

Resultados semelhantes também foram observados por Silva et al. (2011) que avaliaram a divergência genética entre sete variedades-padrões e onze clones RB (Republica do Brasil) de cana-de-açúcar obtiveram coeficientes de variação para número de colmo de 13,54%, diâmetro de colmo de 9,44% e valor próximo para °Brix (5,73%).

Em geral, a precisão experimental esta adequada, considerando-se os valores do coeficiente de variação experimental e a significância da variabilidade genética entre os genótipos de sorgo sacarino avaliado.

Tabela 3. Quadrados médios, médias e coeficientes de variação (CV) das análises de variância, para nove características avaliadas, em 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

FV	GL	Quadrados Médios ^{1/}								
		FLOR	ALT	NCH	NMF	DMC	PMV	PMS	VMC	°BRIX
Bloco	2	6,9733	0,0027	276,0302	3,4149	0,7062	24,5024	136,9200	0,3564	1,3049
Genótipo	24	74,9444 **	0,2518 **	466,4830 **	3,3942 **	5,1140 **	50,1640 *	32,0771 **	0,2045 *	8,4042 **
Resíduo	48	5,7511	0,0195	44,5295	0,4973	1,9483	23,7540	13,7991	0,1063	2,1676
Média		80,67	2,77	158,62	13,23	18,59	28,36	17,50	26.844,16	16,51
CV (%)		2,97	5,04	4,21	5,33	7,51	17,19	21,22	19,72	8,91

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento (dias); ALT = altura média final de planta (m); NCH = número médio de colmos por hectare (colmo ha⁻¹); NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo (mm); PMV = produção de massa verde (kg ha⁻¹); PMS = produção de massa seca (kg ha⁻¹); VMC = volume médio do caldo (L ha⁻¹); °BRIX = porcentagem de °Brix do caldo (%).

** e * significativos ao nível de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Na tabela 4 são apresentadas as médias das características para os 25 genótipos avaliados e os agrupamentos de médias obtidos pelo teste de Scott-Knott ($P < 0,01$). Para a característica FLOR os genótipos floresceram em média de 80 dias, neste intervalo observado foram formados cinco grupos de médias, demonstrando variabilidade entre os genótipos. Os genótipos mais precoces foram BRS506, CMSXS646, 201027015, 201027016 e 201027017 que floresceram em torno dos 73 dias. A precocidade dos genótipos de sorgo sacarino possibilita mais ciclos de cultivo durante o ano, maior flexibilidade no manejo dos sistemas de produção e um rápido retorno do capital investido.

Pesquisa realizada por Cunha e Lima (2010), avaliando 29 genótipos de sorgo forrageiro em Canguaretama - RN, em termos de dias para o florescimento obtiveram média de 73,48 dias, já Tabosa et al. (2012) avaliando genótipos de sorgo forrageiros e silageiro em diferentes ambientes do semiárido, observaram que os genótipos de porte em torno de dois metros geralmente apresentaram ciclo de 60 a 70 dias para atingirem 50% de florescimento. Em ambas pesquisas as médias do número de dias para o florescimento foram próximas das médias deste trabalho.

A média dos genótipos para ALT foi de 2,77 m, onde os genótipos BR505, CMSXS634, CMSXS642, CMSXS644, CMSXS646, 201027013 e V82393 foram os que apresentaram maiores médias, ocorrendo à formação de quatro grupos de médias. A altura de planta é uma característica importante por se correlacionar positivamente com as características de produção de matéria verde e matéria seca.

Os valores médios obtidos para ALT foram superiores aos obtidos por Chielle et al. (2013) avaliando o desempenho de 23 cultivares comerciais e experimentais de sorgo para silagem em três locais do Rio Grande do Sul, onde a média dos genótipos para altura de planta foi de 2,03 m, variando de 1,13 a 2,54 m, já Pereira Filho et al. (2013) avaliando cultivares de sorgo sacarino em diferentes densidades de semeadura, visando verificar características importantes na produção de etanol em Sete Lagoas - MG, obtiveram média de 2,75 m, com amplitude de 2,51 a 2,92 m de altura.

Quanto ao NCH a média dos genótipos foi de 158,62, ocorrendo à formação de quatro grupos de médias. Os genótipos BR501, BRS509, CMSXS634, CMSXS642, CMSXS644, 201027013, Sugargraze, V82392 e V82391 foram os que apresentaram maior média de número de colmo por hectare.

Tabela 4. Agrupamento das médias dos 25 genótipos de sorgo sacarino pelo método de Scott-Knott, estimado a partir de nove características morfoagronômicas. Cáceres - Mato Grosso, 2013

GENÓTIPO	FLOR	ALT	NCH	DMC	NMF	PMV	PMS	VMC	°BRIX
BR501	90,00 a	2,48 c	172,29 a	17,15 a	14,90 a	25,67 a	15,62 a	20.562,77 a	17,33 a
BR505	77,00 c	3,03 a	162,77 b	19,69 a	13,56 a	27,87 a	17,92 a	29.491,34 a	17,33 a
BRS506	75,67 d	2,86 b	158,87 b	18,00 a	12,56 a	25,93 a	16,23 a	24.404,76 a	16,76 a
BRS509	82,67 b	2,84 b	168,83 a	17,37 a	13,93 a	30,17 a	19,00 a	28.300,86 a	17,30 a
CMSXS630	80,67 b	2,78 b	158,00 b	20,02 a	13,00 a	30,21 a	17,66 a	26.623,37 a	17,06 a
CMSXS634	79,67 c	3,02 a	170,13 a	22,51 a	13,66 a	33,11 a	21,21 a	27.867,96 a	16,50 a
CMSXS642	78,33 c	3,21 a	170,56 a	16,75 a	12,83 a	26,71 a	17,31 a	24.945,89 a	20,26 a
CMSXS643	82,00 b	2,74 b	160,60 b	19,38 a	13,26 a	28,14 a	16,88 a	28.409,09 a	17,76 a
CMSXS644	85,33 a	3,27 a	174,45 a	18,89 a	13,33 a	28,44 a	17,92 a	27.435,06 a	16,30 a
CMSXS646	74,00 d	3,08 a	155,41 b	19,21 a	12,90 a	30,34 a	17,70 a	27.651,51 a	19,70 a
CMSXS647	79,00 c	2,92 b	149,78 c	19,03 a	12,96 a	37,40 a	23,46 a	35.606,06 a	14,96 b
CMSXS648	78,33 c	2,88 b	159,30 b	19,36 a	13,26 a	26,62 a	15,28 a	31.331,17 a	15,46 b
201027013	87,00 a	2,99 a	167,10 a	18,50 a	14,33 a	32,68 a	27,23 a	31.872,29 a	16,93 a

Continua...

Tabela 4, Cont...

GENÓTIPO	FLOR	ALT	NCH	DMC	NMF	PMV	PMS	VMC	°BRIX
201027014	81,33 b	2,42 d	152,81 b	20,53 a	12,36 a	32,64 a	18,31 a	23.809,52 a	17,96 a
201027015	71,67 d	2,24 d	129,00 d	17,10 a	11,23 a	23,29 a	13,07 a	26.028,13 a	13,36 b
201027016	74,33 d	2,26 d	141,12 c	17,25 a	12,13 a	18,61 a	12,03 a	18.344,15 a	15,83 b
201027017	72,00 d	2,29 d	139,39 c	16,80 a	11,20 a	21,51 a	12,46 a	19.913,42 a	13,33 b
201027018	78,00 c	2,63 c	132,46 d	17,98 a	11,16 a	25,32 a	14,80 a	23.971,86 a	17,43 a
201027019	79,67 c	2,37 d	154,54 b	18,42 a	13,50 a	24,41 a	15,28 a	22.673,16 a	13,90 b
201027020	81,33 b	2,79 b	152,81 b	18,25 a	13,16 a	29,22 a	17,57 a	33.062,77 a	16,23 a
BRS601	85,33 a	2,74 b	162,33 b	18,95 a	13,30 a	30,34 a	16,92 a	33.766,23 a	14,80 b
Sugargraze	84,67 a	2,85 b	168,83 a	18,72 a	15,06 a	30,78 a	19,22 a	25.432,90 a	16,56 a
V82391	85,00 a	2,90 b	171,43 a	17,48 a	14,60 a	27,18 a	16,36 a	26.461,04 a	15,40 b
V82392	89,00 a	2,63 c	168,83 a	18,29 a	14,33 a	28,83 a	17,88 a	25.703,46 a	17,20 a
V82393	84,67 a	3,00 a	163,63 b	19,00 a	14,03 a	33,42 a	20,17 a	27.435,06 a	17,13 a

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento (dias); ALT = altura média final de planta (m); NCH = número médio de colmos por hectare; NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo (mm); PMV = produção de massa verde (kg ha⁻¹); PMS = produção de massa seca (kg ha⁻¹); VMC = volume médio do caldo (L ha⁻¹); °BRIX = porcentagem de °Brix do caldo (%).

Os resultados obtidos no trabalho forma superiores dos resultados encontrados por Klein (2010) que avaliando as características agrônômicas, químicas e bromatológicas de seis variedades de cana-de-açúcar para uso forrageiro em Jataí - GO obteve média de número de colmos viáveis de 7,77. Silva et al. (2011) avaliando a divergência genética entre sete variedades-padrões e onze clones RB (Republica do Brasil) de cana-de-açúcar observaram que a média de colmos por metro linear de sulco foi 9,13, variando entre 6,97 e 12,10.

Para as características DMC, PMV, PMS e VMC as médias dos genótipos formaram apenas um único grupo cada. Os valores observados para DMC variaram de 16,75 mm a 21,51 mm, sendo a média dos genótipos de 18,58 mm, esta característica está associada à quantidade de caldo produzido, colmos com maior diâmetro do colmo pode ser resultante acréscimo na quantidade de caldo extraído. Resultados semelhantes foram encontrados por Abascal et al. (2014) avaliando a produção de biomassa de genótipos de sorgo sacarino cultivados em Jaboticabal – SP, não observaram diferença entre os genótipos em relação as médias obtidas. Segundo Klein (2010) esta característica é influenciada pela densidade de plantio, sendo que espaçamentos menores e maior densidade de entrenó por metro tendem a originar colmos de menores diâmetros.

O NMF entre os genótipos foi de 13,22, sendo que o genótipo Sugargraze apresentou maior número médio (15,06) e o genótipo 201027018 menor NMF (11,16). Os resultados encontrados neste trabalho foram superiores aos resultados de Ferreira et al. (2012), onde caracterizando fisicamente duas variedades de sorgo (duplo propósito e forrageiro) e três tipos de adubação (orgânica, mineral e testemunha) em Alagoinha - PB, obteve médias de 8,58, 8,58 e 8,33 para sorgo de duplo propósito com os três tipos de adubação respectivamente e médias de 7,75, 6,83 e 7,25 para sorgo forrageiro com os três tipos de adubação respectivamente.

Observa-se que para as características PMV e PMS médias de 28,36 e 17,50 kg ha⁻¹ respectivamente. A PMV variou de 18,61 kg ha⁻¹ (201027016) a 37,40 kg ha⁻¹ (CMSXS647), para a PMS o genótipo 201027013 obteve maior produção (27,23 kg ha⁻¹) e o genótipo 201027016 a menor produção (12,03 kg ha⁻¹). De acordo com Pereira Filho et al. (2013) a produção de massa verde reflete positivamente na produção de caldo, entretanto, o conteúdo de açúcares no caldo e, por consequência, a conversão em etanol é dependente da cultivar, dos fatores

ambientais, época de colheita, eficiência de processos de transporte e de conversão industrial.

A média dos genótipos para o VMC foi de 26.844,16 L ha⁻¹. As maiores médias para o VMC foram do genótipo CMSXS647, com 35.606,06 L ha⁻¹, seguido do genótipo BRS 601 que produziu 33.766,23 L ha⁻¹, já os genótipos 201027016, 201027017 e BR501 foram os que apresentaram menores médias, 18.344,15 L ha⁻¹, 19.913,42 L ha⁻¹ e 20.562,77 L ha⁻¹, respectivamente. Os resultados deste trabalho foram superiores ao de Giacomini et al. (2013) avaliando o comportamento de 25 cultivares de sorgo sacarino na Região Central do Tocantins, que encontraram média geral para o volume de caldo próxima a 11.000 L ha⁻¹.

Para a característica °BRIX obteve a formação de dois grupos, a porcentagem média de °Brix entre os genótipos foi de 16,51%, onde os genótipos BR501, BR505, BRS506, BRS509, CMSXS630, CMSXS634, CMSXS642, CMSXS643, CMSXS644, CMSXS646, 201027013, 201027014, 201027018, 201027020, Sugargraze, V82392 e V82393 apresentaram maiores médias. Resultados semelhantes foram encontrados por Townsend et al. (2006) onde avaliando o desempenho agrônômico das variedades de cana-de-açúcar (RB 72-454, RB 78-5148, RB 73-9735, RB 73-9359, RB 83-5486, SP 71-1406, SP 79-1011, CB 45-3, CB 47-355, NA 56-79 e testemunha) em Ouro Preto do Oeste - RO obteve média de 18,60%, variando de 19,10% a 17,70%. Giacomini et al. (2013) avaliando o comportamento de 25 cultivares de sorgo sacarino na Região Central do Tocantins, obtiveram resultados superiores ao encontrado neste trabalho, onde a média dos genótipos foi de 21,12%.

De acordo com os resultados obtidos os genótipos CMSXS642, CMSXS646 e CMSXS647 foram os que apresentaram maior potencial agrônômico para a produção de etanol por apresentarem maiores médias para volume de caldo e porcentagem de °BRIX. Estes resultados reforçam a ideia de que o cultivo de sorgo sacarino é uma importante alternativa para complementar a cana-de-açúcar, proporcionando a otimização das usinas e aumentando a eficiência das mesmas no período da entressafra, reduzindo custos de produção de etanol.

4.2 Parâmetros genéticos

As variâncias fenotípicas e genéticas entre os genótipos avaliados foram de baixas magnitudes para ALT, NCH, PMV, PMS, NMF, DMC, VMC e °Brix, com exceção do FLOR que apresentou valores de 24,98 e 23,06 para variância fenotípica e genotípica respectivamente, indicando a existência de elevado grau de variabilidade genética entre os genótipos e sugerindo a possibilidade de sucesso para a seleção dos mesmos (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas das variâncias fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), genotípica ($\hat{\sigma}_e^2$) e de ambiente ($\hat{\Phi}_g$), herdabilidade no sentido amplo (H^2) e índice de variação (I_v) para nove características avaliadas em 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres-MT, 2013

Características ^{1/}	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\Phi}_g$	H^2	I_v
FLOR	24,98	23,06	5,71	92,33	2,00
ALT	0,08	0,07	0,01	92,26	1,99
NCH	0,02	0,83	0,26	90,45	1,78
PMV	0,10	0,05	0,14	52,64	0,61
PMS	0,06	0,03	0,08	56,97	0,66
NMF	1,13	0,96	0,49	85,35	1,39
DMC	0,03	1,05	1,94	61,90	0,74
VMC	0,07	0,03	0,10	48,01	0,55
°BRIX	0,04	2,07	2,16	74,21	0,98

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento; ALT = altura média final de planta; NCH = número médio de colmos por hectare; PMV = produção de massa verde; PMS = produção de massa seca; NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo; VMC = volume médio do caldo; °BRIX = porcentagem de °Brix do caldo.

As estimativas de herdabilidade foram de alta magnitude para FLOR, ALT e NCH com 92,33%, 92,26% e 90,45%, respectivamente, isto reflete considerável presença do componente genético na expressão deste caráter. Com isso, as maiores estimativas estão relacionadas, possivelmente, a menor influência ambiental, que pode ser analisada com os coeficientes de variação na Tabela 3.

Resultados semelhante foram observados por Araújo et al. (2014) que avaliaram os parâmetros genéticos em cultivares de sorgo granífero em safrinha e obtiveram valores relativamente altos de herdabilidade para todas as características avaliadas, especialmente para altura de plantas (97,9%).

O Índice de Variação apresentou estimativas altas para FLOR, ALT, NCH e NMF com valores de 2,00, 1,99, 1,78 e 1,39 respectivamente, indicando serem favoráveis no processo de seleção, em concordância com os maiores valores de herdabilidade. De modo geral, observa-se variabilidade genética entre os genótipos de sorgo sacarino avaliados, indicando possibilidade de êxito na seleção futura dessas variáveis.

Cunha e Lima (2010) caracterizando genótipos e estimando os parâmetros genéticos de sorgo forrageiro, observaram que o menor resultado para o índice de variação foi para floração inicial (0,68) e o maior para a altura da planta (3,31). Resultados semelhantes também foram observados por Diógenes et al. (2012) avaliando o desempenho de cultivares de sorgo com potencial forrageiro para o Vale do Açu-RN, os autores encontraram superiores a 1,0 para altura de planta, massa verde e floração inicial.

4.3 Análise multivariada

4.3.1 Distância generalizada de *Mahalanobis*

As medidas de dissimilaridade genética (Tabela 6), estimadas a partir da Distância Generalizada de *Mahalanobis* ($D_{ii'}^2$) apresentaram magnitude de 2,37 a 249,82, indicando a presença de ampla variabilidade genética para os genótipos avaliados. A combinação entre CMSXS644 e 201027015 ($D_{ii'}^2 = 249,82$) foi a mais divergente, seguida pela combinação entre CMSXS644 e 201027017 ($D_{ii'}^2 = 221,53$), uma vez que estes pares de genótipos apresentaram as estimativas mais elevadas da Distância Generalizada de *Mahalanobis*. Entretanto, a menor divergência foi observada entre os pares CMSXS630 e CMSXS643 ($D_{ii'}^2 = 2,37$), bem como entre BR505 e V82392 ($D_{ii'}^2 = 4,09$).

Tabela 6. Estimativas da dissimilaridade (D_{ii}^2) para as 25 combinações de genótipos mais similares e mais divergentes, respectivamente, mediante a avaliação de nove características morfoagronômicas quantitativas, envolvendo 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

Genótipo ^{1/}	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	0,00	42,60	49,72	17,11	34,12	38,78	75,50	22,38	74,46	79,37	59,09	38,23	38,89
2		0,00	5,38	12,38	7,78	9,79	27,31	8,31	46,66	10,43	18,09	5,60	40,97
3			0,00	17,09	10,55	19,72	33,52	11,18	67,04	13,24	21,16	7,82	56,18
4				0,00	16,86	22,35	30,38	9,80	41,81	35,37	21,61	12,86	21,22
5					0,00	6,41	47,56	2,37	57,95	18,86	17,37	6,66	50,32
6						0,00	51,24	10,35	52,64	25,04	27,67	13,52	49,93
7							0,00	46,13	26,51	24,75	54,17	46,62	48,51
8								0,00	58,43	25,40	18,97	6,01	40,28
9									0,00	59,48	56,57	57,14	36,98
10										0,00	33,07	23,83	74,08
11											0,00	11,40	38,75
12												0,00	46,04
13													0,00
14													
15													
16													
17													
18													
19													
20													
21													
22													
23													
24													
25													

Continua...

Tabela 6, Cont...

Genótipo ^{1/}	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
1	53,86	149,69	98,23	124,17	94,14	45,74	35,77	25,72	14,07	19,93	4,09	38,37
2	44,07	101,31	69,26	82,18	32,93	46,24	11,59	26,86	15,37	20,95	29,87	18,73
3	36,41	72,25	45,56	52,85	25,24	35,40	14,52	32,85	28,67	33,05	39,41	34,50
4	53,28	121,26	85,95	99,43	56,44	46,01	10,48	14,11	7,25	6,58	10,06	16,57
5	19,18	86,88	58,62	70,82	23,93	34,22	10,29	18,31	16,76	27,22	21,60	20,06
6	32,76	119,02	82,35	97,45	47,26	46,94	22,80	27,07	14,80	27,46	26,08	20,06
7	112,67	195,32	148,83	164,27	67,00	125,60	45,29	66,65	41,89	35,30	59,92	27,26
8	21,61	88,27	56,72	71,74	31,34	29,25	7,44	13,31	12,72	20,88	13,04	21,06
9	137,86	249,82	209,60	221,53	92,35	151,14	50,99	52,21	37,70	25,54	51,70	14,60
10	56,08	117,13	85,26	98,19	26,07	79,69	30,31	57,94	39,91	49,28	61,91	30,82
11	51,91	86,03	82,35	80,07	28,92	50,77	5,47	15,90	29,41	29,92	37,62	24,78
12	35,59	76,54	57,24	62,91	31,01	29,72	4,78	12,70	18,00	20,36	25,59	24,79
13	105,58	187,48	149,21	167,53	89,47	93,16	31,81	34,10	24,14	19,71	25,13	25,73
14	0,00	60,52	34,40	48,35	42,01	23,96	41,80	47,49	55,58	78,61	48,01	72,41
15		0,00	16,31	5,06	68,35	37,45	84,36	107,08	145,96	158,42	142,36	171,98
16			0,00	7,56	59,45	18,41	69,11	91,30	103,33	121,39	100,03	136,22
17				0,00	63,28	26,09	74,81	95,35	123,32	134,85	121,04	151,30
18					0,00	65,36	27,59	54,06	66,17	74,42	72,19	53,10
19						0,00	38,37	41,42	53,22	66,10	47,55	87,97
20							0,00	7,82	18,18	18,15	20,53	19,83
21								0,00	18,14	15,30	12,54	23,89
22									0,00	5,35	7,54	10,07
23										0,00	11,55	11,22
24											0,00	21,05
25												0,00

^{1/}(1)BR501, (2)BR505, (3)BRS506, (4)BRS509, (5)CMSXS630, (6)CMSXS634, (7)CMSXS642, (8)CMSXS643, (9)CMSXS644, (10)CMSXS646, (11)CMSXS647, (12)CMSXS648, (13)201027013, (14)201027014, (15)201027015, (16)201027016, (17)201027017, (18)201027018, (19)201027019, (20)201027020, (21)BRS601, (22)Sugargraze, (23)V82391, (24)V82392 e (25)V82393.

Valores elevados de dissimilaridade foram encontrados para as combinações entre CMSXS646 x 201027016 (209,60), CMSXS642 x 201027015 (195,32), 201027013 x 201027015 (187,48), 201027016 x V82393 (171,98) e 201027013 x 201027017 (167,53), indicando maior divergência genética entre esses genótipos. Menores dissimilaridades também foram observadas entre as combinações 201027015 x 201027017 (5,06), Sugargraze x V82391 (5,35), BR505 x BRS506 (5,38), CMSXS647 x 201027020 (5,47) e BR505 x CMSXS648 (5,60).

Os resultados encontrados diferem de Paixão et al. (2008) estimando a divergência genética entre seis populações de milho em diferentes ambientes no Estado de Alagoas, observaram que as estimativas das distâncias generalizadas de *Mahalanobis* indicaram que o maior valor de dissimilaridade (67,27) ocorreu entre a população Alagoana e a testemunha Asa Branca (BR 5033) e a menor dissimilaridade (1,71) entre as populações Rio Largo e Viçosense, caracterizando assim a existência de divergência entre alguns materiais estudados.

Em pesquisa realizada por Simon et al. (2012) estimando a divergência genética entre 19 híbridos simples de milho cultivados no município de Rio Verde - GO na safra de verão e safrinha, observaram amplitudes das estimativas de dissimilaridade de *Mahalanobis* entre 4,4 e 120,5 na safra, e entre 4,4 e 170,9 na safrinha sugerindo haver ampla variabilidade genética entre os híbridos avaliados. Rigon et al. (2012) na determinação da divergência genética entre cultivares de girassol em diferentes locais e comparação entre os métodos de agrupamento e a contribuição das variáveis mais relevantes, a fim de orientar a extração de linhagens promissoras para cruzamentos em Guarani das Missões - RS, observaram grandes amplitudes nos distanciamentos entre híbridos, correspondendo à ampla diversidade genética em ambos os ambientes.

4.4 Análise de agrupamento pelo método Tocher e UPGMA

O agrupamento realizado pelo método de Tocher, baseado na distância de *Mahalanobis*, permitiu a individualização de oito grupos (Tabela 7), a formação desses grupos contribui na escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, embasadas na magnitude de suas dissimilaridades. O grupo I foi o mais numeroso, reunindo 56,0% dos genótipos, sendo a maior dissimilaridade neste

grupo representada entre os genótipos BRS506 e V82392 (39,41), já os menos dissimilares neste grupo foram os genótipos CMSXS630 e CMSXS643 (2,37).

Tabela 7. 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
Total	25	100,0

O grupo II reuniu apenas três genótipos do total avaliado (12,0%), apresentando menor dissimilaridade genética de 5,06 entre os genótipos 201027015 e 201027017 e maior dissimilaridade entre 201027015 e 201027016 (16,31). Já os grupos III e VI apresentaram formação com somente dois genótipos cada (8,0%), sendo os genótipos 201027014 e 201027019 (23,96), CMSXS646 e CMSXS642 (24,17) respectivamente, caracterizando assim 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 divergentes do total analisado. De acordo com Benitez et al. (2011) 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.

Resultados semelhantes ao deste trabalho foram encontrados por Fagundes et al. (2013), onde 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, do total de genótipos avaliados.

A partir do método de otimização de Tocher foi estimada a dissimilaridade intra e intergrupos (Tabela 8). Onde a maior distância média intragrupo foi observada no grupo III ($d_{III} = 24,75$), enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada no grupo II ($d_{II} = 9,64$). As distâncias intragrupos foram inferiores a qualquer distância intergrupos, atendendo ao critério estabelecido para o método de otimização de Tocher (Cruz e Carneiro, 2003).

Tabela 8. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII
I	16,94	96,17	46,14	38,17	47,93	44,62	36,02	31,43
II		9,64	37,54	134,83	226,98	63,69	168,07	124,03
III			23,96	93,51	144,50	53,69	99,37	49,80
IV				24,75	43,00	46,54	61,30	77,43
V					-	92,35	36,98	74,46
VI						-	89,47	94,14
VII							-	38,89
VIII								-

As maiores distâncias intergrupo foram observadas entre os grupos II e V ($d_{II;V} = 226,98$), II e VII ($d_{II;VII} = 168,07$) e III e V ($d_{III;V} = 144,50$), correspondendo as maiores divergências entre grupos e indicando possivelmente ser as melhores combinações para cruzamento. De acordo com Ferreira et al. (2003) a decisão do

melhorista é de selecionar genótipos com base nas distâncias intergrupos, cruzando grupos mais distantes. Vale ressaltar que não basta considerar a divergência entre agrupamentos como único critério para orientar os cruzamentos, o desempenho do genótipo deve ser considerado, sobretudo quando são envolvidas as características de maior relevância agrônômica.

Por outro lado as menores distâncias intergrupo foram obtidos entre os grupos I e VIII ($d_{I;VIII} = 31,43$), I e VII ($d_{I;VII} = 36,02$) e V e VII ($d_{V;VII} = 36,98$). De acordo com Oliveira et al. (2003) menores distâncias evidenciam que o intercruzamento dos genótipos dos respectivos pares de grupos pode não ser muito indicado para a obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes.

De acordo com Simon et al. (2012) estimando a divergência genética entre 19 híbridos simples de milho cultivados na safra de verão e safrinha no município de Rio Verde - GO, observaram que as maiores distâncias médias intergrupos na safra, foram observadas entre os grupos II e VII (114,9) e entre os grupos V e VII (85,1). Por sua vez, na safrinha, os grupos V e VI (170,1) foram mais divergentes, porém, ambos formados por apenas um híbrido. Em contrapartida, a distância média intergrupos envolvendo os grupos I e II (39,7) na safrinha, reforçam o fato destes híbridos terem sido alocados no mesmo grupo na safra.

Segundo Zuin et al. (2009) avaliando a divergência genética entre 43 acessos de mandioca-de-mesa, coletados na zona urbana do município de Cianorte - PR, observaram que a maior distância média intragrupo foi observada nos grupo IV e V ($d_{IV;V} = 1,15$), enquanto que a menor distância intragrupo foi verificada no grupo II ($d_{II} = 1,03$). Por sua vez, as menores distâncias intergrupos foram observadas entre os grupo I e IV ($d_{I;IV} = 1,29$), bem como entre os grupos I e VI ($d_{I;VI} = 1,32$). Por outro lado, as distâncias intergrupos mais elevadas foram observadas entre os grupos VI e VIII ($d_{VI;VIII} = 2,42$), bem como entre os grupos IV e VIII ($d_{IV;VIII} = 2,20$).

Com base no método de agrupamento UPGMA submetido a um corte significativo de 30% de distância genética, possibilitou divisão dos genótipos em sete grupos distintos (Figura 4). Dentre os grupos formados pelo dendrograma, o grupo I é constituído por 2 dos 25 genótipos analisados, alocando os genótipos 201027016, 201027015 e 201027017 por apresentarem menor número de dias para o florescimento. O grupo II é formado pelos genótipos 201027014 e 201027019 por apresentarem menor diâmetro do colmo. Os grupos III e IV são formados por apenas

um genótipo cada, 201027018 e CMSXS644 respectivamente. O grupo III tendo como principal característica maior porcentagem de °Brix, e o grupo IV maior número de colmo por hectare.

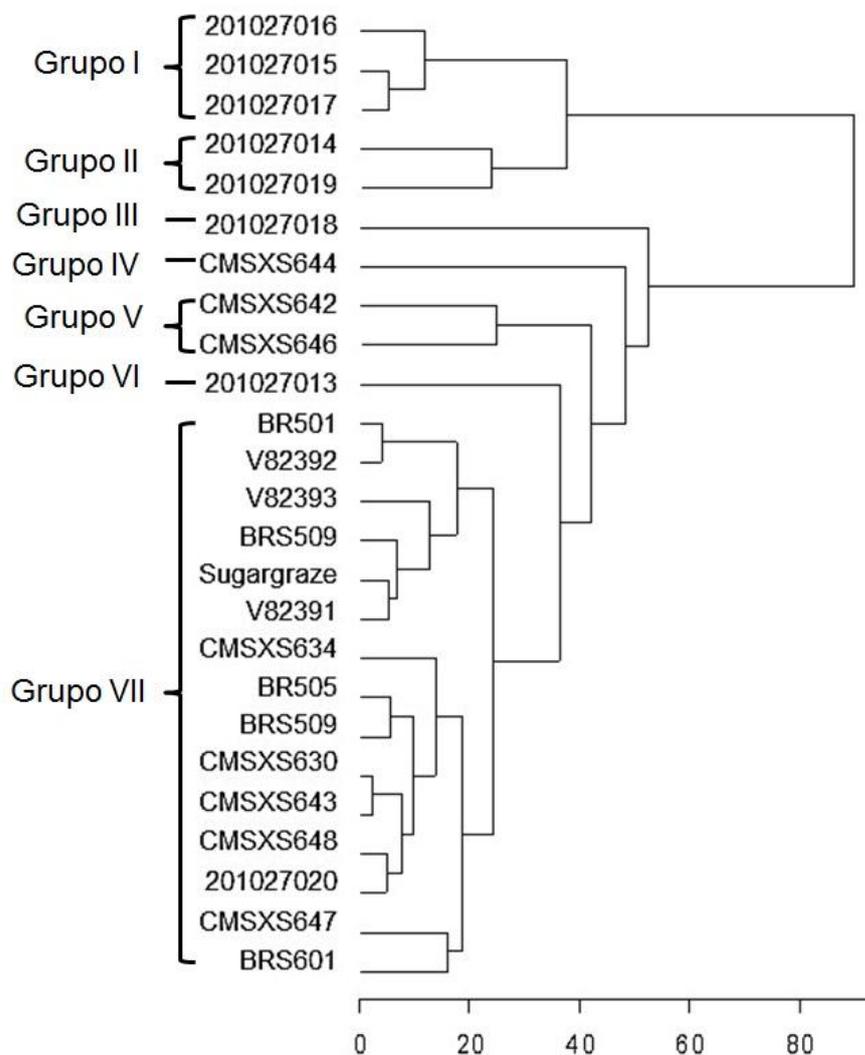


Figura 4. Dendrograma representativo do agrupamento de 25 genótipos de sorgo sacarino, pelo Método UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de nove características morfoagronômicas. Cáceres - Mato Grosso, 2013.

O grupo V formado por apenas dois dos 25 genótipos avaliados (CMSXS642 e CMSXS646) por apresentar maior altura de planta. O grupo VI é formado por apenas um genótipo (201027013) tendo como principal característica maior número de folhas e maior produção de massa seca. O grupo VII considerado o mais numeroso alocando 16 dos 25 genótipos, alocando os genótipos BR501, V82392,

V82393, BRS509, Sugargraze, V82391, CMSXS634, BR505, BRS509, CMSXS630, CMSXS643, CMSXS648, 201027020, CMSXS647 e BRS601 por apresentarem maior produção de massa verde e maior volume de caldo.

Ambos os métodos demonstraram semelhança no agrupamento dos genótipos, no entanto, a composição destes foi um pouco diferente do método Tocher. A diferença nos agrupamentos formados pelos dois métodos é que os genótipos do grupo VIII formado pelo método Tocher passou a incorporar o grupo VII do método de UPGMA, o qual reúne 15 dos 25 genótipos avaliados.

Os demais grupos formados apresentaram semelhança no agrupamento dos genótipos. Resultados semelhantes foram observados por Campos et al. (2010) onde caracterizou a divergência genética em acessos de mandioca em Cáceres - MT, concluiu que os métodos de agrupamento de Otimização Tocher e Hierárquico UPGMA, apresentaram semelhança na formação de grupos. Simon et al. (2012) avaliando a divergência genética entre 19 híbridos simples de milho cultivados na safra de verão e safrinha no município de Rio Verde - GO, observaram que ambos os métodos de agrupamento alocaram de forma semelhante os híbridos em grupos com maior similaridade genética.

Com base no coeficiente de correlação cofenética (CCC), aplicado aos métodos de agrupamento pelo teste t, observou-se valores significativos para o método de agrupamento médio entre grupos (UPGMA), com ($r \geq 0,72$) e significativo ($P \leq 0,01$) com ajuste satisfatório, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado pelo UPGMA.

Resultados semelhantes foram observados por Cabral et al. (2011) onde, avaliando a divergência genética entre 57 acessos de feijão comum, no município de Alegre - ES, obteve coeficiente de correlação cofenética de 0,91 e significativo a 1% de probabilidade pelo teste "t".

4.5 Variáveis canônicas

As estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes as Variáveis Canônicas (VC_i), as variâncias percentuais e acumuladas e os coeficientes de ponderação (Autovetores) associados as variáveis originais são apresentados na Tabela 9.

Tabela 9. Estimativas dos autovalores (λ_i) correspondentes às percentagens de variação, explicada pelas variáveis canônicas (VC_i), e coeficiente de ponderação (autovetores) de nove características, avaliadas em 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

VC _i	Autovalores		Autovetores associados ^{1/}								
	λ_i	Acum. (%)	FLOR	ALT	NCH	NMF	DMC	PMV	PMS	VMC	°BRIX
VC ₁	60,09	60,09	0,982	1,468	-0,102	0,123	-0,408	0,214	-0,247	-0,298	0,096
VC ₂	17,78	77,87	0,204	-1,116	0,718	0,364	0,095	-0,394	0,492	0,557	-0,304
VC ₃	7,80	85,67	-0,230	-0,248	0,254	0,206	0,864	0,617	-0,693	-0,960	0,706
VC ₄	6,19	91,86	0,585	0,220	-0,650	-0,211	0,777	1,036	-0,883	-0,055	-0,201
VC ₅	3,17	95,04	-0,430	0,080	0,306	0,346	0,250	0,514	-0,672	0,095	-0,562
VC ₆	2,18	97,22	-0,212	-0,108	-0,185	0,307	0,313	-0,834	1,398	-0,040	0,096
VC ₇	1,19	98,42	-0,270	-0,304	0,102	0,248	-0,410	0,844	-0,456	0,545	0,371
VC ₈	0,99	99,41	0,063	0,327	-0,720	0,736	0,069	-0,016	-0,366	-0,323	-0,009
VC ₉	0,58	100,00	-0,039	0,092	-0,005	-0,028	-0,287	0,861	-0,082	-0,679	-0,252

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento; ALT = altura média final de planta; NCH = número médio de colmos por hectare; NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo; PMV = produção de massa verde; PMS = produção de massa seca; VMC = volume médio do caldo; °BRIX = percentagem de °Brix do caldo.

Dentre as 9 variáveis canônicas, observou-se que as três primeiras variáveis foram suficientes para explicarem mais de 85% da variação total, de modo que a divergência genética pode ser avaliada num espaço tridimensional facilitando a interpretação geométrica. As três primeiras variáveis canônicas explicaram cerca de 85,67% da variação, sendo 60,09% para a primeira, 17,78% para a segunda e 7,80% para a terceira, as quais foram utilizadas para indicar os caracteres de maior importância.

Resultados semelhantes foram observados por Rocha et al. (2009) caracterizando e avaliando acessos de tomateiro do grupo cereja promissores para a produção orgânica, utilizando descritores quantitativos em Seropédica - RJ, observaram que na análise baseada nas variáveis canônicas (VC), foi verificado que cerca de 78,58% explicaram a variância total, sendo o VC₁ responsável por 41,13%, o VC₂ por 27,14% e o VC₃ por 10,31%, adequando-se, nesse caso, a uma representação gráfica tridimensional.

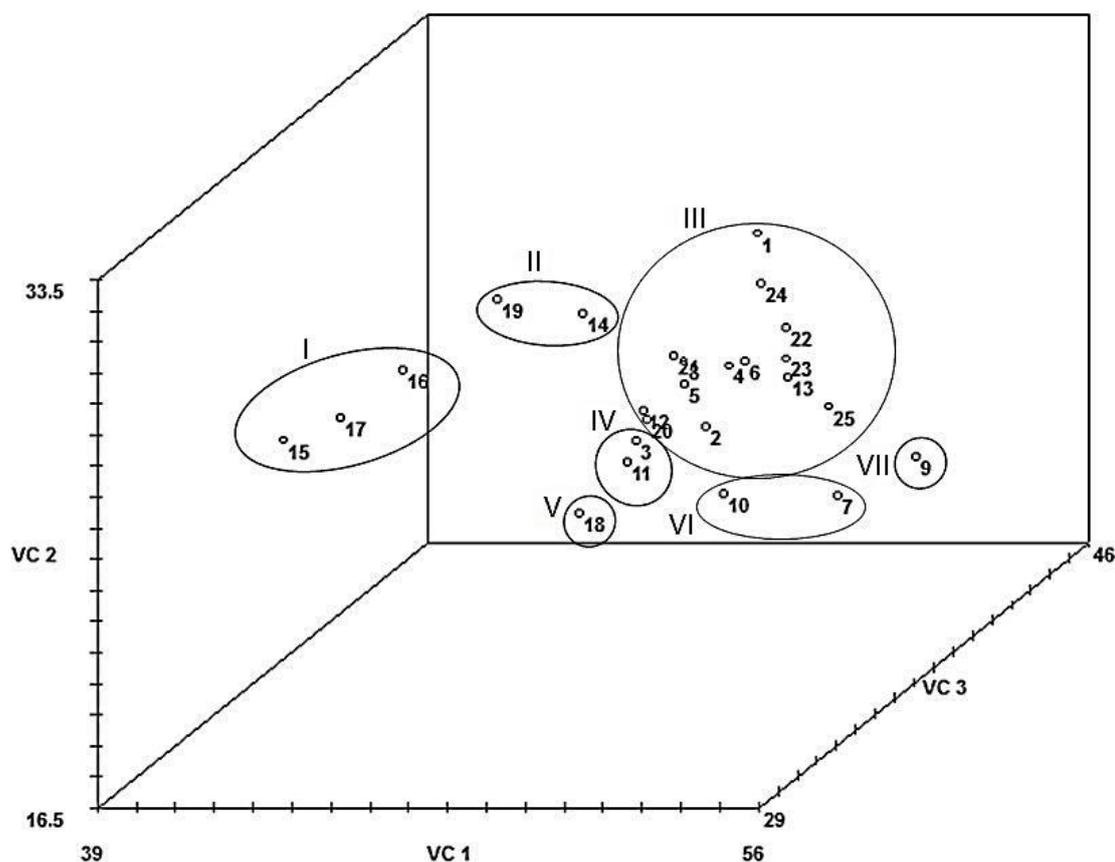
Segundo Cabral et al. (2011) estimando a diversidade genética através de caracteres agrônômicos e identificar possíveis duplicatas genéticas entre os 57 acessos de feijoeiro por meio de análises multivariadas no município de Muqui-ES, observaram que as três primeiras variáveis explicaram 82,16% da variação total, sendo 44,90% para a primeira, 26,71% para a segunda e 10,55% para a terceira.

De acordo com Stähelin et al. (2011) avaliando a dissimilaridade entre acessos de feijão do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão da Universidade do Estado de Santa Catarina, observaram que as duas três primeiras variáveis canônicas explicam 83% da variação total.

No gráfico de dispersão dos genótipos, elaborado com base nas três primeiras variáveis canônicas, dispostas no espaço tridimensional (Figura 5), observa-se a formação de sete grupos.

O grupo I formado pelos genótipos: 15, 17 e 16 (201027015, 201027017, 201027016 respectivamente), os grupos II, IV e VI foram formados por apenas dois genótipos cada (19: 201027019 e 14: 201027014), (3: BRS506 e 11: CMSXS647) e (10: CMSXS646 e 17: 201027017) respectivamente. O grupo III foi o mais numeroso sendo composto pelos genótipos 1, 24, 22, 23, 13, 25, 4, 6, 2, 5, 12, 8, 20 e 21 (BR501, V82392, Sugargraze, V82391, 201027013, V82393, BRS509, CMSXS634,

BR505, CMSXS630, CMSXS648, CMSXS643, 201027020 e BRS601 respectivamente).



(1)BR501, (2)BR505, (3)BRS506, (4)BRS509, (5)CMSXS630, (6)CMSXS634, (7)CMSXS642, (8)CMSXS643, (9)CMSXS644, (10)CMSXS646, (11)CMSXS647, (12)CMSXS648, (13)201027013, (14)201027014, (15)201027015, (16)201027016, (17)201027017, (18)201027018, (19)201027019, (20)201027020, (21)BRS601, (22)Sugargraze, (23)V82391, (24)V82392 e (25)V82393.

Figura 5. Dispersão gráfica em 3D dos 25 genótipos de sorgo sacarino em relação às três primeiras variáveis canônicas estabelecidas pela combinação de nove características morfoagronômicas. Cáceres - Mato Grosso, 2013.

Já os grupos V e VII foram formados por apenas um genótipo cada (18: 201027018) e (9: CMSXS644) respectivamente. Os genótipos similares foram ordenando em grupos semelhantes, identificando e isolando os mais divergentes em grupos distintos, indicando grande divergência genética entre os 25 genótipos de sorgo sacarino.

Em relação à formação dos grupos, observa-se concordância com os agrupamentos anteriores, os grupos formados por meio da dispersão gráfica dos escores foram semelhantes aos grupos formados nas análises de agrupamento,

utilizando o método hierárquico (UPGMA) (Figura 4) e a distribuição dos grupos com padrões de comportamento similares pelo Método de Tocher (Tabela 7). Com exceção dos genótipos do grupo IV formado na dispersão gráfica (3: BRS506 e 11: CMSXS647) que em ambos os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA faziam parte do grupo I e V respectivamente, formando neste caso um grupo isolado. E o genótipo grupo VII e VI dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA respectivamente, foi incorporado no grupo III da dispersão gráfica.

4.6 Importância relativa dos caracteres

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 ALT (48,73%) e FLOR (26,86%) foram os que mais contribuíram para a divergência total entre os 25 genótipos de sorgo sacarino avaliado (Tabela 10).

Tabela 10. Contribuição relativa percentual de nove caracteres morfoagronômicos avaliados para divergência (D_{ii}^2) entre 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

Caracteres Avaliados ^{1/}	S. j	Contribuição (%)
ALT	7306,58	48,73
FLOR	4028,57	26,86
NMF	937,43	6,25
°BRIX	841,54	5,61
PMV	623,35	4,15
NCH	574,19	3,82
DMC	566,63	3,77
VMC	97,47	0,65
PMS	17,54	0,11

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento; ALT = altura média final de planta; NCH = número médio de colmos por hectare; NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo; PMV = produção de massa verde; PMS = produção de massa seca; VMC = volume médio do caldo; °BRIX = porcentagem de °Brix do caldo.

Estes resultados evidenciam a importância da altura de planta e florescimento na discriminação dos genótipos, indicando que estes caracteres não devem ser descartados de futuras avaliações. Resultados semelhantes foram observados por Vogt et al. (2010) avaliando a divergência genética entre 17 cultivares de girassol com base em caracteres morfológicos e fisiológicos no planalto norte catarinense observaram que os caracteres altura de planta e florescimento foram os que mais contribuíram para a divergência total. Segundo Barbé (2008) a importância relativa dos caracteres é de fundamental interesse dos pesquisadores, possibilitando concluir com segurança a respeito da viabilidade de empregar os descritores utilizados em estudos de divergência genética, reduzindo o número de características, e eliminando aquelas que contribuem pouco para o estudo.

Diante do exposto, a seleção de genótipos baseado nos resultados de desempenho agrônomo e divergência genética pode contribuir significativamente para o aumento da produtividade na produção de etanol, sugerindo as seguintes combinações: CMSXS642 x CMSXS644; CMSXS642 x 201027018; CMSXS646 x CMSXS644; CMSXS646 x 201027018; CMSXS647 x CMSXS644 e CMSXS647 x 201027018.

4.7 Correlação genética

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os caracteres FLOR, ALT, NCH, PMV, PMS, NMF, DMC, VMC e °BRIX do caldo para os 25 genótipos de sorgo sacarino, apresentaram variação de 0,24 a 0,86; 0,46 a 1,07 e -0,25 a 0,84, respectivamente, para a maioria dos caracteres apresentaram diferença quanto ao sinal, na significância e na magnitude (Tabela 11).

Do total de 36 correlações fenotípicas, apenas 63,89% foram significativas pelo teste t, independente da significância estatística (1 ou 5%). Sendo apenas 1,82% consideradas fortes; 21,82% moderadas; 34,55% fracas; e 41,81% muito fracas. Na porcentagem acumulada das correlações, apenas 23,64% enquadraram-se entre moderada e forte.

Dentre as 36 correlações genotípicas formadas, 55,56% foram significativas a 1 ou 5% de significância pelo método de *Bootstrap*, onde, 8,34% foram

consideradas muito fortes; 19,46% fortes e 27,80% moderadas. As correlações genotípicas geralmente foram superiores às ambientais e fenotípicas, demonstrando uma maior contribuição dos fatores genéticos na expressão desses caracteres, em relação aos ambientais (Bonett et al., 2006).

Tabela 11. Estimativas de coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os nove caracteres avaliados em 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

Características ^{1/}	R	ALT	NCH	PMV	PMS	NMF	DMC	VMC	°BRIX
FLOR	r_F	0,26	0,72**	0,43*	0,47*	0,80**	0,10	0,21	0,22
	r_G	0,32	0,79**	0,65 ⁺	0,67**	0,89**	0,19	0,39	0,26
	r_E	-0,53**	-0,04	-0,09	-0,09	0,11	-0,21	-0,25 ⁺	0,04
ALT	r_F		0,65**	0,57**	0,60**	0,42*	0,32*	0,55**	0,53**
	r_G		0,66**	0,75**	0,74**	0,46 ⁺	0,29	0,66 ⁺	0,64**
	r_E		0,50**	0,27 ⁺	0,35**	0,04	0,60**	0,56**	0,09
NCH	r_F			0,43*	0,49**	0,86**	0,23	0,23	0,43*
	r_G			0,60 ⁺	0,65**	0,97**	0,23	0,30	0,52 ⁺
	r_E			0,10	0,12	0,06	0,35 ⁺	0,14	0,02
PMV	r_F				0,86**	0,43*	0,61**	0,70**	0,29
	r_G				0,88**	0,60 ⁺	0,89**	1,07**	0,42
	r_E				0,84**	0,11	0,24 ⁺	0,32**	0,09
PMS	r_F					0,51**	0,51*	0,62**	0,30
	r_G					0,70**	0,70	0,95**	0,43
	r_E					0,09	0,09**	0,26 ⁺	0,07
NMF	r_F						0,17	0,24	0,24
	r_G						0,24	0,34	0,30
	r_E						-0,00	0,07	0,03
DMC	r_F							0,24*	0,16
	r_G							0,30	0,21
	r_E							0,03**	0,06
VMC	r_F								0,00
	r_G								-0,20
	r_E								0,32 ⁺

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento; ALT = altura média final de planta; NCH = número médio de colmos por hectare; NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo; PMV = produção de massa verde; PMS = produção de massa seca; VMC = volume médio do caldo; °BRIX = porcentagem de °Brix do caldo.

** e *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t. ** e +: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo método de *Bootstrap* com 5000 simulações.

Observa-se que, na maioria dos casos, os pares de caracteres avaliados apresentaram coeficientes de correlação fenotípica e genotípica com os mesmos sinais e com correlações genotípicas ligeiramente superiores às fenotípicas sugerindo que para a maior parte dos caracteres a influência ambiental foi baixa e a precisão experimental foi efetiva.

As maiores correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais de mesmo sinal e significância foram observadas entre os caracteres PMV e PMS (0,86); PMV e VMC (0,70). Segundo Rios et al. (2012), correlações fenotípicas e genotípicas com mesmo sinal e magnitudes semelhantes, indicam confiabilidade em se utilizarem as correlações fenotípicas para interpretação dos dados, uma vez que o efeito ambiental não foi muito pronunciado.

O caráter FLOR apresentou correlação forte com NMF (0,89) e NCH (0,79) e moderada para PMS (0,67) e PMV (0,65), variando entre muito fraca e fraca para os demais caracteres avaliados. Os caracteres que apresentam correlação de forte à moderada são os de maior importância na seleção de genótipos mais precoces, servindo de base na seleção desses por meio de seleção indireta. Para fins de melhoramento, é importante identificar entre as características de alta correlação com a variável básica, as de maior efeito direto no sentido favorável à seleção, de tal forma que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (Severino et al., 2002).

Para ALT a correlação com PMV (0,75) e PMS (0,74) foi classificada como forte, e, para NCH (0,66), VMC (0,66), °BRIX (0,64) e NMF (0,46) foram classificados como moderada. Os genótipos que apresentaram maior ALT, também apresentaram maior PMV, PMS, NCH, VMC, °BRIX e NMF, o que já era esperado, sendo assim, os caracteres podem ser utilizados na seleção indireta para planta mais altas. Estimativas de correlação genotípica e fenotípica de similar magnitude, como as observadas entre os caracteres possibilitam inferir que a seleção indireta para um destes caracteres resulta em maiores alterações no outro caráter (Benin et al., 2005).

O caráter NCH apresentou correlação muito forte com VMC (0,97) e moderada para PMS (0,65), PMV (0,60) e °BRIX (0,52). Indicando que a seleção para número de colmos pode ser feita por meio apenas da seleção daquele caráter

de mais fácil seleção. Conforme Teixeira et al. (2012), a seleção simultânea desses caracteres pode fornecer ganhos na produção de forma mais eficiente.

Para PMV a correlação com VMC (1,07) foi classificada como muito forte, PMS (0,88) e DMC (0,89) foram classificadas como forte, e, moderada para NMF (0,60). Resultados semelhantes foram observados por Aguiar et al. (2008) avaliando correlações genóticas e fenotípicas entre características produtivas de sorgo granífero em Canguaretama-RN, obteve correlações muito altas e positivas (0,90) entre peso de panícula e peso de grão, tendo sido a genotípica de 1,02 e a fenotípica de 0,96, tais correlações indica que panículas mais pesadas resultam em grãos de maior enchimento, ou seja, mais pesados. Sugerindo neste caso que o caráter VMC, PMS, DMC e NMF podem ser usados como critério de seleção para aumento da produção de massa verde.

O caráter PMS apresentou correlação muito forte para VMC (0,95) e moderada para NMF (0,70). Indicando que a seleção de plantas com maior volume do caldo e maior número de folhas resultará em maiores produções massa seca.

Do total das 36 correlações ambientais, 41,67% apresentaram significâncias a 1 e 5% pelo método de *Bootstrap* com 5000 simulações, mostrando que os fatores ambientais afetam a expressão dessas características na mesma direção. Pelo exposto, é viável a seleção indireta a partir das características ALT, PMV e PMS, que são de fácil mensuração e resultarão em maior DMC, PMS e VMC respectivamente.

A análise de multicolinearidade entre as variáveis detectou colinearidade fraca para as covariáveis relacionadas com VMC (NC = 80,52). De acordo com Coimbra et al. (2005) a multicolinearidade severa superestima tanto os valores dos coeficientes de correlações quanto os efeitos diretos sobre o caráter principal estimados através da análise de trilha, sendo assim, quando o grau de multicolinearidade é considerada fraca, não constitui implicações sérias para a análise.

4.8 Análise de trilha

O desdobramento por análise de trilha dos coeficientes de correlação genotípica das características agronômicas primárias FLOR, ALT, NCH, PMV, PMS,

NMF, DMC e °BRIX sobre a variável básica VMC são apresentados na tabela 12. O coeficiente de determinação revela que 69,60% do volume do caldo pode ser explicado pelo efeito das variáveis analisadas e o efeito residual de 55,10% reflete a contribuição das variáveis do modelo para a variável básica. Assim, o modelo explicativo adotado expressou a relação causa e efeito entre as variáveis primárias e o volume do caldo.

O PMV apresentou a mais alta correlação com VMC (0,7007), o efeito direto alto (0,5538) e efeitos indiretos baixos sobre esta variável, assim, genótipos com maior volume de caldo podem ser obtidos a partir da seleção de plantas com maior PMV. A variável ALT apresentou correlação de 0,5573 e elevada magnitude (0,7304), demonstrando existência de uma forte associação entre os caracteres, assim, em um processo de seleção indireta para VMC este caráter deve ser considerado. Resultados semelhantes foram encontrados por Nogueira et al. (2012), Silva et al. (2008) e Coimbra et al. (2004), sendo que estes últimos autores afirmaram que neste caso isso demonstra uma boa combinação entre o coeficiente de trilha e o de correlação fenotípica, indicando grande contribuição desta variável para o aumento da produtividade.

Por outro lado, apesar do caráter PMS ter mostrado a segunda maior correlação com VMC (0,6256), apresentou efeito direto baixo e negativo sobre este caráter (-0,0606), isso indica que tais correlações foram causadas pelos efeitos indiretos, via FLOR, ALT, PMV e NMF.

De acordo com Lorentz et al. (2006), quando o coeficiente de correlação é positivo, mas o efeito direto é negativo ou desprezível, a correlação será causada pelos efeitos indiretos, sendo estes observados na análise. Resultados semelhantes também foram encontrados por Lopes e Franke (2011) e Hoogerheide et al. (2007), onde ambos observaram correlações altas e positivas, com efeito direto negativo, sendo influenciadas pelos efeitos indiretos.

O caráter NCH está correlacionado favoravelmente com o VMC (0,2316) e seu efeito direto é negativo (-0,5440), o DMC apresentou uma correlação positiva (0,3879) com o VMC, porém seu efeito direto é negativo (-0,0163), a porcentagem de °BRIX também apresentou correlação significativa (0,0023), entretanto seu efeito direto foi negativo (-0,3747), evidenciando baixa contribuição dessas variáveis para a variável básica.

Tabela 12. Efeitos diretos e indiretos das variáveis primárias (FLOR, ALT, NCH, PMV, PMS, NMF, DMC e °BRIX) sobre a variável básica (VMC) em 25 genótipos de sorgo sacarino. Cáceres - Mato Grosso, 2013

Descrição dos Efeitos		Estimativas das variáveis ^{1/}							
		FLOR	ALT	NCH	PMV	PMS	NMF	DMC	°BRIX
Efeito direto	VMC	0,1681	0,7304	-0,5440	0,5538	-0,0606	0,1496	-0,0163	-0,3747
Efeito indireto	Via FLOR	-	0,0442	0,1217	0,0736	0,0792	0,1354	0,0178	0,0375
	Via ALT	0,1920	-	0,4779	0,4210	0,4400	0,3072	0,2393	0,3930
	Via NCH	-0,3940	-0,3560	-	-0,2387	-0,2696	-0,4685	-0,1301	-0,2350
	Via PMV	0,2426	0,3192	0,2430	-	0,4798	0,2436	0,3384	0,1660
	Via PMS	-0,0286	-0,0365	-0,0300	-0,0525	-	-0,0312	-0,0271	-0,0183
	Via NMF	0,1205	0,0629	0,1288	0,0658	0,0771	-	0,0261	0,0364
	Via DMC	-0,0017	-0,0053	-0,0039	-0,0100	-0,0073	-0,0029	-	-0,0026
	Via °BRIX	-0,0837	-0,2016	-0,1619	-0,1123	-0,1131	-0,0911	-0,0603	-
	Efeito Total		0,2153	0,5573	0,2316	0,7007	0,6256	0,2421	0,3879
Determinação ($R^2_{0,123}$)		0,6965							
Efeito residual ($\rho \cdot \epsilon$)		0,5510							

^{1/} FLOR = número de dias para o florescimento; ALT = altura média final de planta; NCH = número médio de colmos por hectare; NMF = número médio de folhas; DMC = diâmetro médio do colmo; PMV = produção de massa verde; PMS = produção de massa seca; VMC = volume médio do caldo; °BRIX = porcentagem de °Brix do caldo.

Os resultados deste trabalho para número de colmo diferem do trabalho realizado por Silva et al. (2009) onde na fase de cana-plana, os maiores efeitos diretos foram observados para NCH e DMC, no entanto, eles apresentaram baixas magnitudes, evidenciando a necessidade de utilização de índices de seleção envolvendo ambas as características.

De modo geral, os caracteres estudados diferiram em seu grau de influência direta sobre o VMC. O PMV foi o que apresentou efeito positivo e relativamente alto, o que indica a presença de causa e efeito, esse caráter está relacionado a ganhos no VMC. A ALT pode ser considerada secundária na influência sobre o VMC, porém, a presença de efeitos diretos negativos indica a dificuldade que se tem em selecionar apenas com base no comportamento dos efeitos indiretos.

5. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre os genótipos de sorgo sacarino para as características morfoagronômicas e os agrupamentos estabelecidos podem auxiliar o melhorista na escolha dos cruzamentos a serem realizados nos programas de melhoramento genético.

De acordo com o estudo das correlações e análise de trilha, a seleção indireta dos caracteres PMV e ALT visando à produção de volume de caldo poderá resultar em ganhos satisfatórios.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABASCAL, G. F.; FREITA, L. A.; TEIXEIRA, V.; MUTTON, M. A.; MUTTON, M. J. R. Produção de biomassa de genótipos de sorgo sacarino cultivados em Jaboticabal – SP. **Ciência & Tecnologia**. 6:212-217, 2014. Suplemento.
- AGUIAR, E. M.; LIMA, J. M. P.; CUNHA, E. E.; CASTRO, O. P. C. M.; MELO, A. B.; LUCENA, R. B. M. Correlações genótípicas e fenotípicas entre características produtivas de sorgo granífero. In: 45ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Lavras, MG. 2008 **Revista Brasileira de Zootecnia**. Lavras: SBZ, 2008.
- ALBUQUERQUE, C. J. B.; PINHO, R. G. V.; BRANT, R. S.; MENDES, M. C.; REZENDE, P. M. Composição da matéria seca do sorgo forrageiro em diferentes arranjos de plantas no Semi-Árido de Minas Gerais. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**. 2:115-125, 2009.
- AMARAL JUNIOR, A. T. **Análise dialélica de betacaroteno, vitamina C, sólidos solúveis e produção e variabilidade em cultivares de tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.) via marcadores RAPD**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 198 p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento).
- ARAMENDIZ-TATIS, H; SUDRÉ, C. P; GONÇALVES, L. S. A; RODRIGUES, R. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de berinjela nas condições do Caribe Colombiano. **Horticultura Brasileira**. 29:174-180, 2011.
- ARAÚJO, B. L.; ARNHOLD, E.; OLIVEIRA JUNIOR, E. A.; LIMA, C. F. Parâmetros genéticos em cultivares de sorgo granífero avaliados em safrinha. **Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas**. 8:51-59, 2014.
- ASSIS, R. T.; MORAIS, C. G. **Sorgo sacarino, a segunda safra do etanol no Brasil**. Instituto de Ciências da Saúde, Agrárias e Humanas (ISAH), 2014. 6p. Disponível em: <http://site.uniaraxa.edu.br/wp-content/uploads/2014/09/sorgo-sacarino-a-segunda-safra-do-etanol-no-brasil.pdf>. Acesso em: 24 de fevereiro, 2015.
- BALOLE, T. V.; LEGWAILA, G. M. ***Sorghum bicolor* (L.) Moench**. [Internet]. 2006. Disponível em:

<<http://www.prota4u.org/protav8.asp?h=M11,M26,M6&t=origin,sorghum&p=Sorghum+bicolor#Description>>. Acessado em 19, junho, 2014.

BANZATTO, D. A.; KRONKA, S. N. **Experimentação Agrícola**. 4. ed. Jaboticabal: FUNEP, 2013. 237 p.

BARBÉ, T. C. **Estimativas de divergência genética entre linhas de feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) por meio de análise multivariada e associação com a genealogia**. Campos dos Goytacazes: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2008. 107p. (Dissertação – Mestrado em Produção Vegetal).

BARILI, L. D.; VALE, N. M.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. C.; ALMEIDA, C. B.; ROCHA, F.; VALENTINI, G.; BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Semina**. 32:1263-1274, 2011.

BASSAM, N. **Handbook of bioenergy crops – A complete reference to species, development and applications**. London: Earthscan, 2010. 516p

BENIN, G.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P.; SILVA, J. G. Estimativas de correlações genotípicas e de ambiente em gerações com elevada frequência de heterozigotos. **Ciência Rural**. 3:523-529, 2005.

BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGE, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**. 2:409-416, 2011.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**. 3:279-286, 2006.

BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. Divergência genética em

germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina**. 27:547-560, 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. 969p

BUSSAB, W. O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: Associação Brasileira de Estatísticas, 1990. 105p

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; ALVES, D. S.; NUNES, J. A. Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**. 42:898 - 905, 2011.

CAMPOS, A. L.; ZACARIAS, A. J.; COSTA, D. L.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A.; SOBRINHO, S. P.; LUZ, P. B. da. Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso. **Revista Tropical – Ciências Agrária e Biológica**. 4:44-54, 2010.

CAMPOS, T.; CANÉCHIO FILHO, V. **Principais culturas II**. Campinas: IAC, 1973. v. 2, 402p

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; BRUEL, D. C. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em aceroleira. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 1:115-119, 2002.

CARVALHO, S. P. de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção, sob multicolinearidade**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1995. 163p. (Tese – Doutorado em Genética e melhoramento).

CHIELLE, Z. G.; GOMES, J. F.; ZUCHI, J.; GABE, N. L.; RODRIGUES, L. R. Desempenho de genótipos de sorgo silageiro no Rio Grande do Sul na safra 2011/2012. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. 3:260-269, 2013.

COIMBRA, J. L. M.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; GUIDOLIN, A. F.; SOARES, A. P. Consequências da multicolinearidade sobre a Análise de Trilha canola. **Ciência Rural**. 35:347-352. 2005.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; ALMEIDA, M. L.; SANGOI, L.; ENDER, M.; MEROTTO JÚNIOR, A. Análise de trilha dos componentes do rendimento de grãos em genótipos de canola. **Ciência Rural**. 34:1421-1428, 2004.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; CRUZ, C. D.; MELO, A. V.; ECKERT, F. R. Caracterização e divergência genética de populações de milho resgatadas do Sudeste de Minas Gerais. **Revista Ciência Agronômica**. 1:159-166, 2010.

COLOMBO, G. A.; VAZ-DE-MELO, A.; TAUBINGER, M.; FARIA, E. A.; TAVARES, R. C. Fenotipagem de genótipos de milho em condições de estresse por alumínio e sua correlação com produtividade de grãos. **Revista Agrarian**. 7:60-71, 2014.

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

CRUZ C. D.; REGAZZI A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.

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

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p

CRUZ, C. D. **Programa Genes: Análise multivariada e simulações**. Viçosa: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelo biométrico aplicado ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. v.1, 514 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

CUNHA, E. E.; LIMA, J. M. P. Caracterização de genótipos e estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas de sorgo forrageiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 4:701-706, 2010.

CUNHA, S. P. C.; SEVERO FILHO, W. A. Avanços tecnológicos na obtenção de etanol a partir de sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]. **TECNO-LÓGICA**. 14:69-75. 2010.

DE PAULA, T. O. M. **Adaptabilidade e estabilidade, divergência genética e otimização experimental em milho pipoca**. Campos dos Goytacazes:

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2009. 218p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).

DIÓGENES, C.N.; MEDEIROS, A. C.; GONÇALVES, R. J. S.; ASSIS, L. C. S. L. C.; LIMA, H. F. F.; SOUSA, W. B.; COSTA, M. K. O. Desempenho de cultivares de sorgo com potencial forrageiro para o Vale do Açu-RN. **Revista Científica de Produção Animal**.14:29-31, 2012.

DURÃES, F. O. M. Sorgo sacarino: desenvolvimento de tecnologia agrônoma. **Revista Agroenergia**. 2:7. 2011.

DURÃES, F. O. M.; MAY, A.; PARRELLA, R. A. C. **Sistema Agroindustrial do Sorgo Sacarino no Brasil e a Participação Público-Privada: Oportunidades, Perspectivas e Desafios**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2012. 76p.

DUTRA FILHO, J. A.; MELO, L. J. O. T.; RESENDE, L. V.; ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q. Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. **Revista Ciência Agronômica**. 42:185-192, 2011.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos (Rio de Janeiro, RJ). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: EMBRAPA-SPI, 2006. 282p
Disponível em:
[http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/338818/1/sistemabrasileirodecla
ssificacaodossolos2006.pdf](http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/338818/1/sistemabrasileirodecla/ssificacaodossolos2006.pdf). Acesso em: 6, fevereiro, 2014.

EMYGDIO, B. M.; AFONSO, A. P. S.; OLIVEIRA, A. C. B.; PARRELLA, R.; SCHAFFERT, R. E.; MAY, A. **Desempenho de Cultivares de Sorgo Sacarino para a Produção de Etanol sob Diferentes Densidades de Plantas**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2011. 22 p. – (Boletim de pesquisa e desenvolvimento).

ESPÓSITO, D. P.; PETERNELLI, L. A.; PAULA, T. O. M.; BARBOSA, M. H. P. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**. 42:38-44, 2011.

FAGUNDES, T. G.; NUNES, J. A. R.; PARRELLA, R. A. C.; BRUZI, A. T.; DURAES, N. N. L.; LOMBARDI, G. M. R. Divergência genética entre genótipos de sorgo sacarino baseado em caracteres agroindustriais. In: 7º Congresso Brasileiro de

Melhoramento de Plantas. Uberlândia, MG. **Anais...** Uberlândia: SBMP, 2013. P. 3171-3174.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p

FERREIRA, A.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, E. S.; NASCIMENTO, M.; RIBEIRO, M. F.; SILVA, M. F. Utilização de bootstrap não-paramétrico para avaliação de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. **Acta Scientiarum Agronomy**. 30:657-663, 2008.

FERREIRA, C. A.; FERREIRA, R. L. C.; SANTOS, D. C.; SANTOS, M. V. F.; SILVA, J. A. A.; LIRA, M. A.; MOLICA, S. G. Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética entre clones de palma forrageira (*Opuntia ficusindica* Mill.). **Revista Brasileira de Zootecnia**. 32:1560-1568, 2003.

FERREIRA, L. E.; SILVA, I. F.; SOUZA, E. P.; SOUZA, M. A.; BORCHARTT, L. Caracterização física de variedades de sorgo submetidas a diferentes adubações em condição de sequeiro. **Revista Verde**. 1:249 -255, 2012.

GELETA, N.; LABUSCHAGNE, M. T.; VILJOEN, C. D. Genetic diversity analysis in sorghum germplasm as estimated by AFLP, SSR and morpho-agronomical markers. **Biodiversity and Conservation**. 15:3251–3265, 2006.

GIACOMINI, I.; PEDROZA, M. M.; SIQUEIRA, F. L. T.; MELLO, S. Q. S.; CERQUEIRA, F. B.; SALLA, L. Uso potencial de sorgo sacarino para a produção de etanol no estado do Tocantins. **Revista Agrogeoambiental**. 3:73-81, 2013.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize Breeding**. Ames: UPSI, 1981. 468 p.

HOOGERHEIDE, E. S. S.; VENCOSKY, R.; FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C.; ARANTES, E. M. Correlações e análise de trilha de caracteres tecnológicos e a produtividade de fibra de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 42:1401-1405, 2007.

INMET - INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. **Estações Automáticas**. Disponível em: <
http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=rede_estacoes_auto_graf>. Acesso em: 27, junho, 2014.

KARAM, D. **Cultivo do Sorgo: plantas daninhas**. 2010. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_6_ed/plantasdaninha.> Acesso em: 17, junho, 2014.

KILL, L. H. P.; MENEZES, E. A. **Espécies vegetais exóticas em potencialidades para o semi-árido brasileiro**. Brasília: Embrapa informação tecnológica, 2005. 340 p

KLEIN, V. **Características agronômicas, químicas e bromatológicas de variedades de cana-de-açúcar para uso forrageiro**. Jataí: Universidade Federal de Goiás, 2010. 39p. (Dissertação – Mestrado em Agronomia).

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; MARCHIORO, V. S.; CRUZ, P. J. Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. **Revista Brasileira de Agrociência**. 1:29-32, 2001.

LANDAU, E. C.; SANS, L. M. A. Cultivo de Sorgo: clima. 2010. Disponível em: http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_4_ed/clima.htm. Acesso em: 24, janeiro, 2014.

LIRA, M. A. Considerações sobre o potencial do sorgo em Pernambuco. In: **Curso de extensão sobre a cultura do sorgo**. Brasília: EMBRAPA-DID, 1981. p.87-88.

LOPES, R. R.; FRANKE, L. B. Correlação e análise do coeficiente de trilha dos componentes do rendimento de sementes de grama-forquilha. **Revista Brasileira Zootecnia**. 40:972-977, 2011.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P. Divergência genética entre clones de cana-de-açúcar usando análise multivariada associada a modelos mistos. **Semina**. 1:125-134, 2014.

LORENTZ, L. H.; FORTES, F. O.; LÚCIO, A. D. Análise de trilha entre as variáveis das análises de sementes de espécies florestais exóticas do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**. 30:567-574, 2006.

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; RODRIGUES, J. A. S. **Cultivo de Sorgo: ecofisiologia**. 2008. Disponível em: http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_4_ed/ecofisiologia.htm. Acesso em: 4, fevereiro, 2014.

- MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M.; SCHAFFERT, R. E. **Fisiologia da planta do sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2000. 46p
- MAKANDA, I.; TONGOONA, P.; DERERA, Field Crops Research. **J. Elsevier**. 114:272–279, 2009.
- MAPA. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Descritores mínimos de sorgo (*Sorghum spp.*). 1997. 17p.
- MARIM B. G.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; MIRANDA, G. V.; MATTEDI, A. P.; CALIMAN, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 10:1283-1290, 2009.
- MAY, A.; SILVA, D. D.; SANTOS, F. C. **Cultivo do sorgo biomassa para cogeração de energia elétrica/editores técnicos**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. 69p Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/93551/1/doc152.pdf>. Acessado em: 29, outubro, 2014.
- MENEZES, B.R. S.; DAHER, R. F.; GRAVINA, G. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; OLIVEIRA, A. V.; SCHNEIDER, L. S. A.; SILVA, V. B. Correlações e análise de trilha em capim-elefante para fins energéticos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. 9:465-470, 2014.
- MIRANDA, G. V.; COIMBRA, R. R.; GODOY, C. L.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A. V. Potencial de melhoramento e divergência genética de cultivares de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 38:681-688, 2003.
- MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 1981. 504p
- MORAES, S.D.; JOBIM, C. C.; SILVA, M. S.; MARQUARDT, F. I. Produção e composição química de híbridos de sorgo e de milho para silagem. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**. 14:624-634, 2013.
- MORO, J. R.; SILVEIRA, F. T.; CARGNELUTTI FILHO, A. Dissimilaridade genética em sessenta e quatro linhagens de milho avaliadas para resistência ao complexo enfezamento. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**. 1:153-160, 2007.

- 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**. 31:55-68, 2011.
- NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**. 28:877-888, 2012.
- OLEMBO, K. N. DR M'MBOYI, F. KIPLAGAT, S. SITIENEY, J. K. OYUGI, F. K. **Sorghum breeding in sub-saharan Africa: The success stories**. Nairobi: ABSF, 2010. 40p
- OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; PEDROSA, M. W.; GARCIA, N. C.P.; GARCIA, S.L. R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum**. 2:211-217, 2004.
- OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; BASTOS, G. Q.; REIS, O. V. Divergência genética entre cultivares de caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 5:605-611, 2003.
- OLIVETTI, M. P. A.; CAMARGO, A. M. M. P.. Aspectos econômicos e desenvolvimento da cultura do sorgo. **Informações Econômicas**. 1, 1997.
- PAIXÃO, S. L.; CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; MADALENA, J. A. S.; PEREIRA, R. G. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de alagoas. **Caatinga**. 21:191-195, 2008.
- PARRELLA, R. A. C. Sorgo sacarino: Melhoramento genético do sorgo sacarino. **Revista Agroenergia**. 2:8-9. 2011.
- PEREIRA FILHO, I. A.; PARRELLA, R. A. C.; MOREIRA, J. A. A.; MAY, A.; SOUZA, V. F.; CRUZ, J. C. Avaliação de cultivares de sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] em diferentes densidades de semeadura visando a características importantes na produção de etanol. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. 2:118-127, 2013.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451p

- PINTO, L. E. V.; GODINHO, A. M. M.; MARQUES, T. A.; SANTOS, D. H.; BENINCASA, F.; NEVES, L. C. G.; RAMPAZO, E. M.; MESSAS, A. C. Avaliação de parâmetros biométricos da cana-de-açúcar plantada em diferentes horas após o corte das mudas. **Colloquium Agrariae**. 7:294-301, 2011.
- PRASAD, S.; SINGH, A.; JAIN, N.; JOSHI, H. C. Ethanol production from sweet sorghum syrup for utilization as automotive fuel in India. **Energy and Fuels**. 21:2415-2420, 2007.
- QUINTERO, V. P.; LÓPEZ, J. L. A.; COLMENERO, A. Z.; GARCÍA, N. M.; COLÍN, C. N.; BONILLA, J. L. S.; RANGEL, M. R. A.; PROM, L. Genetic diversity of sweet sorghum germplasm in Mexico using AFLP and SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. 47:1095-1102, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMAN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFV, 1993. 271p.
- RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Willey, 1952. 390 p
- REDDY, B. V. S.; RAMESH, S.; KUMAR, A. A.; GOWDA, C. L. L. **Sorghum Improvement in the New Millennium**. India: ICRISAT, 2008. 340p
- RIBAS, P. M. **Sistema de produção: cultivo de sorgo**. 2000. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Sorgo/CultivodoSorgo/>. Acessado em 26, janeiro, 2014.
- RIBEIRO, N. D.; MELLO, R. M.; DALLA COSTA, R.; SLUSZZ, T. Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. **Revista Brasileira de Agrociência**. 7:93-99, 2001.
- RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; CHERUBIN, M. R.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D. Dissimilaridade genética de girassol por meio de caracteres quantitativos. **Ciência Rural**. 42:1954-1959, 2012.
- RIOS, S. A.; BOREM, A.; GUIMARAES, P. E. O.; PAES, M. C. D. Análise de trilha para carotenoides em milho. **Revista Ceres**. 59:368-373, 2012.
- ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; CORRÊA, F. M.; RODRIGUES, R.; SILVA, S. L.; ABOUD, A. C. S.; CARMO, M. G. F. Descritores quantitativos na

determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Ciência Rural**. 39:664-670, 2009.

RODRIGUES FILHO, O.; FRANÇA, A.; F.; S.; OLIVEIRA, R. P.; OLIVEIRA, E. R.; ROSA, B.; SOARES, T. V.; MELLO, S. Q. S. Produção e composição bromatológica de quatro híbridos de sorgo forrageiro [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] submetidos a três doses de nitrogênio. **Goiânia**. 7:37-48. 2006.

ROHLF, F. J. Adaptive Hierarchical clustering schemes. **Systematic Zoology**. 18:58-82, 1970.

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

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J.M.; CARVALHO, E. V. Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**. 43:516-521, 2012.

SANTOS, F.G., CASELA, C. R., WAQUIL, J. M. Melhoramento de Sorgo. In: BORÉM, A.(org). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 429-466.

SAPUCAY, M. J. L. C.; ARAÚJO, E. R.; RÊGO, E. R.; RÊGO, M. M. Diversidade genética, importância relativa e correlação de caracteres quantitativos em pimenteiras. **Horticultura Brasileira**. 2:1161-1168, 2009.

SÁVIO, F. L.; FARIA, P. N.; PEREIRA, W. A.; OLIVEIRA, A. B.; TARDIN, F. D.; RODRIGUES, J. A. S.; SCHAFFERT, ROBERT E. Divergência genética em híbridos de sorgo cultivados sob diferentes níveis de fósforo, em solução nutritiva. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. 7:305-321, 2008.

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

SEVERINO, L. S.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A.; MIRANDA, G. V.; ZAMBOLIM, L.; E BARROS, U. V. Associações da produtividade com outras características agronômicas de café (*Coffea arabica* L. Catimor). **Acta Scientiarum**. 24:1467-1471, 2002.

SHIMAKURA, S. E.; RIBEIRO JÚNIOR, P. J. **Estatística Descritiva**: interpretação do coeficiente de correlação. Departamento e Estatística da UFPR. 2012. Disponível em: <<http://leg.ufpr.br/~ce003/ce003/node8.html>>. Acesso em: 08 de dezembro, 2013.

SILVA, F. L.; PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; COSTA, P. M. A.; VIEIRA, M. S. Análise de trilha para os componentes de produção de cana-de-açúcar via blup. **Revista Ceres**. 56: 308-314, 2009.

SILVA, G. C.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; NETO, D. E. S.; MELO, L.J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. 6:52-58, 2011.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S.; SOUZA, V. Q.; CARVALHO, F. I.F.; OLIVEIRA, A. C.; BERTAN, I.; FRITSCH NETO, R. Importância de caracteres na dissimilaridade de progênies de batata em gerações iniciais de seleção. **Bragantia**, 1:141-144, 2008.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina**. 33:449-458, 2012.

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

SOKAL, R.A.; ROHLF, F.J. The comparison of dendograms by objective methods. **Taxonomy**, 11:33-40, 1962.

SOUZA, A. R.R.; MIRANDA, G. V.; PEREIRA, M. G.; FERREIR, P. L. Correlação de caracteres de uma população crioula de milho para sistema tradicional de cultivo. **Caatinga**. 21:183-190, 2008.

SOUZA, A. E.R.; OLIVEIRA, F. J.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; MELO FILHO, P. A.; MELO, L. J. O. T.; TABOSA, J. N. Seleção de famílias RB visando à alta produtividade e precocidade na maturação em cana-de-açúcar. **Bragantia**. 70:788-795, 2011.

STÄHELIN, D.; VALENTINI, G.; ANDRADE, L. R. B.; VERISSIMO, M. A. A.; BERTOLDO, J. G.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Screening multivariado entre acessos e cultivares de feijão do grupo preto para utilização em blocos de cruzamento. **Biotemas**. 24:95-103, 2011.

- TABOSA, J.N.; SILVA, F. G.; NASCIMENTO, M. M. A.; BARROS, A. H. C.; BRITO, A. R.M. B.; SIMPLÍCIO, J. B. Genótipos de sorgo forrageiro no semiárido de Pernambuco e Alagoas – estimativas de parâmetros genéticos de variáveis de produção. In: XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo, Águas de Lindóia, SP. 2012 **Anais...** Águas de Lindóia: ABMS, 2012. P. 2519- 2525.
- TARDIN, F. D.; ALMEIDA FILHO, J. E.; OLIVEIRA, CI. M.; LEITE, C. E. P.; MENEZES, C. B.; MAGALHÃES, P. C.; RODRIGUES, J. A. S.; SCHAFFERT, R. E. Avaliação agrônômica de híbridos de sorgo granífero cultivados sob irrigação e estresse hídrico. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. 2:102-117, 2013.
- TAVARES, M.; MELO, A. M. T.; SCIVITTARO, W. B. Efeitos diretos e indiretos e correlações canônicas parágrafo caracteres em Relacionados com a produção de pimentão. **Bragantia**. 58:41-47, 1999.
- TEIXEIRA, C. G.; JARDINE, J. G.; BEISMAN, D. A. Utilização do sorgo sacarino como matéria-prima complementar à cana-de-açúcar para obtenção de etanol em microdestilaria. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**. 17:221-229, 1997.
- TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONCALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Correlações genéticas e análise de trilha para componentes da produção de frutos de açaizeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**. 34:1135-1142, 2012.
- TOWNSEND, C. R.; COSTA, N. L.; TORRES, R. A.; SOARES, J. P. G.; PEREIRA, R. G. A.; MAGALHÃES, J. A. Avaliação Agrônômica de Variedades de Cana-de-Açúcar para Fins Forrageiros em Rondônia. **Revista Científica de Produção Animal**. 2:15-20, 2006.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p
- VOGT, G. A.; BALBINOT JUNIOR, A. A.; SOUZA, A. M. Divergência fenotípica em genótipos de girassol. **Revista de Ciências Agroveterinárias**. 11:26-34, 2012.
- VOGT, G. A.; BALBINOT JÚNIOR, A. A.; SOUZA, A. M. Divergência genética entre cultivares de girassol no planalto norte Catarinense. **Scientia Agraria**. 11:307-315, 2010.
- WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**. 20:557-585, 1921.

ZUIN, G. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; COIMBRA, G. K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina**. 30:21-30, 2009.