

ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO BASEANDO-SE EM CARACTERES AGROINDUSTRIAIS

Michele Jorge da Silva¹; Rafael Augusto da Costa Parrella²; Cynthia M. B. Damasceno³; Robert Eugene Schaffert⁴; Vander Filiipe de Souza⁵; Álvaro Eugenio Duarte França⁶; Guilherme Cassicala Eculica⁷, Pedro César de Oliveira⁸

¹Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa/MG, email: michelejorgesilva@gmail.com;

^{2,3,4}Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas/MG, email: rafael.parrella@embrapa.br; cynthia.damasceno@embrapa.br; robert.schaffert@embrapa.br

⁵Estudante de Doutorado, UFSJ, São João Del Rei/MG, email: vanderfsouza@gmail.com;

⁶Estudante de Mestrado em Melhoramento de Plantas, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Pernambuco/PE, email: alvarofranca@hotmail.com;

⁷Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa/MG, email: guilhermeeulica1@hotmail.com

⁸Estudante de Graduação em Agronomia, Universidade Federal de São João Del Rei, UFSJ, Sete Lagoas/MG, email: pedroagroufsj@yahoo.com.br

RESUMO

O sorgo sacarino (*Sorghum bicolor*) se trata de uma planta que apresenta elevada produção de biomassa, porte alto e colmos suculentos com elevados teores de açúcares fermentescíveis no caldo. Estudos sobre diversidade genética são utilizados com frequência proporcionando a seleção dos melhores indivíduos, em busca do aumento da frequência de alelos favoráveis. O objetivo deste trabalho foi avaliar a existência da variabilidade genética entre acessos e caracterizar a divergência genética entre genótipos de sorgo sacarino pertencentes ao programa de melhoramento do Centro Nacional de Pesquisa Milho e Sorgo (CNPMS), baseado-se em caracteres agroindustriais. O experimento foi conduzido no Centro Nacional de Pesquisa Milho e Sorgo (CNPMS), situado na cidade de Sete Lagoas, MG. Foram avaliados um total de 40 genótipos de sorgo sacarino. Os dados foram submetidos à análise de variância. Para o estudo da divergência genética entre os genótipos foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis, obtidas a partir dos dados padronizados e posterior agrupamento utilizando o método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). Os resultados obtidos nos 40 acessos de sorgo sacarino do Centro Nacional de Milho e Sorgo evidenciam a existência da variabilidade genética.

Palavras-Chave: Biomassa, açúcar, variabilidade genética

ABSTRACT

ESTIMATES OF GENETIC DIVERSITY AMONG GENOTYPES OF SWEET SORGHUM BASED ON CHARACTERS AGRO-INDUSTRIAL

The sweet sorghum it is a plant with high biomass production, tall and juicy stalks with high levels of fermentable sugars in the juice. Studies on genetic diversity are often used providing the selection of the best individuals in search of increased frequency of favorable alleles. The objective of this study was to evaluate the existence of genetic variability among accessions and characterize the genetic divergence in 40 genotypes of sorghum improvement program of the National Center for Maize and Sorghum Research (CNPMS), is based in agronomics characters. The experiment was conducted at the National Center for Maize and Sorghum Research (CNPMS), located in Sete Lagoas, Minas Gerais. A total of 40 genotypes of sorghum were evaluated. Data were subjected to analysis of variance. To study the genetic divergence among the genotypes was estimated Mahalanobis distance, obtained from standardized and later using the hierarchical grouping method of average linkage between groups (UPGMA) data. The results obtained in 40 accessions of sorghum from the National Center for Maize and Sorghum showed the existence of genetic variability.

Keywords: Biomass, sugar, variability genetic

INTRODUÇÃO

O sorgo sacarino (*Sorghum bicolor*) se trata de uma planta que apresenta elevada produção de biomassa, porte alto e colmos suculentos com elevados teores de açúcares fermentescíveis no caldo, assim como a cana-de-açúcar (RATNAVATHI et al., 2010). O processamento agroindustrial do sorgo sacarino tem grande potencial para ser associado ao setor sucroalcooleiro nos períodos de entressafra da cana ou na renovação de canaviais, pois utiliza os mesmos equipamentos, cobrindo a ociosidade na entressafra. Além disso, o sorgo sacarino apresenta vantagens como baixo requerimento de água e de fertilizantes, em termos relativos; sistemas de produção estabelecidos; tolerância à seca e ao calor; e grande diversidade genética (MURRAY et al., 2008).

Ressalta-se entre as vantagens do sorgo sacarino, a sua propagação, feita via sementes, produção de massa verde de fácil mecanização desde a semeadura até a colheita, alto potencial forrageiro, além do porte alto em um rápido ciclo produtivo de aproximadamente quatro meses. Apresenta aptidão para cultivo em áreas tropicais, subtropicais e temperadas (PARRELLA et al., 2010).

Estudos sobre a diversidade genética são utilizados com frequência proporcionando a seleção dos melhores indivíduos, em busca do aumento da frequência de alelos favoráveis. Neste estudo podem ser utilizados vários métodos, cuja escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos. O conhecimento do grau de variabilidade genética, por meio de estudos de divergência, é fundamental no processo de identificação de novas fontes de genes de interesse (FALCONER & MACKAY, 1996). O estudo de divergência feito por análise de agrupamento tem a finalidade de reunir, por algum critério de classificação, os progenitores em vários grupos, de tal modo que haja maior homogeneidade dentro do grupo e maiores níveis de heterogeneidade entre os grupos. Outra vantagem é o fato de que, por meio desse estudo podem-se indicar progenitores geneticamente distantes para cruzamentos onde se procure obter o efeito heterótico na geração híbrida e maior probabilidade de recuperação de segregantes superiores em gerações avançadas (CRUZ; REGAZZI, 2001).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a existência da variabilidade genética entre acessos e caracterizar a divergência genética em 40 genótipos de sorgo sacarino do programa de melhoramento do Centro Nacional de Pesquisa Milho e Sorgo (CNPMS), baseado-se em caracteres agroindustriais.

MATERIAIS E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Centro Nacional de Pesquisa Milho e Sorgo (CNPMS), situado na cidade de Sete Lagoas, região central do estado a 767 m de altitude, 19° 27' 57" de latitude sul e 44° 14' 49" de longitude oeste. A região apresenta clima ameno sem temperatura extrema em nenhuma época do ano, com média anual em torno de 23° C, o período chuvoso vai de outubro a março com índice médio pluviométrico anual é de 1.403 mm.

Foram avaliados um total de 40 genótipos de sorgo sacarino, conforme tabela 1. O plantio do experimento ocorreu no mês de dezembro de 2013. Os tratos culturais necessários foram realizados. As parcelas experimentais foram constituídas por 2 fileiras de 5m de comprimento e espaçadas por 0,70 m entre fileiras, em delineamento látice triplo, com três repetições.

Os seguintes caracteres agroindustriais foram avaliados: número de dias para o florescimento (FLOR); altura da planta - medida na época da colheita (ALT); produção de massa verde (PMV) - quilogramas ha⁻¹ e determinada pela pesagem de todas as plantas completas da parcela experimental, colhidas durante a maturidade fisiológica do grão e transformadas para t ha⁻¹; teor de sólidos solúveis - determinado por refratômetro digital de leitura automática (°BRIX); teor de sacarose aparente - POL (%); quantidade de fibra (%); açúcares redutores totais - ART (%); Açúcares Totais Recuperáveis – ATR (%) e quantidade de álcool (L/ha).

Os dados foram submetidos à análise de variância. Para o estudo da divergência genética entre os genótipos foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis, obtidas a partir dos dados padronizados e posterior agrupamento utilizando o método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). Neste método, o critério utilizado para a formação dos grupos é a média das distâncias entre todos os pares de itens que formam cada grupo descrito por Cruz et al. (2003). Em seguida, foram estimadas as importâncias relativas dos caracteres para divergência genética total pelo método de Singh (1981).

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional genético-estatístico GENES (Cruz, 2001).

Tabela 1. Linhagens usadas para estudo da divergência genética entre acessos de sorgo sacarino
Table 1. Genotypes used to study the genetic diversity among sweet sorghum accessions

1. BRANDES	21. CMSXS 604
2. DALE	22. CMSXS624
3. HONEY	23. CMSXS627
4. SART	24. CMSXS629
5. THEIS	25. CMSXS630
6. TRACY	26. CMSXS631
7. WILEY	27. CMSXS632
8. SUGAR DRIP	28. CMSXS633
9. WILLIANS	29. CMSXS634
10. WHITE AFRICAN	30. CMSXS635
11. HODO	31. CMSXS636
12. BRAWLEY	32. CMSXS637
13. COLLIER	33. CMSXS639
14. REX	34. CMSXS641
15. RAMADA	35. CMSXS642
16. RIO	36. CMSXS643
17. ROMA	37. CMSXS645
18. MN 960	38. CMSXS646
19. MN 1056	39. CMSXS647
20. MN 1060	40. CMSXS648

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resumos das análises de variância para florescimento (FLOR), altura (ALT), produção de massa verde (PMV), teor de sólidos solúveis totais (SST), teor de sacarose aparente (POL); quantidade de fibra (FIBRA), açúcares totais redutores (ART), açúcares totais recuperáveis (ATR) quantidade de álcool (ALC), estão apresentadas na tabela 2. De acordo com a análise de variância observou-se que houve diferença genética significativa a 5% de probabilidade para todas as características agroindustriais dos genótipos de sorgo sacarino avaliados. A significância pode ser entendida como uma evidência da variabilidade genética entre os genótipos.

As características PMV e SST merecem destaque, quando se trata da obtenção de cultivares para a produção de etanol de primeira geração, uma vez que materiais com alta produção de biomassa associada a alto teor de sólidos solúveis totais são mais promissores para a produção de etanol. O PMV apresentou média geral de 51,98 t/ha⁻¹ com variação entre 19, 14 t/ha⁻¹ (CMSXS624) a 89,14 t/ha⁻¹ (CMSXS646). O teor de sólidos solúveis apresentou média geral de 11,72 °BRIX, com variação entre 8,2 °BRIX (CMSXS624) e 17,50 °BRIX (RIO).

Tabela 2. Resumo da análise de variância de caracteres agroindustriais mesurados em genótipos de sorgo sacarino
Table 2. Summary of analysis of variance of agro-industrial characters present in genotypes of sweet sorghum

FV	QM									
	GL	FLOR	ALT	PMV	SST	POL	FIBRA	ATR	ART	ALC
Genótipos	39	168.83**	0.2113**	418.76**	10.23**	6.57**	3.71**	515.98**	8,93**	3763332.22**
Blocos	2	0.475	0.2538	71	20.79	460.99	0.74	565.54	8,24	933081.25
Resíduo	78	15.86	0.706	169.5	2.88	3.39	0.94	139.61	2,45	1071841.51
Média		79.875	2.77	51.98	14.47	7.24	11.42	87.61	11,32	3320.94
CV (%)		4.98	9.55	25.04	11.72	25.43	8.53	13.48	13,82	31.17

FLOR: Número de dias para o florescimento (dias); ALT: Altura de plantas (m); PMV: Produção de Massa Verde (t/ha); SST: Sólidos Solúveis Totais (°BRIX); POL: teor de sacarose aparente (%); FIBRA (%); ATR: Açúcares Totais Recuperáveis (%); ART: Açúcares Redutores Totais (%); ALC: quant. de álcool (L/ha)

** significativo pelo teste F a 1 % de probabilidade

Através das análises relacionadas com a divergência genética, os resultados obtidos através do método hierárquico de distância média entre grupos (UPGMA) dos acessos de sorgo sacarino também evidenciaram a existência de variabilidade genética. (Figura 1). O UPGMA oferece uma apresentação mais detalhada, podendo visualizar dentro dos grupos aqueles acessos com maior afinidade, possibilitando visualizar as distâncias dentro de um determinado grupo. Neste estudo com os 40 genótipos avaliados foi possível verificar a formação de três grupos. (Tabela 3).

Tabela 3. Grupos de similaridade genética formados pelo método de Agrupamento de UPGMA, com base em 9 características avaliadas em 40 genótipos de sorgo sacarino

Table 3. Groups of genetic similarity formed by the method of grouping UPGMA based on 9 characteristics evaluated in 40 genotypes of sweet sorghum

Grupos	GENÓTIPOS
1	CMSXS624, CMASXS604, THEIS, CMSXS627, RIO, WILEY, SART
2	MN1060, MN960, RAMADA, MN1056, ROMA, CMSXS630, CMSXS643, CMSXS631, CMSXS645, CMSXS635, CMSXS641, CMSXS629, CMSXS642, CMSXS637, CMSXS639, CMSXS636, CMSXS648, CMSXS633, CMSXS647, CMSXS634, CMSXS646, CMSXS632
3	COLLIER, BRAWLEY, HONEY, WILLIANS, SUGAR DRIP, BRANDES, HODO, WHITE AFRICAN, REX, TRACY, DALE

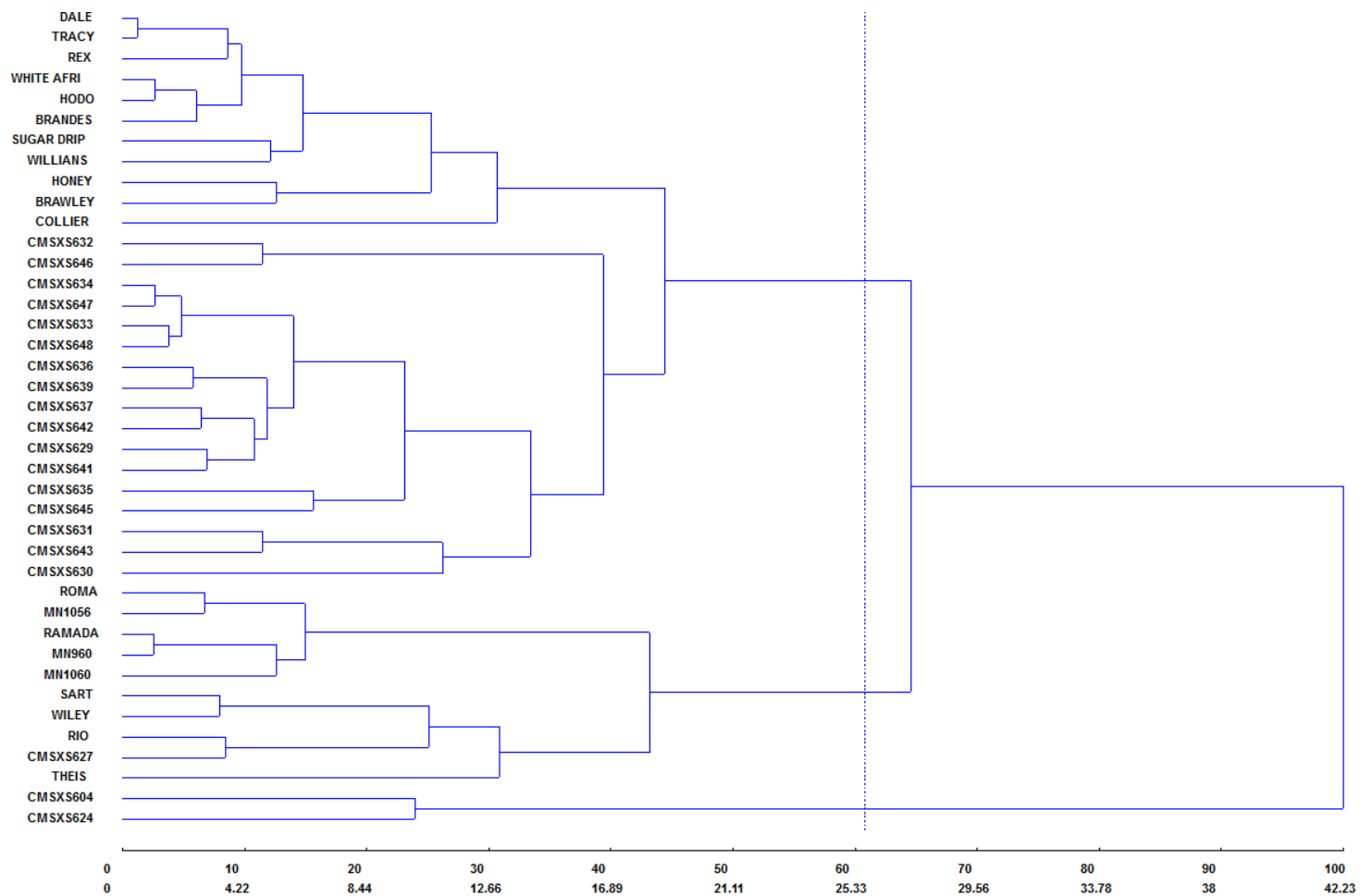


Figura 1. Dendrograma ilustrativo do agrupamento entre os 40 acessos de sorgo sacarino, obtido pelo Método de Agrupamento UPGMA
Figure 1. Dendrogram illustrating the clustering among 40 accessions of sweet sorghum, obtained by UPGMA grouping method

Se tratando da contribuição relativa dos caracteres usados na avaliação da divergência genética, observou-se que os caracteres relacionados aos teores de açúcar, foram os que apresentaram maior importância relativa para a divergência. Pode-se notar também que a produção de massa verde (PMV), apresentou uma relevante contribuição. Com relação aos caracteres agrônômicos, o florescimento apresentou alta contribuição, podendo ser explicado pela variação apresentada para florescimento entre as linhagens (Figura 2).

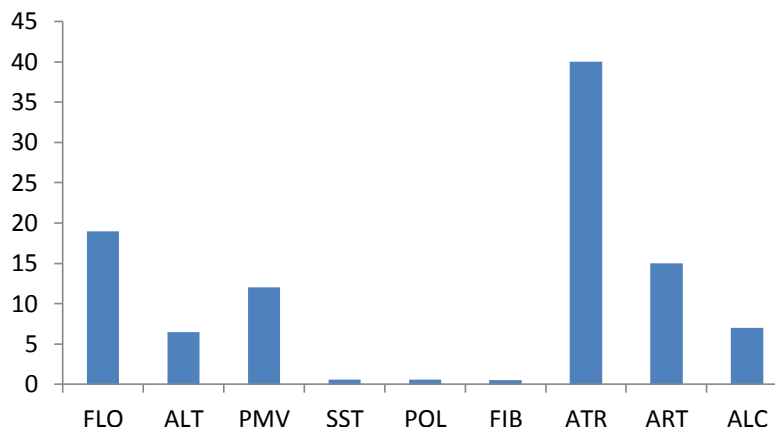


Figura 2. Importância relativa (%) de caracteres agroindustriais para a divergência genética
Figure 2. Relative importance (%) agro-industrial characters to divergence

CONCLUSÃO

Os resultados obtidos nos 40 acessos de sorgo sacarino do Centro Nacional de Milho e Sorgo evidenciam a existência da variabilidade genética. Conclui-se que é importante o estudo da divergência genética. Informações geradas a partir deste estudo podem ser usadas na seleção de parentais para o desenvolvimento de híbridos de sorgo sacarino com alto teor de açúcar e quantidade de biomassa. Assim como no desenvolvimento de populações segregantes para o mapeamento de genes de importância para a cultura do sorgo.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Embrapa Milho e Sorgo, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Universidade Federal de Viçosa pelo apoio concedido durante o desenvolvimento do trabalho.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C.D; REGAZZI, A J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa; UFV, 2001 p. 390.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. London: Longman, 1996. 464p.
- MURRAY, S. C.; SHARMA, A.; ROONEY, W. L.; KLEIN, P. E.; MULLET, J. E.; MITCHELL, S. E.; KRESOVICH, S. Genetic improvement of sorghum as a Biofuel Feedstock: I. QTL for Stem Sugar and Grain Nonstructural Carbohydrates. **Crop Science**, v.48, p.2165-2179, 2008.
- RATNAVATHI, C.V.; SURESH, K.; VIJAYKUMAR, B.S.; PALLAVI, M.; KOMALA, V.V.; SEETHARAMA, N. Study on genotypic variation for ethanol production from sweet sorghum juice. **Biomass Bioenergy**, v.34, p.947-952, 2010.
- PARRELLA, R. A. da C. ; Rodrigues, J. A. dos S. ; Tardin, F. D. ; Damasceno, C. M. B. ; Schaffert, R. E. . **Desenvolvimento de híbridos de sorgo sensíveis ao fotoperíodo visando alta produtividade de biomassa. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** (Embrapa Milho e Sorgo), v. 28, p. 01-23, 2010.;