

KARLA JORGE DA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE SORGO GRANÍFERO
UTILIZANDO DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES
MOLECULARES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2016

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

S586d
2016
Silva, Karla Jorge da, 1990-
Diversidade genética entre linhagens de sorgo granífero
utilizando descritores morfoagronômicos e marcadores
moleculares / Karla Jorge da Silva. – Viçosa, MG, 2016.
xi, 46f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexo.

Orientador: Aluizio Borém.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.37-42.

1. *Sorghum bicolor*. 2. Sorgo - Melhoramento genético.
3. Diversidade genética. 4. Marcadores moleculares.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Genética e
Melhoramento. Programa de Pós-graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

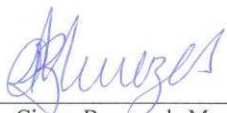
CDD 22. ed. 633.62

KARLA JORGE DA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE SORGO GRANÍFERO
UTILIZANDO DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES
MOLECULARES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

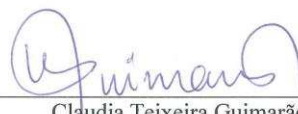
APROVADA: 16 de fevereiro de 2016.



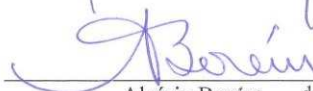
Cicero Beserra de Menezes
(Coorientador)



Leonardo Duarte Pimentel
(Coorientador)



Claudia Teixeira Guimarães



Aluizio Borém de Oliveira
(Orientador)

*A Deus,
Aos meus pais, Carlos (in memoriam) e Eliane,
À minha irmã Michele,
Ao meu amor, Daniel.*
Dedico

*“Deus tem consciência do teu limite,
Ele só quer o que tu podes, porém se quiseres superar-te.
Ele te dará mais força!”
(Walter Grando).*

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por guiar meu caminho e pela realização de mais um sonho.

Ao meu pai Carlos, meu anjo protetor.

À minha mãe Eliane, por sempre me apoiar e pelo amor incondicional.

À minha irmã Michele, pela amizade e ajuda no trabalho.

Ao Daniel pelo amor, paciência, apoio e, principalmente, pela sua cumplicidade.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pelo ensino de qualidade.

À Embrapa Milho e Sorgo, na pessoa do seu chefe geral Dr. Antônio Álvaro Corsetti Purcino por possibilitar que os experimentos fossem conduzidos na unidade.

À Capes, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Prof. Aluizio Borem por permitir que o projeto da dissertação fosse feito em parceria com a Embrapa Milho e Sorgo.

Ao Pesquisador Dr. Cicero Menezes, pela orientação na Embrapa Milho e Sorgo e conhecimentos transmitidos.

Ao Leonardo Pimentel, pelos ensinamentos e disponibilidade em me co-orientar.

À pesquisadora Dra. Claudia Guimarães pelas importantes contribuições dadas, durante a execução deste trabalho.

Ao pesquisador Dr. Jurandir Magalhães, pelas suas sugestões no projeto.

Ao Vander, pela amizade, pelos ensinamentos e disponibilidade para me atender quando as dúvidas surgiram sempre me trazendo calma.

À Karine e ao Carlos, pela amizade e correções.

À equipe do Galpão de Melhoramento de Sorgo, pela ajuda e apoio na condução dos experimentos.

Ao Marcos de Oliveira, pelos ensinamentos no Laboratório de Seleção Assistida da Embrapa Milho e Sorgo.

A todos os amigos, em especial a Lorena Moura e Mariana Carvalho pela amizade.

A todos os professores, funcionários e amigos da UFV pelo aprendizado e pela convivência.

Enfim, a todas as pessoas, familiares e amigos, que direta ou indiretamente contribuíram para que eu chegasse até aqui, e pudesse realizar esse grande sonho, o meu sorriso e o meu carinho. Muito obrigada!

BIOGRAFIA

Karla Jorge da Silva, filha de Carlos Roberto Jorge (*in memoriam*) e Eliane Jorge da Silva, nasceu na cidade de Matozinhos, Minas Gerais, Brasil, em 16 de maio de 1990.

Em fevereiro de 2014 obteve o título de Engenheira Agrônoma pela Universidade Federal de São João Del-Rei, em Sete Lagoas, Minas Gerais, Brasil e iniciou o curso de Mestrado no Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se a defesa de dissertação em fevereiro de 2016.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 A cultura do sorgo.....	3
2.2 Importância do sorgo	4
2.3 Melhoramento Genético de sorgo granífero	5
2.4 Diversidade genética.....	6
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	8
3.1 Avaliação fenotípica das linhagens de sorgo granífero	8
3.1.1 Análise estatística dos dados fenotípicos	10
3.1.2 Diversidade genética dos dados fenotípicos.....	11
3.2 Avaliação genotípica de linhagens de sorgo granífero	11
3.2.1 Obtenção dos dados genotípicos	11
3.2.2 Processamento dos dados moleculares.....	13
3.2.3 Análise do desequilíbrio de ligação	13
3.2.4 Diversidade genética dos dados genotípicos.....	13
3.3 Avaliação dos híbridos.....	14
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
4.1 Análise dados morfoagronômicos	15
4.1.1 Correlação entre os dados morfoagronômicos	16
4.1.2 Diversidade baseada em dados morfoagronômicos	18
4.3 Análises dos dados genotípicos	24
4.3.1 Desequilíbrio de ligação (DL).....	24
4.3.2 Estrutura populacional.....	28
4.3.3 Diversidade baseada em dados genotípicos	30
4.4 Distância genética e híbridos	33
5 CONCLUSÃO.....	36
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	37
7 ANEXO	43

RESUMO

SILVA, Karla Jorge da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2016. **Diversidade genética entre linhagens de sorgo granífero utilizando descritores morfoagronômicos e marcadores moleculares.** Orientador: Aluizio Borém de Oliveira. Coorientadores: Cicero Beserra de Menezes e Leonardo Duarte Pimentel.

O estudo da diversidade genética é fundamental, pois permite a identificação de genitores apropriados que podem ser usados para obtenção de uma população com maior variabilidade genética e consequentemente, com melhores possibilidades de combinações alélicas. Neste sentido, objetivou-se com este trabalho avaliar a variabilidade fenotípica e a diversidade genética de 160 linhagens elites de sorgo granífero, visando à utilização destas linhagens no desenvolvimento de futuros híbridos e populações melhoradas. Conduziu-se um experimento de campo para avaliar 23 descritores morfoagronômicos, em delineamento com blocos incompletos, com duas repetições. Adicionalmente, realizou-se a extração de DNA e as linhagens foram genotipadas com 29.649 marcadores SNPs, por meio da técnica de GBS (*Genotyping by sequencing*). Os dados morfoagronômicos foram analisados com base em modelos mistos. As análises de diversidade foram realizadas para os dados morfoagronômicos e moleculares, a partir de uma matriz de distâncias, formando-se agrupamentos das linhagens através do método de *Neighbor-Joining*. Foram realizadas análises de desequilíbrio de ligação, de estrutura populacional e de componentes principais para os dados moleculares. Paralelamente, avaliou-se 55 híbridos, para estimativas de correlações entre as distâncias genéticas dos parentais e rendimento de grãos de seus híbridos. Os resultados indicaram que: os caracteres morfoagronômicos foram menos informativos do que os moleculares. Considerando $r^2 \sim 0,2$, foi estimada a distância variando 100 a 800 kb entre pares de marcadores, sendo considerado um decaimento lento. A análise populacional indicou a existência provável de duas subpopulações nas linhagens. O agrupamento das linhagens com os dados genotípicos apresentaram-se mais coerentes de acordo com as características dos progenitores; e apesar da baixa variabilidade genética, houve divergência genética entre os grupos de linhagens mantenedoras e restauradoras. Conclui-se que os materiais avaliados possuem base genética próxima, o que sugere a necessidade de ampliar a diversidade genética do programa de melhoramento de sorgo granífero para aumentar a probabilidade de obtenção de híbridos superiores.

ABSTRACT

SILVA, Karla Jorge da, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2016. **Genetic diversity between grain sorghum inbred lines using morpho-agronomic descriptors and molecular markers.** Advisor: Aluizio Borém de Oliveira. Co-advisers: Cicero Beserra de Menezes and Leonardo Duarte Pimentel.

The study of genetic diversity is essential because it enables the identification of appropriate genitors for obtaining a population with greater genetic variability and more possibility of combinations. This study aimed to evaluate the phenotypic variability and genetic diversity of 160 grain sorghum elite inbred lines, seeking to use these for development of future hybrid and improved plant populations. An experiment was carried out in order to evaluate the 23 morpho-agronomic descriptors in a design of incomplete blocks with two replications. Additionally, DNA extraction was performed and genotyped with 29,649 SNPs markers by GBS technique (Genotyping by sequencing). The diversity analyses were performed based on morph-agronomic and molecular markers data, obtaining a distance matrix and forming *clusters* of inbred lines through the Neighbor-Joining method. Analyses of population structure and main components for the molecular data were performed. In parallel, 55 hybrids were evaluated to estimate the correlations between genetic distances of genitors and the performance of their hybrids regarding grain yield. The results indicated that: the morpho-agronomic traits were less informative than the molecular ones. Considering $r^2 \sim 0.2$, was estimated the distance 100-800 kb between markers pairs, what is considered a slow decay. The population analysis indicated the probable existence of two subpopulations in the lines. The grouping of lines with the genotypic data was more consistent according to the characteristics of the progenitors; despite the low genetic variability, there was genetic divergence between groups of maintainers and restorers lines. It was concluded that the evaluated materials have similar genetic basis, which suggests the need to increase the genetic diversity of sorghum breeding program to increase the likelihood of obtaining superior hybrids.

1 INTRODUÇÃO

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] é uma gramínea de origem africana, introduzida no Brasil pelos escravos. Porém só no início do século XX começou a ter importância econômica no país. As plantas de sorgo desenvolveram mecanismos de adaptação para algumas condições ambientais, mostrando grande variabilidade genética para tolerância a diversos estresses abióticos (TUINSTRA *et al.*, 1997). É uma planta de metabolismo C4 com elevada capacidade fotossintética, sensível ao fotoperíodo, com florescimento em dias curtos. A maior parte dos genótipos de sorgo necessita de temperaturas superiores a 21°C para um bom crescimento e desenvolvimento (MAGALHÃES, 2003).

O sorgo granífero possui vantagem adaptativa, principalmente resistência à seca, quando comparado a outros cereais, o que viabiliza sua produção em ambientes adversos às outras culturas. Isso porque o sorgo tem mecanismos bioquímicos e morfológicos adaptados às condições de clima quente e seco. Logo, tem-se observado a ampliação das áreas cultivadas em regiões com pouca ou errática distribuição de chuvas, como a savana africana e o cerrado brasileiro, neste caso, principalmente nas condições de cultivo em 2ª safra (SANTOS *et al.*, 2005). Entretanto, a produtividade de sorgo nestes ambientes é baixa e o potencial produtivo da cultura precisa ser melhor explorado, o que sugere a necessidade de investimentos no melhoramento genético da espécie.

A caracterização das linhagens geralmente revela particularidades de interesse para os melhoristas (SINGH, 1991). Existem dificuldades em relação à seleção de genótipos e a exploração do germoplasma, devido à herança complexa e pouco conhecida de determinadas características, necessitando de aumento no tempo de desenvolvimento de novas cultivares (SOUZA, 2001). Desta forma, a exploração do germoplasma é importante para a distinção de genótipos superiores a serem utilizados dentro do programa de melhoramento e envolve a caracterização fenotípica, estudos de diversidade genética e determinação do grau de relação entre genótipos.

A utilização de recursos genéticos com o intuito de solucionar problemas relacionados à produção é bastante laboriosa, pois há pouco conhecimento de como características e fatores ambientais podem interagir afetando a *performance* dos genótipos (COOPER & BYTH, 1996). A maior parte das variáveis de interesse econômico pode ser caracterizada pela herança complexa e acentuada influência ambiental, o que interfere no desempenho de acessos quando avaliados em diferentes locais (RODRIGUEZ *et al.*, 2008).

e, portanto, influencia na estruturação dos grupos distintos detectados na caracterização (HOOGERHEIDE, 2009).

O estudo da distância genética entre cultivares contribui no programa de melhoramento para o direcionamento de hibridações, conhecimento do germoplasma disponível e organização dos recursos genéticos para aplicações no melhoramento de plantas. O uso de marcadores genéticos como ferramenta na caracterização de diversos genótipos e na seleção indireta tem contribuído para o direcionamento das pesquisas no melhoramento de plantas. É importante utilizar marcadores moleculares que sejam simples, rápidos, demandem uma pequena quantidade de DNA, sejam polimórficos e distribuídos por todo o genoma do indivíduo. Atualmente, os marcadores SNPs são uma ferramenta poderosa para se estudar a distância genética em muitas espécies, inclusive o sorgo.

A estimativa do desempenho *per se* das linhagens, normalmente é a medida de mais fácil aferição, porém, o direcionamento de combinações nos cruzamentos com base somente no comportamento médio dos caracteres pode ocasionar dificuldades. Assim o conhecimento do germoplasma disponível em termos de desempenho morfoagronômico, capacidade de combinação e dissimilaridade genética é primordial. Desta forma, é imprescindível que o melhorista possua materiais com considerável variabilidade genética para que obtenha melhores possibilidades de combinações superiores durante o andamento do programa de melhoramento genético (FERH, 1987).

Vários métodos estão disponíveis para avaliar a divergência genética em populações de plantas, diferenciando-se na habilidade em detectar diferenças entre genótipos. Apesar da variedade de métodos e da extensa coleção mundial de sorgo, menos de 3% dos acessos são utilizados em programas de melhoramento (SANTOS *et al.*, 2005). É necessário ampliar as informações sobre diversidade genética do sorgo granífero, permitindo com o avanço dos estudos a identificação de possíveis genitores ou, até mesmo, de genótipos com características superiores (DAHLBERG *et al.*, 1996).

Neste contexto, objetivou-se com este trabalho avaliar a diversidade genética com base em descritores morfoagronômicos e em marcadores moleculares em linhagens elites de [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] pertencentes ao programa de melhoramento de sorgo granífero da Embrapa Milho e Sorgo, visando à utilização destes genótipos em futuros trabalhos de desenvolvimento de híbridos e populações melhoradas.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A cultura do sorgo

A África Oriental é considerada como o centro de origem do sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench], embora tenha sido constatada grande variabilidade do sorgo cultivado e selvagem no Noroeste da África. A cultura foi difundida por toda a África, pelas rotas de comércio do oriente médio, chegou à Índia e posteriormente à China. Na América do Norte, chegou provavelmente em 1857, nos Estados Unidos, pelos escravos e, depois, chegou à América Latina e à Austrália (SANTOS *et al.*, 2005).

O sorgo selvagem não é indicado para agricultura atual, mas sim como base para a formação de novos germoplasmas, pois apresentam características indesejáveis para o cultivo do sorgo granífero, como: altura elevada, dificuldade na colheita, suscetíveis ao vento e ainda com maturação tardia (VANDERLIP, 1979). Os cultivares utilizados atualmente são resultados da intervenção humana, que melhorou a cultura para atender as necessidades agrícolas, nutricionais e econômicas, o que a tornou de grande importância global, sendo atualmente um dos cereais mais cultivados no mundo, adaptados ao cultivo de regiões áridas e semiáridas (DUARTE, 2010).

Nos Estados Unidos foi desenvolvido o Programa de conversão de sorgo, o qual tinha como objetivo converter linhagens exóticas de sorgo tropicais sensíveis ao fotoperíodo em linhagens insensíveis, sendo adequadas para programas de melhoramento nos EUA, permitindo a diversificação de germoplasma disponível (STEPHENS *et al.*, 1967). O programa de conversão de sorgo teve grande impacto no melhoramento dessa cultura, pois atualmente é difícil encontrar híbridos de sorgo cultivados que não tenham germoplasma convertido em seu pedigree.

O sorgo é uma espécie diploide com $2n = 20$ cromossomos (SANTOS *et al.*, 2005), pertencente à família *Poacea*, autógama, com taxa de fecundação cruzada variando entre 2 a 10% em condições normais, resposta fotoperiódica de dias curtos e altas taxas fotossintéticas (PAUL, 1990). O sistema radicular é constituído por raízes seminais e adventícias, apresenta colmo ereto, com folhas alternadas e entrenó superior denominado pedúnculo. A inflorescência (panícula) pode ser compacta, semi-aberta ou aberta. Os ráculos encontram as espiguetas aos pares, sendo uma sésil hermafrodita e uma pedicelada estaminada (SANTOS *et al.*, 2005). O gênero *Sorghum* é muito diverso, incluindo espécies cultivadas e espontâneas (SCHERTZ, 1988). O sorgo é dividido em

cinco raças morfológicas básicas (bicolor, caudatum, durra, guinea e kafir) e em outras dez raças intermediárias, que são combinações entre as raças básicas.

2.2 Importância do sorgo

O sorgo apresenta diferentes finalidades para seu cultivo, sendo classificado em sorgo granífero, silageiro, sacarino, biomassa, pastejo e vassoura (RIBAS, 2003). O sorgo granífero por apresenta porte baixo, é adequado à colheita mecanizada, possui grande rendimento de grãos e é o mais cultivado. Para sorgo silageiro as plantas devem ser altas e com boas qualidades bromatológicas, com elevada produção de massa verde e de grãos (SANTOS *et al.*, 2005). O sorgo sacarino deve ser alto e de colmo succulento com alta concentração de açúcares fermentescíveis e o sorgo biomassa deve apresentar características lignocelulósicas adequadas para fins energéticos. O sorgo pastejo é caracterizado pela formação rápida de pastagem e por apresentar boas qualidades bromatológicas, neste caso utilizam-se híbridos interespecíficos. Por fim, o sorgo vassoura é explorado pela agricultura familiar e suas plantas devem possuir panículas com ráquis longas para a confecção de vassouras (RODRIGUES, 2010).

O sorgo granífero posiciona-se em quinto lugar entre os cereais mais plantados no mundo, após o trigo, arroz, milho e cevada (FAO, 2014). Segundo Bahia Filho *et al.* (2008), a expansão da produção de sorgo granífero no Brasil ocorreu com o crescimento da área plantada nas regiões Sudeste e Centro Oeste na safrinha. O plantio normalmente é realizado após a safra da soja, como cultura de sucessão. Portanto é essencial o estudo para produção de novos híbridos produtivos e adaptados às diversas regiões do país. O sorgo granífero apresenta grande potencial para safrinha permitindo maior flexibilidade na implantação da cultura.

O sorgo pode ser cultivado em áreas sujeitas à seca e/ou altas temperaturas, onde a produtividade de outros cereais não é muito viável economicamente. Essa cultura responde positivamente ao uso de tecnologia não sendo obrigatoriamente uma planta rústica, entretanto tolerante. Desta forma, os rendimentos abaixo da média encontrado em regiões produtoras no Brasil podem ser justificados ao pouco conhecimento das respostas fisiológicas das cultivares aos fatores ambientais, manejo, distribuição irregular da chuva em algumas regiões e baixa utilização de fertilizantes e corretivos (MENEZES, 2015).

No Brasil a área cultivada com sorgo foi de 702 mil hectares, cuja produção de grãos alcançou 1,92 milhões de toneladas na safra 2014/2015. Estes valores foram ligeiramente

inferiores aos da safra anterior (2012/2013), cuja produção atingiu 2,30 milhões de toneladas de grãos colhidos em 806,4 mil hectares (CONAB, 2015).

O sorgo é a base alimentar para mais de 500 milhões de pessoas em mais de 30 países, principalmente nas nações em desenvolvimento e com problemas de déficit hídrico, como África e Ásia, onde o cereal chega a compor 70% do consumo calórico diário, evidenciando importante papel deste grãos na segurança alimentar (MUTISSYA, 2009). Porém, em muitas regiões o sorgo ainda é cultivado como cultura marginal. Na América Central, Ásia, África, China e Rússia, os grãos de sorgo são utilizados para a alimentação humana, sendo empregados como alternativa ao milho na intitulada “cesta básica de grãos forrageiros” (triticale, farelo de arroz, fécula de mandioca e trigo). Enquanto que na América do Norte e Sul, Europa e Austrália sua produção é destinada principalmente à produção de rações (RODRIGUES, 2010). A utilização do sorgo na alimentação animal proporciona benefícios, como redução de custos da ração, sem perdas nutricionais.

2.3 Melhoramento Genético de sorgo granífero

O melhoramento de sorgo é obtido com a introdução de materiais genéticos e metodologias utilizadas para as plantas autógamas. Normalmente se utilizam as técnicas de melhoramento de autógamas em sorgo a partir de uma população originária de um cruzamento biparental, conduzido manualmente (SANTOS *et al.*, 2005). No sorgo é possível a exploração da recombinação entre indivíduos de forma intensa, podendo, assim, explorar variabilidade gerada em vários métodos de melhoramento de plantas alógamas, como a macho esterilidade.

Os programas de melhoramento do sorgo granífero têm como objetivo alta produtividade de grãos, sendo que as características exploradas são: tolerância ao déficit hídrico; resistência ao acamamento e ao quebramento; ausência de tanino nos grãos; porte entre 1,0 m e 1,5 m; ciclo precoce a médio; resistência às doenças predominantes na região de plantio. As cultivares desenvolvidas, além de serem produtivas, também deve apresentar estabilidade quanto às variações ambientais e responsivas às melhorias no ambiente. Devido à estrutura e aos mecanismos naturais de polinização do sorgo, a execução do cruzamento controlado entre dois indivíduos é difícil devido à dificuldade em se realizar a emasculação. Contudo, a exploração comercial de híbridos se tornou possível a partir de 1954, com a descoberta do sistema de macho-esterilidade genético-citoplasmática (STEPHENS & HOLLAND, 1954).

Para realizar o melhoramento visando à obtenção de híbridos simples, baseando-se no sistema de macho esterilidade citoplasmática e/ou genética, são utilizadas, pelo menos, três diferentes linhagens para obtenção de um híbrido simples: linhagens R (com alelos dominantes para restauração da fertilidade e citoplasma normal) e outro constituído de linhagens A (com alelos recessivos para restauração da fertilidade e citoplasma estéril), juntamente com linhagens B (com alelos recessivos para restauração da fertilidade e citoplasma normal). Estes servem como grupos heteróticos na ausência de informações a cerca da diversidade genética. Os esforços para determinar grupos heteróticos em sorgo não são bem sucedidos, pois não é possível delinear claramente os padrões, por isso há necessidade de pesquisas que envolvam esses efeitos heteróticos, de acordo com as combinações híbridas, para que seja possível revelar um padrão de interações de acordo com os dados moleculares, e que tragam respostas diferenciadas entre os membros dos grupos e entre grupos distintos.

2.4 Diversidade genética

O sucesso do pré-melhoramento, melhoramento ou da conservação de espécies é dependente do conhecimento da variabilidade da espécie estudada, proporcionando avanços nas pesquisas de diversidade genética (CRUZ, 2011). Desta forma, é possível complementar as informações em relação ao material de estudo e, conseqüentemente, aumentar a base de conhecimento genético (SANTOS *et al.*, 2005).

Para visualização da distância genética, é realizada a análise de agrupamento, baseada em técnicas de análise multivariada cujo objetivo principal é agrupar indivíduos com base nas características semelhantes, de modo que os indivíduos são reunidos em um mesmo *cluster*. Em termos gerais, dois métodos de agrupamento são utilizados: com base nos métodos de distância, nos quais uma matriz de distância é analisada pelo algoritmo de agrupamento resultando em representações gráficas (dendrograma ou árvore filogenética) ou por métodos baseados em máxima verossimilhança ou Bayesianos (MOHAMMADI, 2003).

Os avanços das técnicas moleculares têm permitido acessar a variabilidade genética em várias espécies cultivadas, revelando a diversidade disponível em bancos de germoplasma e em programas de melhoramento, mostrando com detalhamento e sem efeitos causados pelo ambiente, ou seja, são indicadores da distância genética entre acessos, por causa da sua neutralidade na seleção, são utilizados para auxiliar nas

atividades de manutenção, caracterização, avaliação de germoplasma, conservação dos recursos genéticos e aplicações no melhoramento de plantas (BINNECK *et al.*, 2002).

Diferentes sistemas de marcadores de DNA têm sido empregados para estudar os padrões de diversidade genética entre acessos de sorgo, como o SSR (*Simple Sequence Repeats*) (RAKSHIT *et al.*, 2012; WANG *et al.*, 2009; RAMU *et al.*, 2013) e os marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) (NELSON *et al.*, 2011).

O custo do sequenciamento reduziu significativamente, após o desenvolvimento da segunda geração de sequenciamento (do inglês, *next-generation sequencing* - NGS), sendo utilizado para genotipagem em larga escala e desenvolvimento de marcadores moleculares (WETTERSTRAND, 2014). A plataforma de genotipagem por sequenciamento (do inglês, *Genotyping-by-Sequencing* - GBS) é um procedimento NGS que pode ser empregado para identificar polimorfismos em uma população. Os polimorfismos ocorrem devido a alterações de nucleotídeos, como exclusão, duplicação, inversão e/ou inserção, transição e transversão (ELSHIRE *et al.*, 2011).

O desequilíbrio de ligação - DL (do inglês, *linkage disequilibrium*) no genoma, representa a associação não aleatória entre alelos de diferentes locos em uma população (GUPTA *et al.*, 2005). As análises de ligação são comumente conduzidas em populações experimentais obtidas a partir de cruzamentos controlados, como as populações biparentais (FLINT-GARCIA *et al.*, 2003). Sendo que o decaimento do DL mostra o quão diverso encontram-se os dados ou genótipos analisados, oferecendo base para o estudo da diversidade. O DL não necessariamente resulta de ligação física, já que vários fatores podem causá-lo, como: deriva genética, seleção, epistasia e a própria estrutura populacional (YU *et al.*, 2006).

As populações exibem um complexo padrão de subdivisões (estrutura populacional) e parentesco que podem ser estimados através dos marcadores. Este é um ponto essencial para a análise de diversidade, uma vez que um determinado marcador pode ser afetado por um conjunto de efeitos correlatos do restante do genoma (HOFFMAN, 2013).

Desta forma, as estimativas de dissimilaridade auxiliam o melhorista, pois quantificam e informam sobre o grau de parentesco entre pares de acessos, contribuindo para a compreensão das diferenças genéticas, realizando a identificação dos melhores genótipos a serem utilizados e de possíveis duplicatas nos bancos de germoplasma, o que aumenta o trabalho do curador e reduz o espaço disponível para conservação de outras amostras, sem contribuir para o enriquecimento da variabilidade genética (VAN HINTUM & VISSSEN, 1995). Desta forma, permite a identificação de genitores adequados para

obtenção de uma população com maior variabilidade genética e com maior possibilidade de combinações que aumente o desempenho dos híbridos, como possível formação de grupos heteróticos (CRUZ, 2003).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliadas 109 linhagens restauradoras e 51 linhagens mantenedoras de sorgo granífero (ANEXO), que fazem parte do grupo de linhagens do programa de melhoramento de sorgo granífero da Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas–MG. A partir de avaliações morfoagronômicas e genotípicas.

Os dados foram estudados por diversos métodos: desequilíbrio de ligação, estrutura populacional, componentes principais e agrupamento por *Neighbor-Joining*.

Adicionalmente, a distância genética estimada para algumas linhagens foram comparados com 55 híbridos gerados a partir das linhagens em avaliação, a fim de se comprovar a existência de variabilidade na população estudada.

3.1 Avaliação fenotípica das linhagens de sorgo granífero

Para avaliação fenotípica foi conduzido um experimento de campo na área experimental da Embrapa Milho e Sorgo, localizada em Sete lagoas, região central de Minas Gerais, latitude Sul 19°27'57" e longitude Oeste 44°14'49", clima tropical de altitude, com verões quentes e chuvosos e invernos secos. As parcelas experimentais foram constituídas por 1 fileira de 5 m, com espaçamento de 0,50 m entre fileiras, em delineamento com blocos incompletos, com duas repetições.

Algumas características foram baseadas nas “Instruções Para Execução dos Ensaio de Distinguiabilidade, Homogeneidade e Estabilidade de Cultivares de sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench]”. As características avaliadas foram de acordo com os descritores mínimos de sorgo proposto pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 1997), sendo eles:

1. Largura da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira: curta, média e Longa – LF;
2. Comprimento da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira: curta, média e longa – CF;
3. Forma e extensão do pedúnculo: visível acima da folha bandeira, medida na maturidade fisiológica, em cm, entre a lígula da folha bandeira e a base da panícula – EP;
4. Diâmetro do colmo, medido de 15 a 20 cm do solo – CP;

5. Comprimento da ráquis principal da panícula, medido da base da panícula ao ápice da ráquis – CRC;
6. Comprimento da ramificação primária da panícula – CRM;
7. Altura de plantas: medido o comprimento entre o colo da planta e o ápice da panícula no momento da maturação fisiológica – ALT;
8. Florescimento: número de dias decorridos desde o plantio até o florescimento de 50% das plantas da unidade experimental – FL;
9. Peso de panícula: peso de todas as panículas da parcela experimental – PP;
10. Peso de grão: colhidos os grãos da parcela e, subsequentemente, mensurada a umidade dessas, para posterior correção para a umidade de 13% – PG;
11. Índice de colheita de panículas: relação entre o peso de grãos e o peso de panículas – ICP;
12. Peso de 1000 grãos em gramas, ajustado a 13 % de umidade – PM;
13. Cor da planta, realizado no florescimento: palha, vermelha, púrpura – CP;
14. Forma da panícula: ramos primários eretos, ramos primários pendentes, elíptica, oval, tipo vassoura – FP;
15. Densidade da panícula: muito aberta, aberta, semi-aberta, semi-compacta, compacta – DP;
16. Comprimento da Gluma: porcentagem da cariopse coberta pela gluma – CG;
17. Pigmentação do coleóptilo pela antocianina: presença e ausência – PA;
18. Pigmentação da nervura central a partir da folha bandeira: branca ou incolor; esverdeada, amarela, marrom – PN;
19. Presença da arista na lema – presença e ausência – AL;
20. Presença de perfilhamento: ausente (sem perfilhos), baixa (1 a 3 perfilhos), alta (mais de 3 perfilhos) – PE;
21. Presença de testa: presença e ausência – PTE;
22. Presença de tanino: observado visualmente através da presença da testa – presença e ausência – PT;
23. Cor púrpura no pericarpo – presença e ausência – CUP.

3.1.1 Análise estatística dos dados fenotípicos

Os dados morfoagronômicos foram analisados com base em modelos mistos (HENDERSON, 1984), e o modelo estatístico foi estabelecido de acordo com o delineamento experimental, com o auxílio do software GenStat (PAYNE *et al.*, 2012).

O modelo matemático proposto foi:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + P_{k(j)} + e_{ijk},$$

em que: Y_{ijk} é o valor fenotípico observado para o genótipo i , no bloco j , na parcela k ; μ é a média geral; $G_i = g_i (i = 1, \dots, n_g)$, $t_i (i = n_{g+1}, \dots, n_{g+n_t})$, em que g_i é o efeito aleatório do genótipo i , n_g é número de genótipos, t_i é o efeito fixo da testemunha i , n_t é o número de testemunhas; B_j é o efeito fixo do bloco $j (j = 1 \text{ e } 2)$; $P_{k(j)}$ é efeito aleatório da parcela k dentro do bloco j , e_{ijk} corresponde ao erro experimental associado a Y_{ijk} .

O teste de Wald (WALD, 1943) foi utilizado para estimar a significância dos efeitos fixos. O teste da razão de verossimilhanças (do inglês, *Likelihood Ratio Test* - LRT) (NEYMAN & PEARSON, 1928) para estimar a significância dos efeitos aleatórios, realizado a partir da diferença entre as *deviances* para os modelos com e sem o efeito a ser testado, o qual apresenta distribuição qui-quadrado com 1 grau de liberdade (NELDER & WEDDERBURN, 1972).

A fórmula para LRT é a seguinte:

$$LRT = -2 \times \left[\log \frac{L(\theta)_r}{L(\theta)} \right],$$

em que, $L(\theta)_r$ refere-se ao valor da função de verossimilhança resultante para o modelo reduzido, e $L(\theta)$ ao valor da função de verossimilhança de acordo com o modelo completo da função de verossimilhança. Os componentes de variância foram determinados de acordo com a metodologia REML (*Restricted Maximum Likelihood*) e para cada carácter avaliado foi obtida a média BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) (HENDERSON, 1949). Para o cálculo do coeficiente de variação e da herdabilidade, foram usadas as seguintes expressões:

$$CV = \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{X}} \right) \times 100 \quad h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}},$$

onde, σ_e^2 , equivale a variância residual, $\bar{X}$ a média geral, σ_G^2 a variância genética e r ao número de repetições.

Para calcular o coeficiente de correlação de *Pearson* (PEARSON, 1896), com base nas médias BLUP, utilizou-se a função *rcorr* do pacote *Hmisc*, do software R (R CORE

TEAM, 2014), a fim de investigar a possibilidade de características fortemente correlacionadas entre si.

Além da correlação foi feita uma análise de componentes principais com o auxílio do software Genes (CRUZ, 2013), com a finalidade de sintetizar as características estudadas, por poucas variáveis, as quais seriam uma combinação linear das mesmas.

Ressalta-se que para análise de diversidade foi realizada a padronização dos dados, de acordo com a fórmula:

$$Z_{ij} = \frac{x_{ij} - \bar{x}_j}{s_j} \quad Z_{ij} \sim (0,1),$$

em que: Z_{ij} é o valor da j -ésima característica padronizado para o i -ésimo indivíduo; x_{ij} é o valor da j -ésima característica; $\bar{x}_j$ é a média da j -ésima característica; s_j é o desvio-padrão da j -ésima característica.

3.1.2 Diversidade genética dos dados fenotípicos

Para o estudo da diversidade foi gerada a matriz de dissimilaridade entre as linhagens, a partir da distância Euclidiana média (CLIFFORD & STEPHENSON, 1975), utilizando as funções *scale* e *euclidean*, respectivamente no software R. A partir da matriz de distâncias, o agrupamento foi realizado pelo método *Neighbor-Joining*, usando o programa PowerMarker (LIU & MUSE, 2005) e MEGA5 (TAMURA *et al.*, 2011). A árvore foi desenhada utilizando o pacote *ggtree* existente no software R (R CORE TEAM, 2014).

O método de *Neighbor-Joining* é proposto para a elaboração de árvores filogenéticas sem raiz. A técnica tem como objetivo identificar pares de vizinhos (*neighbors*) unidos por um nó interno. Portanto, foi efetuada a separação dos materiais em grupos de acordo com os nós das árvores e a divisão em subgrupos para facilitar a interpretação a respeito do posicionamento dos materiais envolvidos.

3.2 Avaliação genotípica de linhagens de sorgo granífero

3.2.1 Obtenção dos dados genotípicos

O DNA foi extraído de uma planta, utilizando o procedimento padrão do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Milho e Sorgo para extração de DNA de folhas.

Inicialmente foi adicionado um volume de 1000 mL de tampão CTAB 2% contendo 2% de β -mercaptoetanol em, aproximadamente, 500 mg do pó do material vegetal. A mistura foi mantida em banho-maria a 65°C por 30 minutos, com homogeneização a cada 15 minutos. Em seguida, foi feita lavagem 700 mL de solução de clorofórmio-octanol (24:1), com homogeneização constante por 25 minutos. O material foi centrifugado a 14.000 rpm por 10 minutos e o sobrenadante transferido para novo microtubo, onde foram adicionados 800 mL de isopropanol mantido a -20°C. Os microtubos foram mantidos nessa temperatura por uma hora, realizando centrifugação a 14.000 rpm por 10 minutos. Foi retirado o sobrenadante e o precipitado lavado com 300 mL de etanol 70% gelado. Os tubos foram novamente centrifugados por 3 minutos a 14.000 rpm, descartou-se o sobrenadante e o isopropanol foi retirado em centrífuga a vácuo por cinco minutos ou até evaporação de todo líquido. Os precipitados foram ressuspensos em 80 mL de tampão TE (Tris-HCl 10 mM; EDTA 1 mM, pH 8,0) contendo 0,2 de RNase. As amostras foram incubadas em banho-maria por 30 minutos, a temperatura de 37°C (LANA *et al.*, 2010).

Após extração, a qualidade das amostras foi verificada por meio de gel de agarose a 1% e a quantificação do DNA foi realizada pelo método QUBIT. Além disso, realizou-se clivagem de 10% das amostras com a enzima de restrição Hind III. O DNA coletado das linhagens em avaliação foi encaminhado para o IGD (*Institute for Genomic Diversity*) da Universidade de Cornell, onde foi realizada a genotipagem com base na técnica de GBS (ELSHIRE *et al.*, 2011).

A metodologia GBS fundamenta-se na redução da complexidade genômica e ligação de adaptadores ao DNA, contido na amostra. Inicialmente o material genético total é clivado com diferentes combinações de enzimas de restrição específicas. Após clivagem, em cada amostra de DNA são inseridos adaptadores com sequências indexadoras (*barcodes*) que possibilitam rastrear as sequências geradas para cada amostra. O *barcode* termina com uma sequência indexadora de 4 a 8 pb, seguida de 4 pb com o formato de cadeia simples expostas no extremo 3', cadeia essa complementar, por ser gerada pelo corte da enzima de restrição. Além disso, adaptadores comuns, os quais são equivalentes para todas as amostras, são incluídos no composto de digestão/ligação. As amostras são digeridas com uma enzima de restrição adequada para o material genético em pesquisa, permitindo que os adaptadores se liguem às extremidades dos fragmentos de restrição, pela ligase. Em seguida, a ligase é desativada, através de aquecimento e um *pool* contendo os fragmentos de DNA genômico ligados aos adaptadores, chamados de *tags*, é formado e purificado por meio de um kit comercial. A amplificação dos fragmentos digeridos é feita

por meio de uma reação de PCR, na qual são utilizados dois iniciadores com sequências complementares aos adaptadores ligados. Subsequente, o composto de *tags* é purificado e a quantificação de uma amostra desta mistura, em uma estação automática de eletroforese é realizada, para que o tamanho dos fragmentos seja mensurado e a viabilidade da amostra definida (ELSHIRE *et al.*, 2011). As amostras (bibliotecas) obtidas de todo processo mencionado anteriormente, são utilizadas para o sequenciamento Illumina (Illumina, Inc., San Diego, CA).

3.2.2 Processamento dos dados moleculares

Os dados moleculares oriundos da genotipagem via GBS foram submetidos aos seguintes critérios de filtragem: $\geq 5\%$ de frequência do alelo menos frequente (MAF, *Minor Allele Frequency*) e $\leq 20\%$ de dados perdidos no software TASSEL versão 5.1.0 (BRADBURY *et al.*, 2007). De um total de 86.342 marcadores polimórficos, após filtragem restaram 29.649 marcadores SNPs para a realização das análises de diversidade genética.

3.2.3 Análise do desequilíbrio de ligação

A análise de desequilíbrio de ligação (DL) foi calculada para cada cromossomo no software TASSEL 5.2.3 (BRADBURY *et al.*, 2007) utilizando janela deslizante de 50 SNPs. Para a plotagem dos gráficos com as curvas de decaimentos do desequilíbrio de ligação por cromossomo, foi utilizado um modelo não linear tendo r^2 como resposta (eixo y) e a distância em pares de base como preditor (eixo x) associado com *violin plot* para cada cromossomo, e da mesma forma, reunindo a média de todos os cromossomos, utilizando o pacote *vioplot*, disponível no software R (R CORE TEAM, 2014).

3.2.4 Diversidade genética dos dados genotípicos

3.2.4.1 Estrutura populacional

A análise da estrutura populacional foi realizada com o auxílio do programa STRUCTURE (PRITCHARD, 2000) com *burn-in* de 10.000 e 100.000 iterações Monte Carlo via Cadeia de Markov (MCMC). Foram testados valores de k de 1 a 10, com 10 simulações independentes para cada agrupamento. O número de subpopulações foi

definido com base na probabilidade log e pela taxa de mudança no delta k entre os sucessivos valores de k , conforme o método de Evanno *et al.*, (2005).

3.2.4.2 Componentes principais

Análise de componentes principais (PCA) foi realizada pelo software TASSEL versão 5.1.0 (BRADBURY *et al.*, 2007) e para plotagem gráfica adotou-se o pacote *ggplot2* do software R (R CORE TEAM, 2014).

3.2.4.3 Agrupamento por *Neighbor-Joining*

Com o intuito de averiguar as relações genéticas entre as linhagens, as estimativas da distância foram calculadas a partir da matriz de dissimilaridade, essa medida leva em consideração o número de alelos idênticos por estado (IBS) (POWELL *et al.*, 2010), essa matriz foi gerada no software TASSEL versão 5.1.0 (BRADBURY *et al.*, 2007). A partir da matriz de dissimilaridade foi realizado o agrupamento das linhagens por meio do método *Neighbor-Joining* (SAITOU & NEI, 1987), no programa PowerMarker (LIU & MUSE, 2005) e MEGA5 (TAMURA *et al.*, 2011). A árvore foi desenhada utilizando o pacote *ggtree* existente no software R (R CORE TEAM, 2014).

3.3 Avaliação dos híbridos

Foram avaliados 55 híbridos experimentais, oriundos das linhagens que estão sendo avaliadas neste estudo de diversidade. O experimento foi instalado na Embrapa Milho e Sorgo em Sete Lagoas, em 2015, no delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições e parcelas constituídas por 4 linhas de 5 m de comprimento. Foram utilizadas duas testemunhas comerciais 1G100 e BRS 330.

O coeficiente de correlação de *Pearson* (PEARSON, 1896), foi calculado com base na média das repetições dos híbridos, utilizando a função *rcorr* do pacote *Hmisc*, do software R (R CORE TEAM, 2014).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise dados morfoagronômicos

Os resultados da análise estatística para 23 características morfoagronômicas avaliadas em 160 linhagens de sorgo granífero são apresentados na Tabela 1. Verificou-se variância genética significativa entre as linhagens para a maioria das características avaliadas, exceto para forma da panícula (FP) e comprimento da gluma (CG). Já o efeito dos blocos foi considerado não significativo, mostrando uma homogeneidade na área experimental.

Tabela 1. Componentes de variância, herdabilidade, coeficiente de variação (CV), média, significância dos efeitos, para as características avaliadas em linhagens de sorgo granífero, na Embrapa Milho e Sorgo, 2014.

Carácter	SIGNIFICÂNCIA		COMPONENTES DE VARIÂNCIA				
	Bloco	Tratamento	Gi	Eij	CV	Média	h ²
LF	NS	**	0,6	1,2	19,3	8,2	0,5
CF	NS	**	32,1	26,8	12,5	60,6	0,7
EP	NS	**	15,2	9,0	24,9	10,0	0,8
CD	NS	**	7,7	11,2	9,7	21,2	0,6
CRC	NS	**	7,5	5,2	11,2	20,4	0,7
CRM	NS	**	1,7	2,8	16,3	5,9	0,6
ALT	**	**	788,4	46,2	23,9	1,06	0,8
FL	NS	**	18,9	22,5	4,1	84,1	0,6
PP	NS	**	151,56	259,72	31,3	7,4	0,6
PG	**	**	209,34	362,19	33,5	3,3	0,6
PM	NS	**	7,0	14,5	28,0	16,8	0,5
ICP	NS	**	0,0	0,0	17,4	0,6	0,6
CP	NS	**	0,3	0,2	15,8	1,9	0,7
FP	**	NS	0,0	1,0	18,2	1,9	0,0
DP	NS	**	0,4	1,5	32,1	2,9	0,2
CG	NS	NS	0,1	0,5	16,3	1,8	0,2
PA	NS	**	0,1	0,1	19,3	1,3	0,4
PN	NS	*	0,2	0,1	24,9	1,6	0,6
AL	**	**	0,1	0,0	20,3	1,0	0,8
PE	NS	*	0,1	0,3	25,9	6,2	0,2
PTE	NS	**	0,0	0,0	22,6	0,1	0,4
PT	NS	**	0,0	0,0	12,9	1,9	0,4
CUP	**	**	0,1	0,1	27,5	1,2	0,5

LF: Largura da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira; CF: Comprimento da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira; CP: comprimento do pedúnculo; CD: Diâmetro do colmo; CRC: Comprimento da ráquis principal da panícula; CRM: Comprimento da ráquis primária; ALT: Altura; FL: Florescimento; PG: Peso de grãos, em kg.ha⁻¹; ICP: Índice de colheita de Panícula; PM: Peso de Mil grãos; CP: Planta Cor; FP: Panícula forma; DP: Panícula Densidade; CG: Comprimento da gluma; PA: Pigmentação do coleótilo pela antocianina; PN: Pigmentação da nervura central; AL: Panícula presença de arista na lema; PE: Capacidade de perfilhamento; PTE: Presença de testa; PT: Presença de tanino; CUP: Cor púrpura do pericarpo. ^{NS}, *, **, não significativo e significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente pelo Teste de Wald. O ^{NS} para os efeitos aleatórios indica que o componente de variância não foi significativo de acordo com o Teste da razão de verossimilhanças.

Para a maioria das características, o coeficiente de variação foi satisfatório, em torno de 20%, evidenciando controle das causas de variação ambiental, porém alguns CVs

de características importantes para o sorgo granífero foram considerados altos, que podem ser explicados pela natureza quantitativa desses caracteres, e pela influência dos efeitos ambientais adversos ou favoráveis. As estimativas da herdabilidade (h^2), variaram entre 0,2 a 0,8.

4.1.1 Correlação entre os dados morfoagronômicos

As correlações medem o grau de associação entre duas variáveis e geralmente são utilizadas por permitir a seleção para uma característica de herança complexa, por meio de outra característica correlacionada e de mais fácil mensuração (CARVALHO *et al.*, 2004).

No que se refere à análise de correlação observou-se que apenas as características peso de panícula e peso de grão apresentaram alta correlação (0,9), o peso de panícula foi eliminado devido a alta correlação. Algumas variáveis foram consideradas fortemente correlacionadas como: florescimento e peso de panícula (0,7), florescimento e peso de grão (0,6), peso de grão e índice de colheita de grão (0,6), altura e peso de panícula (0,60) e comprimento da ráquis principal e comprimento da ráquis primária (0,6). As correlações consideradas medianas foram: peso de grão e largura da folha (0,40), diâmetro do colmo e comprimento da folha (0,40), florescimento e altura (0,4) e peso de panícula e índice de colheita de plantas (0,4). Ressalta-se que estas características foram significativas a 5% de probabilidade (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson (abaixo da diagonal), p-valor associado a cada estimativa de correlação (acima da diagonal), para 23 características morfoagronômicas avaliadas em campo na Embrapa Milho e Sorgo.

	LF	CF	CP	CD	CRC	CRM	ALT	FL	PP	PG	ICP	PM	CP	FP	DP	CG	PE	PA	PN	AL	PTE	PT	CUP
LF		0,1	0,0	0,1	0,1	0,3	0,2	0,0	0,0	0,0	0,6	0,7	0,0	0,4	0,3	0,1	0,9	0,9	0,0	0,0	0,3	0,3	0,5
CF	0,3		0,1	0,0	0,0	0,0	0,1	0,2	0,7	0,5	0,1	0,1	0,6	0,4	0,1	0,1	0,1	0,0	0,1	0,4	0,8	0,1	0,1
CP	0,2	0,0		0,2	0,3	0,7	0,1	0,2	0,0	0,0	0,0	0,5	0,1	0,1	0,6	0,4	0,1	0,2	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1
CD	0,4	0,4	0,1		0,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,0	0,6	0,4	0,2	0,0	0,9	0,5	0,0	0,5	0,0	0,3	0,4	0,1	1,0
CRC	0,0	0,3	0,1	0,3		0,0	1,0	0,0	0,0	0,0	0,4	0,3	0,1	0,5	0,6	0,7	0,3	0,3	0,1	0,6	0,7	0,9	0,1
CRM	0,0	0,2	0,0	0,1	0,6		0,5	0,0	0,4	0,6	0,4	0,6	0,6	0,1	0,8	0,2	0,0	0,4	0,4	0,1	0,8	0,1	0,0
ALT	-0,1	-0,2	0,1	-0,4	0,0	-0,1		0,0	0,0	0,4	0,0	0,3	0,4	0,3	0,2	0,7	0,3	1,0	0,0	0,1	0,2	0,1	0,1
FL	0,1	-0,1	0,1	-0,3	0,3	0,2	0,4		0,0	0,0	0,0	0,4	0,3	0,1	0,1	0,5	0,7	0,4	0,0	0,8	0,3	0,0	0,0
PP	0,3	0,1	0,1	0,0	0,3	0,2	0,5	0,7		0,0	0,0	0,3	0,1	0,8	0,5	0,5	0,2	0,1	0,2	0,2	0,1	0,8	0,8
PG	0,4	0,2	0,2	0,1	0,3	0,2	0,1	0,6	0,9		0,0	0,1	0,6	0,5	0,2	0,3	0,8	0,1	0,1	0,1	0,5	0,1	0,9
ICP	0,2	0,0	0,3	0,0	0,0	0,0	0,2	0,2	0,4	0,6		0,1	0,8	0,1	0,1	0,3	0,8	0,1	0,4	0,1	1,0	0,8	0,7
PM	0,1	0,0	-0,1	0,1	0,0	0,0	-0,1	0,1	0,1	0,1	-0,1		0,1	0,1	0,4	0,3	0,6	0,1	0,8	0,7	0,1	0,7	0,7
CP	0,0	0,2	0,0	0,1	0,0	0,1	-0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1		0,3	0,1	0,6	0,4	0,2	0,0	0,3	0,1	0,6	0,2
FP	-0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,1	0,0	-0,1	-0,1	0,0	0,1	0,1		0,2	1,0	0,1	0,5	0,4	0,5	0,3	0,4	0,5
DP	0,0	0,1	0,0	0,0	0,0	-0,1	0,0	-0,1	-0,1	0,0	0,1	-0,1	-0,1	0,1		0,1	0,1	0,5	0,2	0,1	1,0	0,8	0,1
CG	0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	0,2	-0,1	-0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	-0,1		0,4	0,3	0,4	0,5	0,4	0,6	0,1
PE	-0,1	-0,1	0,0	-0,1	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	-0,1	-0,1	0,0		0,7	0,2	0,0	0,7	0,4	0,1
PA	-0,1	-0,1	-0,1	0,0	-0,1	-0,1	0,1	0,0	0,0	-0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	-0,1	-0,1	-0,1		0,6	0,3	0,7	0,1	0,0
PN	-0,2	-0,3	0,1	-0,2	-0,1	-0,1	0,2	0,1	0,0	-0,1	0,0	-0,3	-0,3	0,1	0,0	-0,1	0,1	-0,1		0,1	0,6	0,3	0,3
AL	-0,2	0,0	-0,1	-0,1	0,0	0,0	0,0	-0,1	-0,1	-0,1	0,0	0,1	0,1	0,1	0,0	0,2	0,0	0,1	0,0		0,7	0,8	0,8
PTE	0,0	0,1	-0,2	-0,1	-0,1	0,1	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,0	0,1	-0,1	0,0	0,0	0,0	0,3	-0,1	-0,1		0,0	0,1
PT	0,1	-0,1	0,2	0,1	0,0	-0,1	-0,1	-0,2	-0,2	-0,2	-0,1	0,1	-0,1	0,0	0,0	0,1	0,0	-0,3	0,1	0,1	-1,0		0,0
CUP	0,1	0,1	-0,1	0,0	0,0	0,1	0,1	0,4	0,4	0,4	0,2	-0,1	0,1	0,0	0,0	0,0	-0,1	0,3	-0,2	0,0	0,7	0,2	

LF: Largura da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira; CF: Comprimento da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira; CP: comprimento do pedúnculo; CD: Diâmetro do colmo; CRC: Comprimento da ráquis principal da panícula; CRM: Comprimento da ráquis primária; ALT: Altura; FL: Florescimento; PP: Peso de panícula; PG: Peso de grãos, em kg.ha⁻¹; ICP: Índice de colheita de panícula; PM: Peso de mil grãos; CP: Cor da planta; FP: Forma da Panícula; DP: Densidade da Panícula; CG: Comprimento da gluma; PE: Capacidade de perfilhamento; PA: Pigmentação do coleóptilo pela antocianina; PN: Pigmentação da nervura central; AL: Panícula presença de arista na lema; PTE: Presença de testa; PT: Presença de tanino; CUP: Cor púrpura do pericarpo.

4.1.2 Diversidade baseada em dados morfoagronômicos

A caracterização morfoagronômica possibilitou a identificação de descritores que podem ser utilizados na discriminação das linhagens. Dentre os 23 caracteres utilizados, alguns são mais importantes para o melhoramento genético do sorgo granífero, principalmente com relação à qualidade e quantidade de grãos, como: peso de grãos, altura, florescimento, presença de tanino e capacidade de perfilhamento.

Os resultados dos caracteres morfoagronômicos com a respectiva classe e frequência de cada característica avaliada são apresentados na Tabela 3. Houve pouca variabilidade para altura de plantas, pois mais de 90% das linhagens foram classificadas com altura inferior a 180 cm, as poucas linhagens classificadas com altura superior a 180 cm representam linhagens do programa de sorgo forrageiro. Mais de 80% das linhagens apresentaram o florescimento tardio, variando em 66 a 75 dias. Apenas 15% das linhagens obtiveram presença de tanino e alta capacidade de perfilhamento e menos de 20% exibiram alta produção de grãos.

Tabela 3. Caracteres morfoagronômicos selecionados, classes fenotípicas e frequência de cada característica avaliada em 160 linhagens de sorgo granífero.

Caráter	Classe	Frequência (%)
1-Largura da 3ª lâmina foliar partir da folha bandeira (cm)	1-Curta	3,1
	2-Média	37,5
	3-Longa	59,4
2-Comp. da 3ª lâmina foliar partir da folha bandeira (cm)	1-Curta	30,0
	2-Média	59,4
	3-Longa	10,6
3-Forma e extensão do pedúnculo	1-Alongado (2 a 10 cm)	9,4
	2-Muito alongado (> 10 cm)	89,4
	3-Recurvado (pescoço de ganso)	1,3
4-Diâmetro do colmo	1- Pouco alongado (< 2 cm)	0,0
	2- Alongado (de 2 a 6 cm)	0,0
	3-Muito alongado (>10 cm)	100,0
5-Comprimento da ráquis principal da panícula	1-Curto (3 a 6 cm)	0,0
	2-Médio (6,1 a 12 cm)	0,0
	3-Longo (12,1 a 24 cm)	1,3
	4-Muito longo (> 24 cm)	98,8
6-Comprimento da ramificação primária da panícula	1-Muito curto (< 3 cm)	0,0
	2-Curto (3 a 6 cm)	78,1
	3-Médio (6,1 a 12 cm)	21,9
	4-Longo (12,1 a 24 cm)	0,0
7-Altura Total	1-Muito baixa (< 80 cm)	13,1
	2-Baixa (81 a 120 cm)	63,8
	3-Média (121 a 170 cm)	20,0
	4-Alta (171 a 240 cm)	1,3
	5-Muito alta (> 241 cm)	1,9
8-Dias de emergência até o florescimento	1-Média (56 a 65 dias)	13,1
	2-Tardia (66 a 75 dias)	81,3
	3-Muito tardia (> 75 dias)	5,6
9-Peso de Panícula (g)	1-Baixo	40,0
	2-Médio	36,9
	3-Alto	23,1
10-Peso de grão (g)	1- Baixo	43,1
	2-Médio	37,5
	3-Alto	19,4
11-Índice de Colheita	1-Baixo	10,6
	2-Médio	75,6
	3-Alto	13,8
12-Peso de 1000 grãos em gramas	1-Menos que 14 g	0,0
	2-Entre 15 e 21g	100,0
	3-Maior que 22 g	0,0
13-Cor da planta	1-Palha	10,6
	2-Vermelha	37,5
	3-Púrpura	51,9
14-Forma da panícula	1-Ramos primários eretos	11,9
	2-Ramos primários pendentes	42,5
	3-Elíptica	23,8
	4-Semi-compacta	18,8
	5-Semi-aberta	3,1
	6-Tipo vassoura	0,0

Continua...

...Continuação

Tabela 3. Caracteres morfoagronômicos selecionados, classes fenotípicas e frequência de cada característica avaliada em 160 linhagens de sorgo granífero.

Caráter	Classe	Frequência (%)
15-Densidade da panícula	1-Muito aberta	18,8
	2-Aberta	17,5
	3-Semi-aberta	18,8
	4-Semi-compacta	31,3
	5-Compacta	13,8
16-Comprimento da Gluma	1- Até 25%	25,0
	2- Até 50%	66,3
	3-Até 75%	5,0
	4-Totalmente coberta	3,1
	5-Gluma maior que cariopse	0,6
17-Pigmentação do coleótilo pela antocianina	1-Ausente	81,3
	2-Presente	18,8
18-Pigmentação da nervura central a partir da folha bandeira	1-Branca	25,0
	2-Esverdeada	67,5
	3-Amarela	7,5
	4-Marrom	0,0
19-Presença e comprimento da arista na lema	1- Ausente	94,4
	2- Presente	5,6
20-Capacidade de perfilhamento	1-Ausente	37,5
	2-Baixo	48,8
	3-Alto	13,8
21-Presença de testa	1-Ausente	95,6
	2-Presente	5,0
22-Presença de Tanino	1-Presente	15,0
	2-Ausente	85,0
23-Cor púrpura no pericarpo	1-Ausente	90,6
	2-Presente	9,4

Deve-se destacar que algumas características são de herança monogênica ou oligogênica, sendo relacionadas com um ou poucos genes e divididas na análise de diversidade como características qualitativas, como aquelas correlacionadas à pigmentação. Enquanto outras são de herança poligênica, sendo agrupadas em quantitativas, como características produção de grãos. Desta forma, com base no coeficiente de variação, nos componentes de variância e na análise de correlação, as características de menor importância para o estudo de diversidade foram: largura e comprimento da 3ª lâmina foliar, diâmetro do colmo, peso da panícula, peso de mil grãos, comprimento da gluma, forma e densidade da panícula. Assim essas características não foram utilizadas para o estudo da diversidade morfoagronômica.

No agrupamento de dados fenotípicos não há preocupação com um número ótimo de grupos, uma vez que a ramificação de acordo com as características obtidas na árvore é mais interessante. Por meio de uma verificação da árvore é possível visualizar pontos de alta mudança de nível e constatar a existência de grupos principais, que se subdividem em vários subgrupos (CRUZ *et al.*, 2011).

A Figura 1 representa a árvore filogenética baseada nas características qualitativas (cor da planta, pigmentação do coleóptilo pela antocianina, pigmentação da nervura central a partir da folha bandeira, presença e comprimento da arista na lema, capacidade de perfilhamento, presença de testa, presença de tanino e cor púrpura no pericarpo).



Figura 1. Agrupamento das 160 linhagens avaliadas na Embrapa Milho e Sorgo de acordo com o método de *Neighbor-Joining*, considerando características qualitativas. Os grupos 1, 2 e 3 foram os que se destacaram devido a maior número de características semelhantes entre as linhagens.

A partir dessa figura foi possível destacar os agrupamentos 1, 2, 3. No grupo 1, 85% dos materiais são restauradores, dos quais 88% são linhagens melhoradas do programa de sorgo granífero da Embrapa Milho e Sorgo, sendo que a maioria dessas linhagens tem em seu pedigree as linhagens BR005 e BR012. As linhagens apresentaram de acordo com os dados fenotípicos presença de tanino no grão, pigmentação púrpura do pericarpo, ausência de

pigmentação do coleóptilo, ausência de arista na lema e pigmentação branca da nervura central a partir da folha bandeira. O grupo 2 é composto, principalmente, por linhagens introduzidas, que apresentam baixa capacidade de perfilhamento, variando entre 1 a 3 perfilhos por planta, ausência de arista e tanino, cor branca da nervura central, ausência de pigmentação do coleóptilo pela antocianina, cor da planta vermelha. O grupo 3 é formado por linhagens B e R, apresentando cor da planta vermelha, ausência de arista e tanino, cor púrpura do pericarpo e nervura central branca.

A Figura 2 apresenta a árvore de acordo com os dados quantitativos, para 08 características (diâmetro do colmo, extensão do pedúnculo, comprimento da ráquis principal da panícula, comprimento da ramificação primária da panícula, altura total, florescimento, peso de grão, índice de colheita). O grupo 1 é formado por linhagens restauradoras (85%) e mantenedoras (15%), sendo a maioria linhagens melhoradas, apresentando semelhança nas características, como índice de colheita com média igual a 0,6, florescimento variando entre 75 a 84 dias e altura na faixa de 95 a 117 cm, a qual pode ser considerada baixa para o padrão do sorgo granífero. O grupo 2 é formado basicamente por linhagens restauradoras, apresentando semelhança nas características: largura e comprimento da 3ª lâmina foliar a partir da folha bandeira mediano, curto comprimento da ráquis principal da panícula (entre 3 a 6 cm) e extensão do pedúnculo alongada. O grupo 3 é bastante diverso apresentando linhagens R e B, introduzidas e melhoradas. Este grupo apresentou poucas características semelhantes, apenas o comprimento da ráquis primária variando entre 5,1 a 6,6 cm, diâmetro do colmo entre 18,9 a 19,1 cm e florescimento foi considerado precoce, na faixa de 81 a 89 dias. Já o grupo 4, em grande parte possui linhagens oriundas de cruzamentos com ATF54, que é utilizada no melhoramento com outras linhagens, como a Tx623, Tx644, Tx645 e ARG-1, sendo estas de bastante interesse, devido a média de altura variando entre 80 a 120 cm e extensão do pedúnculo variando entre alongado e muito alongado.

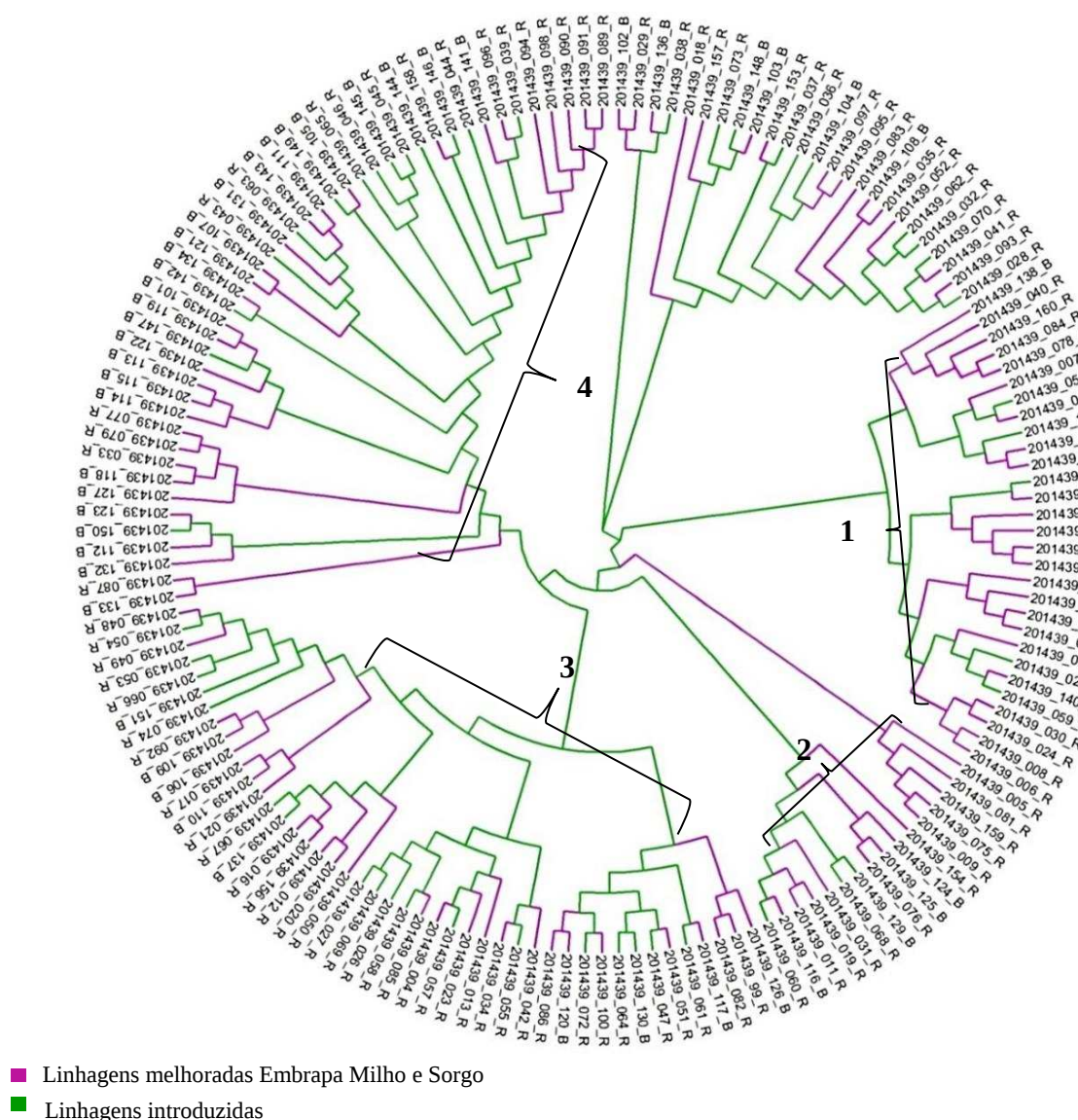


Figura 2. Agrupamento das 160 linhagens avaliadas na Embrapa Milho e Sorgo de acordo com o método de *Neighbor-Joining*, considerando características quantitativas. Os grupos 1, 2, 3 e 4 foram os que se destacaram devido a maior número de características semelhantes entre as linhagens.

A representação gráfica da análise de agrupamento pode ter por base a hipótese da inexistência de um padrão uniforme de distribuição dos genótipos, uma vez que para um alto ajuste entre as distâncias originais e as observadas nas representações gráficas, seria indispensável que as linhagens ligadas em um mesmo grupo apresentassem alta homogeneidade entre si e heterogeneidade com os genótipos dos demais grupos formados. Isso não foi observado no trabalho, pois o agrupamento não foi eficiente, em razão do acúmulo de erros a cada agrupamento formado. A ausência de agrupamentos fortes (homogêneos) entre si e heterogêneos com os demais foi também comprovada pela similaridade apresentada pelas linhagens, nos dados qualitativos a dissimilaridade varia entre 0,02 a 3,18 e nos quantitativos essa variação ocorre entre 0,13 a 3,55.

Portanto, torna necessária a análise diversidade genotípica para avaliar o quanto as linhagens são geneticamente diferenciadas, separando assim os grupos B e R, linhagens melhoradas e introduzidas de maneira eficiente.

4.3 Análises dos dados genotípicos

O critério de filtragem para MAF pode variar de acordo com o tamanho amostral, mas limites entre 1 e 5% são comuns (ZIEGLER *et al.*, 2008). Neste estudo foi utilizado o limiar maior para dados perdidos, assim as linhagens e amostras, com baixa qualidade ou pouco informativo, foram eliminadas no respectivo conjunto de dados, resultando em um conjunto de dados mais confiável. A genotipagem de sorgo granífero baseada em 160 linhagens identificou 86.342 marcadores polimórficos (SNPs), após filtragem dos dados restaram 29.649 marcadores.

4. 3.1 Desequilíbrio de ligação (DL)

Uma das formas de estudar a diversidade genética de uma população é através de estimativas de desequilíbrio de ligação (DL), que mostra a associação não aleatória de alelos de locos diferentes. O decaimento do desequilíbrio de ligação foi calculado entre pares de marcadores ao longo dos 10 cromossomos, considerando as 160 linhagens de sorgo. Para um r^2 de aproximadamente 0,2, foi estimada uma distância variando 100 a 800 kb entre pares de marcadores, sendo considerado um decaimento lento (Figura 4). A Tabela 4 detalha a relação entre r^2 e a distância física ao longo de todos os 10 cromossomos, com um r^2 médio de 0,37 para todos os cromossomos.

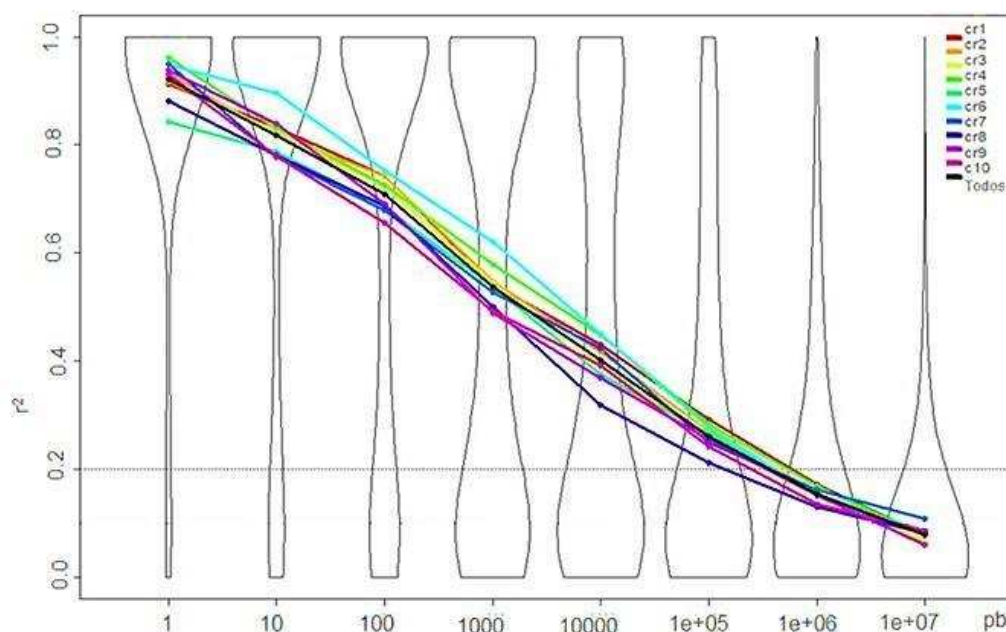


Figura 4. Distribuição do desequilíbrio de ligação em função da distância entre pares de SNPs (Violin Plot) e desequilíbrio médio por cromossomo (linhas coloridas) e geral (linha preta) no painel de diversidade genética de 160 linhagens de sorgo granífero, usando 29.649 marcadores SNPs.

Tabela 4. Distribuição do desequilíbrio de ligação em função da distância entre pares de SNPs e desequilíbrio médio dos 10 cromossomos de sorgo granífero.

Faixa para cálculo de r^2	Cr.1	Cr.2	Cr.3	Cr.4	Cr.5	Cr.6	Cr.7	Cr.8	Cr.9	Cr.10
< 1 kb	0,81	0,81	0,83	0,83	0,78	0,78	0,77	0,80	0,77	0,77
1 kb	0,54	0,54	0,54	0,57	0,53	0,54	0,52	0,53	0,54	0,54
1-10 kb	0,43	0,41	0,39	0,45	0,37	0,37	0,42	0,36	0,39	0,39
10-100 kb	0,29	0,27	0,25	0,28	0,26	0,26	0,24	0,20	0,24	0,21
100-1000 kb	0,18	0,17	0,12	0,19	0,17	0,17	0,17	0,12	0,17	0,24
1000kb-10 Mb	0,08	0,08	0,07	0,08	0,07	0,05	0,11	0,08	0,04	0,17
Média	0,39	0,38	0,37	0,40	0,36	0,36	0,37	0,36	0,36	0,38

Cr. = Cromossomo.

Como as linhagens restauradoras (R) e mantenedoras (B) são importantes para a produção de híbridos de sorgo, o DL foi avaliado separadamente dentro de cada grupo dessas linhagens. Nas figuras 5 e 6 encontram-se o decaimento do desequilíbrio de ligação para as 109 linhagens R e para 51 linhagens B, em função da distância física ao longo de todos os 10 cromossomos, respectivamente. Nota-se que a queda do desequilíbrio para as linhagens R foi similar ao encontrado na população completa, enquanto que a queda do desequilíbrio foi mais lenta entre as 51 linhagens mantenedoras, não atingindo valores de $r^2 \sim 0,2$, comparados aos valores obtidos de uma população de linhagens de sorgo.

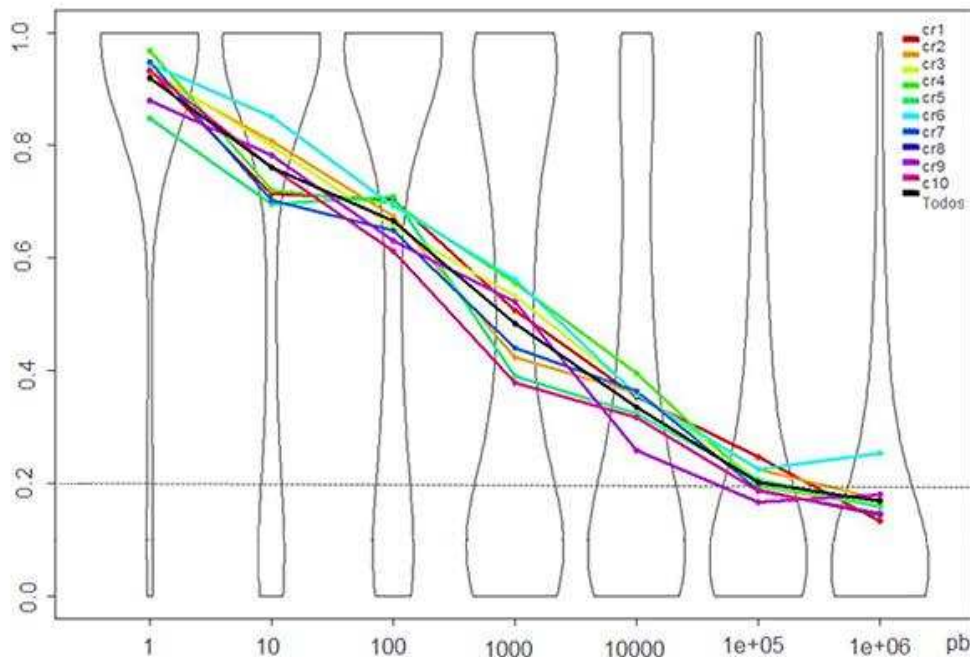


Figura 5. Distribuição do desequilíbrio de ligação em função da distância entre pares de SNPs (*Violin Plot*) e desequilíbrio médio por cromossomo (linhas coloridas) e geral (linha preta) de 109 linhagens restauradoras de sorgo granífero, usando 29.649 marcadores SNPs.

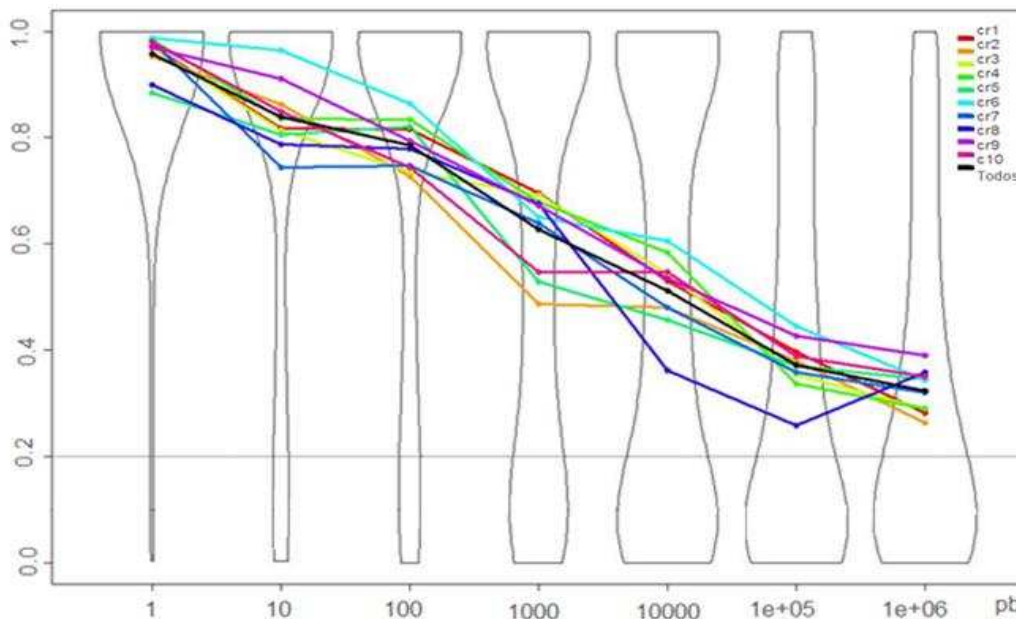


Figura 6. Distribuição do desequilíbrio de ligação em função da distância entre pares de SNPs (*Violin Plot*) e desequilíbrio médio por cromossomo (linhas coloridas) e geral (linha preta) de 51 linhagens mantenedoras de sorgo granífero, usando 29.649 SNPs.

Verifica-se que o tamanho dos blocos de ligação das linhagens R, com decaimento a aproximadamente $r^2 \sim 0,2$, variou de 100 kb-1 Mb (Tabela 5), sendo superior ao conjunto completo de dados (Tabela 4). No entanto, para as linhagens mantenedoras, não foi possível

observar o limite de decaimento de DL de $r^2 \sim 0,2$, indicando que as linhagens B são menos diversas em relação as R.

Tabela 5. Distribuição do desequilíbrio de ligação em função da distância entre pares de SNPs e desequilíbrio médio dos 10 cromossomos em 109 linhagens restauradoras (R) e 51 mantenedoras (B) de sorgo granífero.

Faixa para cálculo de r^2	< 1 kb		1 kb		1-10 kb		10-100 kb		100-1000 kb		1000 kb-10 Mb	
	R	B	R	B	R	B	R	B	R	B	R	B
Cr. 1	0,71	0,82	0,70	0,82	0,51	0,70	0,35	0,53	0,25	0,40	0,13	0,28
Cr. 2	0,81	0,86	0,67	0,73	0,42	0,49	0,36	0,48	0,23	0,38	0,17	0,26
Cr. 3	0,80	0,81	0,66	0,74	0,53	0,69	0,36	0,54	0,21	0,35	0,16	0,29
Cr. 4	0,72	0,84	0,70	0,83	0,55	0,68	0,39	0,58	0,19	0,34	0,16	0,29
Cr. 5	0,70	0,81	0,71	0,82	0,39	0,53	0,32	0,46	0,21	0,37	0,16	0,35
Cr. 6	0,85	0,96	0,69	0,86	0,56	0,65	0,36	0,61	0,23	0,45	0,25	0,34
Cr. 7	0,70	0,74	0,65	0,75	0,44	0,64	0,36	0,48	0,19	0,36	0,14	0,32
Cr. 8	0,78	0,79	0,63	0,78	0,52	0,68	0,26	0,36	0,17	0,26	0,18	0,36
Cr. 9	0,78	0,91	0,63	0,79	0,52	0,67	0,26	0,54	0,17	0,43	0,18	0,39
Cr. 10	0,76	0,85	0,61	0,74	0,38	0,55	0,32	0,55	0,19	0,39	0,15	0,35
Média	0,76	0,84	0,67	0,79	0,48	0,63	0,33	0,51	0,20	0,37	0,17	0,32

Cr. = Cromossomo.

Comparando o decaimento do desequilíbrio de cada cromossomo apresentados graficamente (Figura 5 e 6) e a Tabela 5, verifica-se que os valores máximos de DL para as linhagens R (0,85) e B (0,96), estão concordantes. Contudo, apesar dessa correlação as linhagens R apresentam um DL mais rápido em relação às linhagens B, para uma mesma distância entre marcadores e em todos os marcadores. Isto indica que, com o uso de linhagens mantenedoras, a segregação ocorre em blocos maiores, resultando em um maior número de genes. Esse comportamento pode ser ocasionado por diversos fatores, como menor diversidade genética entre as linhagens e tamanho reduzido dos indivíduos da população amostrados.

Parte das diferenças do desequilíbrio de ligação entre as linhagens B e R pode ser explicada pela variabilidade normalmente existente dentro destes dois grupos. A obtenção de linhagens B é mais demorada que a obtenção de linhagens R, devido à necessidade de esterilização para tornar esta linhagem B macho estéril. Por ser um processo vagaroso e trabalhoso, diferente da linhagem R, que tem somente que autofecundar até a uniformização da linhagem, os programas de melhoramento desenvolvem menos linhagens B, e consequentemente menos cruzamentos entre linhagens B, tornando-as menos diversas.

O decaimento médio de DL em comparação com estudos anteriores que utilizaram GBS em sorgo foi considerado lento (Morris *et al.*, 2013; Leiser *et al.*, 2014), porém estas pesquisas

foram realizadas com linhagens não melhoradas. Em trabalhos com outros marcadores, 177 linhagens de sorgo genotipadas com 1122 marcadores DArTs, Bouchet *et al.*, (2012) indicaram que para r^2 menor que 0,2 o decaimento ocorre entre 100 kb até 1Mb. Assim, o decaimento do DL obtido entre as 160 linhagens de sorgo está similar ao obtido por Bouchet (2012). Esses resultados são esperados uma vez as linhagens avaliadas no presente trabalho pertencem ao programa de melhoramento, com menor variabilidade genética em comparação a acessos do banco de germoplasma. Em contraste, PACE *et al.*, (2015) em um conjunto diversificado de 384 linhagens de milho obteve um DL em torno de 10 kb, para valores de $r^2 \sim 0,2$. Isto pode ser justificado pelo fato do milho ser de polinização aberta, consequentemente apresenta maior taxa de recombinação.

Alguns aspectos podem justificar o lento decaimento do DL das linhagens elites de sorgo que foram avaliadas. Um deles é o fato das linhagens estarem em gerações avançadas no programa de melhoramento, e a seleção artificial reduz a variabilidade genética, alterando as frequências alélicas e com isso criando grandes blocos em desequilíbrio de ligação (TAKANO-KAI *et al.*, 2009). Outro ponto importante é o tamanho populacional, que foi restrito a 160 linhagens, contribuindo para estender o decaimento do desequilíbrio de ligação. Como o sorgo é uma espécie autógama com taxa de alogamia, o processo de endogamia pode resultar naturalmente em diminuição da diversidade genética, devido à eliminação de alelos deletérios juntamente com alelos favoráveis em desequilíbrio de ligação (HYTEN *et al.*, 2006).

O decaimento do DL das linhagens foi lento, o que denota a necessidade de aumentar a diversidade. Muitas das linhagens ainda possuem grande parte do *background* genético de quando foram introduzidas no programa de melhoramento, como das linhagens SC (*Sorghum conversion*) e Tx (Texas A&M) que foram selecionadas apenas quanto à uniformidade e adaptação às condições brasileiras. A Embrapa possui mais de 7000 acessos de sorgo no seu Banco de Germoplasma, o qual pode ser uma boa fonte de variabilidade para ser explorada pelo programa de melhoramento de sorgo granífero.

4.3.2 Estrutura populacional

A análise da estrutura populacional, utilizando o critério proposto por EVANNO *et al.* (2005), determinou o valor ótimo de $k=2$ (FIGURA 7a), indicando a existência mais provável de duas subpopulações no painel de linhagens de sorgo. As duas subpopulações foram compatíveis com a divisão das linhagens em restauradoras e mantenedoras (FIGURA 7b).

No entanto, algumas linhagens não foram compatíveis com o agrupamento em dois subgrupos, como por exemplo, as linhagens restauradoras, SC1080_R, Tx2903_R, SC673_R, 9618158xBR012*SC566-14-103-2-1-1_R, que possuem grande parte do genoma compartilhado com linhagens mantenedoras B, e o mesmo aconteceu com algumas linhagens B (ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54-6-1-64-C-1-B, ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54 6-1-596-C-B e ATF54A*ATF54B*TX623Bx ATF54B*6-1-61-C-1-B) que possuem o genoma compartilhado com as linhagens R. Estas linhagens que possuem alta porcentagem de germoplasma compartilhado devem ser trabalhadas de forma diferente ou até mesmo descartadas, pois dificilmente mostrarão heterose ao serem cruzadas com o outro grupo. De forma geral, a figura mostra uma nítida separação dos grupos B e R, revelando existir dois grupos distintos, sendo que a porcentagem de genoma compartilhado é baixa. A utilização do STRUCTURE para inferir a ascendência genética e permitir a correção para estrutura de população foi amplamente empregada para o sorgo em outros trabalhos (CASA *et al.*, 2008; BROWN *et al.*, 2008; CANIATO *et al.*, 2014).

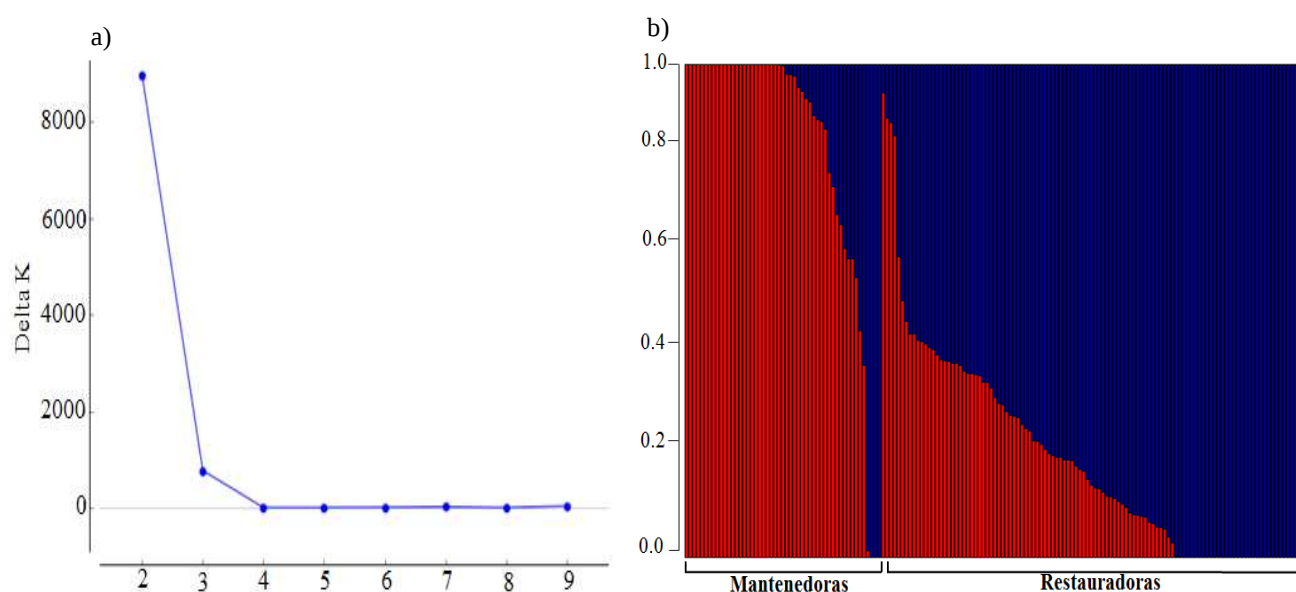


FIGURA 7. a) Valores de ΔK para cada k , calculado de acordo com o proposto por EVANNO *et al.* (2005) para 10 simulações no programa. b) Estimativa da estrutura populacional baseadas em 29.649 marcadores SNPs, os dois padrões são identificados por cores diferentes: azul (109 linhagens restauradoras) e vermelha (51 linhagens mantenedoras).

4.3.3 Diversidade baseada em dados genotípicos

4.3.3.1 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais explicou 26% da variação total entre os dois principais eixos, sendo 19% e 7% no primeiro e segundo componentes, respectivamente (Figura 8). O primeiro componente (eixo X) dividiu as linhagens entre R e B, e o segundo componente (eixo Y) separou as linhagens entre introduzidas e melhoradas. Assim, podemos subdividir as linhagens avaliadas em quatro quadrantes, sendo que no quadrante I foram agrupadas as linhagens R melhoradas, no quadrante II estão representadas preferencialmente as linhagens R introduzidas, no quadrante III, as linhagens B introduzidas e no quadrante IV estão concentradas a maioria das linhagens B melhoradas. No quadrante IV há predominância de linhagens oriundas do cruzamento com a ATF54, com exceção de três que se localizam no quadrante I.

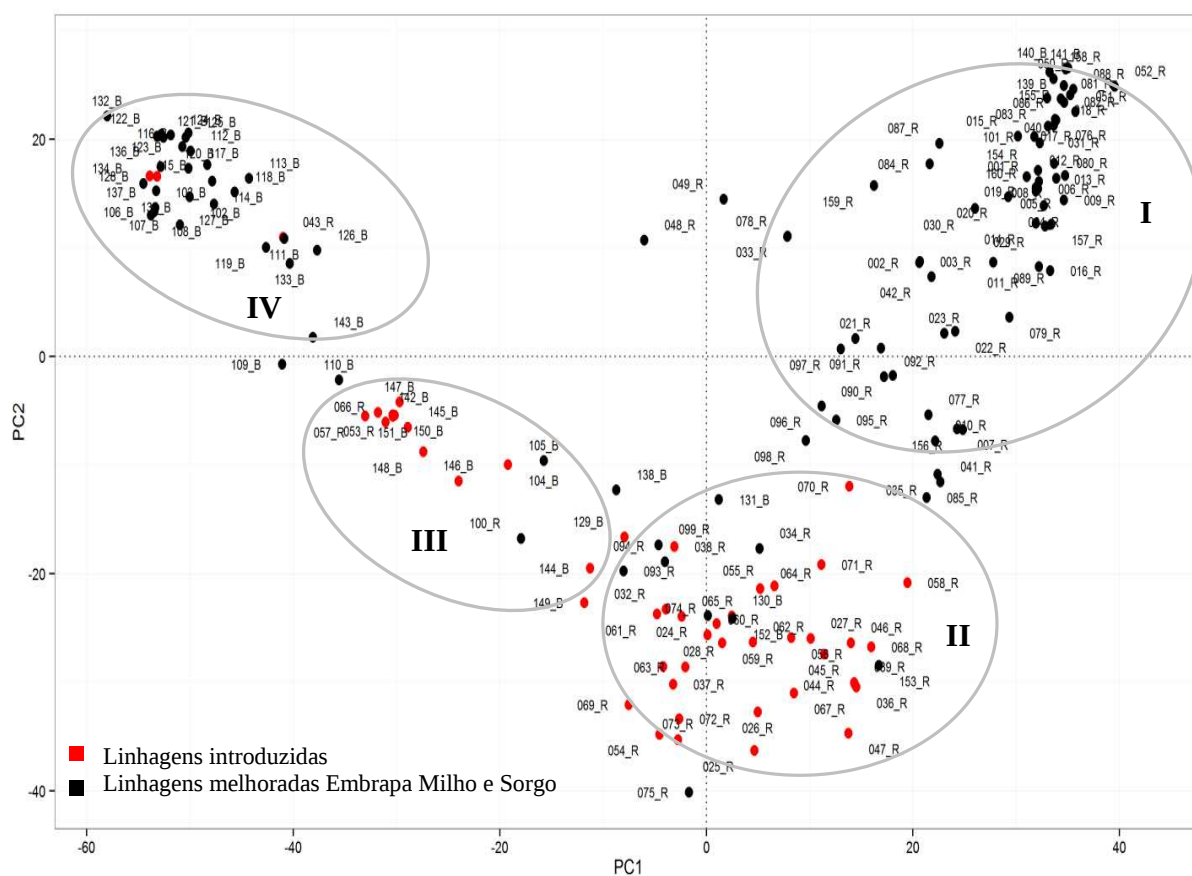


Figura 8. Análise de PCA baseada em 29.649 marcadores SNPs para 160 linhagens, quatro grupos principais foram delineados: I-Linhagens R, melhoradas; II -Linhagens R, introduzidas; III-Linhagens B, introduzidas; IV-Linhagens B, melhoradas.

A análise de PCA é amplamente utilizada e sua aplicação fundamentada na literatura, seu resultado pode refletir mais especificamente o relacionamento familiar, conforme relatado por PRICE *et al.*, (2010). Assim, no presente caso, a simplificação dos dados de marcadores pela PCA pode ter provocado uma perda de informações relevantes, quando comparado aos resultados do software STRUCTURE.

4.3.3.2 Agrupamento por *Neighbor-Joining*

A dissimilaridade baseada na distância euclidiana média foi usada para gerar a matriz de distância genética, baseada no conjunto completo do genoma, de 29.649 marcadores. A árvore filogenética foi realizada para melhor visualização dos grupos formados. O agrupamento usando o conjunto filtrado de SNPs obteve a média genética de dissimilaridade entre os pares das linhagens de 0,33, variando de um mínimo 0,012 a um máximo de 0,46.

A árvore filogenética agrupou as linhagens em dois grupos principais (FIGURA 9), que consiste em linhagens restauradoras (círculo azul) e linhagens mantenedoras (círculo vermelho), com algumas poucas linhagens B dentro do grupo R e vice-versa. Dentro desses grupos observaram-se duas subdivisões: Linhagens melhoradas do Programa da Embrapa Milho e Sorgo que estão em gerações avançadas (I e IV - linha rosa) e linhagens introduzidas dos Estados Unidos e/ou ICRISAT (II e III - linha verde). Os componentes da PCA apresentaram certa concordância com os grupos I, II, III e IV formados na árvore filogenética. Os grupos principais (R e B) também foram semelhantes aos resultados do software STRUCTURE, mostrando concordância das análises realizadas e comprovando a existência de variabilidade genética, por diferentes metodologias, dentro do painel.

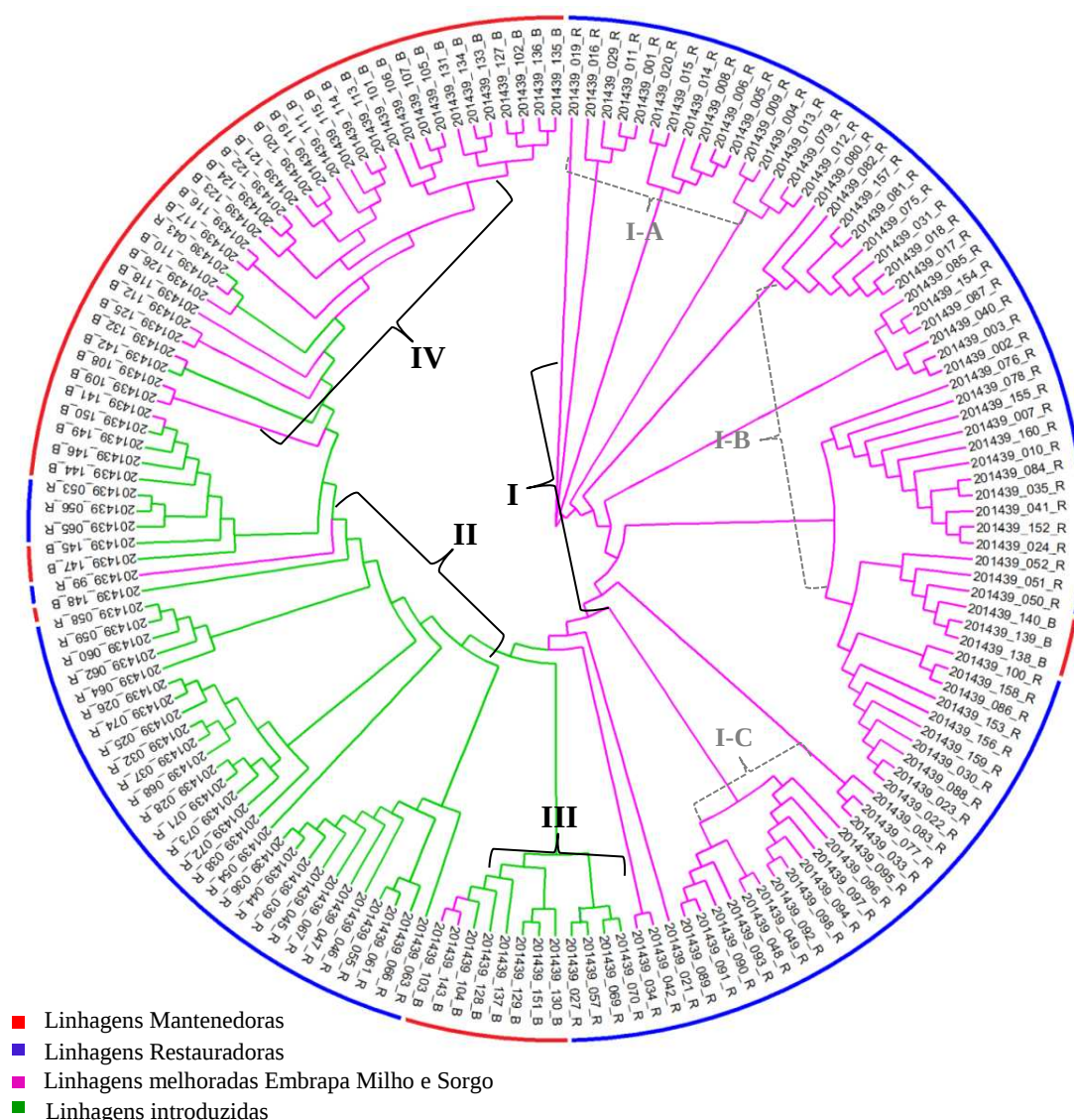


Figura 9. Agrupamento das 160 linhagens avaliadas na Embrapa Milho e Sorgo de acordo com o método de *Neighbor-Joining*, considerando os dados de 29.649 marcadores SNPs. Quatro grupos principais foram delineados: I - Linhagens R, melhoradas; II- Linhagens R, introduzidas; III- Linhagens B, introduzidas; IV- Linhagens B, melhoradas. I-A, I-B e I-C subdivisões do grupo I.

O método de agrupamento com dados moleculares é bastante eficiente no arranjo do agrupamento dos materiais envolvidos na formação da árvore, sendo concordante com o conhecimento da genealogia das linhagens. O grupo I foi formado por várias subdivisões, porém a maioria das linhagens foi originada dos cruzamentos BR005 x SC748, ATF54 x TX623 e BR012 x SC566, compatíveis com o agrupamento I obtido por componentes principais, como linhagens R e melhoradas. O grupo foi subdividido em IA, IB e IC para melhor explicação das características comuns de cada subgrupo. A maioria das linhagens que

formam o subgrupo IA possuem em seu pedigree as linhagens derivadas do cruzamento BR005 x SC748, as quais são linhagens com excelente rendimento de grãos e tolerância a antracnose.

No subgrupo IB, mais de 90% das linhagens possuem em seu pedigree a linhagens SC566, que foi usado no programa para incorporação de tolerância ao alumínio nas linhagens em que participa. O subgrupo IC destacou-se por apresentar linhagens utilizadas pelo programa de sorgo forrageiro, com exceção da linhagem 201439_049R, que é de sorgo granífero. Esses materiais de sorgo forrageiro apresentam características diferenciadas, como o porte alto que produz grande quantidade de massa verde. Os grupos II e III são formados essencialmente por linhagens introduzidas R e B, respectivamente, incluindo linhagens oriundas de diversos países. Os dois acessos que se diferenciam do grupo III foram obtidos de cruzamentos entre ATF54 x TX623, apresentando semelhança com o grupo IV, que foram derivados principalmente dos cruzamentos entre ATF54 x ARG1, ATF54 x Tx623. Os híbridos oriundos dessas linhagens apresentam alta eficiência na utilização de fósforo e a linhagem ATF54 apresenta tolerância ao alumínio, o que sugere que as linhagens do grupo V podem ser utilizadas para a formação de híbridos que serão destinados a diferentes nichos de mercado.

A falta de informação das linhagens quanto ao seu ambiente original dificulta o entendimento da relação entre os grupos identificados. Quando as linhagens são estudadas sem o conhecimento da origem pode ocasionar equívoco ao estudo (THOMSOM *et al.*, 2009). A disponibilidade de informações poderia permitir a investigação de maneira mais profunda das relações entre as variedades e o seu contexto original.

4.4 Distância genética e híbridos

A Tabela 6 apresenta 55 híbridos que estão sendo testados no programa de melhoramento, estes híbridos são formados pelas linhagens que foram avaliadas com dados moleculares e fenotípicos neste trabalho.

Os valores de dissimilaridade oriundos dos dados moleculares foram comparados com a característica de produtividade de grãos, a fim de comprovar a existência de variabilidade na população em estudo.

As estimativas de divergência genética entre linhagens, por meio de marcadores moleculares, contribuem para diminuir esforços de polinizações manuais, possibilitando a obtenção de grupos heteróticos e direcionam os cruzamentos na tentativa de se obter híbridos com alta performance (LABORDA *et al.*, 2005).

Tabela 6. Linhagens utilizadas na formação de 55 híbridos, com os valores de distância genética da combinação entre as duas linhagens da formação híbrida e produção de grãos (PROD) dos híbridos.

HÍBRIDOS	PROD	D
GENITOR 1	GENITOR 2	(ton.ha ⁻¹)
CMSXS_210	9503062_R	10,84
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B-6-1-240-C-1	9618158_R	10,20
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-207-C-1	SC 1080	10,16
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B-6-1-240-C-1	BR012*BR012RxCMSXS225-2_R	9,80
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B-6-1-240-C-1	9910032_R	9,68
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B6-1-596-C	9910032_R	9,44
N_130	9503062_R	8,84
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	CMSXS 180R	8,80
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B-6-1-240-C-1	9503062_R	8,60
ATF54B*Tx623BxATF54B-6-1-206-1-1-3-1	BR012*BR012RxCMSXS225-2_R	8,60
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-64-C-1	SC 1080	8,32
ATF54B*Tx623BxATF54B-6-1-206-1-1-3-1	9503062_R	8,32
A 8911	BR 012R(BR 012R x SC566)	8,16
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B6-1-596-C	9503062_R	8,08
CMSXS_230	9503062_R	8,04
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-207-C-1	CMSXS 180R	8,00
ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B6-1-596-C	9618158_R	7,84
A 803	RTx 2903	7,60
CMSXS_217	9618158_R	7,48
CMSXS_217	9910032_R	7,48
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-61-C-1	RTx 2903	7,44
A 8911	SC 1080	7,36
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-186-C	SC 1080	6,80
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-186-C	RTx 2903	6,64
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	9503062	6,60
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-61-C-1	SC 1080	6,56
A 8911	CMSXS 180R	6,00
A 8902	BR 012R(BR 012R x SC566)	5,76
A 8911	RTx2907	5,72
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	CMSXS 201	5,72
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	RTx 2903	5,68
CMSXS 210A (BR 013A)	CMSXS 201	5,64
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-61-C-1	CMSXS 180R	5,44
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	9910032	5,24
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-207-C-1	RTx 2903	5,12
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	BR 012R (CMSXS 225)2	5,08
A 803	SC 1080	5,04
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-240-C-1	SC 1080	5,04
A 8911	RTx 2903	4,96
A 8911	SC1155	4,84
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-64-C-1	RTx 2903	4,72
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-64-C-1	CMSXS 201	4,56
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-596-C	CMSXS 180 R	4,52
A 803	BR 012R(BR 012R x SC566)	4,48
A 8902	SC 1080	4,48
TX 636 ^a	9618116	4,36
A 8911	Tx2741	4,32
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-186-C	CMSXS 180R	4,24
A 8902	RTx 2903	3,92
A 803	CMSXS 180R	3,68
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-596-C	SC 1080	3,60
A 8911	9618116	3,56
A 8902	CMSXS 180R	3,04
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-596-C	RTx 2903	2,96
ATF54A * {ATF54B * [(Tx623B*ATF54B)6-1]}-596-C-1	CMSXS 201	2,28
IG100		6,40
BR 330		8,80
Média		6,40
r		0,09

D = distância; r = correlação; PROD = produção de grãos.

O valor médio de distância genética entre as linhagens que formam os híbridos comerciais e experimentais da Embrapa foi de 0,35, superior à média global das 160 linhagens avaliadas (0,33), confirmando a baixa distância genética entre os híbridos. Deve-se destacar que o processo de obtenção da linhagem macho estéril (sistema A, B e R mencionado anteriormente) aumenta o tempo de obtenção da linhagem B, o que reduz a capacidade de combinação geral de muitas linhagens.

Os marcadores moleculares são eficientes na avaliação da diversidade genética entre linhagens e na determinação de possíveis grupos heteróticos entre elas. Porém, a correlação entre divergência genética e o comportamento do híbrido não é consistente, o que mostra que análises de divergência genética de linhagens nem sempre são úteis para prever o desempenho dos híbridos obtidos (BARBOSA *et al.*, 2003).

O híbrido com menor distância genética (0,16) é formado pelas linhagens, ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B6-1-596-C e 9503062_R, sendo abaixo da média geral (0,35). Os dois híbridos que se destacaram foram o CMSXS_210 x 9503062_R e ATF54A*ATF54B*TX623BxATF54B-6-1-240-C-19 x 9618158_R por serem os mais produtivos, 5,42 e 5,10 ton.ha⁻¹, respectivamente em relação à média geral (6,40 ton.ha⁻¹), e detêm o maior valor de distância (0,41). Tais resultados sugerem que o cruzamento entre linhagens mais divergentes pode gerar híbridos com maiores níveis de produtividade. A correlação entre medidas de dissimilaridade por SNPs e a característica de produção de grãos foi de 0,09, sendo considerado baixa, explicada pela diferença de escala das medidas adotadas.

5 CONCLUSÃO

Os caracteres morfoagronômicos foram menos informativos, já os dados moleculares apresentaram-se mais coerentes com os cruzamentos envolvidos na formação dos materiais. No entanto, dados morfoagronômicos e moleculares, para a caracterização das linhagens, devem ser consideradas como complementares por permitirem um melhor direcionamento de cruzamentos entre linhagens divergentes.

Os dados de marcadores moleculares revelam a existência de divergência genética entre os grupos de linhagens B e R, mostrando que as linhagens R possuem uma base genética mais ampla do que as linhagens B, cujo desenvolvimento envolve menor pressão na reprodução.

As linhagens avaliadas apresentaram baixa diversidade genética, o que torna necessário o aumento da variabilidade, seja pela inserção de novos acessos do banco de germoplasma ou pelo cruzamento entre as linhagens B e R.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAHIA FILHO, A. F. C.; GARCIA, J. C.; PARENTONI, S. N.; SANTANA, D. P.; CRUZ, J. C.; SCHAFFERT, R. E. Impulsionando a produção e a produtividade de milho e sorgo, no Brasil. In: ALBUQUERQUE, A. C. S.; SILVA, A. G. **Agricultura tropical**: Quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas. Brasília, DF. 2008.
- BARBOSA, A.M.M.; GERALDI, I.O.; BENCHIMOL, L.L.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, C.L.; SOUZA, A.P. Relationship of intra- and interpopulation tropical maize single cross hybrid performance and genetic distances computed from AFLP and SSR markers. **Euphytica**, v.130, p.87-99, 2003.
- BINNECK, E.; NEDEL, J. L.; DELLAGOSTIN, O. A. Análise de RAPD na identificação de cultivares: Uma metodologia útil. **Revista Brasileira de Sementes**. v. 24, p. 183-196. 2002.
- BOUCHET, S.; POT, D.; DEU, M.; RAMI, J. F. Genetic Structure, Linkage Disequilibrium and Signature of Selection in Sorghum: Lessons from Physically Anchored DArT Markers. **PLoS ONE**. v. 7, n. 3, 2012.
- BRADBURY, P. J.; ZHANG, Z.; KROON, D. E.; CASSTEVEN, T. M.; RAMDOSS, Y.; BUCKLER, E. S. Tassel: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**. v.23, p. 2633-2635. 2007.
- BRASIL, MAPA. Instruções para execução dos ensaios de Distingüibilidade, Homogeneidade e Estabilidade de cultivares de sorgo (*Sorghum bicolor*). **Diário oficial da união**. 7 nov, 1997.
- BROWN, D. E.; RASHOTTE, A. M.; MURPHY, A. S.; NORMANLY, J.; TAGUE, B.W.; PEER, W. A.; TAI, Z.; MUDAY, G. K. Flavonoids act as negative regulators of auxin transport in vivo in Arabidopsis. **Plant Physiol**. v.126, p. 524-535, 2001.
- CANIATO, F. F.; HAMBLIN, M. T.; GUIMARAES, C. T.; ZHANG, Z.; SCHAFFERT, R. E.; KOCHIAN, L.V.; MAGALHAES, J. V. Association mapping provides insights into the origin and the fine structure of the sorghum aluminum tolerance locus, AltSB. **PLoS One**. v. 9, 2014.
- CASA, A. M.; PRESSOIR, G.; BROWN, P. J.; MITCHELL, S. E.; ROONEY, W. L.; TUINSTR, M. R.; FRANKS, C. D.; KRESOVICH, S. Community Resources and Strategies for Association Mapping in Sorghum. **Crop science**. v. 48, p. 30-40. 2008.
- CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Editora e Gráfica Universitária - UFPel. 2004. 141p.
- CLIFFORD, H.; STEPHENSON, W. **An introduction to numerical classification**. Academia Press, London, 1975.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Perspectivas para a Agropecuária**. v.2 - safra 2014/2015. Brasília: Conab, 2015. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/>> Acesso em: 30/08/2015.

COOPER, M.; BYTH, D. E. Understanding plant adaptation to achieve systematic applied crop improvement: A fundamental challenge. In: COOPER, M.; HAMMER, G. L. **Plant adaptation and crop improvement**. Wallingford: CABI, v. 2, p. 5-23. 1996

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

CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v. 2. 2003. 585p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema. 2011. 424p.

CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, v. 137, p. 19-37, 2004.

DAHLBERG J. A.; WASYLIKOWA K. Image and statistical analyses of early sorghum remains (8000 B. P.) from the Nabta Playa archaeological site in the Western Desert, southern Egypt. **Vegetation History and Archaeobotany**. v.5, p. 293-299, 1996.

DESCHAMPS, S.; LLACA, V.; MAY, G. D. Genotyping-by-sequencing in plants. **Biology** v. 1, p. 460-483, 2012.

DICKO, M. H.; GRUPPEN, H.; TRAORÉ, A. S.; VORAGEN, A. J.; BERKEL, W. Sorghum grain as human food in Africa: relevance of content of starch and amylase activities. **African Journal of Biotechnology**. v. 5, n. 5. p. 384-395, 2006.

DUARTE, J. O. Cultivo do sorgo: Mercado e comercialização. In: **Sistemas de produção** http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo_4_ed/mercado.htm em 13/12/2014, 2010.

ELSHIRE, R. J.; GLAUBITZ, J. C.; SUN, Q.; POLAND, J. A.; KAWAMOTO, K.; BUCKLER, E. S.; MITCHELL, S. E. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. **Plos One**. v. 6, n. 5, 2011.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of *clusters* of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology**. v. 14. p. 2611-2620, 2005.

FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Coarse grains. 2014. Disponível em: Acesso em: 03 julho. 2014.

FEHR, W. R. Principles of cultivar development: theory and technique. **McGraw-Hill**. v.1. 1987. 536p.

FLINT-GARCIA, S. A.; THORNSBERRY, J. M.; BUCKLER, E. S. Structure of linkage disequilibrium in plants. **Annuals Reviews in Plant Biology**. v. 54, p. 357-374, 2003.

GELETA, N.; LABUSCHANGNE, M. T; CHRIS, D.; VILJOEN, C. D. Genetic diversity analysis in sorghum germplasm as estimated by AFLP, SSR and morpho-agronomical markers. **Biodivers Conserv**. v.15, p. 3251-3265, 2006.

GUPTA, P. K.; RUSTGI, S.; KULWAL, P. L. Linkage disequilibrium and association studies in higher plants: Present status and future prospects. **Plant. Mol. Biol.** v. 57, n. 4. p. 461-485, 2005.

HENDERSON, C. R. S. Estimation of changes in herd environment. **Journal of Dairy Science.** v. 32, n. 8. 1949. 709p.

HENDERSON, C. R. S. **Applications of linear models in animal breeding.** Guelph: University of Guelph, 1984, 462p.

HOFFMAN, G. E. Correcting for Population Structure and Kinship Using the Linear Mixed Model: Theory and Extensions. **Plos One.** v.8, n.10, 2013.

HOOGERHEIDE, E. S. S. **Divergência genética entre acessos de alho avaliados em ambientes distintos baseada em variáveis quantitativas e qualitativas.** 2009. 118f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

HYTEN, D. L.; SONG, Q.; ZHU, Y.; CHOI, I. Y.; NELSON, R. L.; COSTA, J. M.; SPECHT, J. E.; SHOEMAKER, R. C.; CREGAN, P. B. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the national Academy of Sciences of the USA,** Washington, v. 103, p. 16666-16671, 2006.

Illumina, Inc., San Diego, CA – **Illumina sequencing technology.** Disponível em: <http://res.illumina.com/documents/products/techspotlights/techspotlight_sequencing.pdf>. Acesso em: 12 dezembro, 2015.

LABORDA, P. R.; OLIVEIRA, K. M.; GARCIA, A. A. F.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SOUZA, A. P. Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics,** v.111, p.1288-1299, 2005.

LANA, U. G. P.; GOMES, P. C.; TINOCO, C. F. S.; OLIVEIRA, B. C. F. S.; GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V. **Procedimento da Embrapa Milho e Sorgo para extração de DNA de tecido vegetal em larga escala.** Embrapa Milho e Sorgo: Sete Lagoas, 2010. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/publica/2010/documento/Doc_104.pdf>. Acesso em: 15 nov. 2014.

LEISER, W. L.; RATTUNDE, H. F. W.; WELTZIEN, E.; CISSE, N.; ABDU, M.; DIALLO, A.; TOURÈ, A. O.; MAGALHÃES, J. V.; HAUSSMANN, B. I. G. Two in one sweep: aluminum tolerance and grain yield in P-limited soils are associated to the same genomic region in West African Sorghum. **BMC Plant Biology.** v. 14. 2014, 206p.

LIU, K.; MUSE, S.V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. **Bioinformatics,** v. 21, p. 2128-2129, 2005.

MENEZES, C. B.; VIANA, P. A.; MENDES, S. M. Sorgo granífero: Estenda sua safrinha com segurança. EMBRAPA, 2015 (Série Documentos - Embrapa Milho e Sorgo).

MAGALHÃES, P. C.; DURÃES, F. O. M. Ecofisiologia da Produção de Sorgo. Sete Lagoas–MG: **Embrapa Milho e Sorgo,** 2003, 4p.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop Plants: salient statistical tools and considerations. **Crop science**, v. 432, p.1235-1248. 2003.

MORRIS, G. P.; RAMU, P.; DESHPANDE, S. P.; HASH, C. T.; SHAH, T.; UPADHYAYA, H.D.; RIERA-LIZARAZU, O.; BROWN, P. J.; ACHARYA, C. B.; MITCHELL, S. E.; HARRIMAN, J.; GLAUBITZ, J. C.; BUCKLER, E. S.; KRESOVICH, S. Population genomic and genome-wide association studies of agroclimatic traits in sorghum. **PNAS**. v.8, n. 2. p. 453-458. 2013.

MORRISON, D. F. Multivariate statistics methods. New York: **McGraw Hill**. 1976. 415p

MUTISSYA, J. Diurnal oscilation of SBE expression in sorghum endosperm. **Journal of Plant Physiology**. v. 166, p. 428-434, 2009.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized linear models. **Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)**, v.135, n.3, p.370-384, 1972.

NELSON, J. C; WANG, S.; WU, Y.; LI, X; ANTONY, G. WHITE, F.F.; YU, J. Single nucleotide polymorphism discovery by high-throughput sequencing in sorghum. **BMC Genomics**. v.12. 2011, 352p.

NEYMAN, J.; PEARSON, E. S. On the use and interpretation of certaintest criteria for puspose of estatistical inference. **Biometrika**, v. 20A, n.1, p.175-240, 1928.

PACE, J.; GARDNER, C; ROMAY, C; SUBRAMANIAN, B. G.; LÜBBERSTEDT, T.; GENOME-wide association analysis of seedling root development in maize (*zea mays* l.). **BMC Genomics**. 2015. 12p.

PAUL, C. L. Aspectos fisiologicos del crecimiento y desarrollo del sorgo. In: PAUL, C.L. **Agronomia del sorgo**. Patancheru: ICRISAT. p. 43-68, 1990.

PAYNE, R. W.; MURRAY, D. A.; HARDING, S. A.; BAIRD, D. B.; SOUTAR, D. M. **Introduction to GenStat for windows**. VSN International, Hemel Hempstead, 2012.

PEARSON, K. Mathematical contributions to the theory of evolution. III. Regression, **Heredity and Panmixia**. Philosophical Transactions of the Royal Society of London. v.187, p. 25-318, 1896.

POWELL, J. E.; VISSCHER, P. M.; GODDARD, M. E. Reconciling the analysis of IBD and IBS in complex trait studies. **Nature Genetics**. v. 11, p. 800-805, 2010.

PRICE, A. L.; ZAITLEN, N. A.; REICH, D.; PATTERSON, N. (2010). New approaches to population stratification in genome-wide association studies. *Nature Genetics* 11:459:463.
PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**. v.155, p. 945-959, 2000.

RAMU, P.; BILLOT, C; RAMI, J. F.; SENTHILVEL S.; UPADHYAYA, H. D.; ANANDA REDDY, L; HASH, C. T. Assessment of genetic diversity in the sorghum reference set using EST-SSR markers. **Theoretical and applied genetics**. v. 126, p. 2051-2064. 2013.

RABOIN, L. M.; PAUQUET, J.; BUTTERFIELD, M.; D'HONT, A.; GLASZMANN, J. C. Analysis of genome-wide linkage disequilibrium in the highly polyploid sugarcane. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 116, p. 701-714. 2008.

R CORE TEAM (R version 3.1.1). **The R project for statistical computing**. Disponível em: <<http://www.r-project.org/index.html>>. Acesso em: 10 jul. 2014.

RAKSHIT, S.; M. SWAPNA. DNA Markers in Diversity Analysis. In: R. Madhusudhana et al. (Ed). **Sorghum Molecular Breeding**. Springer, Índia, p. 24-42. 2012.

RIBAS, P.M. **A Implantação da Cultura do Sorgo**. Sete Lagoas: EMBRAPA/ CNPMS, 2003. Comunicado Técnico. n.94, 4p.

RODRIGUES, J. A. S. Sistema de produção do sorgo. **Embrapa Milho e Sorgo**. Sistemas de Produção. v. 2, 2010.

RODRIGUEZ, M.; RAU, D.; PAPA, R.; ATTENE, G. Genotype by environment interactions in barley (*Hordeum vulgare* L.); different responses of landraces, recombinant inbred lines and varieties to Mediterranean environment. **Euphytica**: Wageningen, v. 163, p. 231-247. 2008.

SAITOU N.; NEI M. The Neighbor-Joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular Biology Evolution**. v.4, p. 406-425. 1987.

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

SCHERTZ, K. F.; DALTON, L. G. Hybridization of crop plants. **Crop Science Society of America**. p. 577-588. 1988.

SINGH, S. P.; GUITIERREZ, J. A.; MOLINA, C. Genetic diversity in cultivated common bean – II: marker based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, Madison, v.31, p.23-29, 1991.

SOUZA, A. P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.;MELLO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento - plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 939-965. 2001.

SPINDEL, J.; WRIGHT, M.; CHEN, C.; COBB, J.; GAGE, J., HARRINGTON, S.; LORIEUX, M.; MCCOUCH, S. Bridging the genotyping gap: using genotyping by sequencing (GBS) to add high-density SNP markers and new value to traditional bi-parental mapping and breeding populations. **TheoretAppl Genet**. v.126, p. 2699-2716. 2013.

STEPHENS, J. C.; MILLER, F. R.; AROSENOW , D. T. Conversion of alien sorghums to early combine genotypes. **Crop Science**. v.7, p. 396-408, 1967.

TAKANO-KAI, N.; JIANG, H.; KUBO, T.; SWEENEY, M.; MATSUMOTO, T.; KANAMORI, H.; PADHUKASAHASRAM, B.; BUSTAMANTE, C.; YOSHIMURA, A.; DOI, K. Evolutionary history of GS3, a gene conferring grain length in rice. **Genetics**. v. 182, p. 1323-1334. 2009.

TAMURA, K., D. PETERSON, N. PETERSON, G. STECHER, M. NEI. Mega5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Mol. Biol. Evol.** v.28, p. 2731-2739. 2011.

TUINSTRA, M. R., GROTE, E. M., GOLDSBROUGH, P. B., EJETA, G. Genetic analysis of post-flowering drought tolerance and components of grain development in *Sorghum bicolor* (L.) Moench. **Molecular Breeding**. v.3, n.6, p. 439-448. 1997.

VAN HINTUM, J. I.T, VISSSEN, D. L. Duplication within and between germplasm collections II. Duplication in four European barley collections. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v. 42, p. 135-145. 1995.

VANDERLIP, R. L. How a sorghum plant develops. **Manhattan: Kansas States Universit.** 1979, 19p.

VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F.; BERTAN, I.; KOOP, M. M.; ZIMMER, P. D.; BENIN, G.; SILVA, J. A. G.; HARTWIG, I.; MALONE, G.; OLIVEIRA, A. C. Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and 72 morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**. v.30, n.2, p.392-399. 2007.

WETTERSTRAND, K. A. DNA sequencing costs: data from the NHGRI large-scale genome sequencing program. Wetterstrand KA. DNA Sequencing Costs: Data from the NHGRI Genome Sequencing Program (GSP), 2014.

WALD, Abraham. Tests of statistical hypotheses concerning several parameters when the number of observations is large. **Transactions of the American Mathematical Society**. v. 54, n.3. p. 426-481, 1943.

WANG, M. L.; ZHU, C.; BARKLEY, N. A.; CHEN, Z.; ERPELDING, J.E.; MURRAY, S. C.; TUINSTRA, M.R.; TESSO, T.; PEDERSON, G.A.; YU, J. Genetic diversity and population structure analysis of accessions in the US historic sweet sorghum collection. **Theor Appl Genet**. v.120, p.13-23. 2009.

YU, J.. A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness. **Nat. Genet.** v. 38, p. 203-208. 2006.

ZIEGLER, A.; KÖNIG, I. R.; THOMPSON, J. R. Biostatistical aspects of genome-wide association studies. **Biometrical Journal**, v. 50, p. 1-21. 2008.

7 ANEXO

TABELA SUPLEMENTAR 1. 160 linhagens de sorgo granífero do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Codificação	Linhagens	Grupo
201439_001_R	0025378_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_002_R	0025410_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_003_R	0025530_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_004_R	9503010_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_005_R	9503014_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_006_R	9503015_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_007_R	1425427_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_008_R	9503017_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_009_R	9503026_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_010_R	1425432_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_011_R	9503061_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_012_R	9503062_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_013_R	9503063_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_014_R	9503066_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_015_R	9503068_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_016_R	9503074_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_017_R	9503077_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_018_R	9503079_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_019_R	9503084_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_020_R	9503086_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_021_R	9618116_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_022_R	9618154_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_023_R	9618158_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_024_R	9910032_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_025_R	9910296_R	Linhagens introduzidas
201439_026_R	CMSXS103_R	Linhagens introduzidas
201439_027_R	CMSXS108_R	Linhagens introduzidas
201439_028_R	TX2903_R	Linhagens introduzidas
201439_029_R	CMSXS118_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_030_R	TX430RxBR012(SC566-14)-5-1-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_031_R	CMSXS124_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_032_R	CMSXS125_R	Linhagens introduzidas
201439_033_R	(BRP13R)-318-1-3-1-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_034_R	CMSXS135_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_035_R	1425449_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_036_R	CMSXS149_R	Linhagens introduzidas
201439_037_R	CMSXS150_R	Linhagens introduzidas
201439_038_R	CMSXS151_R	Linhagens introduzidas
201439_039_R	CMSXS153_R	Linhagens introduzidas
201439_040_R	CMSXS158_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_041_R	CMSXS163_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_042_R	CMSXS184_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS

Continua...

...Continuação

TABELA SUPLEMENTAR 1. 160 linhagens de sorgo granífero do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Codificação	Linhagens	Grupo
201439_043_R	CMSXS189_R	Linhagens introduzidas
201439_044_R	CMSXS201_R	Linhagens introduzidas
201439_045_R	CMSXS208_R	Linhagens introduzidas
201439_046_R	CMSXS209_R	Linhagens introduzidas
201439_047_R	CMSXS213_R	Linhagens introduzidas
201439_048_R	CMSXS226_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_049_R	CMSXS227_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_050_R	BR012(BR012RxCMSXS225)-2_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_051_R	BR012(BR012RxSC566)_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_052_R	BR012_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_053_R	CMSXS180_R	Linhagens introduzidas
201439_054_R	RTx2907_R	Linhagens introduzidas
201439_055_R	SC103_R	Linhagens introduzidas
201439_056_R	SC1080_R	Linhagens introduzidas
201439_057_R	SC110_R	Linhagens introduzidas
201439_058_R	SC1154_R	Linhagens introduzidas
201439_059_R	SC1155_R	Linhagens introduzidas
201439_060_R	SC1158_R	Linhagens introduzidas
201439_061_R	SC1328_R	Linhagens introduzidas
201439_062_R	SC135_R	Linhagens introduzidas
201439_063_R	SC51_R	Linhagens introduzidas
201439_064_R	SC6_R	Linhagens introduzidas
201439_065_R	SC673_R	Linhagens introduzidas
201439_066_R	SC702_R	Linhagens introduzidas
201439_067_R	SC964_R	Linhagens introduzidas
201439_068_R	TAM2552_R	Linhagens introduzidas
201439_069_R	TX2783_R	Linhagens introduzidas
201439_070_R	TX2862_R	Linhagens introduzidas
201439_071_R	TX2896_R	Linhagens introduzidas
201439_072_R	TX2904_R	Linhagens introduzidas
201439_073_R	TX433_R	Linhagens introduzidas
201439_074_R	TX2741_R	Linhagens introduzidas
201439_075_R	9503062xBR012(SC566-14)-4-2-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_076_R	9618158xBR012(SC566-14)-10-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_077_R	9618158xBR012(SC566-14)-22-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_078_R	9910032xBR012(SC549)-6-2-2_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_079_R	9910032xBR012(SC566-14)-11-3-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_080_R	9910032xBR012(SC566-14)-18-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_081_R	9910032xBR012(SC566-14)-9-1-2_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_082_R	9910032xBR012(SC566-14)-93-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_083_R	CMSXS180RxBR012(SC549)-18-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_084_R	CMSXS180RxBR012(SC566-14)-104-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_085_R	CMSXS182RxBR012(SC549)-3-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_086_R	CMSXS182RxBR012(SC566-14)-106-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_087_R	TX430RxBR012(SC549)-108-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS

Continua...

...Continuação

TABELA SUPLEMENTAR 1. 160 linhagens de sorgo granífero do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Codificação	Linhagens	Grupo
201439_088_R	TX430RxBR012(SC566-14)-4-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_089_R	(9930002xBR005R)1-4-8-1-3-1-1-2_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_090_R	(9930002xBR005R)1-4-8-1-2-1-4-2_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_091_R	(9930002xBR005R)1-4-8-1-3-1-1-3_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_092_R	9929020_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_093_R	9929026_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_094_R	(9929048x182)1-2-26-1-1-1-2-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_095_R	(9929044x005)1-4-21-3-2-1-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_096_R	(9929048*182)1-4-28-3-2-1-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_097_R	(9929044*005)1-1-10-5-2-2-2-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_098_R	9929036_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_99_R	9618158xBR012(SC566-14)-103-2-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_100_R	CMSXS182RxBR012(SC566-14)-129-1-1-1_R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_101_B	[[ATF54B((TX623BxATF54B)6-1)_RC1F1]x(BTX644(A807))]-1-4-1-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_102_B	[[ATF54B((TX623BxATF54B)6-1)_RC1F1]x(BTX644_(A807))]-18-3-3-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_103_B	[[ATF54B((TX623BxATF54B)6-1)_RC1F1]x(BTX644(A807))]-18-5-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_104_B	CMSXS205B	Linhagens introduzidas
201439_105_B	[[ATF54B((TX623BxATF54B)6-1)_RC1F1]x(BTx644_(A807))]-21-3-4-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_106_B	[[ATF54B((TX623BxATF54B)6-1)_RC1F1]x(BTX644_(A807))]-21-5-8-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_107_B	[[ATF54B((TX623BxATF54B)6-1)RC1F1]x(BTx644_(A807))]-22-1-1-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_108_B	[[{BTX645(B803)}x{(TX623BxATF54B)6-1-C-2-4-1}]]-1-9-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_109_B	[[{BTX645(B803)}x{(TX623BxATF54B)6-1-C-2-4-1}]]-2-2-5-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_110_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-10-4-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_111_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-1-11-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_112_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-11-2-2-1-2B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_113_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-1-2-4-1-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_114_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-1-6-1-1-2B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_115_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-2-2-2-1-2B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_116_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-2-7-1-1-3B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_117_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-3-2-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_118_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-3-5-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_119_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-4-10-1-1-2B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_120_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-4-4-3-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_121_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-4-9-3-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_122_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-5-10-3-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_123_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-6-8-1-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_124_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-8-4-1-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_125_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-9-2-1-1-2B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_126_B	{ATF54(ATF54xARG-1_F1)}-9-5-2-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_127_B	{ATF54B[(Tx623BxATF54B)6-1]}-206-1-1-3-1B	Linhagens oriundas da ATF54

Continua...

...Continuação

TABELA SUPLEMENTAR 1. 160 linhagens de sorgo granífero do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Codificação	Linhagens	Grupo
201439_128_B	A803B	Linhagens introduzidas
201439_129_B	A8902B	Linhagens introduzidas
201439_130_B	A8911B	Linhagens introduzidas
201439_131_B	ATF_54B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_132_B	ATF_8B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_133_B	ATF54A{ATF54B[(TX623BxATF54B)6-1]}-186-C-B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_134_B	ATF54A{ATF54B_[(TX623BxATF54B)6-1]}-207-C-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_135_B	ATF54A{ATF54B[(TX623BxATF54B)6-1]}-240-C-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_136_B	ATF54A{ATF54B[(TX623BxATF54B)6-1]}-263-C-1B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_137_B	ARG1B	Linhagens introduzidas
201439_138_B	ATF54A{ATF54B[(TX623BxATF54B)6-1]}-596-C-B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_139_B	ATF54A{ATF54B[(TX623BxATF54B)6-1]}-61-C-1-B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_140_B	ATF54A{ATF54B[(TX623BxATF54B)6-1]}-64-C-1-B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_141_B	CMSXS222B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_142_B	BR007B	Linhagens introduzidas
201439_143_B	(TX623BxAT54B)6-1-C-2-2-1-1-B	Linhagens oriundas da ATF54
201439_144_B	CMSXS_210B	Linhagens introduzidas
201439_145_B	CMSXS_217B	Linhagens introduzidas
201439_146_B	CMSXS_230B	Linhagens introduzidas
201439_147_B	IS_10662B	Linhagens introduzidas
201439_148_B	N_130B	Linhagens introduzidas
201439_149_B	TX3203B	Linhagens introduzidas
201439_150_B	TX_614B	Linhagens introduzidas
201439_151_B	TX_636B	Linhagens introduzidas
201439_152_R	9910032xBR012(SC566-14)-2-2-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_153_R	9618158xBR012(SC566-14)-8-1-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_154_R	CMSXS182xBR012(SC566-14)-7-1-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_155_R	CMSXS180xBR012(SC566-14)-95-1-2-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_156_R	TX430xBR012(SC549)-54-1-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_157_R	9910032xBR012(SC566-14)-106-2-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_158_R	CMSXS182xBR012(SC566-14)-94-1-2-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_159_R	9618158xBR012(SC566-14)-100-1-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS
201439_160_R	TX430xBR012(SC566-14)-27-1-1R	Linhagens melhoradas Embrapa MS