

MARCELA RIBEIRO VIOLETTI

**QUALIDADE DA FIBRA E DIVERSIDADE GENÉTICA EM ALGODEIRO DE
FIBRA BRANCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientadora

Prof.^a Dr.^a Larissa Barbosa de Sousa

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2016

MARCELA RIBEIRO VIOLETTI

QUALIDADE DA FIBRA E DIVERSIDADE GENÉTICA EM ALGODOEIRO DE
FIBRA BRANCA

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 28 de dezembro de 2016.

Prof.^a Dr.^a Ana Paula Oliveira Nogueira

UFU/INGEB

Prof. Dr. Reginaldo de Camargo

UFU/ICIAG

Prof. Dr. Reinaldo Silva de Oliveira

IFTM

Prof.^a Dr.^a Larissa Barbosa de Sousa
ICIAG-UFU
(Orientadora)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2016

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

V795q Violatti, Marcela Ribeiro, 1991
2016 Qualidade da fibra e diversidade genética em algodoeiro de fibra
branca / Marcela Ribeiro Violatti. - 2016.
 44 f. : il.

Orientadora: Larissa Barbosa de Sousa.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Inclui bibliografia.

1. Agronomia - Teses. 2. Algodão - Melhoramento genético - Teses.
3. Análise multivariada - Teses. 4. Melhoramento genético - Teses. I.
Sousa, Larissa Barbosa de, 1985-. II. Universidade Federal de
Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

A Deus, minha força e
fortaleza, que ilumina, rege e abençoa
meus passos. Aos meus pais José
Roberto e Rosemary, pela dedicação,
amor e incentivo para com o término
deste trabalho.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me conceder uma vida repleta de paz, amor e alegrias. Por ser minha luz, meu amparo e meu guia. Anseio por seus ensinamentos em minha mente, atos e coração durante toda a minha caminhada.

Aos meus pais José Roberto e Rosemary, pelo amor incondicional e indescritível. Por dedicarem todos os seus dias, sem medir esforços, em prol da minha felicidade e a dos meus irmãos. Obrigada por constituírem meus valores e princípios, e mostrarem qual o verdadeiro significado da vida. Em especial à minha mãe, pelo incentivo diário para que eu perseverasse e vencesse perante os mais difíceis obstáculos.

Aos meus irmãos José Roberto e Nicole, por compartilharem lembranças e momentos únicos. Vocês sempre serão o elo mais forte entre eu, nossos pais e minha vida.

À minha avó Alice e a todos os demais familiares pela dedicação e amor, o que faz com que essa trajetória longe de casa seja mais branda.

Agradeço imensamente aos meus amigos, todos eles; os de infância, colégio, faculdade, estágios, mestrado, ou àqueles que por algum motivo cruzaram meu caminho. Dividir minha vida com vocês alegra os meus dias. Aprendi que muitas vezes, não é preciso estar fisicamente perto para estar próximo.

À Prof.^a Dr. ^a Larissa Barbosa pelo trabalho de orientação, e aos membros do Programa de Melhoramento Genético do Algodoero da Universidade Federal de Uberlândia. Meu sincero agradecimento, pois a execução desse trabalho só foi possível graças à dedicação de vocês.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia, por contribuírem para minha formação acadêmica e concederem a oportunidade de ampliar aprendizados.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

A todos aqueles que de alguma forma contribuíram com o planejamento, execução e conclusão deste trabalho.

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1.** Dendrograma obtido pelo método UPGMA, a partir da distância generalizada de Mahalanobis em 21 genótipo de algodoeiro de fibra branca e oito caracteres da qualidade da fibra na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016..... 19
- FIGURA 2.** Dendrograma obtido pelo método UPGMA, a partir da distância generalizada de Mahalanobis em 21 genótipo de algodoeiro de fibra branca e oito caracteres da qualidade da fibra na safra 2015/2016. Uberlandia, MG, 2016..... 21

LISTAS DE TABELA

TABELA 1. Resultado da análise de solo da área experimental localizada na Fazenda Capim Branco na safra 2014/2015.Uberlândia, MG, 2016.....	4
TABELA 2. Resultado da análise de solo da área experimental localizada na Fazenda Capim Branco na safra 2015/2016.Uberlândia, MG, 2016.....	4
TABELA 3. Resumo da análise de variância de oito características avaliadas em 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016....	9
TABELA 4. Resumo da análise de variância de oito características avaliadas em 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016....	9
TABELA 5. Médias de oito características intrínsecas da fibra do algodoeiro avaliadas em 21 genótipos na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.....	10
TABELA 6. Médias de quatro características intrínsecas da fibra do algodoeiro avaliadas em 21 genótipos na safra 2015/2016, analisadas pelo teste de Scott-Knott. Uberlândia, MG, 2016.....	13
TABELA 7. Medida da dissimilaridade genética, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre 21 genótipos avaliados na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.....	15
TABELA 8. Medida da dissimilaridade genética, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca avaliados na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.....	17
TABELA 9. Agrupamento de 21 genótipos de algodão, pelo método de otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis (D^2), estimada a partir de oito caracteres intrínsecos da fibra do algodoeiro, na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.....	22
TABELA 10. Agrupamento de 21 genótipos de algodão, pelo método de otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis (D^2), estimada a partir de oito caracteres intrínsecos da fibra do algodoeiro, na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.....	23
TABELA 11. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método UPGMA, avaliados na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.....	25
TABELA 12. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método de otimização de Tocher, avaliados na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016	25

TABELA 13. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método UPGMA, avaliados na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016	26
TABELA 14. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método de otimização de Tocher, avaliados na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016	26
TABELA 15. Contribuição relativa de oito características intrínsecas da fibra para a divergência genética entre 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca nas safras 2014/2015 e 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.....	27

SUMÁRIO

RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1. INTRODUÇÃO	1
2. MATERIAL E MÉTODOS	4
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	9
4. CONCLUSÕES	29
5. REFERÊNCIAS	30

RESUMO

O objetivo do trabalho foi avaliar 19 genótipos de algodoeiro de fibra branca em geração F5 e F6, e dois cultivares comerciais, DP 555 (Deltapine© Monsanto) e FM 966 (Fibermax© Bayer) em relação às características intrínsecas da fibra nas safras agrícolas 2014/2015 e 2015/2016, a fim de identificar as melhores combinações para futuras hibridações. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições em cada safra. Após colheita e beneficiamento do algodão foi realizada a análise das características intrínsecas das fibras com auxílio do aparelho *High Volume Instrument* (HVI). As características mensuradas foram: índice micronaire (MIC), maturidade da fibra (MAT), resistência da fibra (STR), comprimento da fibra (UHLM), uniformidade do comprimento (UI), alongamento (ELG), índice de fibras curtas (SF) e índice de consistência da fiação (SCI). O resultado da análise de variância para a primeira safra demonstrou a existência de variabilidade genética quanto à qualidade da fibra do algodoeiro para todos os caracteres. Enquanto na segunda safra apenas os caracteres UI, SF, STR, ELG não foram significativos. A maioria das características em ambas as safras foram agrupadas em dois grupos pelo teste de Scott-Knott. A divergência genética foi estimada a partir da distância generalizada de Mahalanobis e os genótipos agrupados pelo método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) e não-hierárquico de otimização de Tocher. Pelo método UPGMA na safra 2014/2015, os genótipos C, K e D foram alocados isoladamente em grupos distintos. Por outro lado, pelo método de Tocher, os genótipos K e C foram classificados nos grupos II e III, juntamente com os genótipos comerciais FM 966 e DP 555, sendo apenas o genótipo D agrupado isoladamente, com o maior valor médio de uniformidade e alongamento da fibra do algodoeiro. Na safra 2015/2016, os genótipos J e H foram agrupados isoladamente nos grupos II e V (UPGMA), V e VI (Tocher), independentemente do método. Além disso, o genótipo D foi agrupado ao genótipo N, diferentemente da safra anterior, onde se manteve isolado de todos os demais genótipos em ambos os métodos. Devido aos seus desempenhos médios ao final das avaliações das oito características intrínsecas da fibra do algodoeiro nas safras 2014/2015 e 2015/2016, são recomendados para cruzamentos divergentes os genótipos P e D visando à obtenção de populações segregantes com alta qualidade de fibra. Hibridações entre os genótipos de algodoeiro de fibra branca que compõem os grupos II, V e VI (UPGMA) e III e IV (Tocher) na safra 2014/2015 e os grupos I, IV e VI (Tocher), e I, IV e V (UPGMA) na safra 2015/2016, possibilitarão a ampliação da variabilidade genética favorável, objetivando-se a qualidade de fibra superior.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*; melhoramento genético; análise multivariada

ABSTRACT

The objective of this paper was to evaluate 19 genotypes of white fiber cotton related with eight intrinsic fiber characteristics to identify best crosses combinations, 2014/2015 and 2015/2016 seasons. The experiments were conducted in a randomized block design with 4 replicates in each season. A total of 19 cotton genotypes in (F5 and F6 generations) and two cultivars, DP 555 (Deltapine © Monsanto) and FM 966 (Fibermax © Bayer) were evaluated. After harvesting and processing of cotton seed, eight intrinsic characteristics of fibers were analyzed with help of High Volume Instrument (HVI): Micronaire index, fiber maturity, fiber length, uniformity index, elongation, short fiber index, and spin consistency index. The results of the analysis of variance of both seasons showed the existence of genetic variability regarding cotton fiber quality, with exception of the characteristics UI, SF, STR, ELG, in 2015/2016 season. By Scott-Knott's test for most characteristics in both seasons, genotypes were grouped into only two dissimilar groups. Genetic divergence was estimated from generalized distance of Mahalanobis and genotypes grouped by the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) and non-hierarchical Tocher optimization method. By UPGMA method in the 2014/2015, cotton genotypes C, K and D were grouped separately in groups I, III and V, respectively. On other hand, by Tocher method, cotton genotypes K and C were classified in groups II and III, along with the commercial cultivars FM 966 and DP 555, being only genotype grouped alone, with highest average value of uniformity index and elongation of cotton fiber (86.25% and 6.73%, respectively). In 2015/2016, cotton genotypes J and H were grouped separately in groups II and V (UPGMA), V and VI (Tocher), independently of the methodology. In addition, cotton genotype D was grouped to genotype N, differently from the previous season, where it remained isolated from all other genotypes in both methods. UPGMA and Tocher methods were more effective in grouping cotton genotypes based on eight intrinsic characteristics associated with fiber quality. Due to their average performances at end of evaluations of eight intrinsic characteristics of cotton fiber in 2014/2015 and 2015/2016 seasons, cotton genotypes C and D are recommended for divergent crosses to obtain segregant populations with high fiber quality. The recombination between cotton genotypes that make up groups II, V and VI (UPGMA) and III and IV (Tocher) in the 2014/2015 season and groups I, IV and VI (Tocher), and I, IV and V (UPGMA) in the 2015/2016 season, will allow the expansion of favorable genetic variability, aiming at superior fiber quality.

Key words: *Gossypium hirsutum*; breeding; multivariate analysis

1. INTRODUÇÃO

O algodoeiro herbáceo anual (*Gossypium hirsutum* L.) pertence à família *Malvaceae*, sendo uma das 50 espécies já classificadas e descritas do gênero *Gossypium*. De todas as espécies do gênero, apenas quatro são exploradas comercialmente (*G. arboreum*, *G. barbadense*, *G. herbaceum* e *G. hirsutum*), porém mais de 90% da produção mundial de fibras é da espécie *G. hirsutum* (SOUSA, 2010; BORÉM; FREIRE, 2014).

O Brasil tem papel de destaque na cotonicultura mundial como quinto maior produtor e o terceiro maior exportador da fibra. Na safra 2015/2016 a área plantada com algodão no país foi de 958,4 mil hectares, uma redução de 1,8% ao se comparar com a safra anterior, com produção de algodão em pluma de aproximadamente 1,28 milhões de toneladas na ultima safra. Estima-se que para a safra 2016/2017 haja um aumento significativo de 14,8% em relação ao resultado da safra anterior (CONAB, 2016).

A fibra do algodoeiro é a fibra natural mais consumida pela indústria têxtil no mundo, com uma participação estimada em 32% (HEQUET, 2014). Com isso a movimentação financeira da cultura é alta, chegando em US\$ 77 bilhões na safra 2014/2015 contemplando desde os produtos agrícolas primários como a pluma e as sementes, até a transformação final em indústrias e varejo (ICAC, 2016).

A qualidade da fibra depende de uma série de fatores, incluindo o solo, o clima, a época de semeadura, o controle de pragas, de doenças e de plantas infestantes, a nutrição das plantas, o tipo de colheitadora e o processo de beneficiamento e armazenamento (FREIRE et al., 2015). Independentemente da influência de outros fatores, cada genótipo possui uma qualidade específica de fibra intrínseca, que apesar de serem influenciados por efeitos ambientais, é controlada geneticamente (FREIRE et al., 2015). São essas características que determinam o valor da matéria prima na indústria têxtil e influenciam na comercialização e industrialização (CARVALHO, 2008).

Os melhoristas trabalham para atender as exigências do mercado, que nos últimos anos passou por grandes transformações nos processos de fiação, demandando genótipos com padrões de fibra compatíveis com essas mudanças (CARVALHO, 2008).

As características tecnológicas da fibra de algodão, tais como percentagem de fibra, índice de fibras, comprimento, uniformidade do comprimento, resistência e finura (índice *micronaire*), são caracteres importantes para o melhoramento genético do algodoeiro, pois são determinantes da qualidade de seus produtos e de sua remuneração (REZENDE et al., 2014). Assim, a avaliação genética de acessos e populações, para esses

caracteres, visando agrupar acessos semelhantes e redundantes, estimar a divergência genética entre eles e ordenar os melhores, com base em um índice de seleção combinando todas essas características de interesse são análises importantes em melhoramento genético de algodoeiro.

A divergência genética avaliada com base na distância genética entre indivíduos constitui um método de natureza preditiva, possibilitando assim a identificação prévia de genótipos mais promissores a uma hibridação de sucesso (MIRANDA et al., 1988; MALUF et al., 1983; BERTAN et al., 2006). Estudos de divergência genética são importantes para o melhoramento por fornecem parâmetros úteis na identificação de genótipos com maior probabilidade de formarem populações segregantes superiores. Na medida em que resultados são obtidos, há a possibilidade do melhorista concentrar seus esforços nas combinações que possuam maior probabilidade de sucesso, para então submeter os materiais à hibridação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A diversidade genética entre genótipos pode ser estimada por meio de medidas de dissimilaridade com base em caracteres quantitativos, entre elas a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Esta análise leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre as características avaliadas, e deste modo, só podem ser realizadas quando o experimento se encontra sob delineamento experimental com repetições (MULATO et al., 2010, CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A análise de agrupamentos a partir da matriz da distância de Mahalanobis estimada para estudos de divergência genética fornece aos melhoristas um método objetivo para realizar classificação de genótipos em grupos dissimilares (FERRAUDO, 2010). A finalidade do uso desta análise é classificar os indivíduos de modo que os semelhantes sejam reunidos em agrupamentos em relação à algum critério de seleção pré-determinado. Os grupos resultantes devem exibir elevada homogeneidade interna (dentro dos grupos) e elevada heterogeneidade externa (entre os grupos) (RAMALHO et al., 2012).

Parde et al. (2015) avaliaram valores genotípicos de 41 genótipos de cruzamento interespecífico de algodoeiro em geração F6, por meio da distância generalizada de Mahalanobis com o objetivo de identificar as melhores combinações para hibridação, e concluíram que o índice de fibras curtas, altura de plantas e rendimento de fibra devem ser priorizados nos estudos de divergência. Da mesma forma, Pathak et al. (2014) ao estudarem 100 genótipos de algodoeiro *Desi* (*G. arboreum*) com base em agrupamento a

partir da matriz de Mahalanobis selecionaram genótipos dissimilares principalmente quanto ao peso de maçãs e porcentagem de fibra.

Desta forma, o objetivo do trabalho foi avaliar genótipos de algodoeiro de fibra branca em relação às características intrínsecas da fibra, com a finalidade de identificar as combinações mais promissoras com base na dissimilaridade nas safras agrícolas 2014/2015 e 2015/2016, em Uberlândia, Minas Gerais.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em área experimental da Fazenda Capim Branco ($18^{\circ}52' S$; $48^{\circ}20' W$ e 835 metros de altitude e precipitação média anual de 1250 mm), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, nas safras 2014/15 e 2015/16.

Foram avaliados 19 genótipos (A, B, C, D, E, F, G, H, J, K, L, M, N, OB, P, R, S, T, Z) de algodoeiro de fibra branca, desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG) da Universidade Federal de Uberlândia, e as cultivares DP 555 (Deltapine[©] Monsanto) e FM 966 (Fibermax[©] Bayer).

O delineamento utilizado para os experimentos foi o de blocos casualizados com quatro repetições. A parcela experimental constituiu-se de cinco linhas de cinco metros de comprimento espaçadas em um metro entre si. O carreador foi constituído de 1,5 metros de distância entre os blocos experimentais, com o objetivo de facilitar os tratos culturais.

A área experimental em que foram conduzidos os experimentos situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro, com textura argilosa. Anterior à implantação dos experimentos, coletou-se uma amostra composta de solo, para a realização das análises químicas, a fim de verificar a necessidade de recomendação de calagem e efetuar a adubação apropriada para a condução do experimento. Os resultados das análises de ambas as safras encontram-se nas Tabelas 1 e 2.

TABELA 1. Resultado da análise de solo da área experimental localizada na Fazenda Capim Branco na safra 2014/2015.Uberlândia, MG, 2016.

pH em H ₂ O	M.O. (dag kg ⁻¹)	P Meh ⁻¹ (mg dm ⁻³)	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H ⁺ e Al ⁺	V (%)
5,8	4,0	38,1	0,7	3,0	1,0	0,0	3,8	58,0

M.O: matéria orgânica; V: saturação por base.

TABELA 2. Resultado da análise de solo da área experimental localizada na Fazenda Capim Branco na safra 2015/2016.Uberlândia, MG, 2016.

pH em H ₂ O	M.O. (dag kg ⁻¹)	P Meh ⁻¹ (mg dm ⁻³)	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H ⁺ e Al ⁺	V (%)
7,3	5,1	103,8	0,8	2,8	2,8	0,0	1,4	82,0

M.O: matéria orgânica; V: saturação por base.

A diferença entre os atributos químicos do solo de uma safra para a outra pode ser explicado pelo o cultivo de feijão na entressafra. O solo foi preparado de forma

convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme o resultado de cada análise do solo.

A semeadura manual ocorreu nos dias 02/11/2014 e 28/12/2015, adotando-se 16 sementes por metro linear. As sementes foram previamente tratadas com fungicida Carboxina-Tiram (Vitavax®-Thiram 200 SC) e inseticida Tiametoxam (Cruiser® 350 FS), ambos na dose de 0,5 L do produto comercial para cada 100 kg de sementes. O desbaste foi realizado com 30 dias após a emergência, deixando-se oito plantas por metro linear, para uma população adotada de 80.000 plantas ha⁻¹ (EMBRAPA, 2003).

Para o controle de plantas infestantes foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência, complementados com capinas manuais. As doenças foram controladas conforme recomendações técnicas apropriadas à cultura (EMBRAPA, 2003). O controle de pragas foi feito através de método químico com a aplicação de inseticidas e acaricidas e por controle biológico, utilizando-se de armadilhas com feromônios e parasitoides de ovos de lagartas (*Trichogramma* spp.) cedidos pela Associação Mineira dos Produtores de Algodão (AMIPA).

Em relação ao crescimento inicial do algodoeiro, o ideal é que o comprimento médio do internódio, obtido pela razão entre a altura da planta e número de nós da haste principal, se mantenha entre três e quatro centímetros. Deste modo, as aplicações com regulador de crescimento foram realizadas sempre que se ultrapassavam estes valores. Durante todo o ciclo da cultura, foram feitas aplicações sequenciais com cloreto de mepiquat (Pix HC) na dose recomendada.

Quando 90% dos frutos estavam maduros fisiologicamente, aplicou-se o maturador Ethephon (480 g L⁻¹) + Cyclanilide (60 g L⁻¹) (Finish), na dose de dois litros de p.c ha⁻¹, devido à medição da temperatura ambiente indicar o intervalo correspondente entre 25°C e 30°C.

Foram colhidos manualmente os capulhos presentes no terço médio das plantas da parcela útil, a qual constituiu se das três linhas centrais desprezados 0,5 metro das extremidades. As amostras foram acondicionadas em sacos de papéis devidamente identificados. O material foi posteriormente beneficiado no laboratório da Fazenda Capim Branco, com a finalidade de separar as fibras das sementes.

Após o beneficiamento, as análises das características tecnológicas das fibras de cada parcela foram realizadas através do aparelho HVI (*High Volume Instruments*), no laboratório Minas Cotton (Central de Classificação de Fibra), em Uberlândia - MG. As características avaliadas foram:

- a) **Índice Micronaire (MIC):** é a medida do diâmetro da fibra e indicador da resistência de uma determinada massa de fibras a um fluxo de ar, à pressão constante, em câmara de volume definido.
- b) **Maturidade da fibra (MAT):** refere-se à porcentagem de desenvolvimento da parede da fibra. Para duas fibras de mesmo diâmetro, a mais madura será aquela que tiver parede mais espessa na sua seção transversal.
- c) **Resistência da fibra (STR):** a resistência à ruptura é a força máxima necessária para romper um feixe de fibras, ou seja, é a capacidade que a fibra tem de suportar uma carga até romper-se.
- d) **Comprimento da fibra (UHML):** leva em consideração o comprimento médio da metade mais longa do feixe de fibras em 32 subdivisões de polegada. As fibras foram paralelizadas por escova rotatória e então mensuradas, sendo o comprimento médio da metade mais longa das fibras expresso em polegadas (1/32) e milímetros.
- e) **Uniformidade de comprimento (UI):** é a relação entre o comprimento médio das fibras totais e o UHML, em percentual. Essa característica representa a homogeneidade do comprimento das fibras do fardo e é uma inferência da qualidade da fiação.
- f) **Índice de fibras curtas (SF):** expressa a porcentagem de fibras com menos de 12 mm. Foi obtido através do HVI, pela proporção em percentagem de fibras curtas em uma amostra com comprimento inferior a 12,7 mm em porcentagem da massa da amostra.
- g) **Índice de consistência da fiação (SCI):** expressa matematicamente a quantidade de libras-força necessárias para romper uma meada de 120 jardas de comprimento e 1,5 jardas de periferia.
- h) **Alongamento da fibra (ELG):** refere-se ao máximo de comprimento obtido por uma amostra de fibra durante uma carga de esforço até seu rompimento.
- Os dados foram submetidos à análise de variância uni e multivariada. A análise de variância foi executada com o objetivo de detectar quais características analisadas foram significativas, sendo realizado após a verificação das pressuposições de normalidade dos resíduos, pelo teste de Shapiro-Wilk, homogeneidade de variâncias, pelo teste de Levene, e aditividade de blocos, pelo teste de Tukey. O teste de Scott-Knott foi aplicado para os caracteres significativos. Todos os testes foram executados a 0,05 de significância.

Com base nas médias das características intrínsecas da fibra analisadas, foi estimada a dissimilaridade genética entre todos os pares de genótipos pela Distância generalizada de Mahalanobis (D^2ii') conforme estimador abaixo:

$$D^2ii' = \delta' \Psi$$

Em que:

D^2ii' : distância generalizada de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

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

$\bar{Y}_{i'j}$: média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável;

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos, realizou-se agrupamento dos genótipos pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* - UPGMA) e de otimização de Tocher (RAO, 1962). Com base no agrupamento hierárquico, obteve-se o dendrograma que foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade em que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j foi dado por:

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

Para a determinação do ponto de corte no dendrograma, foi utilizado um procedimento baseado no tamanho relativo dos níveis de diversidade segundo o método de Mojena (1977). O método consiste em selecionar o número de grupos no estágio j que primeiramente satisfaçam à seguinte inequação: $\alpha_j > \theta_k$, em que α_j é o valor do nível de fusão correspondente ao estágio j ($j = 1, 2, \dots, g - 1$) e θ_k é o valor referencial de corte, expresso por: $\theta_k = + k \sigma\alpha$, onde $\sigma\alpha$ representam as estimativas não viesadas da média e do desvio padrão dos valores de α . Para a definição do número de grupos, adotou-se $k = 1,25$ de acordo com Milligan e Cooper (1985). Para verificação do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o respectivo dendrograma foi estimado o coeficiente de correlação cofenética.

Utilizando a matriz de dissimilaridade, procedeu-se ao método de agrupamento de otimização de Tocher (RAO, 1962). O primeiro grupo foi constituído por genótipos cuja medida de dissimilaridade foi menor; posteriormente outros genótipos foram incluídos nesse grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido pré-estabelecido (θ) da medida da dissimilaridade encontrado no conjunto de menores distâncias que envolvem cada genótipo. A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada por:

$\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$ inclui-se o genótipo k no grupo;

$\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$ o genótipo k não é incluído;

Em que:

n: número de genótipos do grupo original.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelos genótipos i e j foi dado por:

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

Foi determinada a contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos pela Metodologia de Singh (1981) conforme a estatística Sij:

$$D_{II}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que:

$\omega_{jj'}$: elemento da j-ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados das análises de variância das safras 2014/2015 e 2015/2016 encontram-se nas tabelas 3 e 4 as quais evidenciam efeito significativo de genótipos para todas as características intrínsecas da fibra analisadas na primeira safra (TABELA 3) e efeito significativo para comprimento da fibra, índice de micronaire, maturação da fibra e índice de consistência da fibra na segunda safra (TABELA 4). Resultados semelhantes aos encontrados por Gilio (2014) que ao estudar a divergência genética entre genótipos de algodoeiro observou efeito significativo para o comprimento da fibra, alongamento e índice de fibras curtas.

TABELA 3. Resumo da análise de variância de oito características avaliadas em 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

FV	G L	UHM L	QUADRADOS MÉDIOS						
			UI	SF	STR	ELG	MIC	MAT	SCI
Blocos	3	1,15	3,06	1,13	0,45	0,07	0,02	,000131	163,39
Genótipo			1,26*	0,82*	6,34*	0,32*	0,17*	,000093	143,12*
s	20	0,69*	*	*	*	*	*	*	*
Resíduo	60	0,31	0,54	0,24	0,57	0,09	0,06	,000049	24,43
Média		31,59	85,48	5,38	31,95	6,38	4,46	0,87	158,45
CV (%)		1,77	0,86	9,07	2,37	4,63	5,39	0,81	3,12

**, *Significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste F; FV: Fontes de variação; GL: Graus de liberdade; UHML: Comprimento de fibra; UI: Uniformidade de fibra; SF: Índice de fibras curtas; STR: Resistência da fibra; ELG: Alongamento; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

TABELA 4. Resumo da análise de variância de oito características avaliadas em 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS							
		UHML	UI	SF	STR	ELG	MIC	MAT	SCI
Blocos	3	1,84	0,62	0,24	4,63	0,18	0,49	,000116	642,02
Genótipos	20	0,96**	1,50 ^{ns}	0,36 ^{ns}	2,05 ^{ns}	0,22 ^{ns}	0,08*	,00007**	87,82*
Resíduo	60	0,43	0,88	0,27	1,8	0,14	0,04	,000027	49,48
Média		29,46	83,36	7,25	30,46	7,19	3,54	0,84	150,27
CV (%)		2,23	1,13	7,20	4,41	5,29	5,6	0,62	4,68

**, *Significativo a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste F; FV: Fontes de variação; GL: Graus de liberdade; UHML: Comprimento de fibra; UI: Uniformidade de fibra; SF: Índice de fibras curtas; STR: Resistência da fibra; ELG: Alongamento; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

Não foi possível observar diferenças significativas para UI, SF, STR e ELG na safra 2015/2016 em função da heterogeneidade na resposta dos genótipos entre as

mudanças ambientais, que influenciaram negativamente algumas das características avaliadas.

O coeficiente de variação experimental (CV%) oscilou de 0,81% (MAT) a 9,07% (SF) na safra 2014/2015 e de 0,62% (MAT) a 7,20% (SF) na safra de 2015/2016. Segundo Pimentel Gomes (2000) esses resultados demonstram precisão experimental aceitável. Cunha Neto et al. (2015) ao estudarem a qualidade da fibra em algodoeiro de fibras brancas e coloridas observaram CV oscilando de 0,71 (UNF) a 7,96% (SFI) resultados semelhantes ao presente trabalho.

Na TABELA 5 verificou-se que para a safra de 2014/2015 o comprimento de fibra (UHML), uniformidade de fibra (UI), índice de fibras curtas (SF), alongamento (ELG) índice micronaire (MIC) e maturação da fibra (MAT) permitiram separar os genótipos em dois grupos. E para os caracteres resistência da fibra (STR) e índice de consistência da fiação (SCI) separaram os genótipos em quatro grupos.

TABELA 5. Médias de oito características intrínsecas da fibra do algodoeiro avaliadas em 21 genótipos na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

GENÓTIPOS	UHML ¹	UI ¹	SF ¹	STR ¹	ELG ¹	MIC ¹	MAT ¹	SCI ¹
DP 555	31,63 a	85,58 a	5,80 a	33,03 b	6,13 b	4,89 a	0,88 a	159,17 b
FM 966	31,94 a	86,42 a	4,68 b	35,30 a	6,08 b	4,42 b	0,87 a	173,25 a
A	31,45 b	85,95 a	5,22 b	32,43 c	6,38 b	4,64 a	0,87 a	153,80 c
B	31,05 b	85,18 b	5,54 a	31,99 c	6,95 a	4,71 a	0,87 a	154,25 c
C	32,46 a	85,98 a	4,77 b	33,33 b	5,78 b	4,15 b	0,87 b	165,17 a
D	31,41 b	86,25 a	5,24 b	32,09 c	6,73 a	4,08 b	0,86 b	167,72 a
E	31,56 b	85,60 a	5,65 a	30,49 d	6,35 b	4,32 b	0,86 b	156,80 b
F	30,90 b	85,95 a	5,72 a	31,20 d	6,20 b	4,50 a	0,87 a	157,25 b
G	31,68 a	85,80 a	5,51 a	31,35 c	6,40 b	4,30 b	0,86 b	159,00 b
H	31,75 a	85,85 a	5,33 b	30,80 d	6,38 b	4,60 a	0,87 a	155,31 c
J	31,25 b	85,03 b	5,81 a	30,20 d	6,38 b	4,45 b	0,87 b	145,80 d
K	31,27 b	84,65 b	6,09 a	33,43 b	6,88 a	4,69 a	0,87 b	160,65 b
L	31,72 a	84,95 b	5,83 a	31,68 c	6,35 b	4,41 b	0,87 b	159,39 b
M	32,16 a	85,63 a	5,23 b	31,48 c	6,20 b	4,41 b	0,87 b	158,75 b
N	31,91 a	85,05 b	4,91 b	31,95 c	6,31 b	4,72 a	0,88 a	159,25 b
OB	31,35 b	84,70 b	5,70 a	33,40 b	6,10 b	4,32 b	0,86 b	158,72 b
P	31,71 a	85,83 a	5,14 b	31,80 c	6,77 a	4,55 a	0,87 b	162,31 b
R	31,33 b	84,58 b	5,31 b	30,40 d	6,45 b	4,55 a	0,87 a	152,13 c
S	32,41 a	85,15 b	4,64 b	32,10 c	6,43 b	4,34 b	0,86 b	159,39 b
T	31,15 b	84,85 b	6,09 a	30,35 d	6,60 a	4,24 b	0,86 b	149,17 d
Z	31,42 b	86,08 a	4,73 b	32,30 c	6,21 b	4,30 b	0,86 b	160,13 b

¹Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. UHML: Comprimento de fibra; UI: Uniformidade de fibra; SF: Índice de fibras curtas; STR: Resistência da fibra; ELG: Alongamento; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

A indústria da fiação e tecelagem de alto padrão exige que o comprimento da fibra (UHML) esteja entre 32 a 34 mm, que a uniformidade no comprimento (UI) seja acima de 83%. A resistência das fibras devem possuir no mínimo de 27 gf tex⁻¹ e maturidade das fibras acima de 77% (PENNA, 2005).

Os caracteres de comprimento (UHM, UI e SF) são importantes para a resistência e regularidade dos fios e as perdas na fiação, pois influenciam os processos subsequentes à fiação dos tecidos, tais como a resistência à torção e a aparência da massa dos fios (SESTREN; LIMA, 2007; JERÔNIMO et al., 2014). E quando maior o comprimento efetivo da fibra do algodão, melhor será sua classificação comercial (AGUIAR NETO, 1996).

O comprimento da fibra (UHML) oscilou de 30,90 mm (F) a 32,46 mm (C), sendo classificados segundo a Embrapa (2002) como genótipos de fibra longa. No entanto os genótipos DP 555, FM 966, C, G, H, L, M, N, P e S destacaram-se por possuírem comprimento de fibra na safra 2014/2015 superiores a 31,50 mm (TABELA 5). Resultados semelhantes encontrados por Silva et al. (2013) ao avaliarem o desempenho agronômico de algodoeiro de fibra branca.

Os genótipos DP 555, FM 966, A, C, D, E, F, G, H, M, P e Z apresentaram valores de uniformidade da fibra superiores a 85,48% os quais são classificados com índice de uniformidade elevado, ou seja, muito homogêneo (EMBRAPA, 2002). Resultados semelhantes encontrados por Kazama et al. (2015) ao avaliarem as características da fibra de algodoeiro.

O índice de fibras curtas é a proporção percentual de fibras curtas (em peso) das fibras contidas na amostra com comprimento inferior a 12,5mm. Os genótipos FM 966, A, C, D, H, M, N, P, R, S e Z demonstraram desempenho superior aos demais por possuírem valores inferiores a 5,33%. Indicando que esses genótipos apresentam índice de fibra curta muito baixa, pois o limite estabelecido nessa classificação é de até 6 % (EMBRAPA, 2002). Assim como observado por Silva et al. (2013) e Bonifacio; Mundim; Sousa (2015).

A resistência da fibra (STR) e o alongamento (ELG) estão relacionados com a resistência dos fios e tecidos, pois fibras fortes geram fios e tecidos resistentes que suportam altos impactos e altas tensões durante o processo têxtil (SESTREN; LIMA, 2007).

O alongamento permite avaliar-se o comportamento elástico de um material têxtil quando submetido a um esforço de tração, proporcionando uma ideia sobre a fiabilidade

esperada e sobre as possibilidades de tratamento posteriores (EMBRAPA, 2002). O alongamento da fibra dos genótipos oscilou de 5,78 a 6,95%, os quais são classificados com alongamento regular e elevados.

A resistência da fibra variou de 30,20 gf tex⁻¹ a 35,30 gf tex⁻¹ (FM 966), esses valores indicam que os genótipos em estudo possuem resistência de fibra muito elevada. Resultados semelhantes encontrados por Bonifacio; Mundim; Sousa (2015) ao estudarem a variabilidade genética em algodoeiros de fibra branca na região de Uberlândia.

O índice de micronaire evidencia o nível de espessura e também norteia a gama de títulos de fios a serem fabricados, uma vez que exerce forte influência na eficiência de limpeza, no índice de quebra de fibras e na eficiência de remoção do emaranhado de fibras que se quebram durante o processo produtivo dos tecidos, conhecidas como “neps”. Com isso fibras de baixo micronaire normalmente causam “neps” no fio e no tecido acabado, bem como variações no tingimento (EMBRAPA, 2002).

Porém estas características não devem ser analisadas individualmente, pois está correlacionada com a maturidade da fibra (MAT). De modo que fibras com baixos valores índices de micronaire e elevados valores de maturidade, são as mais desejadas no setor têxtil já que produziram fios e tecidos finos e fortes.

Os genótipos DP 555, A, B, F, H, N e R tiveram alto desempenho para as características micronaire e maturidade, sendo ainda o genótipo FM 966 de elevada média para MAT e o K para MIC. Para a resistência da fibra e índice de consistência da fiação o genótipo comercial FM 966 se destacou por apresentar os maiores valores (35,30 gf tex⁻¹ e 173,25, respectivamente).

Diferentemente da safra anterior apenas o comprimento de fibra, índice micronaire, maturação da fibra e índice de consistência da fiação (TABELA 6) apresentaram diferenças significativas na safra 2015/2016. Para todos esses caracteres os valores foram inferiores aos da safra anterior, isso pode ser explicados pelas diferenças climáticas entre as duas safras, pois apesar desses caracteres serem características específica de cada cultivar eles são bastante influenciados pelas condições ambientais.

TABELA 6. Médias de quatro características intrínsecas da fibra do algodoeiro avaliadas em 21 genótipos na safra 2015/2016, analisadas pelo teste de Scott-Knott. Uberlândia, MG, 2016.

GENÓTIPOS	SCI ¹	MIC ¹	MAT ¹	UHML ¹
DP 555	152,05 a	3,66 a	0,84 a	29,23 b
FM 966	151,38 a	3,51 b	0,83 b	29,78 a
A	150,97 a	3,31 b	0,84 a	29,41 a
B	152,00 a	3,39 b	0,84 a	29,07 b
C	143,99 b	3,62 a	0,84 a	29,48 a
D	155,25 a	3,75 a	0,84 a	29,68 a
E	155,64 a	3,47 b	0,83 a	29,75 a
F	142,94 b	3,69 a	0,83 b	29,96 a
G	149,75 a	3,36 b	0,82 b	30,13 a
H	146,32 b	3,28 b	0,83 b	28,91 b
J	159,45 a	3,53 a	0,84 a	28,20 b
K	148,47 b	3,69 a	0,84 a	28,97 b
L	145,00 b	3,34 b	0,83 b	29,68 a
M	153,00 a	3,55 a	0,84 a	29,28 b
N	147,33 b	3,62 a	0,84 a	29,45 a
OB	151,75 a	3,60 a	0,83 b	29,22 b
P	156,00 a	3,72 a	0,84 a	30,17 a
R	143,50 b	3,71 a	0,84 a	29,55 a
S	154,25 a	3,54 a	0,84 a	29,93 a
T	152,31 a	3,48 b	0,83 a	28,85 b
Z	144,25 b	3,57 a	0,83 a	29,99 a

¹Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. UHML: Comprimento de fibra; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

Na safra de 2015/2016 os valores de comprimento da fibra (UHML) variaram de 28,20 mm (J) a 30,17 mm (P) o que caracteriza genótipos de fibra longa (EMBRAPA, 2002). Os genótipos FM 966, A, C, D, E, F, G, L, N, P, R, S e Z destacaram-se por apresentarem comprimento de fibra superior aos demais. Resultados semelhantes encontrados por Kazama et al. (2015) ao avaliarem a influência do sistema de colheita nas características da fibra do algodão, os quais observaram comprimento da fibra variando de 28,4 a 30,4 mm. Já para a maturidade todos os genótipos apresentaram fibras maduras por apresentarem maturidade acima de 80%. Bonifacio; Mundim; Sousa (2015) avaliando a variabilidade genética em algodoeiros de fibra branca na região de Uberlândia, também encontraram valores acima de 80% para a maturidade da fibra.

Segundo Embrapa (2002) índice de micronaire com valores entre 3,0 a 3,9 são classificados como algodão de fibra fina, assim, todos os genótipos em estudo são

enquadradados nesta categoria. Entretanto, Bonifacio; Mundim; Sousa (2015) encontraram valores para esse caractere um pouco maiores do que encontrado no presente estudo.

O índice de consistência da fibra julga e balanceia as características mais importantes de qualidade da fibra e deve ser superior a 140 (SESTREM; LIMA, 2007). Todos os genótipos apresentaram valores para esse índice acima do exigido pela indústria têxtil. O genótipo J se destacou por apresentar maior desempenho para o índice de consistência da fiação (159,45), e formou um grupo distinto juntamente com os genótipos DP 555, FM 966, A, B, D, E, G, M, OB, P, S, e T. Bonifacio; Mundim; Sousa (2015) também observaram valores para o índice de consistência da fibra acima de 140 para a maioria dos genótipos estudados.

Para as estimativas da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), entre os genótipos, verificou-se uma ampla variabilidade genética entre os genótipos, e as distâncias apresentaram magnitude oscilando de 1,70 a 64,39 na safra de 2014/2015 para os genótipos estudados (TABELA 7).

TABELA 7. Medida da dissimilaridade genética, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre 21 genótipos avaliados na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

Genótipos	DP 555	FM 966	A	B	C	D	E	F	G	H	J	K	L	M	N	OB	P	R	S	T
FM 966	20,97																			
A	7,91	25,29																		
B	14,73	33,20	6,90																	
C	17,36	13,70	16,44	32,23																
D	20,87	23,04	14,97	14,87	15,51															
E	19,56	49,01	10,94	14,76	25,11	15,06														
F	12,24	37,11	6,93	14,62	23,79	15,54	5,52													
G	12,26	32,46	6,99	11,08	13,15	6,42	3,67	6,64												
H	12,95	42,44	6,32	10,80	22,19	14,78	2,43	4,37	3,21											
J	24,54	64,39	11,64	14,68	34,05	26,92	5,45	11,22	9,04	6,01										
K	14,12	29,67	17,30	8,25	33,09	20,57	28,59	29,13	20,22	25,91	32,69									
L	9,37	32,54	9,91	10,30	14,95	9,95	7,28	11,52	2,50	6,71	11,92	12,70								
M	11,62	32,40	6,80	13,33	11,82	11,47	3,58	8,08	1,70	2,66	9,27	22,15	3,40							
N	9,47	26,18	7,45	8,74	15,58	12,82	13,24	12,36	7,37	7,05	17,40	17,25	6,48	6,07						
OB	10,51	18,58	8,20	13,93	11,80	16,83	18,60	17,01	11,80	18,27	21,66	11,51	8,91	11,25	12,62					
P	13,86	29,21	7,60	4,85	22,37	7,03	8,32	10,47	5,69	6,10	16,82	12,99	7,13	6,32	5,79	14,55				
R	21,30	52,05	11,25	9,10	29,52	18,37	7,05	10,95	7,62	4,93	5,81	26,08	8,68	7,79	6,50	19,84	9,19			
S	20,32	29,68	10,57	12,25	12,93	12,06	12,99	20,60	7,64	11,20	17,07	19,29	7,86	5,41	6,26	11,06	7,38	10,17		
T	26,14	62,14	14,75	12,92	32,86	20,33	6,26	15,02	7,20	8,93	2,68	25,57	8,21	9,82	18,46	19,50	14,99	7,23	15,06	
Z	17,47	21,64	5,13	14,76	13,18	11,17	11,82	7,70	8,82	9,92	18,47	28,34	15,04	8,48	9,95	11,28	9,11	13,88	10,30	21,48

A partir da matriz gerada foi possível evidenciar maior similaridade entre os genótipos G e M ($D^2 = 1,70$). Por outro lado, os genótipos mais dissimilares foram a cultivar FM 966 e o genótipo J ($D^2 = 64,39$).

As estimativas da divergência genética demonstraram que nas combinações de genótipos mais divergentes, estava presente a cultivar FM 966 combinada a algum dos genótipos do programa de melhoramento.

A matriz gerada com os dados da segunda safra (TABELA 8) evidenciou maior similaridade entre os genótipos E e S ($D^2 = 1,20$). Por outro lado, a maior dissimilaridade genética foi obtida entre os genótipos F e J ($D^2 = 31,53$).

As estimativas dos índices de divergência demonstraram que, sempre nas combinações de genótipos mais divergentes, estavam presentes os genótipos J ou D combinado a algum dos outros genótipos.

TABELA 8. Medida da dissimilaridade genética, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca avaliados na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.

GENÓTIPOS	DP 555	FM 966	A	B	C	D	E	F	G	H	J	K	L	M	N	OB	P	R	S	T
FM 966	10,47																			
A	4,86	8,16																		
B	6,54	9,58	2,41																	
C	2,80	7,24	4,25	6,75																
D	13,13	14,15	13,33	12,14	12,72															
E	3,86	5,64	2,31	2,49	4,35	10,73														
F	13,01	4,96	13,02	16,47	6,16	16,87	10,28													
G	15,43	7,11	10,76	11,11	8,76	16,93	8,02	7,20												
H	8,52	5,87	3,44	5,41	6,57	22,63	6,42	11,93	11,82											
J	6,78	20,80	12,55	12,91	15,63	21,66	13,76	31,53	30,72	14,95										
K	5,37	8,23	6,42	6,04	5,89	7,18	7,45	14,43	17,97	9,23	10,75									
L	10,09	6,71	4,11	5,74	4,20	16,08	4,42	6,37	3,03	5,28	24,64	12,28								
M	4,19	4,64	4,00	3,29	5,32	11,30	3,67	14,91	13,15	4,90	9,81	2,21	8,87							
N	9,79	14,04	6,50	4,94	7,34	5,04	6,18	15,29	14,27	14,41	22,02	5,81	8,53	8,21						
OB	4,99	5,93	6,43	4,30	4,28	8,02	3,53	9,13	5,92	8,54	12,84	5,91	5,70	4,26	7,15					
P	5,95	8,32	9,52	7,84	5,81	8,37	4,41	11,52	8,84	14,96	18,12	7,82	9,79	5,53	8,21	3,25				
R	4,45	9,18	6,21	5,93	1,69	12,73	5,17	9,51	11,49	9,14	18,80	5,13	6,55	4,66	5,58	5,18	4,47			
S	4,70	5,45	3,18	3,65	4,71	11,27	1,20	10,04	10,95	6,60	16,09	5,66	6,30	2,34	6,32	5,64	4,56	4,02		
T	4,62	10,93	4,37	3,71	5,84	7,47	5,24	16,56	12,00	8,98	7,45	4,37	8,61	4,87	6,15	2,82	7,42	7,63	7,83	
Z	7,67	5,29	5,94	7,98	2,16	14,74	4,33	2,98	5,03	7,31	25,40	10,17	2,03	7,55	8,36	5,76	6,50	3,26	4,22	10,73

O dendrograma resultante da dissimilaridade dos genótipos com base na matriz generalizada de Mahalanobis (FIGURA 1 e FIGURA 2) permitiu o agrupamento dos genótipos nas duas safras. Para a primeira safra o coeficiente de correlação cofenética foi de 0,67 indicando representação fidedigna das distâncias genéticas dos genótipos no dendrograma (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Se considerar a dissimilaridade de 45% no critério de delimitação dos grupos tem-se a formação de seis grupos. O grupo VI foi composto apenas pelo genótipo C. No grupo V, de maneira similar ao primeiro, foi constituído exclusivamente pelo genótipo comercial FM 966. O grupo IV contém apenas o genótipo K e, no grupo III, foram alocados o genótipo OB e DP 555. O grupo II foi composto pelo genótipo D e no grupo I foram alocados os 15 genótipos restantes (S, N, P, B, Z, A, R, T, J, F, H, E, L, M e G) que totalizou 71,43% da diversidade genética existente.

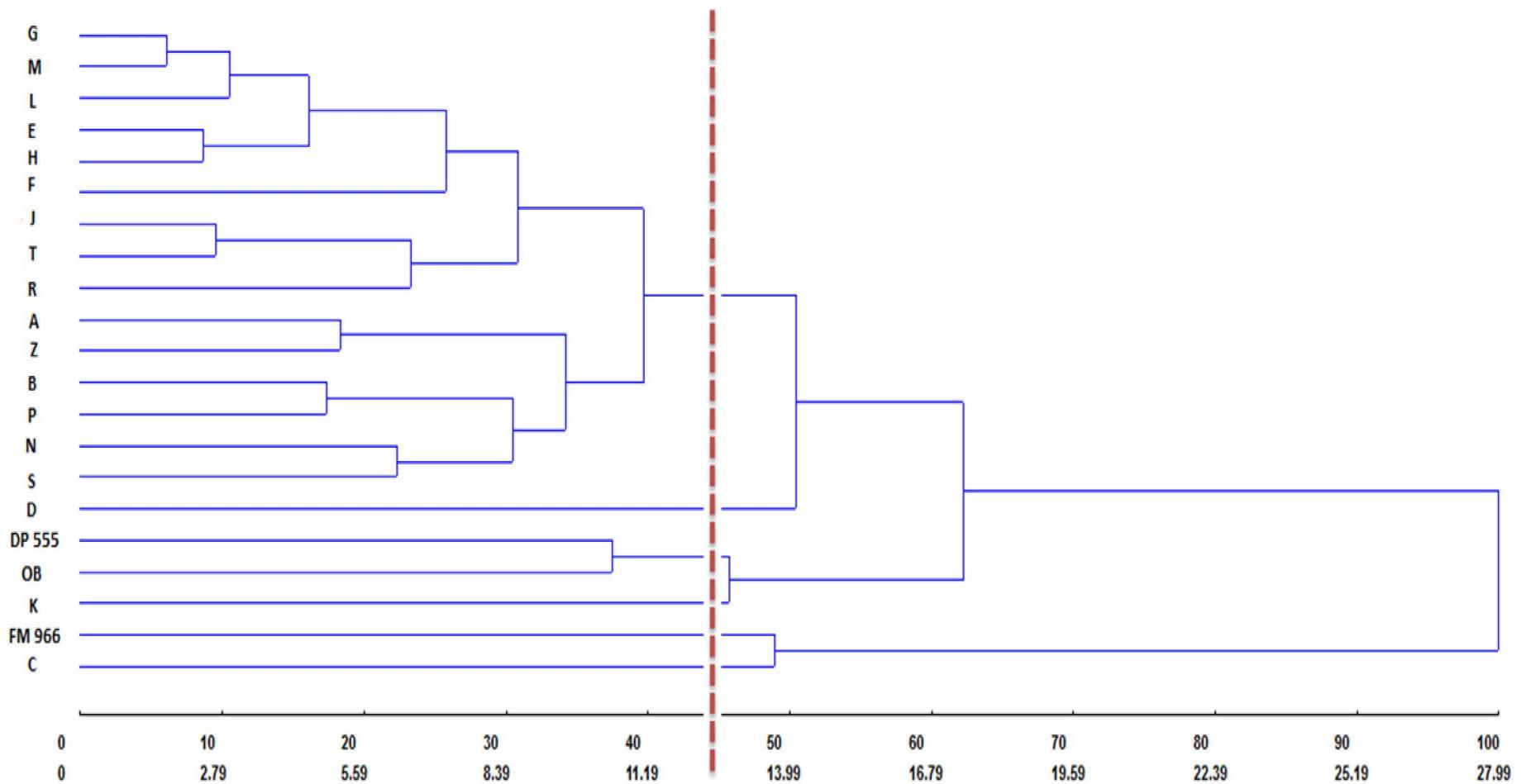


FIGURA 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA, a partir da distância generalizada de Mahalanobis em 21 genótipo de algodoeiro de fibra branca e oito caracteres da qualidade da fibra na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

No dendrograma obtido pelo método UPGMA com os dados analisados na safra 2015/2016, também foi aplicado um corte considerando a dissimilaridade genética de 45% resultando na formação de cinco grupos, um grupo a menos do que na safra anterior.

O coeficiente de correlação cofenética obtido a partir do agrupamento UPGMA foi de 0,73 indicando representação fidedigna das distâncias genéticas dos genótipos no dendrograma (FIGURA 2). Araujo et al. (2014) ao avaliarem a utilização de diferentes métodos de agrupamentos na avaliação da divergência genética em algodoeiro herbáceo obtiveram coeficiente de correlação cofenética de 0,85.

Dois grupos foram formados por genótipos isolados (H e J). O grupo IV foi constituído pelos genótipos D e N. O grupo III contém os genótipos FM 966, F, G, L e Z. E o grupo I foi composto pelos genótipos restantes (A, B, C, E, K, M, OB, P, R, S, T) além do DP 555.

A avaliação da divergência nas duas safras, segundo o Cargnelutti Filho et al. (2008) é importante, pois reduz a possibilidade de obter informações equivocadas, isto devido à variabilidade ambiental ser considerada nestes estudos.

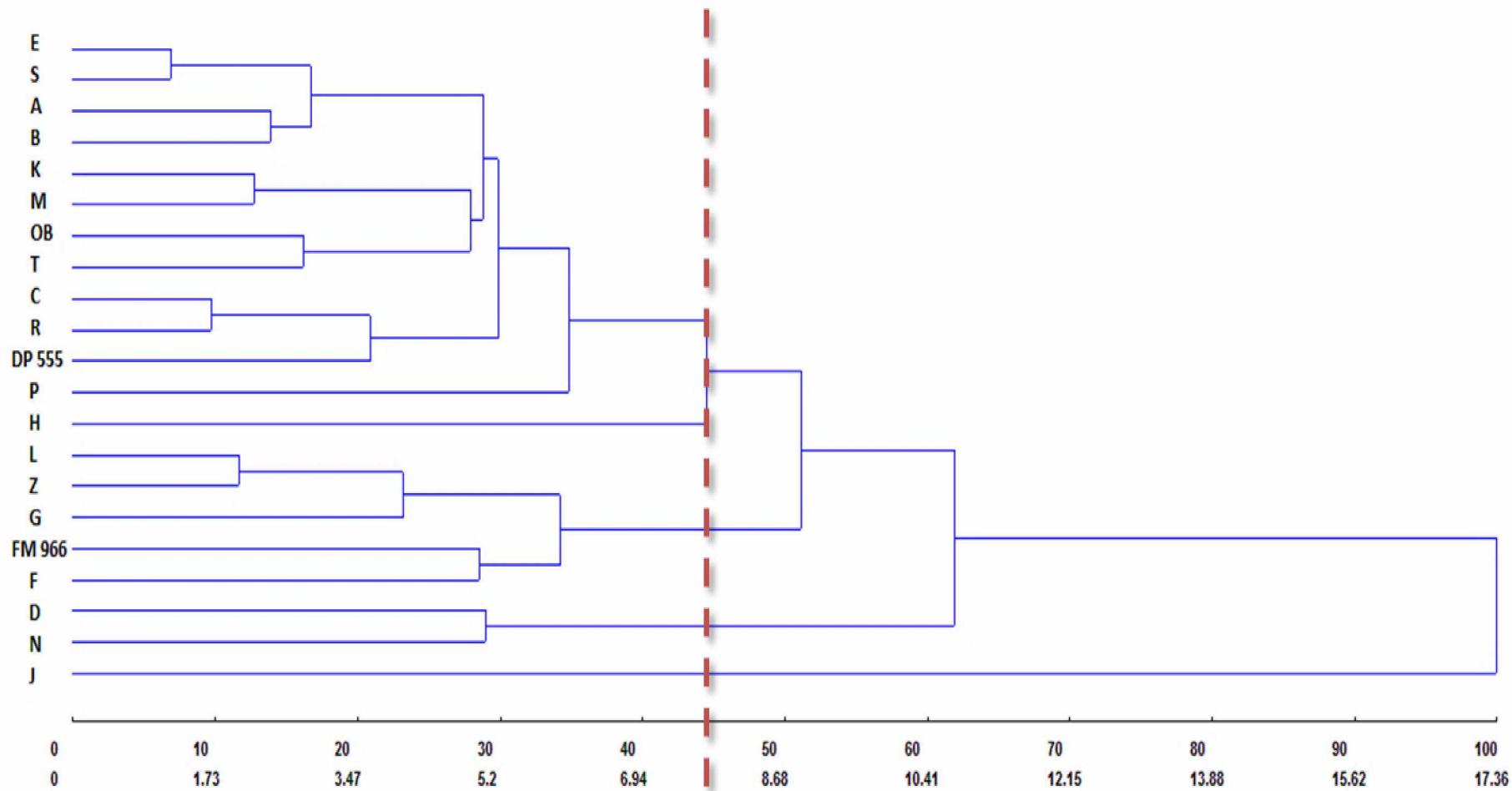


FIGURA 2. Dendrograma obtido pelo método UPGMA, a partir da distância generalizada de Mahalanobis em 21 genótipo de algodoeiro de fibra branca e oito caracteres da qualidade da fibra na safra 2015/2016. Uberlandia, MG, 2016.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher, baseada na matriz da distância generalizada de Mahalanobis, separou os 21 genótipos em quatro grupos distintos para a safra de 2014/2015 (TABELA 9). O grupo I agrupou a grande maioria dos genótipos, com 15 genótipos de algodoeiro de fibra branca (71,43%). No grupo II foram alocados os genótipos DP 555, K e OB. O grupo III agrupou os genótipos FM 966 e o C, e o último grupo apenas o genótipo D.

TABELA 9. Agrupamento de 21 genótipos de algodão, pelo método de otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis (D^2), estimada a partir de oito caracteres intrínsecos da fibra do algodoeiro, na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

GRUPOS	NÚMERO DE GENÓTIPOS	GENÓTIPOS
I	15	A, B, E, F, G, H, J, L, M, N, P, R, S, T, Z
II	3	DP 555, K, OB
III	2	C, FM 966
IV	1	D
Total	21	

Cunha Neto et al. (2015) ao estudarem a divergência genética entre genitores de algodoeiro de fibras brancas e coloridas por meio de análises multivariadas observaram a separação dos genótipos em três grupos distintos.

Na safra 2014/2015, o método UPGMA possibilitou a formação de um numero maior de grupos quando comparado ao método de otimização de Tocher. Rigon et al. (2012) também obtiveram resultados semelhantes ao estudarem a divergência genética entre cultivares de soja por meio de descritores quantitativos.

Esses resultados indicam que hibridações entre os genótipos de algodoeiro de fibra branca que compõem os grupos II, V e VI (UPGMA) e III e IV (Tocher), superiores e contrastantes para a produção de fibra de alta qualidade, possibilitarão a ampliação da variabilidade genética favorável em uma nova população, bem como a seleção de progêniess desses genótipos com a finalidade de se obter genótipos comerciais com qualidade de fibra aceitável aos padrões do comércio nacional e internacional.

A formação desses grupos representa uma valiosa informação na escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser embasadas na magnitude de suas dissimilaridades (BERTAN et al., 2006; BETINEZ et al., 2011).

Assim, a realização de novos cruzamentos entre os genótipos identificados como mais divergentes, poderá trazer resultados mais expressivos, visto que permitirão a capitalização da variabilidade genética em populações segregantes (CUNHA NETO et al., 2015)

Os vários grupos formados caracterizam a divergência genética entre os acessos pertencentes aos diferentes grupos, possibilitando ao melhorista várias alternativas de cruzamento entre acessos de diferentes grupos, visando à complementação de características na descendência (RESENDE et al., 2014).

Na segunda safra método de otimização de Tocher permitiu separar os 21 genótipos em seis grupos distintos (TABELA 10). O grupo I agrupou a maioria dos genótipos, com 13 indivíduos, dentre eles o genótipo comercial DP 555 e A, B, C, DP 555, E, K, M, OB, P, R, S, T, Z (61,90%). No grupo II foram alocados os genótipos G e L, e o grupo III agrupou apenas dois genótipos, FM 966 e o genótipo F. Da mesma forma, o grupo IV foi constituído pelos genótipos D e N. O grupo V foi constituído apenas do genótipo H, assim como o grupo VI alocando isoladamente o genótipo J.

TABELA 10. Agrupamento de 21 genótipos de algodão, pelo método de otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis (D^2), estimada a partir de oito caracteres intrínsecos da fibra do algodoeiro, na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.

GRUPOS	NÚMERO DE GENÓTIPOS	GENÓTIPOS
I	13	A, B, C, DP 555, E, K, M, OB, P, R, S, T, Z
II	2	G, L
III	2	FM 966, F
IV	2	D, N
V	1	H
VI	1	J
Total	21	

Os dois métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA, mostraram-se similares para as duas safras, fato este evidenciado também pelos autores Suinaga et al. (2005) ao estimarem a divergência em acessos de algodão e por Gilio (2014). A dissimilaridade pelo método de UPGMA associada com o método de otimização de Tocher, confere uma maior segurança para discriminar os genótipos quanto à divergência genética (ELIAS et al., 2007; ZUIN et al., 2009; SIMON et al., 2012).

Segundo Coelho et al., (2010) a mudança do genótipo, nos grupos de um ano para outro, pode ser resultado da expressão dos genes envolvidos na característica avaliada

que, dependendo do ano, pode ser diferente, o que explicaria este comportamento no presente trabalho.

Estas alternâncias da sensibilidade entre os métodos podem ser correlacionadas aos desempenhos dos genótipos em virtude das variações ambientais entre as safras, principalmente em um ano atípico como a safra de 2015/2016, onde ocorreu um acentuado déficit hídrico entre os meses de março e abril. Diferenças entre métodos de agrupamento em algodão também já foram observados por outros autores (ARAÚJO et al., 2014; COUTINHO et al., 2014), o que ratifica a necessidade de utilização de mais de um método de agrupamento para conclusões mais satisfatórias.

Além disso, agrupamentos de genótipos com base em apenas um ano podem fornecer informações equivocadas, por não considerarem a variabilidade ambiental entre anos dentro do mesmo local (CARGNELUTTI FILHO et al., 2008; BERTAN et al., 2006).

Com isso no processo de melhoramento deve enfatizar o cruzamento de acessos dentro de grupos, quando o objetivo for manter a homogeneidade ou uniformidade das características, e enfatizar o cruzamento de acessos entre grupos, quando o objetivo for criar mais variabilidade e/ou promover a heterose na descendência (REZENDE et al., 2014).

A heterose para as características das fibras do algodoeiro foi verificada em vários cruzamentos de acessos pertencentes a grupos divergentes (ZENG et al. 2013). Portanto, o agrupamento, com base na divergência genética, possibilita uma orientação prática para a condução dos trabalhos do melhorista, além de contribuir sobremaneira para a maximização do custo/benefício do programa, por meio da otimização das ações de cruzamento e seleção e do uso de recursos genéticos e financeiros (RESENDE et al., 2014).

A partir das médias dos oito caracteres fenotípicos nos grupos gerados pelo método UPGMA, evidencia-se que os grupos II, V e VI destacaram-se com o maior número de características de interesse visando a qualidade de fibra do algodoeiro. O grupo V demonstrou maior potencial com relação a resistência da fibra ($35,30 \text{ gf tex}^{-1}$), além do maior índice de consistência da fiação (173,25) (TABELA 11).

TABELA 11. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método UPGMA, avaliados na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

GRUPO	UHML	UI	SF	STR	ELG	MIC	MAT	SCI
I	31,56	85,43	5,38	31,37	6,42	4,47	0,87	156,18
II	31,41	86,25	5,24	32,09	6,73	4,08	0,86	167,72
III	31,49	85,14	5,75	33,21	6,11	4,61	0,87	158,95
IV	31,27	84,65	6,09	33,43	6,88	4,69	0,87	160,65
V	31,94	86,42	4,68	35,30	6,08	4,42	0,87	173,25
VI	32,46	85,98	4,77	33,33	5,78	4,15	0,87	165,17

UHML: Comprimento de fibra; UI: Uniformidade de fibra; SF: Índice de fibras curtas; STR: Resistência da fibra; ELG: Alongamento; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

Da mesma forma, observando-se as médias fenotípicas dos oito caracteres nos grupos obtidos pelo método de Tocher, pode-se verificar que os grupos III e IV destacaram-se positivamente em relação aos demais (TABELA 12). Os genótipos do grupo III apresentaram maior resistência de fibra ($34,31 \text{ gf tex}^{-1}$) em média, além do alto índice de consistência da fiação (169,72), assim como o genótipo do grupo IV (167,72), que além desta, obteve destaque com o maior valor médio de uniformidade e alongamento da fibra do algodoeiro (86,25% e 6,73%, respectivamente).

TABELA 12. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método de otimização de Tocher, avaliados na safra 2014/2015. Uberlândia, MG, 2016.

GRUPO	UHML	UI	SF	STR	ELG	MIC	MAT	SCI
I	31,56	85,43	5,38	31,37	6,42	4,47	0,87	156,18
II	31,41	84,98	5,86	33,28	6,37	4,63	0,87	159,51
III	32,20	86,20	4,72	34,31	5,93	4,28	0,87	169,21
IV	31,41	86,25	5,24	32,09	6,73	4,08	0,86	167,72

UHML: Comprimento de fibra; UI: Uniformidade de fibra; SF: Índice de fibras curtas; STR: Resistência da fibra; ELG: Alongamento; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

A mesma análise feita para a safra 2015/2016 evidenciou que os grupos I, IV e V destacaram-se com o maior número de características de interesse visando a qualidade de fibra do algodoeiro pelo método UPGMA. Apesar de o grupo III não ter se destacado em relação aos demais, os genótipos desse grupo apresentaram em média o maior comprimento de fibra (29,91 mm). O grupo V demonstrou, em média, o maior potencial com relação a resistência da fibra ($31,59 \text{ gf tex}^{-1}$), além do maior índice de consistência da fiação (159,45) (TABELA 13).

TABELA 13. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método UPGMA, avaliados na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.

GRUPO	UHML	UI	SF	STR	ELG	MIC	MAT	SCI
I	29,41	83,46	7,17	30,53	7,22	3,56	0,84	151,16
II	28,91	82,74	7,13	30,41	6,84	3,28	0,83	146,32
III	29,91	82,98	7,21	30,12	7,15	3,49	0,83	146,66
IV	29,56	84,24	7,88	30,43	7,30	3,68	0,84	151,29
V	28,20	82,93	7,21	31,59	7,10	3,53	0,84	159,45

UHML: Comprimento de fibra; UI: Uniformidade de fibra; SF: Índice de fibras curtas; STR: Resistência da fibra; ELG: Alongamento; MIC: Índice micronaire; MAT: Maturação da fibra; SCI: Índice de consistência da fiação.

Da mesma forma, observando-se as médias fenotípicas das oito variáveis nos grupos obtidos pelo método de otimização de Tocher, verificou-se que os grupos I, IV e VI destacaram-se positivamente em relação aos demais (TABELA 14). O genótipo do grupo VI apresentou maior resistência de fibra ($31,59 \text{ gf tex}^{-1}$) em média, além do alto índice de consistência da fiação (159,45), assim como os genótipos do G IV (151,29), que além desta, obteve destaque com o maior valor médio de uniformidade da fibra e índice micronaire (84,24% e 3,68, respectivamente).

TABELA 14. Desempenho dos genótipos nos oito caracteres fenotípicos para cada grupo de genótipos de algodoeiro de fibra branca obtidos pelo método de otimização de Tocher, avaliados na safra 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.

GRUPO	UHML	UI	SF	STR	ELG	MIC	MAT	SCI
I	29,45	83,41	7,17	30,45	7,22	3,56	0,84	150,63
II	29,91	83,30	7,29	29,94	7,43	3,35	0,83	147,38
III	29,87	82,71	7,14	30,59	6,86	3,60	0,83	147,16
IV	29,56	84,24	7,88	30,43	7,30	3,68	0,84	151,29
V	28,91	82,74	7,13	30,41	6,84	3,28	0,83	146,32
VI	28,20	82,93	7,21	31,59	7,10	3,53	0,84	159,45

UHML = Comprimento de fibra; UI = Uniformidade de fibra; SF = Índice de fibras curtas; STR = Resistência da fibra; ELG = Alongamento; MIC = Índice micronaire; MAT = Maturação da fibra; SCI = Índice de consistência da fiação.

Uma vantagem adicional do estudo da divergência genética por meio da técnica multivariada de quantificação da distância de Mahalanobis (D2), é a possibilidade de quantificar a importância relativa de cada característica avaliada para a diversidade genética. Isto é feito pela avaliação da contribuição destes para os valores de D2 (TABELA 6), segundo o método proposto por Singh (1981).

A contribuição relativa de cada característica (\hat{S}_j) para a divergência genética para a safra 2014/2015 demonstrou que as características que exerceram maior influência para a divergência genética na primeira safra foram a resistência da fibra (34,41%), o índice de consistência da fiação (14,48%), o alongamento (12,56%) e o índice micronaire (11,62%) (TABELA 15).

TABELA 15. Contribuição relativa de oito características intrínsecas da fibra para a divergência genética entre 21 genótipos de algodoeiro de fibra branca nas safras 2014/2015 e 2015/2016. Uberlândia, MG, 2016.

CARACTERES	2014/2015		2015/2016	
	S. _j	VALOR (%)	S. _j	VALOR (%)
Resistência da fibra	1078,59	34,41	126,61	7,12
Índice de Consistência da Fiação	453,98	14,48	267,99	15,06
Alongamento da fibra	393,62	12,56	165,39	9,29
Índice de Micronaire	364,15	11,62	225,64	12,68
Índice de Fibra Curtas	338,76	10,81	172,96	9,72
Uniformidade de Comprimento	240,81	7,68	195,68	11,00
Comprimento da fibra	177,22	5,65	299,49	16,83
Maturação da fibra	87,45	2,79	299,49	18,30

\hat{S}_j : contribuição da variável x para o valor da distância de Mahalanobis entre os genótipos segundo Singh (1981).

Araújo et al (2014) ao estudarem a utilização de diferentes métodos de agrupamentos na avaliação da divergência genética em algodoeiro herbáceo observou que os caracteres que mais influenciaram na divergência genética foram alongamento (23%) e índice de micronaire (12%).

No entanto a contribuição relativa de cada característica (\hat{S}_j) para a divergência genética as safra 2015/2016 demonstrou que as características que exerceram maior influência para a divergência foram a maturação da fibra (18,30%), o comprimento da fibra (16,83%), o índice de consistência da fiação (15,06%), o índice micronaire (12,68%) e a uniformidade do comprimento (11,00%) (TABELA 15).

A contribuição relativa das características variou de safra a safra, estabilizando a maior importância para algumas variáveis como o índice de consistência da fiação (SCI) e o índice micronaire (MIC) em relação às demais. Variáveis que contribuem muito para a divergência genética podem estar fortemente correlacionadas a outras características e devem ser selecionadas, diferindo daquelas que contribuem pouco, as quais são passíveis de descarte nos programas de melhoramento genético (ROTILI et al., 2012; SIMON et al., 2012, MATIELLO et al., 2016).

A resistência da fibra na safra 2014/2015 foi a característica de menor contribuição relativa, sendo o total oposto na safra 2015/2016, onde a mesma exerceu a maior contribuição relativa. Desta forma, sugere-se que todas as características do presente trabalho sejam avaliadas, tratando-se de qualidade de fibra.

Diante disso considerando o desempenho médio avaliado nas duas safras em relação às oito características intrínsecas da fibra do algodoeiro, os genótipos S, P e D demonstraram altos valores das variáveis de interesse e, portanto, são indicados para compor cruzamentos no Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG) visando alta qualidade de fibra.

4. CONCLUSÕES

Os genótipos S, P, D e a cultivar FM 966 por apresentaram características superiores quanto à qualidade da fibra são potenciais genitores em programas de melhoramento genético de algodão.

Os métodos de otimização de Tocher e UPGMA permitiram detectar a divergência genética e identificar os genitores potenciais para futuras hibridações.

Considerando concomitantemente o desempenho individual e a divergência genética são indicadas as hibridações entre P x FM 966, D x FM 966 e D x P, visando a obtenção de populações segregantes com alta qualidade de fibra.

5. REFERÊNCIAS

- AGUIAR NETO, P.P.; PITA, P. Fibras têxteis. Rio de Janeiro, RJ. SENAI/CETIC, 1996. 341p. v.1.
- ARAÚJO, L. F. de; ALMEIDA, W. S.; BERTINI, C. H. C. M.; VIDAL NETO, F. C.; BLEICHER, E. The use of different clustering methods in the evaluation of genetic diversity in upland cotton. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 2, p. 312-318, 2014.
- BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. DA S.; ARGE, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p.409-416, 2011.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; DA SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A.M.; VALÉRIO, I. P.; BUSTATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. DE; OLIVEIRA, A. C. DE; SILVA, J. A. G. DE; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, G. O. DA; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I. P.; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, v. 65, n. 1, p.55-63, 2006.
- BONIFÁCIO, D.O.C.; MUNDIM, F.M.; SOUSA, L.B. Variabilidade genética e coeficiente de determinação em genótipos de algodoeiro quanto a qualidade da fibra. **Revista Verde**, Pombal, PB. v. 10, n.3, p 66 - 71, 2015.
- BORÉM, A.; FREIRE, E. C. **Algodão: do plantio à colheita**. Ed. UFV. Viçosa, 2014, 321p.
- BRADOW, J. M.; DAVIDONIS, G. H. Effect of environment on fiber quality. pp. 229-245. In: STEWART, J. M., OOSTERHUIS, D. M., HEITHOLT, J. e MAUNNEY, J. R. (eds.). **Physiology of Cotton**. Springer, 2010.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; BURIN, C. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 236-243, 2010.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P. dos; SOUZA, J. R. de; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.38, n.8, p.2138-2145, 2008.
- CARVALHO, L. P. Contribuição do melhoramento ao cultivo do algodão. In: BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P. (Ed.). **Agronegócio do algodão no Brasil**. Brasília: Embrapa, cap. 9, p. 271-298, 2008.
- COELHO, C. M. M.; ZILIO, M.; SOUZA, C.A.; GUIDOLIN, A. F.; MIQUELLUTI, D. J. Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos

de cultivo. **Revista Ciências Agrárias**. Londrina, v. 31, suplemento 1, p. 1177-1186, 2010.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos 2016/2017, **Segundo Levantamento**, novembro/2016. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/16_11_11_14_54_21_boletim_graos_novembro_2016.pdf>. Acesso em: 15 de novembro 2016.

COUTINHO, T. C.; GUIMARÃES, M. A.; VIDAL, M. S. Determinação da diversidade genética entre acessos de algodão por meio de marcadores microssatélites. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.30, n.5, p. 1447-1458, 2014.

CRUZ, C. D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012, v. 1, 514 p.

CUNHA NETO, J.; BERTINI, C.H.C.M.; SILVA, A. P. M. S. Divergência genética entre genitores de algodoeiro de fibras brancas e coloridas. **Agrária**, Recife. v.10, n.4, p.492-498, 2015.

ELIAS, H. T.; VIDIGAL, M. C. G.; GONELA, A.; VOGT, G. A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v. 42, n. 10, p.1443-1449, 2007.

EMBRAPA ALGODÃO. **Guia de identificação e controle das principais doenças do algodoeiro no Estado de Goiás**, Campina Grande, 2003. 42p.

EMBRAPA. **Resultados de Ensaio HVI e Suas Interpretações (ASTM D-4605)**. ISSN 0100-6460. Circular técnica. 66. Campina Grande, PB. Dezembro, 2002.

FERRAUDO, A.S. **Técnicas de Análise Multivariada – uma introdução**. Treinamento. StatSoft South América, São Caetano, SP, 2010.

FREIRE, E. C. (Ed.). **Algodão no cerrado do Brasil**. ABRAPA, p. 301-332, 2015.

GILIO, T. A. S. **Divergência genética em genótipos de algodoeiro e quantificação de danos causados pela mancha de ramulária**. 59f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade do Estado de Mato Grosso, 2014.

HEQUET, E.; **Evolução do consumo mundial de fibra de algodão**. 2º Workshop da Qualidade, Cuiabá, MT, 2014.

ICAC, International Cotton Advisory Committee. **Word Cotton Market**. Disponível em: <<http://cottonaustralia.com.au/cotton-library/fact-sheets/cotton-fact-file-the-world-cotton-market>>. Acesso em: 15 de novembro 2016.

JERONIMO, J. F.; ALMEIDA, F. DE A. C.; SILVA, O. R. R. F. DA; BRANDÃO, Z. N.; SOFIATTI, V.; GOMES, J. P. Qualidade da semente e fibra de algodão na caracterização do descarocador de 25 serras. **Revista brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 18, n. 6, p. 664-671, 2014.

KAZAMA, E.H.; FERREIRA, F.M.; SILVA, A.R.B.; FIORESE, D.A. Influência do sistema de colheita nas características da fibra do algodão. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 63, n.5, p. 631-638, 2016.

MALUF, W. R.; FERREIRA, P. E.; MIRANDA, J. E. C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F1 hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, v. 3, n. 3, p. 453-460, 1983.

MATIELLO, R. R.; SILVA, D. F. G.; COELHO, C. J.; ROMANEK, C.; GARDINGO, J. R.; SILVA, A. R.; GRACZYKI, B. L.; OLIVEIRA, E. A. T. Dissimilaridade genética e definição de grupos de recombinação em progêneres de meios-irmãos de milho-verde. **Bragantia**, Campinas, v. 75, n. 4, p. 401-410, 2016.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**, v. 50, p. 159-179. 1985.

MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D. Análise dialélica em pimentão. I. Capacidade combinatória. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, p. 431-440, 1988.

MULATO, B. M.; MOLLER, M.; ZUCCHI, M. I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J. B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.

PARDE, N. S.; ZATE, D.K.; BHALERAO, G. A.; MEHETRE, S. S. Genetic divergence study in introgressed F₆ progenies from interspecific cross of (*G. arboreum* x *G. anomalum*) x *G. barbadense*. **Electronic Journal of Plant Breeding**, Índia, v. 6, n. 3, p. 680-687, 2015.

PATHAK, N.; RAI, A. K.; KUMARI, R.; BHAT, K. V.; Value addition in sesame: A perspective on bioactive components for enhancing utility and profitability. **Pharmacognosy Reviews**, v.8, n.16, p.147-55, 2014.

PENNA, J. C. V. Melhoramento do algodão. In: Borém, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. 2.ed. Viçosa: UFV, 2005. p.15-54.

PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. 14.ed. Piracicaba: Nobel, 2000. 477 p.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012, 522p.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometrics research**. New York: John Wiley and Sons, 1962. 390p.

RESENDE, M. A. V.; et al. Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra. **Pesquisa Agropecuária Tropical**. Goiânia, v. 44, n. 3, p. 334-340, 2014.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; NETO, J. F. B.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja

avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; PELUZIO, J. M.; CARVALHO, E. V. Divergência genética em genótipos de milho no Estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**. Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 516-521, 2012.

SESTREN, J. A.; LIMA, J. J. Característica e classificação da fibra de algodão. In: Freire, E.C. (Ed.). **Algodão no cerrado do Brasil**. Brasília: ABRAPA, 2007. p.765-782.

SESTREN, J. A.; LIMA, J. J. Características e classificação da fibra do algodão. In: FREIRE, E. C. **Algodão no cerrado do Brasil**. Associação Brasileira dos Produtores de Algodão – ABRAPA. Aparecida de Goiânia: Mundial Gráfica. 2^a ed. 1082 p. 2011.

SILVA, G.; OLIVEIRA, R. A.; QUEIROZ, N. L. Q.; MELCHIOR N. B. SILVA, M. F. S. S. Desempenho agronômico de algodão orgânico e oleaginosas consorciados com palma forrageira. **Engenharia agrícola e ambiental**, v.17, p.975–981, 2013.

SIMON, G. A., KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 2, p. 449-458, 2012.

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

SNIDER, J. L.; KAWAKAMI, E. M. Efeito da temperatura no desenvolvimento do algodoeiro. In: **O algodoeiro e os estresses abióticos Temperatura, luz, água e nutrientes**. Cuiabá, 2014. p.13-30.

SOUSA, F. F. de. **Diversidade genética de uma população de algodão arbóreo (*Gossypium hirsutum* L., raça. *Marie galante Hutch*)**. 16f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agroecologia) – Universidade Estadual da Paraíba, Centro de Ciências Agrárias e Ambientais, 2012.

SOUSA, L. B. O algodoeiro: alguns aspectos importantes da cultura. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, Pombal, v. 5, n. 4, p. 19-26, 2010.

SUINAGA F. A.; BASTOS C. S.; RANGEL L. E. P. Multivariate analysis of genetic divergence in cotton. **Revista Brasileira de Oleaginosas e fibrosas**, 9: 931-937, 2005.

TEODORO, P. E.; CARVALHO, L. P.; FARIA, F. J. C.; MORELLO, C. L. Uso da metodologia REML/BLUP para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v. 75, n. 3, p. 314-321, 2016.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JUNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, p. 1421-1428, 2007.

ZENG, L.; WU, J.; BECHERE, E. Genetic effects and genetic values of fiber properties in F2 and F3 hybrids between germplasm lines and high yield cultivars. **Euphytica**, Wageningen, v. 190, n. 3, p. 459-469, 2013.

ZUIN, G. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; VIGIGAL, M. C. G.; COIMBRA, G. K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.