

MELISSA CRISTINA DE CARVALHO MIRANDA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODEIRO
VISANDO AMPLIAÇÃO DA VARIABILIDADE**

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
2019

MELISSA CRISTINA DE CARAVALHO MIRANDA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO
VISANDO AMPLIAÇÃO DA VARIABILIDADE**

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”.

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

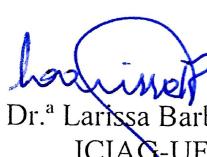
UFU/IBTEC

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

UFU/ICIAG

Dr. Mauro Sergio de Oliveira Leite

Bayer


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

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2019

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

M672d
2019

Miranda, Melissa Cristina de Caravalho, 1994
Diversidade genética entre genótipos de algodoeiro visando
ampliação da variabilidade [recurso eletrônico] / Melissa Cristina de
Caravalho Miranda. - 2019.

Orientadora: Larissa Barbosa de Sousa.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2019.1284>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

1. Agronomia. 2. Algodão - Cultivo. 3. Melhoramento genético. I.
Sousa, Larissa Barbosa de, 1985, (Orient.) II. Universidade Federal de
Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

Angela Aparecida Vicentini Tzi Tziboy – CRB-6/947

AGRADECIMENTOS

A Deus e Nossa Senhora Aparecida, por sempre me conceder sabedoria nas escolhas dos melhores caminhos e coragem para acreditar.

À minha mãe Patrícia Regina, a quem eu dedico mais esta conquista, pelo apoio incondicional e por tornar possível a realização dos meus sonhos.

Aos meus irmãos Mariane Miranda e Paulo Henrique pela paciência, amor e suporte durante toda minha vida, que nos momentos de minha ausência dedicados ao estudo, sempre entenderam e apoiaram.

À minha orientadora Dr.^a Larissa Barbosa de Sousa, por despertar em mim o amor pelo “Melhoramento Genético de Plantas”, no momento em que foi minha professora de graduação e agora pela oportunidade e suporte na elaboração deste trabalho.

Ao Daniel Bonifácio, pelos ensinamentos, orientações, constante incentivo, otimismo e amizade.

Aos integrantes do Programa de Melhoramento de Algodoeiro da UFU, em especial Daniela Valiati, Thatiane Paiva, Gabriela Santana, Izabela Motta, Patrícia Soares e Larissa Mayara pelo auxílio no campo.

Aos amigos Natália Moraes, Luciana Moraes, Marina Freitas, Carolina Oliveira, Thiago Landim e Wender Rezende pela amizade e ajuda.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos que possibilitou a realização desta pesquisa.

À Universidade Federal de Uberlândia e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia pela oportunidade e estrutura.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) pela concessão das sementes para realização desta pesquisa, em especial o auxílio do Dr. Francisco José Correia Farias.

À Associação Mineira dos Produtores de Algodão (AMIPA) pelo suporte nas análises de qualidade da fibra do algodão, em especial Anicézio Resende.

Aos membros constituintes da banca examinadora, Prof.^a Dr.^a Ana Paula Oliveira Nogueira, Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel e Dr. Mauro Sérgio de Oliveira Leite pelas considerações enriquecedoras ao trabalho.

À todas as pessoas que contribuíram de forma direta e indireta para a realização deste trabalho e para o meu crescimento pessoal e profissional.

LISTA DE TABELAS

TABELA 1. Caracterização dos genótipos de algodoeiro utilizados no trabalho.....	14
TABELA 2. Avaliações do ensaio de campo de acordo com cada estádio de desenvolvimento da planta de algodoeiro descritos pela “Escala do Algodão” proposta por Marur e Ruano (2001).....	16
TABELA 3. Descrição das avaliações agronômicas realizadas no ensaio de campo.....	17
TABELA 4. Descrição das avaliações de produtividade realizadas no ensaio.....	18
TABELA 5. Características tecnológicas de qualidade da fibra de algodão.....	18
TABELA 6. Resumo da análise de variância e estimativa de parâmetros genotípicos para as características avaliadas em genótipos de algodoeiro cultivados em campo. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.....	25
TABELA 7. Média das características de agronômicas em genótipos de algodoeiro. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.....	28
TABELA 8. Média dos índices de produtividade em genótipos de algodoeiro. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.....	30
TABELA 9. Correlações fenotípicas e genotípicas entre características avaliadas em 18 genótipos de algodoeiro em Uberlândia-MG.	32
TABELA 10. Média das características de qualidade da fibra em genótipos de algodoeiro. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.....	33
TABELA 11. Agrupamento de 18 genótipos de algodoeiro, pelo método de Tocher, utilizando a distância de Mahalanobis como medida de distância genética.	39
TABELA 12. Variáveis canônicas, obtidas a partir da análise de 28 variáveis em genótipos de algodoeiro.	40
TABELA 13. Estimativas e probabilidade para contraste dos genótipos desenvolvidos pelo PROMALG UFU em comparação com as cultivares comerciais por teste de Scheffé.	42
TABELA 14. Dissimilaridade entre 18 genótipos de algodoeiro em relação a 28 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.	47
TABELA 15. Dissimilaridade entre 18 genótipos de algodoeiro em relação a 7 características de qualidade da fibra, com base na distância generalizada de Mahalanobis.....	48

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. Temperatura máxima e mínima (°C) e precipitação pluviométrica (mm) coletados por uma estação meteorológica Davis Vantage Pro2, na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2017/18. Fonte: Estação Meteorológica da Fazenda Capim Branco.	15
FIGURA 2. Estimativas da contribuição relativa de Singh de cada característica (S.j) para a detecção de divergência genética em genótipos de algodoeiro.	36
FIGURA 3. Dendograma da divergência genética entre 18 genótipos de algodoeiro, obtido pelo método hierárquico de ligação média “UPGMA”, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2).	38
FIGURA 4. Dispersão gráfica de 18 genótipos de algodoeiro, em relação às três primeiras variáveis canônicas, estabelecidas pela combinação linear de caracteres. VC1: variável canônica 1; VC2: variável canônica 2; VC3: variável canônica 3; VC1+ VC2 + VC3= 85,62%.	41

SUMÁRIO

RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 Importância econômica da cultura do algodoeiro e demandas do setor têxtil	3
2.2 Programas de melhoramento do algodoeiro no Brasil	4
2.3 Importância da divergência genética do algodoeiro	7
2.4 Estudo da divergência genética	10
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
3.1 Descrição experimental.....	13
3.2 Características avaliadas	15
3.2 Análises estatísticas	20
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	24
4.1 Inferências sobre a variabilidade genética e precisão experimental.....	24
4.2 Análise das características fenotípicas dos genótipos de algodoeiro.....	27
4.3 Análise da divergência genética dos genótipos de algodoeiro	36
5. CONCLUSÕES	49
REFERÊNCIAS	50

RESUMO

MIRANDA, MELISSA CRISTINA DE CARVALHO. **Diversidade genética entre genótipos de algodoeiro visando ampliação da variabilidade.** 2019. 59 p. Dissertação (Mestrado em agronomia/ Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.¹

O sucesso da cotonicultura brasileira se deve principalmente ao investimento em pesquisa e tecnologia de produção, destacando-se o progresso dos programas de melhoramento genético. Para garantir o contínuo desenvolvimento de cultivares é necessário realizar o aproveitamento dos recursos genéticos disponíveis dentro do gênero *Gossypium*, entretanto os genótipos atuais tendem a apresentar uma base genética estreita, e associado ao cultivo de germoplasma semelhante em grandes áreas, propiciam maior vulnerabilidade a estresses bióticos e abióticos. Assim, para que seja possível à obtenção de ganhos genéticos e a identificação de combinações híbridas de maior efeito heterótico em genótipos de algodoeiro, torna-se necessário o conhecimento da diversidade genética da população base e satisfatório desempenho agronômico. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética entre genótipos de algodoeiro dos principais programas de melhoramento do Brasil e indicar as melhores combinações híbridas a fim de ampliar a variabilidade. O trabalho foi realizado em condições de campo em Uberlândia (MG) na safra 2017/2018. O ensaio foi conduzido em delineamento experimental de blocos completamente casualizados, com 18 genótipos e três repetições. Foram selecionados três genótipos dos programas de melhoramento Embrapa, Monsanto Deltapine, Fibermax, IMA, TMG e PROMALG UFU. Foram realizadas avaliações quando as plantas estavam nos estádios fenológicos de 5 folhas completamente desenvolvidas (V5), aparecimento do primeiro capulho (C1), no florescimento pleno e maturidade plena, além da determinação de produtividade do algodoeiro e rendimento de pluma. Também foram aferidas as características de qualidade da fibra, tais como comprimento da fibra, uniformidade do comprimento, índice de fibras curtas, resistência, alongamento, micronaire e a maturidade da fibra. Foram realizadas as análises de variância individual e multivariadas, estimando-se a divergência genética com base nos procedimentos multivariados de distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento dos genótipos pelos métodos de otimização de Tocher, UPGMA e dispersão gráfica por variáveis canônicas. Realizou-se o estudo de correlação entre as características com maior razão CVg/CVe e coeficiente de determinação genotípico. Também foi determinada a contribuição relativa das características para detecção de divergência genética pela metodologia de Singh. Foi detectada moderada divergência genética entre os genótipos provenientes dos programas de melhoramento do Brasil. Hibridações entre os genótipos BRS 433 e FM 980 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética, maior potencial produtivo, de rendimento de pluma e qualidade de fibra. Cruzamentos entre os genótipos desenvolvidos pelo PROMALG com FM 980 são interessantes para melhorar a quantidade e qualidade de fibras de UFUJP-B, UFUJP-H e UFUJP-P. As características de qualidade da fibra, maturidade, micronaire e alongamento de fibras apresentaram maior contribuição para detecção da divergência genética.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*, diversidade genética, características quantitativas.

¹Orientadora: Larissa Barbosa de Sousa – UFU.

ABSTRACT

MIRANDA, MELISSA CRISTINA DE CARVALHO. **Genetic diversity among cotton genotypes aimed at increasing variability.** 2019. 59 p. Dissertation (Master Program Agronomy/Crop Science) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia.¹

The success of Brazilian cotton cultivation is mainly due to investment in research and production technology, highlighting the progress of breeding programs. In order to guarantee the continuous development of cultivars it is necessary to make use of the genetic resources available within the genus *Gossypium*; however, the current genotypes tend to present a narrow genetic base, and associated with the cultivation of similar germplasm in large areas, provide greater vulnerability to biotic and abiotic stresses. Thus, in order to obtain genetic gains and the identification of hybrid combinations of greater heterocyclic effect in cotton genotypes, it is necessary to know the genetic diversity of the base population and satisfactory agronomic performance. The objective of this work was to evaluate the genetic diversity among cotton genotypes of the main breeding programs in Brazil and to indicate the best hybrid combinations in order to increase the variability. The work was carried out under field conditions in Uberlândia (MG) in the 2017/2018 harvest. The experiment was conducted in a completely randomized block design with 18 genotypes and three replicates. Three genotypes were selected from the breeding programs Embrapa, Monsanto Deltapine, Fibermax, IMA, TMG and PROMALG UFU. Evaluations were made when the plants were in the fully developed phenological stages of 5 leafs (V5), appearance of the first bud (C1), in full bloom and full maturity, as well as determination of cotton yield and feather yield. The fiber quality characteristics, such as fiber length, uniformity of length, short fiber index, strength, elongation, micronaire and fiber maturity were also checked. Individual and multivariate analyzes of variance were performed, estimating the genetic divergence based on the multivariate procedures of generalized distance of Mahalanobis and grouping of the genotypes by the Tocher optimization methods, UPGMA and graphic dispersion by canonical variables. The correlation study between the characteristics with higher CVg/CVe ratio and the genotypic determination coefficient was performed. It was also determined the relative contribution of the characteristics to detect genetic divergence by Singh's methodology. Moderate genetic divergence was detected among genotypes from breeding programs in Brazil. Hybrids between genotypes BRS 433 and FM 980 are promising for obtaining segregating populations with genetic variability and greater productive potential, feather yield and fiber quality. Crosses between the genotypes developed by PROMALG with FM 980 are interesting to improve the quantity and quality of UFUJP-B, UFUJP-H and UFUJP-P fibers. The characteristics of fiber quality, maturity, micronaire and fiber elongation showed a greater contribution to the detection of genetic divergence.

Keywords: *Gossypium hirsutum*, genetic diversity, quantitative characteristics.

¹Major Professor: Larissa Barbosa de Sousa – UFU

1. INTRODUÇÃO

A cotonicultura é um dos setores mais modernos e promissores do Brasil, sendo a produção brasileira na safra 2017/2018 a quarta maior do mundo, com a obtenção de recordes de produtividade (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2018b). Neste cenário positivo, segundo projeção realizada pela Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (2018), em 2027 o Brasil deve se tornar o segundo maior exportador mundial, fato esse que ocorre em função dos incrementos em produtividade e qualidade da fibra produzida no país.

O aumento da oferta de algodão se deve principalmente ao investimento em pesquisa e tecnologia de produção, destacando-se o progresso dos programas de melhoramento genético no Brasil. Tais programas visam atender as exigências dos segmentos da cadeia produtiva representados pelo produtor, as empresas de beneficiamento e a indústria de fiação e tecelagem (PENNA, 2005). As demandas da pesquisa dos programas de melhoramento do algodoeiro no Brasil são voltadas basicamente para aumentar a produtividade de pluma, melhorar a qualidade da fibra, reduzir os custos de produção e os riscos fitossanitários (VIDAL NETO; FREIRE, 2013).

Para garantir o contínuo desenvolvimento das cultivares é necessário aproveitamento dos recursos genéticos disponíveis dentro de cada espécie. Especificamente para o gênero *Gossypium*, a variabilidade é enorme, devido ao grande número de espécies e variedades botânicas existentes (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Entretanto, com a demanda de genótipos que agreguem características agronômicas e tecnológicas favoráveis, a utilização de cultivares de sucesso como genitores é frequentemente a primeira opção de estratégia dos melhoristas, propiciando a ocorrência de estreitamento da base genética, que associado ao cultivo de germoplasma semelhante em grandes áreas de lavoura, levam a um alto nível de homogeneidade em campo (BORÉM; MIRANDA, 2013; MEHBOOB-UR-RAHMAN, 2012).

Nota-se que quando o germoplasma é uniforme, os diferentes indivíduos reagem de forma muito semelhante às modificações do meio (COSTA; SPEHAR, 2012). Além disso, o uso de genitores com limitada diversidade genética restringe a variabilidade quanto aos caracteres quantitativos e elimina informações biológicas potencialmente úteis aos homens, como valiosos compostos bioquímicos ainda desconhecidos (FEHR, 1987; CRUZ *et al.*, 2011).

Para enfrentar os problemas da baixa variabilidade genética derivados da intensiva agricultura moderna, os programas de melhoramento necessitam ter disponível um amplo conjunto de genes, de modo que a partir da formação de uma população base diversificada com desempenho agronômico satisfatório, seja possível a obtenção de ganhos genéticos e a identificação de combinações híbridas de maior heterozigose e efeito heterótico (CARVALHO *et al.*, 2003; HOYT, 1992). Assim, as técnicas dos melhoristas devem ser direcionadas para além do desenvolvimento de genótipos superiores, mas também para o comprometimento de preservar o repositório gênico do algodoeiro, permitindo a aplicação de políticas de conservação de germoplasma (CRUZ *et al.*, 2011; VIDAL NETO; FREIRE, 2013).

No estudo da diversidade genética é importante realizar análises multivariadas de características fenotípicas, uma vez que a principal pressuposição para predição de cruzamentos é que, além da diversidade, o desempenho agronômico seja considerado (NICK *et al.*, 2010). Destacam-se aquelas de natureza quantitativa, em razão de serem a maioria dos atributos de interesse econômico no algodoeiro, sendo mais influenciadas pelo ambiente e que, portanto, requerem muitos esforços para maximizar o êxito na escolha adequada de combinações híbridas que expressem seu real potencial genético (CRUZ *et al.*, 2011).

A maioria das pesquisas sobre divergência genética do algodoeiro utiliza apenas as características quantitativas, tais como de produtividade, rendimento e qualidade da fibra, desconsiderando os demais caracteres fenotípicos que podem afetar estas características principais. Contudo, é importante integrar todas as variáveis possíveis, a fim de que não ocorra a segmentação das inferências sobre a divergência genética entre genótipos e haja um melhor embasamento para a tomada de decisão em programas de melhoramento genético (CARVALHO *et al.*, 2017).

Torna-se também relevante conhecer o grau de importância das características para detecção de divergência genética, auxiliando no descarte de variáveis com menor contribuição e consequentemente diminuindo mão-de-obra, tempo e custos com avaliações desnecessárias (CRUZ *et al.*, 2012).

Baseado no exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética entre genótipos de algodoeiro dos principais programas de melhoramento do Brasil e indicar as melhores combinações híbridas a fim de ampliar a variabilidade.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância econômica da cultura do algodoeiro e demandas do setor têxtil

A cultura do algodoeiro tornou-se nos últimos anos uma das principais *commodities* brasileiras, de forma que o Brasil atualmente ocupa a quarta posição entre os maiores produtores mundiais, atrás apenas de países como Índia, China e Estados Unidos (UNITED STATES, 2018).

O algodão é um produto de extrema importância socioeconômica para o país, pois além de ser a principal fibra natural utilizada como matéria-prima da indústria têxtil mundial, gera uma cadeia que engloba desde a produção no campo até o beneficiamento e utilização de seus subprodutos, destacando-se como importante fonte de renda e emprego (CONAB, 2017).

Na safra 2017/2018 houve um aumento de cerca de 29% na produção de algodão brasileira, influenciado pelo acréscimo de área plantada (237 mil hectares) e produtividade (3,2%) em relação à safra 2016/2017, contribuindo fortemente para o aumento da produção mundial (CONAB, 2018a; UNITED STATES, 2018). Entretanto, quando se avalia ao longo dos anos os dados de incremento da produção de algodão no Brasil, observa-se que não houve um aumento expressivo da área destinada ao seu cultivo, mas um aumento na quantidade de algodão produzida por unidade de área (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE ALGODÃO - ABRAPA, 2018).

Os incrementos nos níveis de produtividade no Brasil começaram a ocorrer significativamente a partir de 1996, quando o setor se organizou e se transformou num modelo empresarial, baseado em grandes lavouras com intensa adoção de tecnologia para a necessária competitividade e sobrevivência na economia que se globalizava, aliado a transferência e expansão para outras regiões tais como o centro-oeste e oeste baiano (ALVES *et al.*, 2014; ALVES *et al.*, 2008).

A expansão da cultura no cerrado brasileiro modificou o país da condição de importador para a de exportador de pluma, sendo atualmente um dos principais exportadores mundiais de algodão. Ressalta-se que a produção nacional é principalmente baseada em algodão de sequeiro, enquanto que outros países utilizam a cultura irrigada, tal fato, aliado aos significativos avanços no desenvolvimento da genética das cultivares, demonstram a eficiência das regiões produtoras (ALVES *et al.*, 2014). Estes resultados

positivos são provenientes de esforços conjuntos de produtores, pesquisadores, instituições públicas e privadas na geração e difusão de novas tecnologias para melhoria do sistema produtivo (ARAUJO, 2017).

Neste cenário, um dos desafios da cotonicultura brasileira é se tornar tão competitiva na qualidade quanto já é na produtividade da fibra, a fim de permitir a melhor exploração de nichos de mercados com superior remuneração, já que apesar de existirem inúmeras aplicações dos subprodutos de algodão, a indústria têxtil é o principal cliente dos cotonicultores (ABRAPA, 2012).

A pesquisa no Brasil tem focado na melhoria dos padrões de qualidade das fibras, de forma a tornar o país destaque entre os principais produtores de fibras longas e extralongas de algodão, tais como o Egito, China, Estados Unidos, Índia, Turquemenistão e o Sudão, pois a produção desses tipos de fibras apresenta como benefício o incremento no valor pago pela pluma de algodão (ABRAPA, 2012).

Diante do exposto, um dos fatores que influenciam fortemente o aumento da oferta mundial de algodão é o uso de novas tecnologias, com destaque para o desenvolvimento de novas cultivares, sendo para isso necessário a evolução constante das estratégias dos programas de melhoramento genético no Brasil.

2.2 Programas de melhoramento do algodoeiro no Brasil

O melhoramento do algodoeiro no Brasil é realizado desde o início do século XX e tem como marco inicial a criação, em 1924, da Seção de Algodão no Instituto Agronômico de Campinas (IAC) no estado de São Paulo (TELES; FUCK, 2016). Posteriormente, em 1975 a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) iniciou o desenvolvimento de cultivares com a criação do Centro Nacional de Pesquisa de Algodão (CNPA), e a partir desta mesma data no Estado do Paraná, o Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR) desenvolveu pesquisas com melhoramento do algodoeiro (FREIRE *et al.*, 2015).

Observa-se que nas décadas de 1980 e 1990, as cultivares eram desenvolvidas pelo IAC, IAPAR e pela Embrapa Algodão, oriundas das regiões de São Paulo, Paraná e Nordeste do Brasil, e que não havia programas direcionados para o cerrado brasileiro, de forma que nestes locais os trabalhos restringiam-se apenas a avaliações dos genótipos desenvolvidos em outras regiões do país (FREIRE *et al.*, 2015).

Este cenário de incipientes programas de melhoramento direcionados para atender a demanda de cultivares no cerrado só passou por modificações em 1993, quando a Fundação MT foi criada, com a união de produtores de sementes de soja do Mato Grosso. Esta estabeleceu fortes parcerias com a Embrapa Algodão, o IAC e o IAPAR, e durante cinco anos deu suporte a esses programas no estado do Mato Grosso, mas em 1995 tornou-se independente, criando a empresa Tropical Melhoramento Genético (TMG) em parceria com a Embrapa para administrar a pesquisa nessa área, lançando as primeiras cultivares. Posteriormente, com o encerramento desta parceria em 2000, a Embrapa transferiu metade das linhagens em fase final de melhoramento para a TMG, que passou a conduzir um programa de melhoramento próprio (FREIRE *et al.*, 2015).

A partir de 1995, novas empresas de melhoramento além da TMG introduziram investimentos no cerrado, tal como a Cooperativa Central Agropecuária de Desenvolvimento Tecnológico (Coodetec), que possuía um programa com atuação apenas no Paraná, e em parceria com o Centro de Cooperação Internacional em Pesquisa Agronômica para o Desenvolvimento (Cirad) desenvolveu cultivares para o Mato Grosso até o ano de 2007 (FREIRE *et al.*, 2015).

Em 1999 a Monsanto iniciou seu programa de melhoramento com a formação da Maeda DeltaPine Monsanto Algodão Ltda (MDM), em associação com a Delta & Pine Land Company, até aquele momento maior produtora de sementes de algodão do mundo, e o grupo Maeda, que era líder na produção e comercialização das fibras do país (FREIRE, 2014).

A partir de 2000, a Bayer Cropscience adquiriu o programa de melhoramento da Aventis Seeds, com o uso do germoplasma do CSIRO-CSD da Austrália, e iniciou o lançamento de cultivares de algodão no Brasil. Desde 2010 a marca FiberMax, vinculada à Bayer até 2018 e atualmente pertencente a BASF, é uma das maiores produtoras de sementes de algodão no país. O sucesso pode ser decorrente da adaptação de cultivares que foram desenvolvidas na Austrália, onde a reduzida área plantada estimulou o mercado de sementes a investir em qualidade da fibra como diferencial (TELES; FUCK, 2016).

O Instituto Mato Grossense do Algodão (IMAMT) foi criado em 2007 e realiza atividades de pesquisa, desenvolvimento e difusão de novas tecnologias em diversas áreas para os produtores de algodão do Mato Grosso. Para o estabelecimento de seu programa de melhoramento de algodoeiro, houve a obtenção de banco de germoplasma oriundo dos Estados Unidos, da França e do Brasil, inclusive adquirindo o programa de melhoramento do algodoeiro da Coodetec (FREIRE, 2014).

Observa-se que a pesquisa pública foi a principal responsável pelo desenvolvimento de cultivares até a década de 1980, entretanto com a implementação da Lei de Proteção de Cultivares no Brasil, em 1997, houve grande estímulo para que as empresas de melhoramento privadas, principalmente multinacionais, investissem nos programas de melhoramento de algodoeiro, já que ocorreram mudanças legais e regulatórias que protegiam a propriedade intelectual e asseguravam a exclusividade dos direitos de exploração comercial das cultivares (CUNHA, 2011; SANTOS, 2013; TELES; FUCK, 2016).

As multinacionais cresceram principalmente por meio da aquisição de programas privados de melhoramento genético vegetal e se consolidaram por meio de investimentos substanciais, garantindo o domínio da biotecnologia (SANTOS, 2013). Por conseguinte, atualmente as instituições públicas ocupam um papel secundário no melhoramento genético para a cotonicultura empresarial, de forma que voltam seus esforços principalmente para atender o pequeno produtor (TELES; FUCK, 2016).

Dentro deste contexto, ao longo dos anos a oferta de cultivares de algodoeiro cresceu rapidamente, evoluindo de uma dezena de cultivares na década de 1990 a atualmente 81 cultivares de algodão protegidas no Sistema Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) no Brasil (BÉLOT, 2007; SNPC, 2018). Sendo que do total de cultivares protegidas, mais de 95% são provenientes de cinco empresas, que são Embrapa, Fibermax, Monsanto DeltaPine, TMG e o IMAMT (TELES; FUCK, 2016).

Os programas de melhoramento de algodoeiro no Brasil visam atender as exigências dos segmentos da cadeia produtiva representados pelo produtor, as empresas de beneficiamento e a indústria de fiação e tecelagem (PENNA, 2005). O produtor demanda cultivares de alta produtividade, de ciclos médio e precoce, adaptados a colheita mecanizada, com resistência múltipla a doenças e nematóides, além de possuírem características transgênicas, como resistência a pragas, tolerância a herbicidas e à seca (FREIRE, 2014).

Já para as empresas de beneficiamento, interessa principalmente o maior rendimento da pluma extraída do algodão em caroço e um baixo nível de impurezas (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). A indústria de fiação e tecelagem, por sua vez, exige que as fibras atendam aos atributos de qualidade, para permitir o maior rendimento das máquinas com o menor custo (PENNA, 2005).

Os métodos mais utilizados no melhoramento do algodoeiro são ainda os convencionais de cruzamentos entre genitores, sendo a variação natural entre os

diferentes genótipos o principal fornecedor de novas características fenotípicas (COUTINHO *et al.*, 2014). Mas para algumas características importantes como resistência às pragas e tolerância à herbicidas, os eventos transgênicos são utilizados de forma expressiva, de forma a inserir as novas características obtidas por transformação genética em cultivares que já apresentam alta produtividade, alto rendimento de pluma e qualidade superior de fibra (CARVALHO *et al.*, 2003).

Apesar dos avanços da biotecnologia, os pesquisadores continuam a depender do germoplasma convencional para o desenvolvimento de novas cultivares, já que é fonte de variabilidade genética e possibilita o acesso a todo o acervo de genes contido no conjunto de genótipos do gênero *Gossypium* (HOYT, 1992). Especificamente para este gênero a variabilidade é enorme, devido ao grande número de espécies e variedades botânicas existentes, ressaltando-se a necessidade de haver a proteção da variação genética dentro de cada espécie e de se realizar o maior aproveitamento dos recursos genéticos pelos programas de melhoramento do Brasil (VIDAL NETO; FREIRE, 2013).

2.3 Importância da divergência genética do algodoeiro

Atualmente, os genótipos de algodoeiro em cultivo são especializados para obter altas produtividades e qualidade de fibra, sendo o resultado de rigorosa seleção das características desejadas pela cadeia agroindustrial do algodão.

Entre os germoplasmas disponíveis para realizar hibridações, a utilização de cultivares atuais como genitores é frequentemente a primeira opção de estratégia dos melhoristas, já que agrupa características agronômicas e tecnológicas favoráveis mais rapidamente (SANTOS *et al.*, 2017). Apesar dos pequenos ganhos genéticos obtidos, é esperado que com esse cruzamento as combinações alélicas favoráveis sejam preservadas e que a população obtida apresente alto desempenho médio (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Como impacto desta intensa seleção e utilização contínua dos mesmos acessos genéticos para desenvolver novas cultivares, tende a haver uma limitada variabilidade na base genética empregada no desenvolvimento de cultivares (MEHBOOB-UR-RAHMAN, 2012). Em contrapartida, para que possa haver ganhos genéticos, objetivo de qualquer programa de melhoramento, é necessário que haja variabilidade genética, de modo a gerar possíveis recombinações que possibilitem a obtenção de ganhos genéticos (LUDKE *et al.*, 2017).

A variabilidade genética refere-se aos indivíduos geneticamente diferentes dentro de uma espécie em particular, decorrente do acúmulo de mutações e rearranjos nos genomas (COSTA; SPEHAR, 2012). Sendo assim, uma baixa variabilidade expressa que as informações contidas nos cromossomos entre os indivíduos da mesma espécie são muito semelhantes, ou existem poucas variações alélicas nos diferentes genes (COSTA; SPEHAR, 2012).

No gênero *Gossypium*, ao qual pertence o algodoeiro, a variabilidade é enorme, haja vista o grande número de espécies e variedades botânicas existentes, resultando em ampla variação de características morfológicas e fisiológicas nas plantas (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Contudo, dentre as 52 espécies já descritas no gênero, apenas os genes contidos nos indivíduos das espécies allotetraplóides *G. hirsutum*, *G. barbadense*, *G. mustelinum*, *G. tomentosum* e *G. darwinii*, podem ser usados diretamente para a produção de cultivares, sendo a transferência realizada pelo simples cruzamento manual das flores (BARROSO; HOFFMANN; BORÉM, 2014). As demais espécies são diplóides, sendo necessária a realização de procedimentos que envolvam duplicações cromossômicas para a obtenção de indivíduos férteis ou procedimentos mais complexos e com baixo nível de sucesso (BARROSO; HOFFMANN; BORÉM, 2014).

Ao analisar-se o histórico do melhoramento no Brasil, nota-se que grande parte das cultivares de algodoeiro lançadas foram originadas de introduções de variedades dos Estados Unidos, como Texas Big Boll, Express e Stoneville ou de seleção feitas de outras cultivares já existentes, indicando uma baixa diversidade genética e subutilização de germoplasmas silvestres (PENNA, 2005; IQBAL *et al.*, 2001; BERTINI *et al.*, 2006).

Em geral, os melhoristas estão pouco familiarizados com o germoplasma silvestre, bem como as técnicas especiais que podem ser necessárias para utilizá-los como genitores. No cruzamento com parentes silvestres, com a finalidade de transferir uma característica específica, inevitavelmente são introduzidas na progênie características indesejáveis, principalmente relacionadas à sensibilidade ao fotoperíodo e ao florescimento tardio (HOYT, 1992; GUO *et al.*, 2009).

Os recursos para eliminar estas características indesejáveis são por meio dos retrocruzamentos, porém este processo pode demandar muito tempo e algumas vezes os genes desejáveis estão ligados com indesejáveis, sendo necessários vários ciclos para separá-los, ou também pela transferência de genes únicos de interesse através da tecnologia do DNA recombinante de uma planta para outra (HOYT, 1992).

O fato de as novas cultivares apresentarem, em geral, base genética estreita e serem muito parentadas entre si, associado ao cultivo de germoplasma semelhante em grandes áreas de lavoura, culminam em uma baixa variabilidade em campo e em riscos para a agricultura, propiciando a ocorrência do fenômeno denominado vulnerabilidade genética (MEHBOOB-UR-RAHMAN, 2012; BORÉM; MIRANDA, 2013).

Nota-se que quando o material genético é muito uniforme, os diferentes indivíduos reagem de forma muito semelhante às modificações do meio (COSTA; SPEHAR, 2012). Como há menos alelos por *locus*, as plantas cultivadas têm um repertório menor de alelos nos genes de resistência a estresses bióticos e abióticos (GRIFFITHS *et al.*, 2016). Além disso, o uso de genitores com limitada diversidade genética restringe a variabilidade quanto aos caracteres quantitativos e elimina informações biológicas potencialmente úteis aos homens, como valiosos compostos bioquímicos ainda desconhecidos (FEHR, 1987; CRUZ *et al.*, 2011).

Para enfrentar os problemas da baixa variabilidade genética derivados da agricultura intensiva moderna, os programas de melhoramento necessitam ter disponível um amplo conjunto de genes (HOYT, 1992). De modo que, a partir da formação de uma população base diversificada com desempenho agronômico satisfatório seja possível identificar combinações híbridas de maior heterozigose e efeito heterótico, possibilitando o surgimento de indivíduos transgressivos (CARVALHO *et al.*, 2003).

No Brasil foram realizados trabalhos para avaliar divergência genética de genótipos dentro de germoplasmas de programas de melhoramento específicos ou entre cultivares oriundas de alguns programas. Cunha Neto *et al.* (2015), ao avaliarem 10 cultivares de algodoeiro de fibras brancas e coloridas, obtiveram somente três grupos distintos para características de qualidade da fibra. Silva Filho *et al.* (2005), estudando a diversidade genética entre 15 cultivares comerciais de algodão, observaram também a formação de apenas 3 grupos.

Entretanto, como esperado para avaliações realizadas em bancos de germoplasmas que apresentam indivíduos diversificados, Resende *et al.* (2014) relatam que o trabalho permitiu uma estruturação populacional de 248 acessos do banco ativo de germoplasma da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig) em 14 grupos divergentes para características tecnológicas da fibra, mas com concentração da maioria do germoplasma em um único grupo homogêneo. Já Coutinho *et al.* (2014) encontraram formação de nove grupos distintos de 221 acessos provenientes também do banco de germoplasma da EPAMIG, por meio de marcadores microssatélites, porém relataram a

formação de grupos próximos. Araújo *et al.* (2014), por sua vez, ao avaliarem o germoplasma da Embrapa para qualidade de fibra, relatam que foi possível formar somente três grupos entre eles.

Bertini *et al.* (2006), ao avaliarem 53 cultivares de algodão desenvolvidos por diferentes instituições públicas e privadas no Brasil, Argentina e Paraguai, por meio de marcadores microssatélites, revelaram a formação de dois grandes grupos e sete subgrupos, além de baixos valores de distância genética entre os genótipos, demonstrando uma alta similaridade entre as cultivares. Salvo exceções como este trabalho, observa-se incipientes avaliações da base genética das cultivares provenientes de vários programas de melhoramento de algodoeiro do Brasil.

Em outros locais do mundo tem sido realizados estudos para avaliar a divergência genética das cultivares utilizadas no país, como no trabalho de Chaudhary *et al.* (2010), em que foi constatado, por análises de marcadores moleculares RAPD, que a maioria das variedades de algodoeiro avaliadas cultivadas na Índia tem uma base genética estreita, possivelmente em razão dos programas de melhoramento compartilharem as linhagens elite entre si, resultando em alto grau de parentesco. Iqba *et al.* (1997) relatam que em análises de marcadores RAPD, a maioria das variedades cultivadas no Paquistão também possuem uma base genética estreita.

O conhecimento da diversidade genética do gênero *Gossypium* é de grande importância para o melhoramento genético e para a preservação do repositório gênico nela representado, permitindo a aplicação de políticas de conservação de germoplasma (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Dessa forma, a variabilidade genética deve ser vista pelo melhorista como fator indispensável à obtenção de ganhos genéticos, e suas técnicas devem ser direcionadas para o desenvolvimento de cultivares superiores, porém com o comprometimento de que a recuperação e manutenção de espécies ameaçadas de extinção sejam também metas prioritárias para a própria sobrevivência da humanidade (CRUZ *et al.*, 2011).

Portanto, estudos sobre a divergência genética de cultivares provenientes de representativos programas de melhoramento no Brasil fornecem uma oportunidade para estudar estratégias de ampliação da variabilidade, além de permitirem a seleção de genitores para o desenvolvimento de cultivares com maior heterose, contribuindo para o progresso genético do algodoeiro.

2.4 Estudo da divergência genética

O estudo da diversidade genética tem como finalidade a identificação de genitores adequados ao cruzamento para a obtenção de híbridos de maiores efeitos heteróticos, que proporcionem maior segregação em recombinações, além de também objetivar à determinação da base genética das cultivares (CRUZ *et al.*, 2011). Estas análises podem ser realizadas com dados fenotípicos ou com dados moleculares (LUDKE *et al.*, 2017).

As informações fenotípicas fornecem grande contribuição para estes estudos, principalmente aquelas de natureza quantitativa, pois a maioria das características de interesse econômico em algodoeiro é de efeito multigênico, sendo necessários grandes esforços para maximizar o êxito na escolha adequada de combinações híbridas, de modo a não comprometer o sucesso das estratégias de seleção subsequentes (CRUZ *et al.*, 2011). Entretanto, como essas características são governadas por poligenes de pequenos efeitos, são mais influenciadas pelo ambiente, fazendo com que as diferenças observadas entre cultivares possam não ser devidas ao seu potencial genético (PENNA, 2005).

Dentre as características morfológicas fenotípicas destaca-se a produtividade, sendo a de maior importância econômica para o produtor, podendo ser determinada também indiretamente pelo número e peso de capulhos. A avaliação de produtividade é efetuada a partir de três características: algodão em caroço, algodão em pluma e rendimento de pluma (MORESCO, 2013). Como a fibra é o produto de maior valor comercial do algodão, cultivares com maior rendimento de pluma são importantes, principalmente para a indústria de beneficiamento, por oferecerem maior rentabilidade do maquinário (VIDAL NETO; FREIRE, 2013).

A qualidade final do algodão é indispensável nas cultivares modernas, podendo depender das características intrínsecas e extrínsecas da fibra. As características intrínsecas são denominadas também de características tecnológicas da fibra e são controladas geneticamente, porém influenciadas pelo ambiente. Ademais, podem ser quantificadas por meio de análises em HVI (*High Volume Instruments*), sendo que entre as características intrínsecas estão o comprimento, micronaire, resistência da fibra, maturidade, uniformidade de comprimento e o alongamento de fibras (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Já as extrínsecas dependem de fatores ambientais aos quais a fibra é submetida, não sendo de interesse no processo de melhoramento de plantas (VIDAL NETO; FREIRE, 2013).

Com os progressos da biotecnologia aplicada ao melhoramento genético de plantas, surge como destaque a utilização de marcadores moleculares para detecção da variabilidade diretamente em nível de DNA. Atualmente existe uma grande variabilidade de marcadores moleculares desenvolvidos para serem utilizados em diferentes espécies vegetais, entretanto, para fins específicos de detecção de diversidade genética em algodoeiro, há registros de uso de marcadores AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) e microssatélites (Simple Sequence Repeats) (MEENA *et al.*, 2017; LUDKE *et al.*, 2017).

Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser utilizados, entre eles as análises de otimização, hierárquica ou por dispersões gráficas, de forma que o pesquisador selecione o método mais adequado para atender a precisão desejada, facilidade de análise e pela forma com que os dados foram obtidos (CRUZ *et al.*, 2012). Os métodos de otimização e hierárquicos dependem da estimativa prévia de medidas de dissimilaridade, enquanto que os métodos de dispersão gráfica utilizam variáveis canônicas ou componentes principais para avaliar a similaridade dos genótipos, baseado em suas posições relativas em gráficos bi e tridimensionais (CRUZ *et al.*, 2012).

No estudo da divergência genética por métodos de otimização e hierárquicos, primeiramente as informações múltiplas de cada cultivar são expressas em medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade existente no conjunto de acessos estudados e permite o posterior agrupamento dos indivíduos ou classificação do germoplasma. A medida de dissimilaridade mais utilizada pelos melhoristas é a distância generalizada de Mahalanobis, que utiliza informações das variâncias e covariâncias residuais, permite análises de experimentos com repetições e utilização de características de avaliação com grau significativo de correlação entre si (CRUZ *et al.*, 2011).

Posteriormente realiza-se a análise de agrupamento, a qual tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos (CRUZ; REGAZZI, 2001). Os métodos comumente utilizados para classificação do germoplasma são o métodos hierárquicos, em que os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma; e o método de otimização, como o método de Tocher, em que ocorrem partições em um grupo, podendo os genótipos se moverem para fora ou para dentro deste e de outros grupos em diferentes estágios da análise (CRUZ *et al.*, 2012; LUDKE *et al.*, 2017).

Já os métodos de agrupamento por dispersão gráfica podem ser realizados por análise dos componentes principais ou variáveis canônicas, que guardam correspondência com o agrupamento baseado nas dissimilaridades expressas pela distância euclidiana e de Mahalanobis, respectivamente (CRUZ *et al.*, 2011). Estas análises consistem na técnica de resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes ou variáveis canônicas, realizando uma aproximação do comportamento dos genótipos oriundo de um espaço n-dimensional em um espaço bi ou tridimensional, destacando-se a análise por variáveis canônicas, por apresentar a vantagem de levar em conta as correlações residuais entre as médias dos genótipos (CRUZ *et al.*, 2012).

Sendo assim, o estudo de diversidade genética de genótipos é realizado a partir de um conjunto de informações de avaliações de muitas características, e apesar de demandar elevada mão-de-obra, o uso destas técnicas facilita a visualização das dissimilaridades entre os genótipos. Além disso, possibilita a classificação das variáveis estudadas conforme sua contribuição para a diversidade genética pela análise da importância de características pelo método de Singh (1981), permitindo a eliminação daquelas com menor contribuição (CRUZ *et al.*, 2011; CUNHA NETO *et al.*, 2015).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição experimental

O experimento foi conduzido a campo na safra 2017/18, localizado na fazenda experimental Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU), município de Uberlândia, Minas Gerais, Brasil, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S e 48° 20' W, com altitude de 805 metros.

Foram selecionados três genótipos mais cultivados de cinco programas de melhoramento de algodoeiro: BRS 368RF, BRS 372, BRS 433FL B2RF, DP Delta Opal, DP 1228 B2RF, DP 1552 B2RF, FM 975 WS, FM 980 GLT, FM 982 GL, IMA 2106 GL, IMA 5675 B2RF, IMA 8405 GLT, TMG 45 B2RF, TMG 47 B2RF e TMG 82 WS, pertencentes aos programas: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), Monsanto Deltapine, Fibermax, Instituto Mineiro de Agropecuária (IMA) e Tropical Melhoramento & Genética (TMG) respectivamente, além de três genótipos provenientes do Programa de Melhoramento Genético de Algodoeiro (PROMALG) da UFU: UFUJP-B, UFUJP-H e UFUJP-P.

Foram realizados testes de germinação nas sementes utilizadas no ensaio e estes apontaram que todos os acessos de sementes apresentavam valores de acordo com o limite mínimo de 80% estabelecido pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Na Tabela 1 encontra-se a descrição dos genótipos utilizados no trabalho.

TABELA 1. Caracterização dos genótipos de algodoeiro utilizados no trabalho.

Genótipo	Programa de Melhoramento	Ciclo	Evento de Transformação Genética
BRS 368RF	Embrapa	Médio a precoce	MON88913
BRS 372	Embrapa	Médio a tardio	Ausente
BRS 433FL B2RF	Embrapa	Médio a tardio	MON15985 e MON88913
DP Delta Opal	Monsanto DeltaPine	Médio a tardio	Ausente
DP 1228 B2RF	Monsanto DeltaPine	Tardio	MON15985 e MON88913
DP 1552 B2RF	Monsanto DeltaPine	Médio	MON15985 e MON88913
.FM 975 WS	Fibermax	Médio a tardio	281-24-236 e 3006-210-23
FM 980 GLT	Fibermax	Tardio	GHB 614, T304-40 e GHB119
FM 982 GL	Fibermax	Médio a tardio	GHB614 e LLCotton25
IMA 2106 GL	IMA	Médio a precoce	GHB614 e LLCotton25
IMA 5675 B2RF	IMA	Médio a precoce	MON15985 e MON88913
IMA 8405 GLT	IMA	Tardio	GHB 614, T304-40 e GHB119
TMG 45 B2RF	TMG	Médio a precoce	MON15985 e MON88913
TMG 47 B2RF	TMG	Tardio	MON15985 e MON88913
TMG 82 WS	TMG	Médio a tardio	281-24-236 e 3006-210-23
UFUJP-H	UFU	Tardio	Ausente
UFUJP-P	UFU	Tardio	Ausente
UFUJP-B	UFU	Tardio	Ausente

*MON88913: algodão geneticamente modificado tolerante ao glifosato; MON15985: algodão geneticamente modificado resistente a insetos da ordem lepidóptera; 281-24-236: algodão geneticamente modificado resistente a insetos; 3006-210-23: algodão geneticamente modificado tolerante ao herbicida glufosinato de amônio (algodão Widestrike); GHB614: algodão geneticamente modificado tolerante ao herbicida glifosato (Algodão GlyTol); LLCotton25: algodão geneticamente modificado tolerante ao herbicida glufosinato de amônio (Algodão LibertyLink); T304-40 x GHB119: algodão geneticamente modificado tolerante ao herbicida glufosinato de amônio e resistente a insetos da ordem lepidóptera (Algodão TwinLink).

O ensaio foi conduzido em delineamento experimental de blocos completamente casualizados (DBC), com 18 tratamentos e três repetições. A parcela experimental foi constituída por quatro linhas de plantas de algodão com quatro metros de comprimento, espaçadas em um metro entre si, sendo a área útil da parcela caracterizada pelas duas linhas centrais, desprezando 0,5 metros de cada extremidade.

A área situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro, com textura argilosa. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma subsolagem, uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura a área foi sulcada e adubada, conforme necessidade indicada pela análise de solo. Foram semeadas 16 sementes por metro linear a dois centímetros de profundidade no dia 28/12/2017. 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). Durante o ciclo das plantas foram realizadas as atividades de manejo recomendadas para o algodoeiro, tais como controle de pragas, doenças, plantas infestantes, fertilização e regulação de crescimento vegetativo das plantas.

Os dados meteorológicos da área experimental durante a safra 2017/18 estão apresentados na Figura 1.

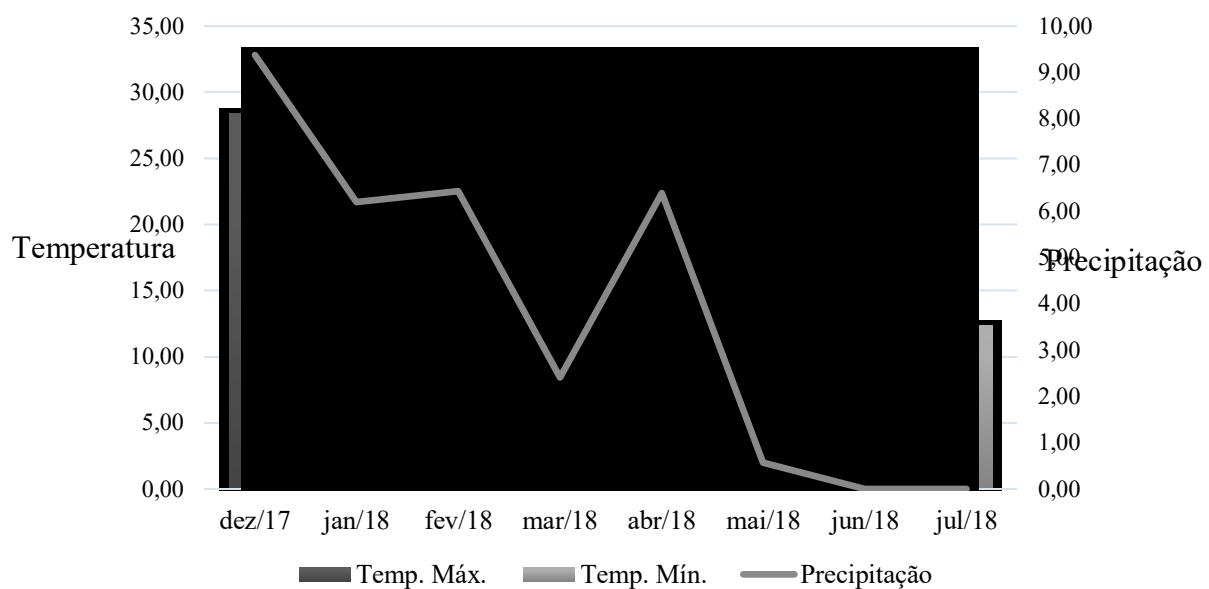


FIGURA 1. Temperatura máxima e mínima ($^{\circ}C$) e precipitação pluviométrica (mm) coletados pela estação meteorológica Davis Vantage Pro2, na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia, Minas Gerais, na safra 2017/18. Fonte: Estação Meteorológica da Fazenda Capim Branco.

3.2 Características avaliadas

Foram realizadas avaliações agronômicas quando as plantas estavam nos estádios fenológicos de 5 folhas completamente desenvolvidas (V5), surgimento do primeiro capulho (C1), no florescimento pleno (FP) e maturidade plena (MP), em cinco plantas amostradas ao acaso na área útil da parcela, segundo escala fenológica denominada “Escala do Algodão” proposta por Marur e Ruano (2001) (Tabela 2). O florescimento pleno consiste na fase em

que 50% das plantas estão com pelo menos uma flor aberta, ao passo que, a maturidade plena compreende o momento em que 80% dos capulhos presentes na planta estão abertos, implicando na viabilidade da colheita.

TABELA 2. Avaliações do ensaio de campo de acordo com cada estádio de desenvolvimento da planta de algodoeiro descritos pela “Escala do Algodão” proposta por Marur e Ruano (2001).

V5*	FC	C1	MP
Altura de Plantas	Altura de Plantas	Diâmetro de maçãs	Altura de Plantas
Diâmetro de Caule	Diâmetro de Caule	Número de estruturas reprodutivas	Diâmetro de Caule
Área Foliar	Área Foliar		Número de estruturas reprodutivas
	Altura do Primeiro Ramo Reprodutivo		Peso médio de capulho
	Número de nós		Número de nós
	Número de ramos vegetativos		Produtividade Alg. Em Caroço (kg ha ⁻¹)
	Número de estruturas reprodutivas		Produtividade Pluma e Sementes (kg ha ⁻¹)
			Rendimento (%)

*V5: plantas com 5 folhas completamente desenvolvidas; FC: plantas em florescimento pleno; C1: plantas com surgimento do primeiro capulho; MP: plantas em maturidade plena.

As avaliações de altura de plantas, diâmetro de caule e índice de área foliar foram realizadas quando as plantas estavam nos estádios fenológicos V5, florescimento pleno e maturidade plena. Ademais, quando as plantas estavam em florescimento pleno, houve também a determinação de altura de inserção do primeiro ramo reprodutivo, número médio de nós, ramos vegetativos e de estruturas reprodutivas (botões florais, flores e maçãs).

No estádio fenológico C1 das plantas presentes na parcela determinou-se o diâmetro médio de capulhos e o número médio de estruturas reprodutivas (flores, maçãs e capulhos). Quando as plantas estavam na maturidade plena, também foram determinados o número médio de estruturas reprodutivas (maçãs e capulhos), número médio de nós e o peso médio de capulho. As descrições das avaliações realizadas encontram-se na tabela 3.

TABELA 3. Descrição das avaliações agronômicas realizadas no ensaio de campo.

Avaliações	Descrição
Altura de Plantas (cm)	Compreende a distância, aferida por régua, entre a superfície do solo e a inserção da última folha da planta.
Diâmetro de caule (cm)	Aferido a 5 cm do nível do solo por meio de um paquímetro digital.
Número de ramos vegetativos	Determinado pela quantificação de ramos vegetativos.
Altura de inserção do primeiro ramo reprodutivo (cm)	Compreende a altura, aferida por régua, entre o nível do solo e a inserção do 1º ramo reprodutivo.
Índice de área foliar (cm ²)	Determinada em duas folhas do terço médio de cada planta, mensurando o comprimento da nervura central da folha em centímetros com o auxílio de régua graduada. Para se obter a área foliar, as médias do comprimento da nervura central foram submetidas a equação desenvolvida por Fideles Filho <i>et al.</i> (2010): $Y = 0,7254(X)^{2,08922}$, em que Y corresponde o resultado da área foliar e o X ao comprimento da nervura central da folha.
Número de estruturas reprodutivas	Determinado pela quantificação de botões florais, flores, maçãs ou capulhos.
Diâmetro de maçã (cm)	Aferido o diâmetro de cinco maçãs de cada planta por meio de um paquímetro digital.
Peso médio de capulho (g)	Compreende o peso de 30 capulhos colhidos ao acaso na área útil da parcela dividido por 30.

Após as avaliações realizadas no estádio de maturidade plena das plantas, colheu-se manualmente a área útil de cada parcela e determinou-se a massa para calcular a produtividade de algodão em caroço, sendo posteriormente processadas em máquina de descarregar, separando-se e pesando-se separadamente as plumas e as sementes para cálculo da produtividade e rendimento de pluma (TABELA 4). Além disso, também foram coletadas amostras de plumas de cada parcela para análise de qualidade de fibra.

TABELA 4. Descrição das avaliações de produtividade realizadas no ensaio.

Avaliações	Descrição
Produtividade de algodão em caroço (kg ha^{-1})	Estimativa obtida a partir do peso de algodão em caroço colhido na área útil de cada parcela para a produção em 1ha.
Produtividade de pluma (kg ha^{-1})	Estimativa obtida a partir do peso da pluma, advinda da colheita da área útil de cada parcela para a produção em 1ha.
Produtividade de semente (kg ha^{-1})	Estimativa obtida a partir do peso de semente, advinda da colheita da área útil de cada parcela para a produção em 1ha.
Rendimento de pluma (%)	Compreende o peso da pluma dividido pelo peso do algodão em caroço e este valor é multiplicado por 100 para se obter o valor do rendimento de pluma em porcentagem.

As amostras de cada parcela foram analisadas pelo aparelho *High Volume Instruments* (HVI) na sessão de análise de fibra do laboratório da Minas Cotton, vinculado à Associação Mineira dos Produtores de Algodão (Amipa) (Uberlândia-MG), para determinação das características de qualidade intrínsecas da fibra, tais como: comprimento da fibra (UHML), uniformidade do comprimento (UI), índice de fibras curtas (SFI), resistência da fibra (STR), alongamento da fibra (ELG), índice de micronaire (MIC) e maturidade da fibra (MAT). Na tabela 5 encontram-se os padrões para a classificação das fibras de algodoeiro quanto às características tecnológicas de qualidade.

TABELA 5. Características tecnológicas de qualidade da fibra de algodão.

Características tecnológicas da fibra	Categorias
Comprimento de fibra (UHML) (mm)	Fibra curta: 23,5 a 25,15 mm; média: 25,16 a 27,94 mm; longa: 27,94 a 32,00 mm (EMBRAPA, 2002).

...Continua...

TABELA 5. Continuação.

Características tecnológicas da fibra	Categorias
Uniformidade do comprimento (UI) (%)	Muito uniforme: maior que 85%; uniforme: entre 83 a 85%; média: entre 80 a 82%; irregular: entre 77 a 79%; muito irregular: menor que 77% (EMBRAPA, 2002).
Alongamento (ELG) (%)	Muito baixo: menor que 5,0%; baixo: 5,0 a 5,9%; médio: 5,9 a 6,7%; alto: 6,8 a 7,6%; muito alto: acima de 7,6% (EMBRAPA, 2002).
Resistência (STR) (gf tex ⁻¹)	Muito forte: maior que 30 gf tex ⁻¹ ; elevada: 27 a 29 gf tex ⁻¹ , média: 24 a 27 gf tex ⁻¹ , baixa de 21-23 gf tex ⁻¹ , muito baixa: abaixo de 20 gf tex ⁻¹ (EMBRAPA, 2002).
Micronaire (MIC)	Muito fina: menor que 3,0; fina: 3,0 a 3,9; regular: 4,0 a 4,9; grossa: 5,0 a 5,9; muito grossa: maior que 6,0 (EMBRAPA, 2002).
Maturidade (MAT)	Superior ao médio: 0,95 a 1,00; maduro: 0,85 a 0,95; inferior ao médio: 0,80 a 0,85; imaturo: 0,70 a 0,80; inadequado: abaixo de 0,70 (EMBRAPA, 2002).
Índice de fibras curtas (SFI) (%)	Muito baixa: menor que 6%; baixa: 6 a 9%; regular: 10 a 13%; elevado: 14 a 17%; muito alta: maior que 17% (LANZA, 2005).

O comprimento da fibra (UHML) refere-se ao comprimento médio de 50% das maiores fibras (SESTREN; LIMA, 2015). O índice de uniformidade de comprimento (UI) é a relação entre o comprimento médio das fibras e o UHML, ou seja, compreende um percentual que representa a homogeneidade do comprimento das fibras do fardo (LANA *et al.*, 2014). O índice de fibras curtas é o conteúdo de fibras menores que 12,7 mm presentes no algodão (SESTREN; LIMA, 2015).

O alongamento de fibras (ELG) é a mensuração do quanto o material cede no sentido longitudinal até o momento de rotura, em função do comprimento inicial do corpo de prova (SESTREN; LIMA, 2015). A resistência da fibra (STR) é a relação da força máxima requerida para romper um feixe de fibras de um tex (massa em gramas de 1000 metros lineares de fibra) pela densidade linear, isto é, é a capacidade que a fibra possui de suporte

de uma carga até romper-se (EMBRAPA, 2002).

O micronaire (MIC) é um índice através do qual se verifica o comportamento e resistência ao ar de uma massa fibrosa definida em fluxo de ar a uma pressão constante (EMBRAPA, 2002). O índice de maturidade (MAT), por sua vez, equivale ao grau de espessura das camadas de celulose que constituem a parede secundária em relação ao diâmetro externo da fibra, de forma que as fibras com parede secundária espessa e lúmen reduzido são tidas como fibras maduras (SESTREN; LIMA, 2015).

3.2 Análises estatísticas

As pressuposições da análise de variância foram verificadas utilizando-se o programa para análises estatísticas R ($p \geq 0,01$) (R CORE TEAM, 2018). A homogeneidade das variâncias foi verificada pelo teste de Levene, a normalidade dos resíduos pelo teste de Komolgorov - Smirnov e a aditividade dos blocos pelo teste de Tukey. Apenas diâmetro de caule avaliados nos estádios fenológicos V5 e no florescimento pleno não atenderam a homogeneidade e normalidade respectivamente, mas após transformação logarítmica dos dados os pressupostos foram atendidos, sendo tabelados os valores reais destas variáveis.

Com os dados dos 18 genótipos e as 28 variáveis foram realizadas análises univariadas e multivariadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2013). Primeiramente procedeu-se a análise de variância univariada, e diante da significância da característica, agrupou-se os genótipos com base no teste de Scott-knott ($p < 0,05$ e $p < 0,01$). Realizou-se um contraste dos genótipos desenvolvidos pelo PROMALG UFU em comparação com as cultivares por teste de Scheffé ($p < 0,05$).

Para avaliação da qualidade do experimento foram utilizados dois métodos: o usual coeficiente de variação em percentual (CV) e a acurácia. A acurácia é o valor da razão de variâncias para os efeitos de genótipos, associada à análise de variância, conforme demonstrado a seguir:

$$CV (\%) = \frac{\sqrt{QMR}}{m} \times 100$$

$$\text{Acurácia} = \left(\frac{1-1}{F} \right)^{1/2}$$

Em que:

QMR = quadrado médio do resíduo

m = média geral do experimento

$F = F$ de Snedecor

Também foram estimados os parâmetros genéticos tais como variabilidade genética (ϕ_g) e ambiental (ϕ_e), coeficiente de determinação genotípico (h^2) e razão entre CVg/CVe (CVr) da seguinte forma:

$$h^2 = \frac{\phi_g}{(\phi_g + \phi_e)}$$

$$CVg = \left(\frac{\phi_g}{m} \right) \times 100$$

$$CVe = \left(\frac{\phi_e}{m} \right) \times 100$$

$$CVr = \frac{CVg}{CVe}$$

Em que:

CVg = coeficiente de variação genético

CVe = coeficiente de variação ambiental

m = média geral do experimento

Além disso, foram estimadas as correlações fenotípicas (r_f) e genéticas (rg) entre as características com maior razão CVg/CVe e coeficiente de determinação genotípico, realizando-se o teste t com $n-2$ graus de liberdade, em que n corresponde ao número de genótipos avaliados ($p=0,05$ e $p=0,01$), pelas as seguintes expressões:

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMR_x QMR_y}}$$

Em que:

r_f = correlação fenotípica

PMT = produtos médios associados aos tratamentos

QMR = quadrado médio do resíduo

O coeficiente de correlação genotípica foi estimado pela expressão:

$$\phi_{rg} = \frac{\phi_{gxy}}{\sqrt{\phi_{gx} \phi_{gy}}}$$

Em que:

ϕ_{gxy} = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y; e

ϕ_{gx} e ϕ_{gy} são estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y,

respectivamente.

Para aplicação das análises multivariadas, a partir dos dados das 28 variáveis e 18 genótipos, estimou-se a dissimilaridade genética pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), conforme estimador abaixo. A utilização dessa distância é recomendada para este estudo, já que há informações de variâncias e covariâncias residuais, além do que as características avaliadas apresentam grau significativo de correlação entre si (CRUZ *et al.*, 2011).

$$D^2_{ii'} = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

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

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

Obteve-se assim, uma matriz de dissimilaridade entre genótipos, da qual realizou-se o agrupamento dos genótipos pelo método hierárquico de ligação média entre grupo (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean - UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher. Com base no agrupamento do genótipo pelo método hierárquico UPGMA, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma.

A linha de corte no dendrograma foi realizada pelo método proposto por Mojena (1977), porém com o valor da constante k de 1,25 como regra de parada na definição do número de grupos, de acordo com o sugerido por Milligan & Cooper (1985). O método de Mojena (1977) é um procedimento baseado no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma, consistindo em selecionar o número de grupos no estágio que primeiramente satisfazer a inequação em que o valor de distâncias dos níveis de fusões seja superior ao valor referencial de corte (FARIA *et al.*, 2012).

A validação da qualidade do agrupamento pelo método UPGMA foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC), calculado pelo teste de Mantel (1967). A distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j é dado por:

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

No método de otimização de Tocher citado por Rao (1952), adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo devem ser menores que as

distâncias médias entre quaisquer grupos (θ) (CRUZ *et al.*, 2012). A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada por:

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

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

Em que:

n = número de genótipos que constituem o grupo original

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

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

Além de possibilitar o estudo da diversidade genética, é possível, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, quantificar a contribuição relativa das características para a divergência genética utilizando o critério proposto por Singh (1981), baseado na estatística S_{ij} , da seguinte forma:

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

Em que:

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

Com o intuito de avaliar o padrão de agrupamento em um plano cartesiano, as variáveis canônicas foram obtidas a partir da análise de variância multivariada, utilizando as matrizes de covariâncias fenotípicas e de covariâncias residuais entre genótipos (RAO, 1952; CRUZ *et al.*, 2012). Foi realizado uma transformação preliminar das variáveis originais, tornando-as padronizadas e não correlacionadas, de forma a converter a matriz residual numa matriz identidade. As variáveis canônicas então formadas representam combinações lineares daquelas originais, obtidas sequencialmente, de forma que cada variável obtida explique a maior parte da variabilidade dos dados em relação as variáveis seguintes (CRUZ *et al.*, 2012).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Inferências sobre a variabilidade genética e precisão experimental

Observa-se a existência de variabilidade genética para as características a partir do estádio fenológico de surgimento do primeiro capulho do algodoeiro (C1) pelo teste F ($p < 0,01$ e $p < 0,05$), exceto para número de estruturas reprodutivas em C1 (NER/C1), altura de plantas (AP/MAT) e diâmetro de caule na maturidade plena (DC/MAT), demonstrando o potencial das cultivares para estudo de diversidade genética (TABELA 6).

Para que ocorra um eficiente estudo das características fenotípicas no processo de melhoramento genético, a estimativa da variabilidade genética disponível e da herdabilidade das variáveis de interesse assumem grande importância (YOKMIZO; VELLO, 2000). Segundo Cruz *et al.* (2012) a herdabilidade é a proporção da variância fenotípica atribuída à causa genética, e no presente trabalho, a herdabilidade é denominada coeficiente de determinação genotípico, já que os genótipos foram considerados efeitos fixos. O coeficiente de determinação genotípico neste trabalho variou de 0,00% a 94,30% para características agronômicas e de 73,30% a 92,21% para características de qualidade da fibra.

Nas características em que se detectou variabilidade genética pelo teste F, houve também a superioridade da variabilidade genética (ϕ_g) frente a variabilidade ambiental (ϕ_a), indicando que o desempenho do genótipo foi determinado por sua genética, o que é comprovado para número de nós na maturidade plena (NN/MAT), peso médio de capulho (PMC), rendimento de pluma (RP) e todas as características de qualidade de pluma (UHML, UI, SFI, MIC, STR, ELG, MAT), que também apresentaram valores da relação CVg/CVe superiores a uma unidade, bem como elevados coeficiente de determinação genotípico (h^2).

O parâmetro razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe) é um indicativo de obtenção de ganhos genéticos mais expressivos na seleção de determinada característica (CRUZ *et al.*, 2012). Quando o valor estimado da relação CVg/CVe for maior ou igual a uma unidade para uma característica, sugere-se que a variação genética disponível seja a principal responsável pela variação estimada dos dados experimentais, havendo maior facilidade para realizar a seleção de genótipos com base nesta variável (CRUZ *et al.*, 2012). Resende *et al.* (2014), Yu *et al.* (2013) e Cunha Neto *et al.* (2015) também encontram valores da relação CVg/CVe superiores a uma unidade e alto coeficiente de determinação genotípico para características de qualidade e rendimento de fibra.

TABELA 6. Resumo da análise de variância e estimativa de parâmetros genéticos para as características avaliadas em genótipos de algodoeiro cultivados em campo. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.

Característica	Quadrado Médio			Média	CV (%)	Acurácia	ϕ_g	ϕ_a	$h^2(\%)$	CVg/Cve
	Blocos	Genótipos	Resíduo							
AP/V5	9,34	24,49 ns	23,04	27,61	17,38	0,24	0,49	7,68	5,95	0,15
DC/V5	0,40	0,97 ns	1,41	5,41	21,91	0,00	0,00	0,47	0,00	0,00
AF/V5	147,11	406,99 ns	276,96	74,15	22,44	0,57	43,34	92,32	31,95	0,40
AP/FLOR	29,49	95,22 ns	54,56	76,87	9,61	0,65	13,55	18,19	42,70	0,50
DC/FLOR	14,04	1,78 ns	1,01	12,02	8,37	0,64	0,26	0,34	43,16	0,50
AF/FLOR	1037,97	257,93 ns	171,85	141,19	9,28	0,58	28,69	57,28	33,37	0,41
NN/FLOR	3,28	1,50 ns	1,00	14,51	6,89	0,58	0,17	0,33	33,43	0,41
NRV/FLOR	5,06	1,00 ns	1,14	12,16	8,78	0,00	0,00	0,38	0,00	0,00
APRR/FLOR	3,27	13,48 *	6,03	24,61	9,97	0,74	2,48	2,01	55,30	0,64
NER/FLOR	497,92	28,32 ns	32,13	27,20	20,84	0,00	0,00	10,71	0,00	0,00
NER/C1	102,03	29,31 ns	18,63	17,61	24,51	0,60	3,56	6,21	36,44	0,44
DM/C1	4,92	2,67 **	0,75	31,26	2,78	0,85	0,64	0,25	71,77	0,92
AP/MAT	549,14	88,11 ns	66,66	83,38	9,79	0,49	7,15	22,22	24,35	0,33
DP/MAT	8,20	2,83 ns	2,01	13,46	10,53	0,54	0,27	0,67	28,89	0,37
NN/MAT	1,23	5,50 **	1,10	15,66	6,71	0,71	1,47	0,37	79,96	1,15
NER/MAT	50,38	25,26 *	12,41	16,17	21,79	0,89	4,28	4,14	50,85	0,59
PMC	1,36	1,65 **	0,26	5,52	9,25	0,92	0,46	0,09	84,18	1,33
PAC	10744993,51	2404899,46 *	1070161,23	3863,32	26,78	0,72	444912,75	356720,41	55,50	0,64
PP	1865705,45	446773,49 **	140385,36	1575,63	23,78	0,75	102129,38	46795,12	68,58	0,85
PS	4764564,68	894623,16 **	343294,82	2334,43	25,10	0,74	183776,11	114431,61	61,63	0,73
RP	0,20	25,87 **	1,47	39,89	3,04	0,97	8,13	0,49	94,30	2,35
UHML	0,00	0,00 **	0,00	1,47	0,48	0,96	0,87	0,07	92,21	1,99
UI	1,18	3,02 **	0,81	82,87	1,08	0,86	0,74	0,27	73,30	0,96
SFI	0,13	2,61 **	0,29	8,21	6,59	0,94	0,77	0,10	88,80	1,63
MIC	0,23	0,25 **	0,06	3,52	7,05	0,87	0,06	0,02	75,28	1,01
STR	1,14	9,11 **	1,43	30,76	3,89	0,92	2,56	0,48	84,30	1,34
ELG	0,17	0,79 **	0,07	7,74	3,39	0,96	0,24	0,02	91,31	1,87
MAT	1,42	1,90 **	0,39	83,33	0,75	0,89	0,63	0,13	79,53	1,14

**, *Significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo teste F. CV: coeficiente de variação geral; ϕ_g : variabilidade genética; ϕ_a : variabilidade ambiental; h^2 : coeficiente de determinação genotípico; CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genético e ambiental; AP/V5: altura de plantas em V5; DC/V5: diâmetro de caule em V5; AF/V5: área foliar em V5; AP/FLOR: altura de plantas no florescimento pleno; DC/FLOR: diâmetro de caule no florescimento pleno; AF/FLOR: área foliar no florescimento pleno; NN/FOR: número de nós no florescimento pleno; NRV/FLOR: número de ramos vegetativos no florescimento pleno; APRR/FLOR: altura do primeiro ramo reprodutivo no florescimento pleno; NER/FLOR: número de estruturas reprodutivas no florescimento pleno; NER/C1: número de estruturas reprodutivas no surgimento do primeiro capulho; DM/C1: diâmetro médio de maçã no surgimento do primeiro capulho; AP/MAT: altura de plantas na maturidade plena; DC/MAT: diâmetro de caule na maturidade plena; NN/MAT: número de nós na maturidade plena; NER/MAT: número de estruturas reprodutivas na maturidade plena; PMC: peso médio de capulho; PAC: produtividade de algodão em caroço; PP: produtividade de pluma; PS: produtividade de semente; RP: rendimento de pluma; UHML: comprimento da fibra; UI: uniformidade do comprimento; SFI: índice de fibras curtas; MIC: índice de micronaire; STR: resistência da fibra; ELG: alongamento da fibra; MAT: maturidade da fibra.

O coeficiente de variação (CV) é o parâmetro que indica a magnitude da precisão experimental. Em trabalhos realizados na cultura do algodão com características similares agronômicas foram encontrados valores de CV de até 30% (GILIO *et al.*, 2017; ARAÚJO *et al.*, 2013; CARVALHO *et al.*, 2015). Ao passo que, coeficientes de variação maiores que 30% para ensaios agrícolas, Pimentel Gomes (2000) classifica como dispersão dos dados muito alta, não sendo desejável.

Para características de qualidade da fibra os limites de CV relatados nos estudos de Gama *et al.* (2017) são de 1,04% a 8,39%, Cardoso (2018) são de 0,88 a 10,67% e Hoogerheide *et al.* (2007) são de 0,7% a 9,6%. Neste aspecto, observou-se que os valores de CV deste trabalho estão dentro da faixa encontrada para a cultura do algodoeiro, oscilando de 2,78 a 26,78% para características agronômicas e de 0,48 a 7,05% para características de qualidade da fibra.

A acurácia é o parâmetro mais adequado para analisar a qualidade dos experimentos de avaliação de genótipos, pois contempla, simultaneamente, o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação genético (RESENDE, 2002). Os valores almejados de acurácia são aqueles próximos a uma unidade ou 100%, porém é classificada em muito alta, quando maior que 90%; alta, quando entre 70% e 90%; moderada, entre 50% e 70% e baixa, quando menor que 50% (RESENDE; DUARTE, 2007).

Corroborando com os demais parâmetros genéticos analisados, as variáveis apresentaram acurácia de baixa a muito alta para características agronômicas, oscilando de 0,00 a 0,97, e muito alta para qualidade de fibra, variando de 0,86 a 0,96. As variáveis

que obtiveram maiores valores de h^2 e relação CVg/CVe apresentaram superior acurácia, sendo a predição dos valores genéticos de maior confiabilidade (RESENDE; DUARTE, 2007).

Verificou-se que os limites para os coeficientes de variação foram mais elevados e com consequentes menores acurárias para características agronômicas em comparação com as variáveis de qualidade da pluma. Este resultado ocorre em razão de que as características agronômicas são mais influenciadas pelo ambiente, corroborando com as mesmas inferências obtidas no trabalho de Santos *et al.* (1998), em que foi analisada uma classificação dos coeficientes de variação para as variáveis do algodoeiro.

Dentre as características da fibra, micronaire foi a que apresentou maior coeficiente de variação (7,05%), como também verificado por Santos *et al.* (1998). Já dentre as características agronômicas, diâmetro de caule e área foliar em V5 (DC/V5, AF/V5), número de estruturas reprodutivas para todos os estádios fenológicos avaliados (NER/FLOR, NER/C1, NER/MAT) e os índices de produtividade (PAC, PP, PS), apresentaram menor precisão experimental, o que pode ser devido a componente ambiental envolvida na manifestação destas características no algodoeiro. Os resultados obtidos no ensaio estão de acordo com que Penna (2005) propõe, que em geral, a influência do ambiente é alta para produtividade, média para os componentes de produção e baixa para as características físicas da fibra.

4.2 Análise das características fenotípicas dos genótipos de algodoeiro

De acordo com Cruz *et al.* (2011), busca-se no estudo da população base para seleção de genitores em cruzamentos mais promissores, além da presença de diversidade genética entre as cultivares, o desempenho agronômico satisfatório. Dessa forma, as médias dos genótipos para cada característica foram agrupadas para avaliar o potencial de cada cultivar.

Pela análise de agrupamento de médias de Scott-Knott, apesar de não haver diferença entre os genótipos quanto à altura de plantas, houve a formação de dois grupos para a característica APRR/FLOR e três grupos para NN/MAT (TABELA 7). Estas variáveis podem oscilar em função da cultivar e do manejo do algodoeiro. Assim, a altura de plantas não é uma variação exclusivamente genética, podendo haver o controle do crescimento vegetativo das plantas por meio de aplicações de reguladores de crescimento

como uma estratégia agronômica para o incremento da produtividade de algodão (LAMAS; FERREIRA, 2006).

TABELA 7. Média das características agronômicas em genótipos de algodoeiro. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.

Genótipo	APRR/FLOR	DM/C1	NN/MAT	PMC	RP
BRS 368RF	19,37 b	31,68 a	17,27 a	6,07 a	39,23 c
BRS 372	25,47 a	30,99 b	15,80 b	5,50 a	40,14 c
BRS 433FL B2RF	26,49 a	31,86 a	18,51 a	6,10 a	35,87 d
DP Delta Opal	24,41 a	30,56 b	17,60 a	5,67 a	38,41 c
DP 1228 B2RF	26,10 a	33,15 a	15,80 b	6,00 a	39,52 c
DP 1552 B2RF	23,06 b	30,55 b	15,69 b	5,23 a	41,67 b
FM 975 WS	24,12 a	31,42 a	15,87 b	5,83 a	40,12 c
FM 980 GLT	26,01 a	31,36 a	16,40 a	4,57 b	45,84 a
FM 982 GL	25,39 a	32,31 a	16,93 a	5,93 a	39,46 c
IMA 2106 GL	24,63 a	30,78 b	15,37 b	5,60 a	41,33 b
IMA 5675 B2RF	22,89 b	31,82 a	15,53 b	5,93 a	39,90 c
IMA 8405 GLT	25,91 a	29,45 b	15,13 b	5,00 b	44,10 a
TMG 45 B2RF	27,54 a	29,83 b	15,07 b	4,13 c	41,07 b
TMG 47 B2RF	24,01 a	30,41 b	15,49 b	3,77 c	44,46 a
TMG 82 WS	25,80 a	30,60 b	13,59 c	5,47 a	38,85 c
UFUJP-H	26,50 a	32,22 a	14,33 c	6,70 a	35,74 d
UFUJP-P	25,01 a	31,49 a	13,40 c	5,83 a	35,67 d
UFUJP-B	20,31 b	32,17 a	14,07 c	6,03 a	36,63 d

* Médias seguidas por letras distintas na coluna, pertencem a grupos distintos pelo teste de Scott-Knott a 0,05 de significância. APRR/FLOR: altura do primeiro ramo reprodutivo no florescimento pleno (cm); DM/C1: diâmetro médio de maçã no surgimento do primeiro capulho (cm); NN/MAT: número de nós na maturidade plena; PMC: peso médio de capulho (g); RP: rendimento de pluma (%).

Observou-se que a média geral de altura de plantas dos genótipos (83,38 cm) se encontra dentro do limite para uma eficiente colheita mecanizada, a qual refere-se a no máximo 1,30 m, já que em valores superiores as plantas tendem a tombar, interferindo negativamente na qualidade da fibra (TABELA 6) (LAMAS; FERREIRA, 2006).

O maior número de nós, apesar de ser um indicativo de superior quantidade de ramos reprodutivos, não é desejável, já que pode implicar em maior altura de plantas. Entretanto, neste trabalho, os genótipos que apresentaram maior número de nós (BRS 368, BRS 433, DP Delta Opal, FM 980 e FM 982) não obtiveram alturas de plantas prejudiciais. Tal fato confirma o que Vidal Neto e Freire (2013) propõem, que as cultivares modernas evoluíram para a redução do porte e arquitetura compacta devido a associação com precocidade, adaptação ao manejo e incremento da produtividade com

base no aumento do número de frutos por área, em oposição ao incremento apenas do número de frutos por planta.

As menores alturas de inserção do primeiro ramo reprodutivo foram verificadas no grupo formado por BRS 368 (19,37 cm), DP 1552 (23,06 cm), IMA 5675 (22,89 cm) e UFUJP-B (20,31 cm), sendo indesejável, pois propicia o contato das estruturas reprodutivas com o solo, depreciando a qualidade da fibra produzida e diminuindo o rendimento das colhedoras (ANSELMO *et al.*, 2011; SESTREM; LIMA, 2015). Carvalho *et al.* (2003) obtiveram em ensaios de divergência genética de acessos de algodão do banco de germoplasma da EPAMIG, alturas de inserção do primeiro ramo reprodutivo que variaram de 18,6 cm a 49,8 cm, em contrapartida com o presente trabalho que oscilaram de 19,37 cm a 27,54 cm, demonstrando a baixa variação das características morfológicas.

Segundo CARVALHO *et al.* (2005), o peso médio de capulho é um componente de produção associado ao rendimento de pluma do algodoeiro, entretanto, neste trabalho houve a formação de três grupos de genótipos quanto aos seus valores (TABELA 7), os menores pesos encontrados para TMG 45 e TMG 47 não influenciaram no rendimento de pluma, em concordância com Vidal Neto e Freire (2013), os quais afirmam que o peso do capulho não interfere diretamente no desempenho qualitativo e quantitativo da cultivar.

Observou-se que os genótipos que apresentaram diâmetro médio de maçã maior que 31,50 mm obtiveram maiores valores de peso médio de capulho, compreendendo valores próximos ou superiores a 6,00 g. Segundo Vidal Neto e Freire (2013), o peso do capulho apresenta maior importância para a colheita manual, em que é preferível cultivares que possuam capulhos com peso médio maior do que 6,00 g, mais abertos e com menor retenção da pluma. Em contrapartida, para a colheita mecanizada é desejável capulhos com 4,5 g a 6 g e com maior retenção da pluma, implicando em maior rendimento na colheita (BELTRÃO *et al.*, 2004; FARIAZ *et al.*, 2008).

O objetivo final dos programas de melhoramento de algodoeiro no Brasil é a obtenção de alto rendimento de pluma e boa qualidade tecnológica das fibras (CARVALHO *et al.*, 2003). O rendimento de pluma indica o quanto do peso de algodão em caroço pode ser atribuído à pluma, e compreende a parte da produção comercializada com maior valor econômico (CARVALHO *et al.*, 2005). Fang *et al.* (2017), em análises genômicas, detectaram mais *loci* gênicos associados ao rendimento de pluma em comparação a qualidade da fibra no genoma do algodoeiro, o que sugere que a seleção

para maior rendimento de pluma foi o principal alvo dos programas de melhoramento ao longo da história do melhoramento do algodão em relação as outras características.

O rendimento de pluma variou de 35,67% a 45,84% nos genótipos (TABELA 7), de forma que BRS 433, UFUJP-H, UFUJP-B e UFUJP-P apresentaram os menores valores e FM 980, IMA 8405 e TMG 47 compreenderam os melhores rendimentos, apresentando superiores desempenhos em comparação com o valor de 40% almejado em programas de melhoramento (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Segundo CARVALHO *et al.* (2003), rendimento de pluma variou de 26,4% a 41,7% para acessos do banco de germoplasma da EPAMIG, ao passo que para SANTOS *et al.* (2017) a variação foi de 41,37% a 45,56% para cultivares de vários programas de melhoramento.

Os genótipos formaram três e dois grupos quanto as variáveis de produtividade de pluma e de semente, respectivamente, distinguindo-se TMG 45 pelos maiores valores (TABELA 8). As cultivares DP 1552, FM 982, TMG 45, TMG 47 e TMG 82 ficaram acima da média de Minas Gerais na safra 2017/18 de 3.966 kg ha⁻¹ de algodão em caroço, 1.586 kg ha⁻¹ de pluma e 2.380 kg ha⁻¹ de sementes (CONAB, 2018b).

TABELA 8. Média dos índices de produtividade em genótipos de algodoeiro. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.

Genótipo	PAC	PP	PS
BRS 368RF	3988,07 a	1535,03 c	2391,81 b
BRS 372	3694,78 a	1486,72 c	2169,86 b
BRS 433FL B2RF	3103,32 a	1149,74 c	1981,82 b
DP Delta Opal	3348,02 a	1290,61 c	2034,37 b
DP 1228 B2RF	3354,68 a	1326,43 c	1952,58 b
DP 1552 B2RF	4702,32 a	2114,33 b	2712,77 b
FM 975 WS	3847,97 a	1542,83 c	2295,93 b
FM 980 GLT	3075,26 a	1414,23 c	1634,75 b
FM 982 GL	4051,40 a	1620,85 c	2333,89 b
IMA 2106 GL	3651,61 a	1509,81 c	2115,33 b
IMA 5675 B2RF	3705,07 a	1487,60 c	2216,89 b
IMA 8405 GLT	3575,72 a	1566,28 c	2021,25 b
TMG 45 B2RF	6834,01 a	2763,37 a	4090,61 a
TMG 47 B2RF	4023,33 a	1810,73 c	2137,07 b
TMG 82 WS	4688,51 a	1804,00 c	2874,73 b
UFUJP-H	3353,12 a	1501,64 c	2186,27 b
UFUJP-P	3759,09 a	1427,54 c	2576,18 b
UFUJP-B	2783,48 a	1009,65 c	1796,35 b

*Médias seguidas por letras distintas na coluna, pertencem a grupos distintos pelo teste de Scott-knott a 0,05 de significância. PAC: produtividade de algodão em caroço (kg ha⁻¹); PP: produtividade de pluma (kg ha⁻¹); PS: produtividade de semente (kg ha⁻¹).

De acordo com Beltrão (2001), o capulho de algodão na média mundial apresenta cerca de 61,50% de sementes e 38,50% de fibra, de forma que sementes grandes e pesadas podem ser um indicativo de menor quantidade de fibras. Fato esse comprovado geneticamente pelo trabalho de Fang *et al.* (2017), que identificaram dois *loci* gênicos no algodoeiro em que há associações pleitrópicas entre porcentagem de fibra com tamanho e índice de sementes, de tal modo que haja uma relação negativa entre estas características. Observa-se que a maior parte da produtividade de algodão em caroço dos genótipos desenvolvidos pelo PROMALG UFU é decorrente de superior produtividade de sementes, com percentuais de sementes em relação ao peso total de 65,20%, 68,53% e 64,54%, para UFUJP-H, UFUJP-P e UFUJP-B, respectivamente e maiores que os demais genótipos.

A qualidade intrínseca da fibra é específica para cada cultivar, e apesar de também ser influenciada por efeitos ambientais, é controlada principalmente por fatores genéticos (FREIRE, 2015). Segundo Vidal Neto e Freire (2013) e Carvalho *et al.* (2017), as exigências em relação às características da fibra estão relacionadas principalmente com o tipo de tecnologia de fiação empregada e demandam, basicamente, um maior comprimento de fibras, boa resistência, baixo índice de fibras curtas, maturidade, maior uniformidade de comprimento e menor amplitude de variação de micronaire para atender aos constantes aumentos na velocidade de processamento, tornando-se essencial a análise destas variáveis nas cultivares.

Visto que o conhecimento das associações entre as características de interesse é de fundamental importância para fins de definição de estratégias de seleção no melhoramento, a discussão das médias de qualidade da fibra, cujos valores de CVg/CVe e h^2 foram os maiores do ensaio, foi realizada juntamente com a análise de correlação entre as características.

Em 91,67% dos pares de características, as correlações genotípicas foram iguais ou superiores as correlações fenotípicas, indicando maior contribuição dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais nestas correlações, conforme observado na Tabela 9. Como as seleções são, geralmente, realizadas com base no fenótipo, as correlações fenotípicas têm maior valor prático (CRUZ *et al.*, 2012). As maiores correlações fenotípicas e significativas encontradas foram: índice de fibras curtas x uniformidade de comprimento (-0,92), maturidade x micronaire (0,88) e resistência x comprimento (0,76).

TABELA 9. Correlações fenotípicas e genotípicas entre características avaliadas em 18 genótipos de algodoeiro em Uberlândia-MG.

Caracteres	Correlação	RP	UHML	UI	SFI	MIC	STR	ELG	MAT
PAC	rf	0,19 ^{ns}	-0,55 [*]	-0,04 ^{ns}	0,15 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,43 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
	fg	0,27 ^{ns}	-0,80 ⁺⁺	-0,14 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,17 ^{ns}	-0,63 ⁺	0,46 ^{ns}	-0,14 ^{ns}
RP	rf		-0,15 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	0,39 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	0,34 ^{**}
	fg		-0,18 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	0,44 ⁺	0,24 ^{ns}	0,05 ^{ns}	-0,29 ^{ns}	0,35 ⁺⁺
UHML	rf			0,43 ^{ns}	-0,58 [*]	0,28 ^{ns}	0,76 ^{**}	-0,29 ^{ns}	0,45 ^{ns}
	fg			0,41 ^{ns}	-0,56 ⁺	0,33 ^{ns}	0,77 ⁺⁺	0,40 ^{ns}	0,50 ⁺
UI	rf				-0,92 ^{**}	0,42 ^{ns}	0,63 ^{**}	0,38 ^{ns}	0,26 ^{ns}
	fg				-0,95 ⁺⁺	0,49 ^{ns}	0,70 ⁺⁺	0,09 ^{ns}	0,29 ^{ns}
SFI	rf					-0,40 ^{ns}	-0,63 ^{**}	-0,40 ^{ns}	-0,22 ^{ns}
	fg					-0,43 ^{ns}	-0,65 ⁺	-0,42 ^{ns}	-0,22 ^{ns}
MIC	rf						0,53 [*]	0,11 ^{ns}	0,88 ^{**}
	fg						0,63 ⁺	0,12 ^{ns}	0,86 ⁺⁺
STR	rf							-0,22 ^{ns}	0,66 ^{**}
	fg							-0,22 ^{ns}	0,74 ⁺⁺
ELG	rf								-0,37 ^{ns}
	fg								-0,40 ^{ns}

** *: Significativo a 0,01 e 0,05 pelo teste t.; ++, + Significativo a 0,01 e 0,05 pelo teste de *bootstrap* com 10000 simulações. Estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicos (rf) e genotípicos (rg), entre os caracteres: produtividade de algodão em caroço (PAC); rendimento de pluma (RP); comprimento da fibra (UHML); uniformidade do comprimento (UI); índice de fibras curtas (SFI); índice de micronaire (MIC); resistência da fibra (STR); alongamento da fibra (ELG); maturidade da fibra (MAT).

De acordo com o agrupamento dos genótipos, houve a formação de quatro grupos para comprimento de fibra (UHML), com as médias variando de 27,47 a 32,08 (TABELA 10). Apenas TMG 45 obteve valores de fibras com médio comprimento, sendo os demais agrupados em fibras longas, em concordância com o que é almejado nos programas de melhoramento. Destaca-se o desempenho superior do genótipo BRS 433 (32,08 mm), apresentando valores até maiores que o parâmetro de classificação das fibras proposto pela Embrapa (2002), mas considerado como extralonga pela Cotton Incorporated (2018).

TABELA 10. Média das características de qualidade da fibra em genótipos de algodoeiro. Uberlândia, Minas Gerais, safra 2017/18.

Genótipo	UHML	UI	SFI	MIC	STR	ELG	MAT
BRS 368RF	28,35 c	82,67 c	8,78 d	3,20 b	30,04 d	8,01 b	82,32 b
BRS 372	29,67 b	82,94 c	8,28 c	3,76 a	33,02 b	7,45 c	84,21 a
BRS 433FL B2RF	32,08 a	85,00 a	5,72 a	3,79 a	34,92 a	7,65 c	84,20 a
DP Delta Opal	29,16 b	82,64 c	8,05 c	3,68 a	31,55 c	7,91 b	83,61 a
DP 1228 B2RF	28,46 c	83,32 b	8,00 c	3,83 a	31,67 c	7,51 c	84,26 a
DP 1552 B2RF	29,13 b	84,92 a	6,74 b	4,15 a	31,31 c	9,03 a	83,95 a
FM 975 WS	29,15 b	82,77 c	8,71 a	3,46 b	31,44 c	7,42 c	83,42 a
FM 980 GLT	29,59 b	83,84 b	7,66 c	3,36 b	32,71 b	7,78 c	82,97 b
FM 982 GL	29,58 b	82,80 c	8,23 c	3,71 a	31,26 c	7,40 c	84,05 a
IMA 2106 GL	30,13 b	82,14 c	8,82 d	3,55 a	31,30 c	7,25 c	83,74 a
IMA 5675 B2RF	28,36 c	82,08 c	9,41 d	3,05 b	28,09 d	7,69 c	82,10 b
IMA 8405 GLT	29,07 b	81,24 c	9,65 d	3,75 a	29,75 d	7,38 c	84,09 a
TMG 45 B2RF	27,47 d	82,27 c	8,64 d	3,57 a	28,12 d	8,46 b	82,83 b
TMG 47 B2RF	29,87 b	82,17 c	8,90 d	3,57 a	30,61 d	6,74 d	84,11 a
TMG 82 WS	28,30 c	83,18 c	8,26 c	3,28 b	29,77 d	7,38 c	82,94 b
UFUJP-H	29,56 b	83,55 b	7,37 b	3,21 b	29,95 d	8,12 b	82,27 b
UFUJP-P	29,25 b	82,65 c	7,92 c	3,41 b	28,94 d	8,09 b	82,74 b
UFUJP-B	29,12 b	81,51 c	8,60 d	3,12 b	29,32 d	7,99 b	82,11 b

*Médias seguidas por letras distintas na coluna, pertencem a grupos distintos pelo teste de Scott-Knott a 0,05 de significância. UHML: comprimento da fibra (mm); UI: uniformidade do comprimento (%); SFI: índice de fibras curtas (%); MIC: índice de micronaire; STR: resistência da fibra ($gf\ tex^{-1}$); ELG: alongamento da fibra (%); MAT: maturidade da fibra (%).

O maior valor da média do comprimento de fibra da cultivar BRS 433 foi acompanhado por um menor rendimento de pluma, o que pode ser explicado por estudos de Carvalho *et al.* (2015), que apontam uma correlação negativa entre o rendimento e o comprimento da fibra em cultivares de fibras extra longas. Contudo, como neste trabalho apenas BRS 433 caracterizou-se por apresentar fibras extra longas, não verificou correlação entre estas características. Conforme relatado por Santos *et al.* (2017), é possível também identificar genótipos que apresentam maiores médias de rendimento de fibra e paralelamente comprimento de fibra, como observado para as cultivares FM 980, IMA 8405 e TMG 47.

É conhecida a correlação entre as UHML e resistência (STR), em que os maiores valores de comprimento de fibra resultam em superiores valores de resistência, e que foi comprovado neste trabalho pelas estimativas das correlações significativas, com alta magnitude e positivas ($rf = 0,76$). Ademais, constatou-se pelos dados de correlação que STR encontra-se diretamente relacionada também a uniformidade de comprimento ($rf =$

0,63) e micronaire ($rf = 0,53$), assim como apresentou uma associação inversa com índice de fibras curtas ($rf = -0,63$), comportamento este muito relevante para o melhoramento do algodoeiro, pois indica que a seleção de uma destas característica, preferivelmente aquela com maior coeficiente de determinação genotípico (UHML), favorece a melhoria simultânea das outras variáveis.

Para STR os genótipos obtiveram médias ideais para o algodoeiro (acima de 27 gf tex⁻¹) e foram separados em quatro grupos, encontrando-se o genótipo BRS 433 em um grupo isolado com resistência classificada como muito forte (34,92 gf tex⁻¹) em oposição aos demais, que foram considerados como resistência elevada, com médias maiores que 28,09 gf tex⁻¹.

O índice de fibras curtas (SFI) está diretamente relacionado à qualidade e ao processamento da fibra, sendo desejáveis menores valores, já que implicam em melhor desempenho da fibra no processo de fabricação do fio e maior o interesse do mercado pelo produto (SANTOS *et al.*, 2017; CORDÃO SOBRINHO *et al.*, 2015). A cultivar BRS 433 distinguiu-se das demais por apresentar a menor média de SFI (5,72%), classificada como muito baixa (EMBRAPA, 2002). Tal como constatado pela verificação de correlação negativa entre SFI e UHML ($rf = -0,58$), SFI e STR ($rf = -0,63$), SFI e UI ($rf = -0,92$), o genótipo BRS 433 também apresentou as maiores médias de resistência, uniformidade de comprimento e alongamento muito alto, indicando menores danos durante o processamento, comportamento também observado nos genótipos do trabalho realizado por SANTOS *et al.* (2017).

Para alongamento de fibras formou-se quatro grupos de genótipos, de forma que isoladamente DP 1552 e o grupo constituído por BRS 368, DP Delta Opal, TMG 45, UFUJP-H, UFUJP-P e UFUJP-H obtiveram maiores médias e classificação de alongamento muito alto (valores acima de 7,6%). Apenas TMG 47 obteve médias de alongamento médio (6,74%), e os demais genótipos foram agrupadas como alto a muito alto alongamento. Assim, com exceção de TMG 47, os genótipos apresentam uma boa capacidade de suportar grandes acelerações que lhe sejam impostas durante as etapas de beneficiamento, sem que ocorram rompimentos (BELOT, 2018).

Para uniformidade de comprimento (UI), os genótipos foram divididos em 3 grupos. O grupo formado por BRS 433 (85,00 %) e DP 1552 (84,92 %) obteve fibras classificadas como uniforme e com maiores valores de UI, sendo melhores para a fiação (LANA *et al.*, 2014). Os outros grupos apresentaram valores de médio a uniforme

comprimento de fibra, porém todos apresentando valores próximos do limite mínimo de 83% que é almejado em programas de melhoramento (CUNHA NETO *et al.*, 2015).

O índice do micronaire variou de 3,05 a 4,15 para as fibras dos genótipos, sendo classificadas como finas, exceto DP 1552 que apresentou média de micronaire grossa (4,15). Esta característica indica o nível de espessura e também direciona a gama de títulos de fios a serem fabricados, uma vez que exerce forte influência no índice de rompimento de fibras, eficiência de limpeza e de remoção do emaranhado de fibras que se rompem durante o processo produtivo dos tecidos, conhecidas como “neps” (CUNHA NETO *et al.*, 2015). Freire (2017) relata a necessidade de praticar seleção nos programas de melhoramento para fibras de micronaire de 3,6 a 4,2 mm, limites que foram encontrados para os genótipos BRS 372, BRS 433, DP Delta Opal, DP 1228, DP 1552, FM 982, IMA 8405, TMG 45 e TMG 47.

Embora o micronaire seja uma característica relevante, não deve ser analisado individualmente, pois está correlacionado com MAT ($rf = 0,88$). De modo que fibras com baixos valores de MIC e elevados valores de MAT são as mais desejadas no setor têxtil, já que produzem fios e tecidos finos e fortes (CUNHA NETO *et al.*, 2015). Além do micronaire, as características que apresentaram correlações significativas com maturidade foram rendimento de pluma ($rf = 0,34$) e resistência de fibras ($rf = 0,66$).

Ainda que tenham sido divididos dois grupos de genótipos para maturidade de fibra, todos foram classificados como inferior a médio segundo classificação da Embrapa (2002), porém de acordo com Santana *et al.* (2008), valores de maturidade superiores a 80% já são suficientes para maximizar a absorção e retenção dos corantes, sendo os índices de maturidade de todos os genótipos em consonância para o adequado ao processamento.

Quando houver baixa maturidade das fibras, há indícios da presença de estreita parede secundária da fibra, o que resulta em redução da capacidade de absorção dos corantes após o processo de tingimento, causando irregularidade nas cores aplicadas, além da maior probabilidade para a formação de “neps” e quebras durante o processo produtivo (BELOT, 2018).

Segundo Davidonis *et al.* (2004), a quantidade de água adequada presente no solo, juntamente com altas temperaturas, implicam no aumento da maturidade da fibra, porém observou-se neste ensaio que houve uma diminuição da pluviometria no mês de março em que ocorreu o florescimento nas plantas (FIGURA 1). De acordo com FREIRE (2015) e BELOT (2018), o processo de formação da fibra ocorre antes da antese, devido a isso,

déficit hídrico nesta fase pode afetar negativamente a qualidade da fibra, sendo a possível causa da menor maturidade de fibra das cultivares deste ensaio.

4.3 Análise da divergência genética dos genótipos de algodoeiro

Observou-se que a maior contribuição relativa para detecção de divergência genética utilizando o método proposto por Singh (1981), foi obtida pela característica maturidade de fibra (36,57%), seguida por micronaire (25,61 %) e alongamento de fibras (8,31%) (FIGURA 2). Em oposição, Cunha Neto *et al.* (2015), avaliando a divergência entre genótipos de um mesmo programa de melhoramento de fibras brancas e coloridas, observou que as características tecnológicas da fibra apresentaram baixas contribuições, sendo as variáveis de produção e porcentagem de fibra de maior importância.

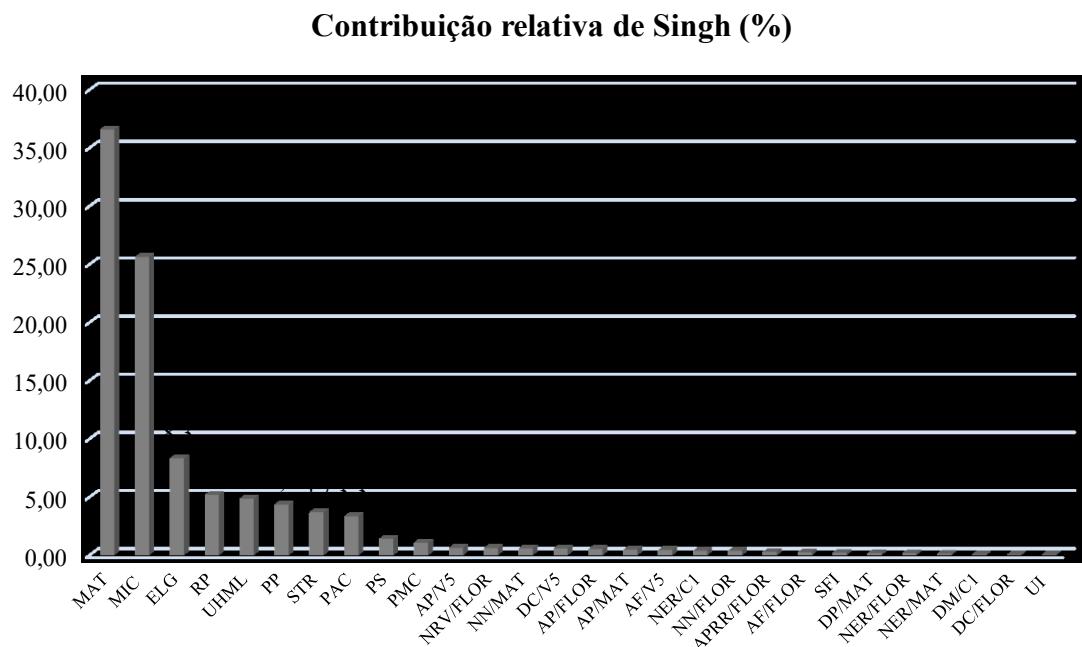


FIGURA 2. Estimativas da contribuição relativa de Singh (S.j) para a detecção de divergência genética em genótipos de algodoeiro.

*AP/V5: altura de plantas em V5; DC/V5: diâmetro de caule em V5; AF/V5: área foliar em V5; AP/FLOR: altura de plantas no florescimento pleno; DC/FLOR: diâmetro de caule no florescimento pleno; AF/FLOR: área foliar no florescimento pleno; NN/FOR: número de nós no florescimento pleno; NRV/FLOR: número de ramos vegetativos no florescimento pleno; APRR/FLOR: altura do primeiro ramo reprodutivo no florescimento pleno; NER/FLOR: número de estruturas reprodutivas no florescimento pleno; NER/C1: número de estruturas reprodutivas no surgimento do primeiro capulho; DM/C1: diâmetro médio de maçã no surgimento do primeiro capulho; AP/MAT: altura de plantas na maturidade plena; DC/MAT: diâmetro de caule na maturidade plena; NN/MAT: número de nós na maturidade plena; NER/MAT: número de estruturas reprodutivas na maturidade plena; PMC: peso médio de capulho; PAC: produtividade

de algodão em caroço; PP: produtividade de pluma; PS: produtividade de semente; RP: rendimento de pluma; UHML: comprimento da fibra; UI: uniformidade do comprimento; SFI: índice de fibras curtas; MIC: índice de micronaire; STR: resistência da fibra; ELG: alongamento da fibra; MAT: maturidade da fibra.

O rendimento de pluma foi a quarta característica em ordem de importância para detecção da divergência genética, porém em trabalhos de Santos *et al.* (2017) e Gilio (2014) esta variável foi a que mais contribuiu para a diversidade genética em 31,3% e 17,86%, respectivamente.

Já as variáveis UI, DC/ FLOR, DP/MAT, DM/C1, NER/MAT, NER/FLOR, SFI e AF/FLOR contribuíram com o mínimo na detecção de diversidade genética, pois apresentaram valores próximos de zero na estimativa de Singh. Estas características apresentaram menores coeficientes de determinação genotípico e menor relação CVg/CVe, sendo esta a possível razão da menor importância, com exceção de SFI, DM/C1 e UI, em que a causa possa ter sido originada das suas variações já estarem representadas por outras características (CRUZ *et al.*, 2011). As características índice de fibras curtas e número de estruturas reprodutivas já haviam sido sugeridas para exclusão na avaliação da divergência entre as cultivares da Embrapa por Araújo *et al.* (2014). Essa exclusão, segundo Alves *et al.* (2003), contribui com a redução de mão-de-obra para aferição das características, tempo e custos com experimentação.

Pode-se observar pelos dados da contribuição relativa das características para detecção da divergência genética, que as características de qualidade de pluma apresentaram maior importância que as variáveis agronômicas, em razão das cultivares utilizadas no trabalho serem advindas de um processo de melhoramento genético já avançado para produtividade e componentes de produção, entretanto ainda em evolução para parâmetros de qualidade. Ressalta-se a importância atual de realizar a seleção de genótipos com base nos resultados de tecnologia da fibra, já que para comercializar a fibra no mercado internacional, ela precisa adaptar-se ao tipo de fiação cada vez mais tecnológica (BELOT, 2018).

Embora as características de qualidade de fibra e rendimento de pluma tenham apresentado maior capacidade de discriminação dos genótipos, a análise de produtividade de algodão não pode ser excluída dos programas de melhoramento genético, pois altos valores já são pressupostos para seleção dos melhores genótipos desde o início do melhoramento de algodoeiro no Brasil e por corresponder ao caráter de maior importância econômica para o produtor (FREIRE *et al.*, 2015).

Ao analisar o dendograma obtido pelo agrupamento UPGMA, baseado na matriz da distância generalizada de Mahalanobis, a linha de corte foi realizada pelo método proposto por Mojena (1977) e adaptado por Milligan e Cooper (1985) (FIGURA 3), que separou os genótipos em seis grupos, sendo o grupo I formado por quatro genótipos (TMG 45, FM 980, BRS 356, IMA 5675), o grupo II formado por cinco genótipos (IMA 8405, TMG 47, FM 982, BRS 372, IMA 2106), o grupo III formado por três genótipos (UFUJP-H, UFUJP-P, UFUJP-B), o grupo IV formado por quatro genótipos (DP Delta Opal, DP 1228, FM 975, TMG 82) e os grupos V (DP 1552) e VI (BRS 433) constituídos por apenas um genótipo.

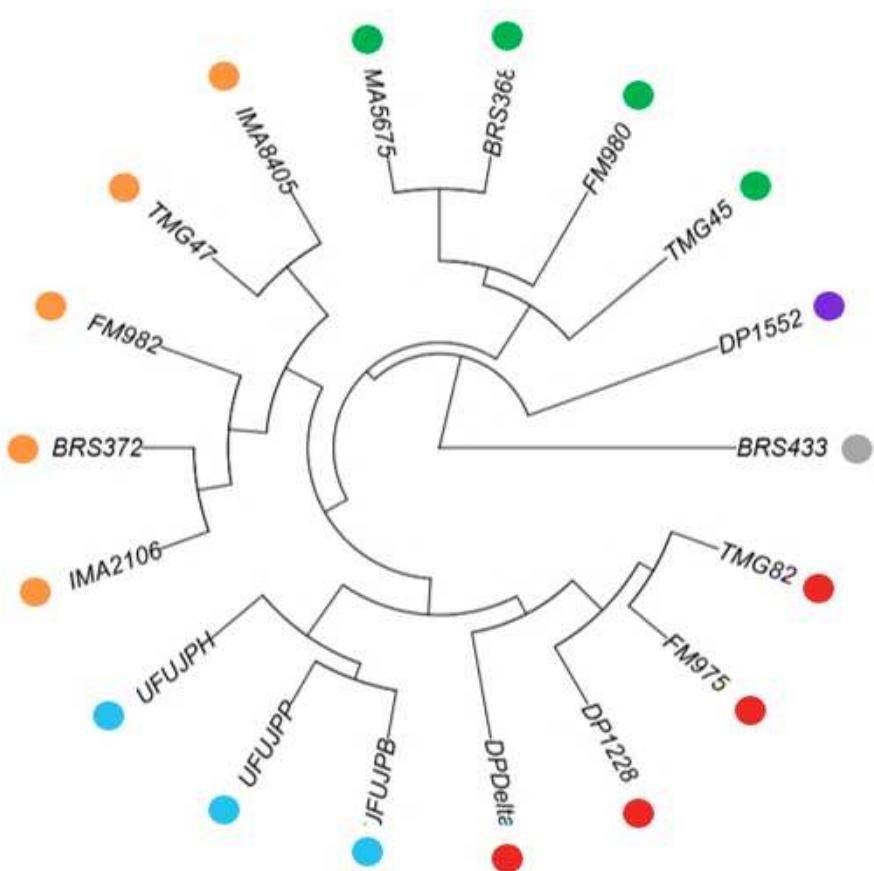


FIGURA 3. Dendrograma da divergência genética entre 18 genótipos de algodoeiro, obtido pelo método hierárquico de ligação média “UPGMA”, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Círculos coloridos representam os grupos definidos pelo método de corte proposto por Mojena (1977). Coeficiente de correlação cofenética (r): 0,60.

O coeficiente de correlação cofenética, que estima a representatividade dos dados da matriz de dissimilaridade do dendrograma obtido pelo agrupamento UPGMA, revelou magnitude de 0,60, indicando que os dados da matriz apresentaram ajuste satisfatório na representação gráfica apresentada pelo dendrograma (NARDINO *et al.*, 2017).

A análise de agrupamento pelo método de Tocher, baseada na matriz da distância generalizada de Mahalanobis, separou os 18 genótipos em seis grupos distintos (TABELA 11). O grupo I é constituído por seis genótipos (BRS 368, IMA 5675, FM 975, IMA 8405, FM 980, TMG 45), o grupo II também formado por seis genótipos (UFUJP-P, UFUJP-B, UFUJP-H, BRS 372, FM 982, IMA 2106), grupo III formado por três genótipos (DP 1228, TMG 82, DP Delta Opal) e os grupos IV, V e VI são compostos pelos genótipos isolados DP 1552, TMG 47 e BRS 433.

TABELA 11. Agrupamento de 18 genótipos de algodoeiro, pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de distância genética.

Grupos	Nº de genótipos	Genótipos
1	6	BRS 368RF, IMA 5675 B2RF, FM 975 WS, IMA 8405 GLT, FM 980 GLT, TMG 45 B2RF
2	6	UFUJP-P, UFUJP-B, UFUJP-H, BRS 372, FM 982 GL, IMA 2106 GL
3	3	DP 1228 B2RF, TMG 82 WS, DP Delta Opal
4	1	DP 1552 B2RF
5	1	TMG 47 B2RF
6	1	BRS 433 FL B2RF

O uso do método UPGMA combinado com o método de otimização de Tocher, garante uma boa estimativa da divergência genética (GILIO *et al.*, 2017). Observa-se que ambos os métodos foram parcialmente concordantes quanto à dissimilaridade genética entre o conjunto de genótipos, com a formação do mesmo número de grupos, mas variando algumas posições de genótipos entre eles. Estas diferenças devem-se à maneira distinta de realizarem o cálculo da dissimilaridade genética e dos diferentes modos de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado ou entre dois grupos quaisquer (BUTTOW *et al.*, 2010; CRUZ *et al.*, 2011).

Ainda nos estudos de divergência genética, é possível utilizar as variáveis canônicas com o propósito de identificar indivíduos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais. A viabilidade de utilizar este estudo depende da possibilidade de resumir o conjunto de 28 variáveis originais, no caso do presente trabalho, em poucas variáveis canônicas, de forma a ter uma boa aproximação do comportamento dos indivíduos, oriundo de um espaço 28-dimensional em um espaço tridimensional (CRUZ *et al.*, 2012).

Conforme Cruz *et al.* (2012), para uma interpretação satisfatória da variabilidade encontrada entre os genótipos, é necessário que as duas ou três primeiras variáveis canônicas permitam estimativas mínimas de 80% da variação total contida no conjunto das características. Devido ao fato das três primeiras variáveis canônicas terem explicado mais de 80% da variância total de caracteres analisados (85,62% da variância total acumulada), é possível explanar de maneira satisfatória a variabilidade manifestada entre os genótipos considerados nesta avaliação, permitindo representá-las em um gráfico de dispersão tridimensional (TABELA 12).

TABELA 12. Variáveis canônicas, obtidas a partir da análise de 28 variáveis em genótipos de algodoeiro.

Variáveis Canônicas	Variância	Variância Acumulada (%)
VC1	197,48	61,76
VC2	55,26	79,05
VC3	21,02	85,62
VC4	16,46	90,77
VC5	9,00	93,58
VC6	5,05	95,16
VC7	4,39	96,53
VC8	3,82	97,73
VC9	2,05	98,37
VC10	1,44	98,82
VC11	1,33	99,24
VC12	0,86	99,51
VC13	0,61	99,70
VC14	0,39	99,82
VC15	0,29	99,91
VC16	0,16	99,96
VC17	0,13	100,00

A distribuição dos genótipos de algodoeiro no gráfico de dispersão tridimensional (FIGURA 4) permitiu identificar a formação de cinco grupos, sendo o primeiro grupo constituído por oito genótipos (BRS 368, IMA 5675, TMG 45, TMG 82, DP Delta Opal, FM 975, DP 1552, DP 1228), o segundo grupo formado por cinco genótipos (BRS 372, FM 982, UFUJP-H, UFUJP-P, UFUJP-B), terceiro grupo formado por três genótipos (IMA 8405, IMA 2106, TMG 47) e os grupos IV e V são compostos pelos genótipos isolados FM 980 e BRS 433.

Os grupos formados por meio da dispersão gráfica das variáveis canônicas apresentaram concordância com aqueles obtidos pelo método de agrupamento UPGMA e otimização de Tocher, pois apesar dos genótipos se concentraram em dois grupos, com o maior grupo apresentando cerca 44% dos genótipos, a separação dos programas de melhoramento segue a mesma tendência geral.

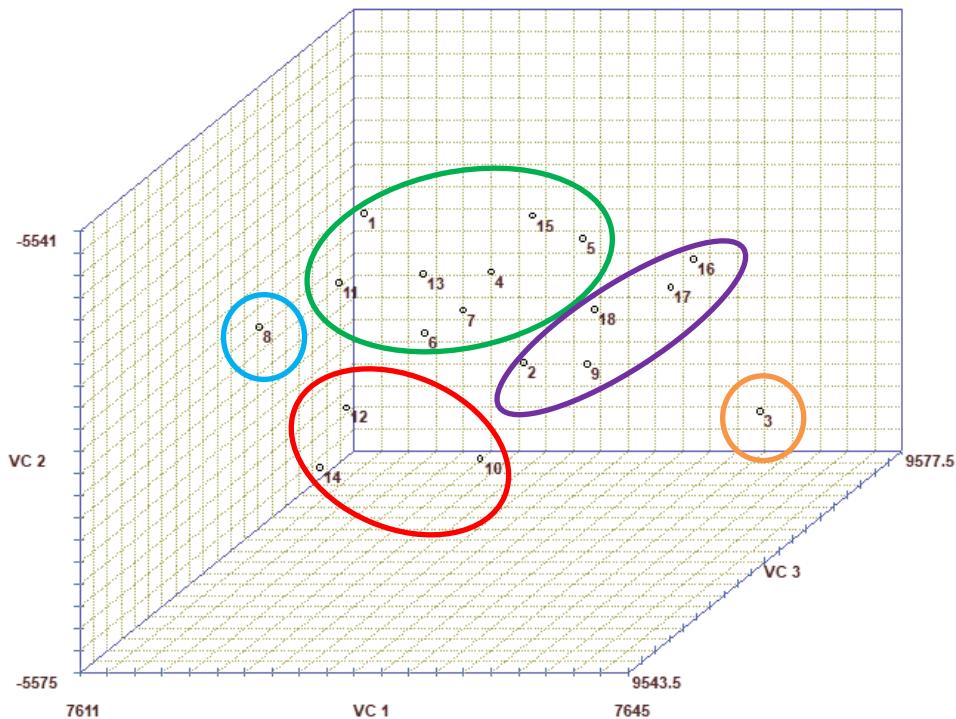


FIGURA 4. Dispersão gráfica de 18 genótipos de algodoeiro, em relação às três primeiras variáveis canônicas, estabelecidas pela combinação linear de caracteres. VC1: variável canônica 1; VC2: variável canônica 2; VC3: variável canônica 3; VC1+ VC2 + VC3= 85,62%. Círculos coloridos representam grupos distintos.

1: BRS 368RF; 2: BRS 372; 3: BRS 433FL B2RF; 4: DP Delta Opal; 5: DP 1228 B2RF; 6: DP 1552 B2RF; 7: FM 975 WS; 8: FM 980 GLT; 9: FM 982 GL; 10: IMA 2106 GL; 11: IMA 5675 B2RF; 12: IMA 8405 GLT; 13: TMG 45 B2RF; 14: TMG 47 B2RF; 15: TMG 82 WS; 16: UFUJP-H; 17: UFUJP-P; 18: UFUJP-B.

Observa-se que as cultivares provenientes da Embrapa, TMG e Fibermax distribuíram-se em três grupos em todos os métodos de agrupamento, exceto pelo método de Tocher, em que os genótipos da Fibermax distribuíram-se em apenas dois grupos e na dispersão gráfica tridimensional, em que genótipos da TMG também se separaram em dois grupos. As cultivares do IMA, por sua vez, se separaram em dois grupos, variando o posicionamento das cultivares entre os métodos. Assim, este padrão de distribuição dos genótipos aponta para a existência de similaridade entre os programas de melhoramento.

Para todos os métodos de agrupamento, os genótipos do PROMALG UFU permaneceram juntos em apenas um grupo, assim como apenas uma das cultivares da Monsanto DeltaPine (DP 1552) se posicionou em um grupo diferente das demais para UPGMA e otimização de Tocher, e todos os genótipos Monsanto Deltapine permaneceram no mesmo grupo para dispersão gráfica tridimensional, indicando similaridade genética dentro destes programas de melhoramento.

Embora os genótipos do PROMALG UFU estejam dispostos em um grupo juntamente com BRS 372, FM 982 e IMA 2106 no método de otimização de Tocher, e com BRS 372 e FM 982 na dispersão gráfica tridimensional, no agrupamento de UPGMA ficaram isolados. Sabe-se que estes genótipos foram desenvolvidos realizando-se o cruzamento de variedades de *Gossypium hirsutum* com *Gossypium barbadense*, com o propósito de incorporar a excelente qualidade da fibra presente em *G. barbadense* na cultivares de *G. hirsutum* (CARVALHO *et al.*, 2017).

Dessa forma, o cruzamento para obter os genótipos do PROMALG utilizou genitores de ampla divergência genética com o intuito de gerar variabilidade genética nas progêñies de algodoeiro. Porém, de acordo com GUO *et al.* (2009), inevitavelmente são introduzidas nesta progênie características indesejáveis que demandam tempo para serem melhoradas, o que explica neste trabalho o menor rendimento de pluma e resistência de fibra quando comparado as cultivares, comprovado pelo contraste por teste de Scheffé (TABELA 13).

TABELA 13. Estimativas e probabilidade para contraste dos genótipos desenvolvidos pelo PROMALG UFU em comparação com as cultivares comerciais por teste de Scheffé.

Característica	\hat{y}	Probabilidade de Scheffé
PAC	-677,71 ns	1,00
PP	-315,23 ns	0,99
PS	21,12 ns	1,00
RP	-4,65*	0,00
UHML	0,09 ns	1,00
UI	-0,36 ns	1,00
SFI	-0,29 ns	1,00
MIC	-0,33 ns	0,70
STR	-1,63*	0,00
ELG	0,40 ns	0,47
MAT	-1,15 ns	0,16

*e ns = significativo $p < 0,05$ e não significativo, respectivamente, pelo teste Scheffé. C = - G1-G2 - G3 - G4 - G5 - G6 - G7- G8 -G9 - G10 - G11 - G12 - G15 + 5 G16 + 5 G17 + 5 G18. Genótipos 1: BRS 368R; 2: BRS 372; 3: BRS 433FL B2RF; 4: DP Delta Opal; 5: DP 1228 B2RF;

6: DP 1552 B2RF; 7: FM 975 WS; 8: FM 980 GLT; 9: FM 982 GL; 10: IMA 2106 GL; 11: IMA 5675 B2RF; 12: IMA 8405 GLT; 13: TMG 45 B2RF; 14: TMG 47 B2RF; 15: TMG 82 WS; 16: UFUJP-H; 17: UFUJP-P; 18: UFUJP-B.

Destaca-se que DP 1552 e BRS 433 se posicionaram em grupos isolados dos demais genótipos nos métodos de agrupamento UPGMA e otimização de Tocher, sendo BRS 433 agrupado separadamente em todos os métodos de agrupamento, devido a dissimilaridade em relação aos outros genótipos. Essa maior distância pode ser decorrente do melhor desempenho destas cultivares para qualidade de fibras (TABELA 10), principalmente BRS 433, além do bom rendimento de pluma e produtividade apresentado por DP 1552 (TABELAS 7 e 8).

De maneira geral, os maiores grupos formados constituem aqueles mais diversificados quanto aos programas de melhoramento do qual os genótipos foram originados. Bertini *et al.* (2006) e Bertini (2004) também identificaram que dentro dos grupos de genótipos formados havia cultivares de diversas origens de programas de melhoramento, indicando que as organizações empregam germoplasma semelhante, que é compartilhado entre eles, envolvendo cruzamentos entre cultivares ou entre cultivares e linhagens semelhantes, além do que a maioria dos genótipos é resultante de seleção de cultivares previamente bem sucedidas.

Corroborando com este resultado, Chaudhary *et al.* (2010) verificaram por análises de marcadores moleculares RAPD, que a maioria das variedades de algodoeiro avaliadas cultivadas na Índia, tem uma base genética estreita, possivelmente em razão dos programas de melhoramento compartilharem as linhagens elite entre si, resultando em parentesco próximo das variedades. Ademais, Amalraj (1982), Singh e Gill (1984) em seus trabalhos constataram que não houve relação entre diversidade genética e geográfica do algodoeiro, já que variedades de mesma origem geográfica ficaram em grupos distintos, e atribuíram este fato à seleção e adaptação realizadas nessas populações.

Os resultados de dissimilaridade dos métodos de agrupamento confirmam a existência de divergência entre os genótipos provenientes dos programas de melhoramento do Brasil, contudo há pelo menos uma cultivar com similaridade entre todos programas de melhoramento e seu cruzamento deve ser evitado para manter a variabilidade genética e garantir ganhos de seleção. Genitores geneticamente relacionados tendem a compartilhar muitos genes ou alelos, e quando ocorre um cruzamento entre eles, há pouca complementariedade e baixo vigor, atribuído ao baixo nível de heterozigosidade alélica (CRUZ, 2012).

Esta proximidade entre genótipos sugere a utilização das mesmas fontes de germoplasma que compartilham os mesmos alelos para o desenvolvimento das cultivares de algodoeiro lançadas no Brasil, cuja origem é influenciada pelas introduções de variedades dos Estados Unidos e Austrália, em que Guitérrez *et al.* (2002) detectaram uma base genética estreita, ou de seleção realizada de outras cultivares já existentes, com uma subutilização de germoplasmas silvestres (PENNA, 2005; IQBAL *et al.*, 2001; BERTINI *et al.*, 2006).

Em estudos de Bertini *et al.* (2006), observou-se um grande número de cultivares de algodão descendentes de poucos genitores. Fang *et al.* (2017) relatam que 54,8% dos alelos de cultivares chinesas modernas foram transferidos de apenas três variedades. Andrade *et al.* (2016) alertam que é necessário ter cuidado com a menor variabilidade genética no germoplasma, pois a seleção de genótipos para uma característica em particular pode acarretar o estreitamento da base genética e possivelmente tornando-as vulneráveis à estresses bióticos e abióticos atuais e futuros. Logo, Bertini *et al.* (2004) alertam para a necessidade de se introduzir novos alelos no pool gênico dos algodoeiros melhorados.

Levando-se em conta as distâncias de Mahalanobis, médias indicadas na TABELA 13, vê-se que os genótipos mais divergentes foram BRS 433 e FM 980, e que também apresentaram as mais elevadas distâncias em relação a maioria dos genótipos.

Analizando-se conjuntamente os dados das cultivares BRS 433 e FM 980, é possível perceber que BRS 433, apesar de não apresentar maiores valores de características agronômicas, demonstrou superior qualidade de fibra em comparação aos genótipos estudados e também em relação aos padrões brasileiros de classificação das fibras, com exclusão de maturidade, que foi influenciado por fatores ambientais, refletindo no menor desempenho de todos os genótipos. Resultado também constatado por Morello *et al.* (2017), que afirmam que o genótipo BRS 433 FL B2RF possui a melhor fibra dentre as cultivares em comercialização no Brasil na atualidade.

Por outro lado, FM 980 apresentou maiores valores de componentes de produção (DM/C1, NN/MAT), com destaque para seu rendimento de pluma superior aos demais, porém com menor qualidade de fibra. Como relatado por Zeng *et al.* (2018) e Culp e Lewis (1973), pode haver uma associação negativa entre o rendimento e a qualidade da fibra.

A distância entre os genótipos representa uma importante informação na escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, pois as novas hibridações a serem

realizados devem ser embasados na magnitude de suas dissimilaridades (SANTOS *et al.*, 2017). Assim, para obter ganhos genéticos e explorar a variabilidade genética entre o conjunto de cultivares, é promissor realizar hibridações entre as cultivares BRS 433 e FM 980, de forma a gerar populações segregantes com maior potencial produtivo, rendimento de pluma e qualidade de fibra.

Ao analisar o genótipo BRS 433, a qual se posicionou em um grupo isolado nos agrupamentos e apresentou em geral maior divergência dos demais genótipos, observa-se que as menores distâncias em relação a esta cultivar foram com UFUJP-B (234, 41), UFUJP-P (241,80) e UFUJP-H (249,31). A provável causa pode estar na genealogia empregada no desenvolvimento destes materiais, com o cruzamento de germoplasma com maior variabilidade genética, que fornecem ganhos genéticos e geram recombinantes, possibilitando a seleção das melhores combinações genéticas, o que explica os resultados excelentes de qualidade de fibra presentes na cultivar BRS 433 (LUDKE *et al.*, 2017).

É possível observar que visando aumentar o progresso genético do programa de melhoramento genético da UFU, é promissor realizar cruzamentos com FM 980, já que apresenta maior distância genética, além desta cultivar apresentar maiores valores de características agronômicas, boa qualidade de fibra e com destaque para o alto rendimento de pluma, de forma a melhorar a proporção de fibra e semente produzida pelo capulho dos materiais genéticos do PROMALG.

Verifica-se moderada diversidade genética entre os genótipos de algodoeiro, já que as distâncias genéticas, considerando todas as características avaliadas no ensaio, apresentaram magnitude de 68,64 a 1121,27 (TABELA 14). Esta amplitude pode ser comparada com estudos de Araújo *et al.* (2014), que encontraram distâncias de 23,01 a 1172,28 entre 11 cultivares provenientes somente do programa de melhoramento da Embrapa, quando avaliaram parâmetros de qualidade da fibra e produtivos, sugerindo a pequena base genética das cultivares atuais. Ademais, a relação entre o maior e o menor valor observado de D^2 foi de 16,34, também caracterizando a presença de moderada divergência genética entre os materiais estudados, já que Nardino *et al.* (2017) e Paixão *et al.* (2008) classificaram como ampla variabilidade de genótipos de milho valores de 33,60 e 39,00, respectivamente.

Quando analisada a divergência dos genótipos com relação somente a características de qualidade da fibra, Cunha Neto *et al.* (2015) classificaram como ampla dissimilaridade genética a oscilação de valores de distância entre 17,87 a 893,64 para 10 cultivares, ao passo que para o presente trabalho a distância pode ser confirmada como

moderada de 5,34 a 125,22 (TABELA 15). Esta constatação aliada à similaridade entre as cultivares de algodoeiro de diferentes programas de melhoramento nos agrupamentos realizados, sugere a necessidade de uma maior preocupação em realizar o aproveitamento dos recursos genéticos do algodoeiro pelos programas de melhoramento do Brasil.

TABELA 14. Dissimilaridade entre 18 genótipos de algodoeiro em relação a 28 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Genótipo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
2	329,2																
3	862,2	370,2															
4	202,9	271,9	453,4														
5	323,4	206,9	504,8	310,9													
6	323,5	269,7	599,9	208,0	525,1												
7	146,5	112,0	471,9	149,9	115,3	263,6											
8	234,8	376,5	1121,3	505,4	431,1	570,4	252,9										
9	413,3	150,5	286,9	332,8	146,1	508,9	133,4	443,8									
10	428,3	95,7	328,1	322,6	362,2	285,2	153,5	426,9	167,6								
11	68,6	296,4	825,0	284,8	310,1	386,1	118,8	170,8	364,9	314,0							
12	255,1	167,7	684,9	330,3	328,9	360,1	105,4	158,4	227,7	125,6	138,4						
13	260,1	266,6	836,4	468,0	256,0	453,0	198,3	205,6	269,8	350,4	244,4	219,8					
14	420,7	344,3	757,3	436,5	474,7	502,0	214,1	257,2	311,0	198,2	276,0	110,7	375,8				
15	193,9	249,6	540,6	144,2	130,7	360,4	92,6	432,5	237,6	354,4	237,7	315,2	269,5	412,1			
16	465,7	193,5	249,3	324,6	296,3	394,2	296,2	762,1	278,4	315,9	501,2	528,2	450,6	764,5	273,7		
17	487,0	260,4	241,8	220,4	351,3	306,2	268,6	844,6	289,0	311,5	552,1	522,1	522,6	627,5	201,0	121,2	
18	296,1	155,6	234,4	174,6	193,3	294,4	120,4	529,9	142,4	175,5	285,8	285,5	323,9	391,9	151,2	125,0	91,7

1: BRS 368R; 2: BRS 372; 3: BRS 433FL B2RF; 4: DP Delta Opal; 5: DP 1228 B2RF; 6: DP 1552 B2RF; 7: FM 975 WS; 8: FM 980 GLT; 9: FM 982 GL; 10: IMA 2106 GL; 11: IMA 5675 B2RF; 12: IMA 8405 GLT; 13: TMG 45 B2RF; 14: TMG 47 B2RF; 15: TMG 82 WS; 16: UFUJP-H; 17: UFUJP-P; 18: UFUJP-B.

TABELA 15. Dissimilaridade entre 18 genótipos de algodoeiro em relação a 7 características de qualidade da fibra, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Genótipo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
2	31,7																
3	99,6	52,1															
4	13,3	13,8	50,1														
5	27,1	22,7	99,6	23,3													
6	37,7	68,1	91,5	28,2	63,6												
7	12,7	8,5	70,2	12,1	21,4	61,8											
8	8,8	18,2	55,9	6,4	24,8	35,6	9,3										
9	31,6	4,7	44,9	13,8	24,2	70,3	8,2	19,7									
10	49,1	23,1	48,1	31,7	72,0	93,8	19,6	35,3	16,7								
11	11,0	41,7	106,9	28,4	48,5	68,8	14,2	22,8	32,1	32,8							
12	40,9	18,5	76,9	29,3	56,3	89,7	15,1	39,1	14,3	7,7	27,4						
13	11,8	56,7	125,2	21,9	32,7	24,9	37,9	28,1	52,9	84,8	31,4	67,6					
14	59,1	29,4	66,1	45,8	64,6	123,8	21,8	46,2	17,1	8,7	35,1	13,6	96,4				
15	18,7	39,1	109,1	30,0	12,2	74,1	20,4	22,7	30,7	68,0	25,6	59,0	29,0	54,5			
16	26,3	60,7	59,3	23,3	68,2	35,4	39,6	20,4	47,6	49,4	29,1	62,9	34,3	65,1	46,7		
17	23,8	43,0	50,7	14,2	56,1	36,0	28,9	20,0	29,2	33,1	23,2	39,5	29,4	47,1	42,2	5,2	
18	25,6	52,5	63,5	20,2	74,3	46,7	34,3	24,1	42,0	33,9	23,7	42,9	37,3	54,2	56,3	7,5	5,3

1: BRS 368R; 2: BRS 372; 3: BRS 433FL B2RF; 4: DP Delta Opal; 5: DP 1228 B2RF; 6: DP 1552 B2RF; 7: FM 975 WS; 8: FM 980 GLT; 9: FM 982 GL; 10: IMA 2106 GL; 11: IMA 5675 B2RF; 12: IMA 8405 GLT; 13: TMG 45 B2RF; 14: TMG 47 B2RF; 15: TMG 82 WS; 16: UFUJP-H; 17: UFUJP-P; 18: UFUJP-B.

5. CONCLUSÕES

Foi detectada moderada divergência genética entre os genótipos provenientes dos principais programas de melhoramento do Brasil.

Para explorar a variabilidade genética entre o conjunto de cultivares, é promissor realizar hibridações entre as cultivares BRS 433 e FM 980, de forma a gerar populações segregantes com maior potencial produtivo, rendimento de pluma e qualidade de fibra. Cruzamentos entre os genótipos desenvolvidos pelo PROMALG com FM 980 são interessantes para que haja incrementos na quantidade e qualidade de fibras de UFUJP-B, UFUJP-H e UFUJP-P.

As características de qualidade da fibra, maturidade, micronaire e alongamento de fibras apresentaram maior contribuição para detecção da divergência genética.

REFERÊNCIAS

- ALVES, L. R. A.; BARROS, G. S. C.; BACCHI, M. R. P. Produção e exportação de algodão: efeitos de choques de oferta e de demanda. **Revista Brasileira de Economia**, Rio de Janeiro, v. 62, n. 4, p. 381-405, 2008. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-71402008000400002>. Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/rbe/v62n4/a02v62n4.pdf>. Acesso em: 30 ago. 2018.
- ALVES, L. R. A.; LIMA F. F.; FERREIRA FILHO, J. B. S. Aspectos econômicos. In: BORÉM, A.; FREIRE, E. C. **Algodão**: do plantio a colheita. Viçosa, MG: UFV, 2014. cap.1, p. 9-30.
- ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGUEIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 7, p. 807-818, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2003000700004>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100204X2003000700004&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 30 ago. 2018.
- AMALRAJ, S. F. A. Genetic divergence in *Gossypium hirsutum* L. **Genetic Agriculture**, Bangalore, v. 36, p. 2330, 1982.
- ANDRADE, L. R. B.; NETO, R. F.; GRANATO, I. S. C.; SANT'ANA, G. C.; MORAIS, P. P. P.; BORÉM, A. Genetic Vulnerability and the Relationship of Commercial Germplasms of Maize in Brazil with the Nested Association Mapping Parents. **Plos one**, San Francisco, v. 11, n. 10, p.1-14, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0163739>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0163739>. Acesso em: 30 ago. 2018.
- ANSELMO, J. L.; DA COSTA, D. S.; LEONEL, T. Z.; TOSTA, F. D. S.; FRANCISCO, P. M. S. Produtividade e componentes de produção de algodoeiro em função do cultivar em Chapadão do Sul-MS. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ALGODÃO, 8., 2011, São Paulo. **Anais** [...]. Campina Grande: Embrapa Algodão, 2011. p. 1075-1080.
- ARAUJO, A. E. **Cultura do Algodão no Cerrado**. [S.l.]: EMBRAPA, 2017.
- ARAUJO, L. F.; ALMEIDA, W. S. de; 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. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902014000200012>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1806-66902014000200012&lng=en&nrm=iso&tlang=en. Acesso em: 29 ago. 2018.
- ARAÚJO, L. F.; BERTINI, C. H. D. M.; BLEICHER, E.; VIDAL NETO, F. D. C.; ALMEIDA, W. S. Características fenológicas, agronômicas e tecnológicas da fibra em diferentes cultivares de algodoeiro herbáceo. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 8, n. 3, p. 448-453, 2013. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v8i3a2732>. Disponível em:

http://www.agraria.pro.br/ojs2.4.6/index.php?journal=agraria&page=article&op=view&path%5B%5D=agraria_v8i3a2732. Acesso em: 28 ago. 2018.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS PRODUTORES DE ALGODÃO. A cadeia do algodão brasileiro: desafios e estratégias. Brasília, DF: ABRAPA, 2012. Disponível em:
<http://www.abrapa.com.br/BibliotecaInstitucional/Publica%C3%A7%C3%B5es/Livros/Livro%20A%20Cadeia%20do%20Algodoao%20-%20Abrapa.pdf>. Acesso em: 28 ago. 2018.

BARROSO, P. A. V.; HOFFMANN, L. V.; BORÉM, A. Variedades transgênicas e seu manejo. In: BORÉM, A.; FREIRE, E. C. **Algodão: do plantio a colheita.** Viçosa, MG: UFV, 2014. cap.1, p. 133-155.

BELOT, J. A indústria têxtil e a qualidade de fibra. In: IMAMT. **Manual de qualidade da fibra.** Primavera do Leste: IMAMT, 2018. cap. 3, p. 154-191.

BÉLOT, J. L. Melhoramento genético do algodoeiro na visão do CIRAD. In: CONGRESSO BRASILEIRO DO ALGODÃO, 6., 2007, Uberlândia. **Anais [...].** Uberlândia: [s.n.], 2007. 1 CD-ROM.

BELTRÃO, N. E. M. Componentes da produção na cotonicultura: uma visão integrada. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ALGODÃO, 3., 2001, Campo Grande. **Anais [...].** Campo Grande: [s.n.], 2001.

BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P. de; NÓBREGA, L. B. da. Colheita do algodão. In: BELTRÃO, N. E. de M.; ARAÚJO, A. E. de. **Algodão: o produtor pergunta e a Embrapa responde.** Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2004. p.155–164.

BERTINI, C. H. C. M. **Caracterização e análise de diversidade genética em algodoeiro herbáceo por marcadores microssatélites e genealogia.** 2004. 122 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004.

BERTINI, C. H. C. M.; SCHUSTER, I.; SEDIYAMA, T.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Characterization and genetic diversity analysis of cotton cultivars using microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, São Paulo, v. 29, n. 2, p. 321-329, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572006000200021>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47572006000200021&lng=en&tlng=en. Acesso em: 25 ago. 2018.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** 6. ed. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2013.

BÜTTOW, M. V.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G. E CARVALHO, F. I. F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 6, p. 1264-1269, 2010. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782010000600004>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782010000600004&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 25 ago. 2018.

CARDOSO, D. B. O. **Melhoramento genético de algodoeiro colorido**: Redes Neurais Artificiais versus métodos convencionais. 2018. 98 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018. DOI: <https://doi.org/10.14393/ufu.di.2018.742>. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/21630>. Acesso em: 28 dez. 2018.

CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; RODRIGUES, J. I. S. Selection for increased fiber length in cotton progenies from Acala and Non-Acala types. **Crop Science**, [s. l.], v. 55, p. 1-7, 2015. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.08.0547>. Disponível em: <https://dl.sciencesocieties.org/publications/cs/abstracts/55/3/985>. Acesso em: 28 dez. 2018.

CARVALHO, L. P.; FARIAS, F. J. C.; RODRIGUES, J. I. S.; SUASSUNA, N. D. Genetic diversity among exotic cotton accessions as for qualitative and quantitative traits. **Genetics and Molecular Research**, São Paulo, v.16, n.1, p. 1-10, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16019590>. Disponível em: <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-1/pdf/gmr-16-01-gmr.16019590.pdf>. Acesso em: 20 ago. 2018.

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0100-204x200300100003>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X200300100003&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 24 ago. 2018.

CARVALHO, L. P; BARROSO, P. A.V.; SANTOS, J. A. T.; ALVES, H. S. Seleção massal e porcentagem de fibra em cultivar de algodoeiro colorido. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 40, p. 895-98, 2005. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2005000900009>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2005000900009&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 30 ago. 2018.

CHAUDHARY, L.; SINDHU, A.; KUMAR, M.; KUMAR, R.; SAINI M. Estimation of genetic divergence among some cotton varieties by RAPD analysis. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, [s. l.], v. 2, p. 39-43, 2010.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento da safra brasileira grãos safra 2017/18**: décimo segundo levantamento. Brasília, DF: CONAB, 2018a. 148 p.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**: v. 11 safra 2017/18 - Décimo primeiro levantamento, Brasília, DF: CONAB, 2018b. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 28. nov. 2018.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Perspectivas para a agropecuária**. Brasília, DF: CONAB, 2017. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 28 ago. 2018.

CORDÃO SOBRINHO, F. P.; GUERRA, H. O. C.; ARAUJO, W. P.; PEREIRA, J. R.; ZONTA, J. H.; BEZERRA, J. R. C. Fiber quality of upland cotton under different irrigation depths. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**. Campina Grande, v.19, n.11, p.1057-1063, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v19n11p1057-1063>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-43662015001101057&lng=en&tln=en. Acesso em: 20 jun. 2018.

COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R. Base Genética da Diversidade. In: COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R.; SERENO, J. R. B. **Conservação de recursos genéticos no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Cerrados, 2012. cap. 1, p. 21-65.

COUTINHO, T. C.; GUIMARAES, 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: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Viçosa, MG: Suprema, 2011.

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

CUNHA NETO, J.; BERTINI, C. H. C. M.; SILVA, A. P. M. Divergência genética entre genitores de algodoeiro de fibras brancas e coloridas. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 10, n. 4, p. 492-498, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v10i4a4883>. Disponível em: http://www.agraria.pro.br/ojs2.4.6/index.php?journal=agraria&page=article&op=view&path%5B%5D=agraria_v10i4a4883. Acesso em: 20 jun. 2018.

CUNHA, E. A. B. B. O direito sobre novas variedades vegetais. Requisitos para proteção. In: BRASIL. Secretaria de Desenvolvimento Agropecuário e Cooperativismo. **Proteção de cultivares no Brasil**. Brasília, DF: Mapa/ACS, 2011. cap. 3, p. 23-26.

DAVIDONIS, G. H.; JOHNSON, A. S.; LANDIVAR, J.; FERNANDEZ, C. J. Cotton fiber quality is related to boll location and planting date. **Agronomy Journal**, Madison, v. 96, n.1, p. 42-47, 2004. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2004.0042>. Disponível em: <https://dl.sciencesocieties.org/publications/aj/abstracts/96/1/42>. Acesso em: 20 jun. 2018.

EMBRAPA. **Resultados de ensaio HVI e suas interpretações (ASTM D-4605)**. Campina Grande, 2002. (Circular técnica, 66).

FANG, L.; WANG, Q.; HU, Y.; JIA, Y.; CHEN, J.; LIU, B.; MEI, G. Genomic analyses in cotton identify signatures of selection and loci associated with fiber quality and yield traits. **Nature genetics**, New York, v. 49, n. 7, p. 1089-1098, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3887>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.3887>. Acesso em: 20 jun. 2018.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0102-05362012000300012>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-05362012000300012&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 20 jun. 2018.

FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C.; BELTRÃO, N. E. M.; BÉLOT, J. L. Caracteres de importância econômica no melhoramento do algodoeiro. In: BELTRÃO, N. E. de M.; AZEVEDO, D. M. P. **O agronegócio do algodão no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. v.1, p. 413-429.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987.

ORGANIZAÇÃO DAS NAÇÕES UNIDAS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA. **Agricultural outlook 2018-2027: Cotton**. Rome, FAO and OECD, 2018. cap. 10, p. 207-215. DOI: https://doi.org/10.1787/agr_outlook-2018-13-en. Disponível em: https://www.oecd-ilibrary.org/agriculture-and-food/oecd-fao-agricultural-outlook-2018-2027/cotton_agr_outlook-2018-13-en. Acesso em: 20 nov. 2018.

FREIRE, E. C. Fatores que afetam a qualidade das fibras. In: FREIRE, E. C. **Algodão no cerrado do Brasil**. Brasília, DF: Positiva, 2015. cap. 19, p.653-750.

FREIRE, E. C. Melhoramento no Brasil. In: BORÉM, A.; FREIRE, E. C. **Algodão: do plantio a colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2014. cap.6, p. 113-155.

FREIRE, E. C.; MORELLO, C. L.; FARIAS, F. J. C.; PEDROSA, M. B.; SILVA FILHO, J. L. Melhoramento do Algodoeiro: Cultivares convencionais e transgênicas para o cerrado. In: FREIRE, E. C. **Algodão no cerrado do Brasil**. Brasília, DF: Positiva, 2015. cap. 6, p.151-201.

FREIRE, E. C.; MORELLO, C.L.; FARIAS, F. J. C.; PEDROSA, M. B.; SILVA GAMA, J. S. N.; JÚNIOR, L. R. P.; PEREIRA, F. J. S.; DE OLIVEIRA, E. L.; CAMPOS, D. A.; BARROS, A. C. S. A. Efeito da adubação silicatada na qualidade da fibra do algodoeiro. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 28, n. 2, p. 743-752, 2017.

GILIO, T. A. S. **Divergência genética em genótipos de algodoeiro e quantificação de danos causados pela mancha de ramulária**. 2014. 69 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade do Estado de Mato Grosso, Tangará da Serra, 2014.

GILIO, T. A. S.; DE ARAÚJO, D. V.; KRAUSE, W.; ROSA, H. H. R.; ASCARI, J. P. Divergência genética em genótipos de algodão em condições de safra e safrinha. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 2, p. 377-390, 2017.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; CARROLL, S. B.; DOEBLEY, J. **Introdução à Genética**. 11. ed. Rio de Janeiro: Ed. Guanabara Koogan, 2016.

GUO, Y.; MCCARTY, J. C.; JENKINS, J. N.; CHUANFU, AN, C.; SAHA, S. Genetic detection of node of first fruiting branch in crosses of a cultivar with two exotic accessions of upland cotton. **Euphytica**, Wageningen, v. 166, n. 3, p. 317-329, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-008-9809-z>. Disponível em:

<https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10681-008-9809-z>. Acesso em: 30 nov. 2018.

GUTIERREZ, O. A.; BASU, S.; SAHA, S.; JENKINS, J. N.; SHOEMAKER, C. L.; CHEATHM, C. L.; McCARTY, J. C. Genetic distance among selected cotton genotypes and relationship with F2 performance. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1841-1847, 2002. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2002.1841>. Disponível em: <https://dl.sciencesocieties.org/publications/cs/abstracts/42/6/1841>. Acesso em: 20 nov. 2018.

HOOGERHEIDE, E. S. S.; VENCOVSKY, R.; FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C.; ARANTES, E. M. Correlações e análise de trilha de caracteres tecnológicos e a produtividade de fibra de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 10, p. 1401-1405, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2007001000005>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X2007001000005&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: 20 nov. 2018.

HOYT, Erich. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. Wilminton: Addison-Wesley Iberoamericana, 1992.

IQBAL, M. J.; AZIZ, N.; SAEED, N. A.; ZAFAR, Y.; Malik, K. A. Genetic diversity evaluation of some elite cotton varieties by RAPD analysis. **Theoretical and Applied Genetic**, Berlin, v. 94, p. 139-144, 1997. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s001220050392>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs001220050392>. Acesso em: 30 nov. 2018.

IQBAL, M.J.; REDDY, O.U.K.; EL-ZIK, K.M.; PEPPER, A.E. A genetic bottleneck in the evolution under domestication of upland cotton *Gossypium hirsutum* L. examined using DNA fingerprinting. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 103, p.547-554, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1007/pl00002908>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2FPL00002908>. Acesso em: 30 nov. 2018.

LAMAS, F. M.; FERREIRA, A.C. de B. **Reguladores de crescimento na cultura do algodoeiro**. Brasília, DF: EMBRAPA, 2006. (Comunicado técnico, 121)

LANA, V.; RIBAS, P.V.; CHANSELME, J. A classificação do algodão. In: IMAMT. **Manual de beneficiamento do algodão**. Primavera do Leste: Casa da árvore, 2014. cap.15, p.299-367.

LANZA, M. A.; **Adaptabilidade e estabilidade do algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.) no estado de Minas Gerais**. 2005. 62 f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal, 2005.

LUDKE, W H.; ANDRADE, A. C. B.; VOLPATO, L.; ALMEIDA, D. P.; OLIVEIRA, I. C. M.; PAIVA, J. T.; SILVA, M. J.; DEL CONTE, M. V.; SILVA, T. C.; ALMEIDA, V. C.; PINTO, V. B. **Desafios biométricos no melhoramento genético**. 1. ed. Viçosa, MG: GenMelhor. 2017.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, Baltimore, v.27, n.2, p.209-220, 1967.

MARUR, C. J; RUANO, O. **Escala do Algodão**. Londrina: IAPAR, 2017. Disponível em: http://www.iapar.br/arquivos/File/zip_pdf/EscaladoAlgodao.pdf. Acesso em: 31 mar. 2017.

MEENA, A. K.; KUMAR, N.V.; KATAGERI, I.S.; METHRE, R.; LAL KUMHAR, B. Molecular Markers in Cotton Improvement. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s. l.], v. 6, n. 5, p. 2627-2644, 2017. DOI: <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.605.295>. Disponível em: <https://www.ijcmas.com/abstractview.php?ID=2535&vol=6-5-2017&SNo=295>. Acesso em: 30 ago. 2018.

MEHBOOB-UR-RAHMAN; SHAHEEN, T.; TABBASAM, N.; ATIF IQBA, M.L.; ASHRAF, M.; ZAFAR, Y.; PATERSON, A. H. Cotton genetic resources. A review. **Agronomy for sustainable development**, Paris, v. 32, n. 2, p. 419-432, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s13593-011-0051-z>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs13593-011-0051-z>. Acesso em: 30 ago. 2018.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An Examination of Procedures for Determining the Number of Clusters in a Data Set. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 50, p. 59-179, 1985. DOI: <https://doi.org/10.1007/bf02294245>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2FBF02294245>. Acesso em: 20 nov. 2018.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, [s. l.], v. 20, p. 359-363, 1977. DOI: <https://doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>. Disponível em: <https://academic.oup.com/comjnl/article/20/4/359/393930>. Acesso em: 20 nov. 2018.

MORELLO, C. L.; SUASSUNA, N. D.; PEDROSA, M. B.; SILVA FILHO, J. L.; BARROSO, P. A. V.; SUASSUNA, T. de M. F.; PERINA, F. J.; SOFIATTI, V.; FARIAS, F. J. C.; MAGALHAES, F. O. C. BRS 433 FL B2RF: cultivar de algodoeiro de fibra longa com resistência a Lepidópteros e tolerância ao herbicida Glifosato. In: CONGRESSO BRASILEIRO DO ALGODÃO, 11., Maceió, 2017. **Anais** [...]. Brasília, DF: Associação Brasileira dos Produtores de Algodão, 2017.

MORESCO, E. R. **Progresso genético no melhoramento do algodoeiro no Estado de Mato Grosso**. 2003. 79 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2003. DOI: <https://doi.org/10.11606/t.11.2003.tde-15072003-152149>. Disponível em: <http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/11/11137/tde-15072003-152149/pt-br.php>. Acesso em: 20 nov. 2018.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; FERRARI, M.; PELEGRI, A. J.; SZARESKI, V. J.; KONFLANZ, V. A.; SOUZA, V. Q. Genetic divergence among corn (*Zea mays* L.) genotypes in distinct environments. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 40, n. 1, p. 164-174, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.19084/RCA16013>. Disponível em: <https://revistas.rcaap.pt/index.php/rca/article/view/16439>. Acesso em: 30 ago. 2018.

VIDAL NETO, F. C.; FREIRE, E. C. Melhoramento genético do algodoeiro. In: NETO, F. C. V.; CAVALCANTI, J. J. V. **Melhoramento genético de plantas no Nordeste**. Brasília, DF: Embrapa, 2013. cap. 3, p. 49-83.

NICK, C.; CARVALHO, S. P. D.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. A. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 2, p. 289-298, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0006-87052010000200005>. Disponível em:
http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S000687052010000200005&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 20 nov. 2018.

PAIXÃO, S. L.; CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; MADALENA, J. A. S. E PEREIRA, R. G. Divergência genética e avaliação de populações de milho em diferentes ambientes no estado de Alagoas. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 4, p.191-195, 2008.

PENNA, J. C. V. Melhoramento do algodão. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2005. cap.1, p. 15-53.

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

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2018. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 28 ago. 2018.

REDDY, O. U.; PEPPER, A.E.; ABDURAKHMONOV, I.; SAHA, S.; JENKINS, J.N.; BROOKS, T.; BOLEK, Y.; ELZIK, K.M. New dinucleotide and trinucleotide microsatellite marker resources for cotton genome research. **Crop Science**, Madison, v. 5, p. 103-113, 2001.

RESENDE, M. A. V.; FREITAS, J. A.; LANZA, M. A. RESENDE, M. D. V.; AZEVEDO, C. F. 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. DOI: <https://doi.org/10.1590/s1983-40632014000300006>. Disponível em:
http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1983-40632014000300006&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 20 nov. 2018.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M.D.V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. **Embrapa Informação Tecnológica**, Brasília, DF, p. 975-980, 2002.

SANTANA, J. C. F.; WANDERLEY, M. J. R.; BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P.; LEÃO, A. B.; VIEIRA, D. J. Características da fibra e do fio do algodão: análise e interpretação dos resultados. In: BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P. **O agronegócio do algodão no Brasil**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. v. 2, cap. 31, p. 1099-1120.

SANTOS, I. G.; TEODORO, P. E.; FARIAS, F. C.; FARIAS, F. J. C.; CARVALHO, L. P.; RODRIGUES, J. L. S; CRUZ, C. D. Genetic diversity among cotton cultivars in two environments in the State of Mato Grosso. **Genetics and Molecular Research**, São Paulo, v.16, n. 2, p. 1-8. 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16029628>. Disponível em: <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-2/pdf/gmr-16-02-gmr.16029628.pdf>. Acesso em: 30 nov. 2018.

SANTOS, J. W.; MOREIRA, J. D. A. N.; FARIAS, F. J. C.; FREIRE, E. C. Avaliação dos coeficientes de variação de algumas características da cultura do algodão: uma proposta de classificação. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 2, n. 1, p. 35-40, 1998.

SANTOS, P. E. C. **Marcos regulatórios, inovações biotecnológicas e a concentração da indústria de sementes de soja, milho e algodão no Brasil**. 2013. Tese (Doutorado) - Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2013.

SESTREN, J.A.; LIMA, J.J. Características e classificação da fibra de algodão. In: FREIRE, E. C. **Algodão no cerrado do Brasil**. Brasília, DF: Gráfica e Editora Positiva, 2015. cap.19, p. 653-749.

SILVA FILHO, J. L. Diversidade Genética entre cultivares comerciais de algodão (*Gossypium hirsutum* L.). In: CONBRESSO BRASILEIRO DE ALGODÃO, 2005, Salvador. **Anais [...]**. Salvador: [s.n.], 2005.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**. New Delhi, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SINGH, T. H.; GILL, S. S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. **Indian Journal and Plant Breeding**, New Delhi, v. 44, p. 506-513, 1984.

SISTEMA NACIONAL DE PROTEÇÃO DE CULTIVARES. **Cultivar web**. Brasília, DF: MAPA, 2018. Disponível em: http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_protegidas.php. Acesso em: 28 ago. 2018.

TELES, G. C.; FUCK, M. P. Pesquisa e desenvolvimento de cultivares: o perfil tecnológico da cotonicultura brasileira. **Informe GEPEC**, [s. l.], v. 20, n. 1, p. 61-77, 2016.

UNITED STATES. Department of Agriculture. **Cotton: world markets and trade**. Washington, DC: Foreign Agricultural Service Office of Global Analysis, 2018. Disponível em: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/cotton.pdf>. Acesso em: 24 ago. 2018.

USA COTTON INCORPORATED. **Ratings of fiber properties**. COTTON INCORPORATED, 2018. Disponível em: <https://www.cottoninc.com/cotton-production/quality/us-cotton-fiber-chart/ratings-of-fiber-properties/>. Acesso em: 24 ago. 2018.

YOKOMIZO, G.K.; VELLO, N.A. Coeficiente de determinação genotípica da diversidade genética em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 35, n.11, p. 2223-2228, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/s0100-204x200001100014>. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0100-204X200001100014&lng=pt&tlang=pt. Acesso em: 20 nov. 2018.

YU, J.; YU, S.; GORE, M. Identification of quantitative trait loci across interspecific F2, F2:3 and testcross populations for agronomic and fiber traits in tetraploid cotton. **Euphytica**, Wageningen, v. 191, n. 3, p. 375-389, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-013-0875-5>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10681-013-0875-5>. Acesso em: 20 nov. 2018.

ZENG, L.; STETINA, S. R.; ERPELDING, J. E.; BECHERE, E.; TURLEY, R. B.; SCHEFFLER, J. History and Current Research in the USDA-ARS Cotton Breeding Program at Stoneville, MS. **Journal of Cotton Science**, [s. l.], v. 22, n. 1, p. 24-35, 2018.