



UFRPE

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA - MELHORAMENTO
GENÉTICO DE PLANTAS

DAMIÃO RANIERE QUEIROZ

PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES PROVENIENTES DE
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM ALGODOEIRO HERBÁCEO (*Gossypium*
hirsutum L. var. *latifolium* Hutch.)

RECIFE

2021

DAMIÃO RANIERE QUEIROZ

PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES PROVENIENTES DE
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM ALGODOEIRO HERBÁCEO (*Gossypium*
hirsutum L. var. *latifolium* Hutch.)

Tese apresentada a Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, para obtenção do título de Doutor em Agronomia (Melhoramento Genético de Plantas).

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:

Orientador: Prof. Dr. Edson Ferreira da Silva - UFRPE

Coorientador: Prof. Dr. Francisco José Correia Farias – EMBRAPA ALGODÃO

RECIFE

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

D158p

Queiroz, Damião Raniere

Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.) / Damião Raniere Queiroz. - 2021.
142 f.

Orientador: Edson Ferreira da Silva.
Coorientador: Francisco Jose Correia .
Inclui referências.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Melhoramento Genético de Plantas, Recife, 2021.

1. Melhoramento de plantas. 2. Capacidades combinatórias. 3. Variabilidade genética . 4. Divergência genética. I. Silva, Edson Ferreira da, orient. II. , Francisco Jose Correia, coorient. III. Título

CDD 581.15

PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES PROVENIENTES DE
CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM ALGODOEIRO HERBÁCEO (*Gossypium*
hirsutum L. var. *latifolium* Hutch.)

DAMIÃO RANIERE QUEIROZ

Tese Defendida e Aprovada pela Banca Examinadora em: 03/03/2021.

ORIENTADOR:

Prof. Dr. Edson Ferreira da Silva – UFRPE

COORIENTADOR:

Prof. Dr. Francisco José Correia Farias – EMBRAPA ALGODÃO

EXAMINADORES:

Profa. Dra. Gheysa Coelho Silva - UFRPE

Prof. Dr. Paulo Eduardo Teodoro – UFMS

Pesquisador Dr. Luiz Paulo de Carvalho – EMBRAPA ALGODÃO

RECIFE

2021

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus, por tudo que me proporcionou e proporciona, nesta jornada constante e instável da vida.

Agradeço aos meus pais Maria de Lourdes Queiroz e Ivan Fidelis dos Santos, pela força, pelo cuidado e por ter mostrado que o caminho é longo, mas os resultados são para toda a vida.

Agradeço aos meus irmãos: Ivanize, Ivalmar, Ivânia e Rogério, pela confiança e esperança depositados.

Agradeço à Gláucia Augusto de Araújo Queiroz, minha esposa, por ter me levantado quando estava caído, por ter me orientado quando precisei de orientação, por ter cuidado de mim quando mais precisei de ser cuidado, por ter paciência nessa jornada de estudo e dedicação.

Agradeço ao Prof. Dr. Edson por ter aceitado o desafio de me orientar e transmitir sua valiosa e rica experiência acadêmica, para a construção deste trabalho de tese.

Agradeço ao Prof. Dr. Francisco Farias pelo apoio humano, acadêmico e institucional, por ter me apresentado outros horizontes acadêmicos, por ter me dado a oportunidade de mostrar o meu trabalho e as minhas ideias.

Agradeço aos eternos amigos: Genilda, Genilva, Julita, Emanuel Felipe, Werton, Lilian, Lavínia, Júlia, Bruno, Breno, Mônica, Iracema, Manassés, Maria de Nazaré, Luciana, Lucicleide, Conceição, Josinete, Isaque, Welington, Ineda, Mateus, Ellen, Josimere, Kelly, Nina, Felipe, Luís, Eneida, Fábio, Vera, Ellen, Felipe, Sinval, Marlene, Maria da Luz, Ricardo, Eliú, Mayara Soares, Mayara, Natália, Walter, Neuma, Tiago, João Paulo, Jaqueline, Diego, Jéssica, Sara, Sete, Lourdes, Claudio, Edson e Paulo.

Agradeço aos técnicos de campo da Embrapa Algodão: Henrique, Adelardo, Washington, Gildo, Jalmi, Ramon, Veras e Geraldo.

Agradeço aos técnicos do laboratório de biotecnologia da Embrapa Algodão: Terezinha e Fabian.

Agradeço ao apoio técnico da Embrapa Algodão: Gilvan, Zildo, Roberto, Everaldo e Maria do Carmo.

Agradeço aos técnicos do laboratório de fibras e fios da Embrapa: Maisa e Joênio.

Agradeço aos pesquisadores da Embrapa Algodão: Dr. Jaime, Dr. Luiz Paulo, Dra. Nair, Dra. Liziane e Dra. Roseane.

Agradeço aos professores do Programa de Melhoramento Genético de Plantas da Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Agradeço ao Governo do Estado da Paraíba por ter me dado a oportunidade de qualificação e aperfeiçoamento.

Agradeço à Embrapa Algodão pela infraestrutura disponibilizada para a realização e condução da pesquisa, e pelo apoio técnico-científico.

Agradeço aos amigos que me auxiliaram na pesquisa de campo e de laboratório: Ruan, Juthay Jorge, Valdeir, Matheus, Laysla, Sabrina, Edson e Bruno.

Agradeço a equipe de alunos e estagiários da Embrapa Algodão: Wellisson, Jean, Carliane, Fátima, Aline, Daniele e Marília.

Agradeço aos meus amigos das Pós-graduação: Rommel, Djayran, Gérsia, Fabian, Robson, Sérgio, Antônio, Cristina, Bianca, Eduardo, Islan, Clint, Letícia, Bruna, Kelly e Vanessa.

Agradeço aos meus alunos e ex-alunos do ensino médio, que torceram e me apoiaram nesta caminhada.

Aos meus pais, Maria de Lourdes Queiroz e Ivan Fidelis dos Santos.

OFEREÇO.

DEDICATÓRIA

Dedico aos meus professores do Ensino Fundamental, Médio, Superior e da Pós-graduação.

BIOGRAFIA

Damião Raniere Queiroz nasceu em 27 de abril de 1987, no município de Princesa Isabel, no sertão do estado da Paraíba.

Filho de Maria de Lourdes Queiroz (agricultora e doméstica) e Ivan Fidelis dos Santos (caminhoneiro e vendedor).

Realizou o ensino fundamental I em um centro comunitário na cidade de João Pessoa, e o ensino fundamental II nas escolas municipais Presidente João Pessoa e João Monteiro da Franca, também em João Pessoa.

Iniciou o ensino médio na escola estadual Papa Paulo VI e concluiu no Lyceu Paraibano em 2006.

Formou-se em Licenciatura em Ciências Biológicas em 2011 pela Universidade Federal da Paraíba no Campus I em João Pessoa.

Em 2012, iniciou seus trabalhos como professor de biologia no Governo do Estado da Paraíba nos Municípios de Lagoa Seca – PB e Alagoa Nova - PB.

Obteve o título de Mestre em Ciências Agrárias pela Universidade Estadual da Paraíba em 2017, onde iniciou seus trabalhos de melhoramento genético de plantas junto a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA ALGODÃO.

Em 2017, iniciou os estudos de doutorado no Programa de Melhoramento Genético de Plantas da Universidade Federal Rural de Pernambuco.

LISTA DE ABREVIATURAS

- ALG: Alongamento à ruptura.
- APC: Aparecimento do primeiro capulho.
- APF: Aparecimento da primeira flor.
- CEC: Capacidade específica de combinação.
- CGC: Capacidade geral de combinação.
- CSP: Índice de fiabilidade.
- CVa: Coeficiente de variação ambiental.
- CVg/CVa: Razão entre o coeficiente de variação genotípica e ambiental.
- CVg: Coeficiente de variação genotípica.
- FV: Fontes de variação.
- GL: Graus de liberdade.
- H²: Coeficiente de determinação genotípico.
- HVI: Instrumento de alto volume.
- IFC: Índice de fibras curtas.
- ISSR: Inter Simple Sequence Repeats.
- MAT: Maturidade da fibra.
- MIC: Micronaire da fibra.
- PC: Peso do capulho.
- PCR: Reação em cadeia da polimerase.
- PF: Porcentagem de fibra.
- PROD: Produtividade de algodão em caroço.
- PRODF: Produtividade de algodão em fibra ou pluma.
- QM: Quadrado médio.
- QMR: Quadrado médio residual.
- RAPD: Random Amplified Polymorphism DNA.
- Rd: Reflectância.
- RES: Resistência da fibra.
- SSR: Simple Sequence Repeats.
- UHM: Comprimento de fibra.
- UNF: Uniformidade de fibra.
- +b: Grau de amarelecimento.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO IV - DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENITORES DE ALGODOEIRO E HÍBRIDOS PROVENIENTES DE CRUZAMENTO DIALÉLICO

Figura 1. Agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade obtida pela distância de Mahalanobis. Coeficiente de correlação cofenética.....Página 132.

Figura 2. Agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA, a partir da matriz de dissimilaridade obtida pelo coeficiente de Jaccard. Coeficiente de correlação cofenética.....Página 133.

Figura 3. Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA, a partir da soma das matrizes de dissimilaridade para os dados moleculares e quantitativos entre 21 genótipos de algodoeiro.....Página 134.

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I – INTRODUÇÃO E REFERENCIAL TEÓRICO

Tabela 1. Espécies pertencentes ao gênero *Gossypium*, seus respectivos grupos genômicos e distribuição geográfica de acordo com Wendel e Grover (2015).....Página 23.

Tabela 2. Principais países produtores de algodão do mundo e suas participações na área, e na produção mundial de algodão na safra 2019/20, conforme USDA (2020).....Página 28.

Tabela 3. Relação dos principais países produtores de algodão em pluma nas últimas quatro safras, conforme USDA (2020).....Página 29.

Tabela 4. Área e produção do algodão no Brasil nas seis últimas safras e projeção para safra 2020/21, conforme CONAB (2020a).....Página 30.

Tabela 5. Histórico de produção de algodão em caroço (mil toneladas) por Região do Brasil da década de 80 à década de 90 (CONAB 2020a).....Página 32.

Tabela 6. Relação dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético do algodoeiro, para o desenvolvimento de cultivares nas condições do Cerrado Brasileiro (Freire et al. 2015).....Página 36.

Tabela 7. Principais cultivares de algodoeiro lançados para o cultivo nas regiões do Cerrado Brasileiro (IAPAR 2007, EMBRAPA 2009, Freire et al. 2015, DELTAPINE 2017, EMBRAPA 2017a, BASF 2019, IMAmt 2019, TMG 2019).....Página 38.

Tabela 8: Cultivares de algodoeiro herbáceo lançados pela Embrapa, para o cultivo nas condições do semiárido Brasileiro.....Página 40.

Tabela 9. Efeitos genéticos associado a diversos caracteres no algodoeiro herbáceo.....Página 50.

CAPÍTULO II - CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERES DE PRODUÇÃO E PRECOCIDADE EM ALGODOEIRO NA REGIÃO SEMIÁRIDA DO BRASIL

Tabela 1. Genitores utilizados no cruzamento dialélico para obtenção dos híbridos F₁'s, seus obtentores e registros.....Página 68.

Tabela 2. Análise conjunta e parâmetros genéticos para os caracteres: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), campo experimental de Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).....Página 72.

Tabela 3. Médias dos caracteres: produtividade de algodão em caroço (PROD), produtividade de algodão em fibra (PRODF) e peso do capulho (PC), Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).....Página 75.

Tabela 4. Médias dos caracteres: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC) e porcentagem de fibra (PF), Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).....Página 76.

Tabela 5. Análise conjunta das capacidades combinatórias para os caracteres: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), Patos - Paraíba (2015) – A1 e Barbalha – Ceará (2019) – A2.....Página 78.

Tabela 6. Capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de seis genitores de algodoeiro herbáceo para: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).....Página 80.

Tabela 7. Capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) de seis genitores de algodoeiro herbáceo e suas 15 combinações para: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento

do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).....Página 82.

CAPÍTULO III - UTILIZANDO CAPACIDADES COMBINATÓRIAS COMO ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE ALGODOEIRO PARA ALTA QUALIDADE DE FIBRA

Tabela 1. Análise conjunta e parâmetros genéticos das características de fibra: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).....Página 97.

Tabela 2. Médias das características: comprimento (UHM), índice de fibras curtas (IFC), reflectância (rd) e índice de fiabilidade (CSP), Patos - Paraíba (A1) e Barbalha - Ceará (A2).....Página 98.

Tabela 3. Médias das características: comprimento (UHM), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), e grau de amarelecimento (+b), Patos - Paraíba (A1) e Barbalha - Ceará (A2).....Página 99.

Tabela 4. Quadrados médios das capacidades combinatórias associados as características: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), na Estação Experimental de Patos-Paraíba em 2015 e Barbalha-Ceará em 2019.....Página 100.

Tabela 5. Capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de seis genótipos de algodoeiro herbáceo em relação aos caracteres: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), na Estação Experimental de Patos-Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha-Ceará em 2019 (A2).....Página 101.

Tabela 6. Capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{ij}$) para as características: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b), índice de fiabilidade (CSP), nas Estações Experimentais de Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).....Página 103.

Tabela 7. Correlações fenotípicas (diagonal inferior) e genotípicas (diagonal superior) das características: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), nas Estações Experimentais de Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).....Página. 104.

CAPÍTULO IV - DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENITORES DE ALGODOEIRO E HÍBRIDOS PROVENIENTES DE CRUZAMENTO DIALÉLICO

Tabela 1. Genealogia e origem dos genitores de algodoeiro utilizados no cruzamento dialélico para obtenção dos híbridos F₁'s.....Página 121.

Tabela 2. Quadrado médio, Coeficiente de variação ambiental (CVa) e Coeficiente de determinação genotípico (H²) dos caracteres: aparecimento da primeira flor (APF), aparecimento do primeiro capulho (APC), peso do capulho (PC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), comprimento de fibra (UHM), uniformidade de fibra (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência de fibra (RES), alongamento a ruptura (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (Rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP) em Patos-Paraíba (2015) e Barbalha-Ceará (2019).....Página 125.

Tabela 3. Médias dos caracteres: produtividade de algodão em caroço (PROD), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), reflectância (RFC) e índice de fiabilidade (INF), em Patos-Paraíba (2015) e Barbalha-Ceará (2019).....Página 126.

Tabela 4. Matriz de dissimilaridade genética obtida pelo coeficiente de Jaccard (diagonal inferior) e pela distância de Mahalanobis (diagonal superior) entre 21 genótipos de algodoeiro herbáceo.....Página 128.

Tabela 5. Contribuição relativa (S.j) dos caracteres: peso do capulho (PC), produtividade de algodão em caroço (PROD), produtividade de algodão em fibra (PRODF), uniformidade de fibra (UNF), índice de fibras curtas (IFC), reflectância (Rd) e índice de fiabilidade (CSP), para as estimativas de dissimilaridade obtida pela distância de Mahalanobis.....Página 129.

Tabela 6. Oligonucleotídeos ISSR usados na análise da divergência genética molecular entre 21 genótipos de algodoeiro herbáceo.....Página 131.

SUMÁRIO

| | |
|---|-----|
| RESUMO..... | 18 |
| ABSTRACT | 20 |
| CAPÍTULO I – INTRODUÇÃO E REFERENCIAL TEÓRICO | 22 |
| 1. INTRODUÇÃO | 23 |
| 2. REFERENCIAL TEÓRICO | 25 |
| 2.1. O gênero <i>Gossypium</i> | 25 |
| 2.2. A cultura do algodoeiro no mundo..... | 29 |
| 2.3. A cultura do algodoeiro no Brasil..... | 31 |
| 2.4. Melhoramento genético do algodoeiro | 35 |
| 2.5. Divergência genética em algodoeiro | 44 |
| 2.6. Análise dialéctica..... | 47 |
| 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 52 |
| CAPÍTULO II - CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERES DE PRODUÇÃO E PRECOCIDADE EM ALGODOEIRO NA REGIÃO SEMIÁRIDA DO BRASIL | 65 |
| RESUMO..... | 66 |
| INTRODUÇÃO | 66 |
| MATERIAL E MÉTODOS | 68 |
| RESULTADOS E DISCUSSÃO..... | 70 |
| CONCLUSÕES | 83 |
| REFERÊNCIAS..... | 83 |
| CAPÍTULO III - UTILIZANDO CAPACIDADES COMBINATÓRIAS COMO ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE ALGODOEIRO PARA ALTA QUALIDADE DE FIBRA | 87 |
| RESUMO..... | 88 |
| INTRODUÇÃO | 88 |
| MATERIAL E MÉTODOS | 91 |
| RESULTADOS | 94 |
| DISCUSSÃO | 105 |
| CONCLUSÕES | 110 |
| REFERÊNCIAS..... | 110 |
| CAPÍTULO IV - DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENITORES DE ALGODOEIRO E HÍBRIDOS PROVENIENTES DE CRUZAMENTO DIALÉLICO | 117 |

| | |
|--------------------------|-----|
| RESUMO..... | 118 |
| INTRODUÇÃO | 118 |
| MATERIAL E MÉTODOS | 120 |
| RESULTADOS | 124 |
| DISCUSSÃO | 135 |
| CONCLUSÕES | 138 |
| REFERÊNCIAS..... | 138 |

RESUMO

CAPÍTULO II: A capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) são utilizadas pelos programas de melhoramento genético de plantas para escolha de genitores e cruzamentos que gerem populações segregantes de alta variabilidade genética. Os objetivos deste capítulo foram determinar os melhores genitores e cruzamentos com base na CGC e CEC para caracteres de produção e precocidade do algodoeiro herbáceo. O experimento foi conduzido em Patos-PB e Barbalha-CE em duas safras (2015 e 2019). Foram avaliados seis genitores e 15 cruzamentos F_1 's em blocos ao acaso com três repetições. Os caracteres estudados foram: dias para a primeira flor, dias para primeiro capulho, produtividade de algodão em caroço, produtividade de algodão em fibra, porcentagem de fibra e peso do capulho. Foi realizada a análise de variância e dialélica conjunta através da metodologia de Griffing (1956). Os efeitos aditivos foram predominantes para todos os caracteres. Os melhores genitores com base na CGC: FM 993 e CNPA 04 2080 para produtividade de algodão em caroço e fibra, e para precocidade foi TAMCOT CAMD-E. O melhor cruzamento para produtividade de algodão em caroço e fibra foi: FM 993 x PSC 355 e para precocidade foi: CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E. **CAPÍTULO III:** Nos programas de melhoramento do algodoeiro, a alta qualidade de fibra é uma das características mais almejada. Para tanto, os programas de melhoramento têm desenvolvido híbridos de alto efeito heterótico, que proporcione combinações genéticas e populações segregantes, das quais possam ser selecionados genótipos superiores. Os objetivos deste capítulo foram: identificar genitores superiores com base na CGC, indicar os melhores cruzamentos por meio da CEC e estimar as correlações fenotípicas e genotípicas para características de fibra, tais como: comprimento, uniformidade, índice de fibras curtas, resistência, alongamento, micronaire, maturidade, reflectância, grau de amarelecimento e índice de fiabilidade. Os experimentos foram conduzidos em dois ambientes e duas safras (2015 e 2019) para avaliar seis genitores e 15 híbridos F_1 's obtidos por cruzamentos dialélicos. O delineamento utilizado foi blocos ao acaso com três repetições. Procedeu-se análise de variância, análise dialélica e correlações genéticas. Os genitores de maior CGC foram: TAMB 139-17, PSC 355, IAC 26 e FM 993. Os cruzamentos de maior CEC foram: TAMB 139-17 x TAMCOT CAMDE, CNPA 04 2080 x PSC 355, TAMB 139-17 x IAC 26, FM 993 x CNPA 04 2080. Foram encontradas correlações genéticas positivas entre comprimento, uniformidade, resistência e índice de fiabilidade. O índice de fibras curtas apresentou correlações negativas em relação

ao comprimento, uniformidade, resistência, alongamento, grau de amarelecimento e índice de fiabilidade. **CAPÍTULO IV:** A avaliação da diversidade genética em programas de melhoramento visa principalmente identificar genótipos divergentes, que ao se cruzarem gerem híbridos de maior efeito heterótico e que proporcionem maior variabilidade genética em suas populações segregantes. Desta forma, neste capítulo foi avaliada a divergência genética entre seis genitores e 15 cruzamentos de algodoeiro herbáceo, por meio de marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) e análise multivariada para caracteres agronômicos e de fibras. Para análise dos marcadores moleculares foi utilizado o coeficiente de Jaccard e para as variáveis agronômicas e de fibra foi utilizado a distância de Mahalanobis. O agrupamento dos genótipos foi realizado pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) para os dados moleculares, fenotípicos e para análise conjunta das matrizes. A divergência genética a partir dos marcadores ISSR variou de 0,016 a 0,161, sendo o genótipo TAMB 139-17 o mais divergente entre os genitores e TAMB 139-17 x IAC 26 o mais divergente entre os cruzamentos. A divergência genética a partir dos caracteres agronômicos e de fibras variou de 1,40 a 60,29. O genótipo TAMB 139-17 foi o mais divergente entre os genitores e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E o mais divergente entre os cruzamentos. Os genótipos possuem ampla variabilidade genética e TAMB 139-17 é o mais indicado para compor os cruzamentos, por ser o genitor mais divergente e proporcionar maior heterose.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas, capacidades combinatórias, variabilidade genética e divergência genética.

ABSTRAC

CHAPTER II: The general combining ability (GCA) and the specific combining ability (SCA) are used by plant breeding programs to choose parents and crosses that generate segregating populations with high genetic variability. The objectives of this chapter were to determine the best parents and crosses based on the GCA and SCA for traits of yield and early of the upland cotton. The experiment was conducted in Patos-PB and Barbalha-CE in two harvests (2015 and 2019). Six parents and 15 F₁'s crosses were evaluated in randomized blocks with three replications. The traits studied were: days for the first flower, days for the first boll, seed yield, fiber yield, fiber percentage and boll weight. Analysis of variance and joint diallel was performed using the Griffing methodology (1956). Additive effects were prevalent for all traits. The best parents based on GCA: FM 993 and CNPA 04 2080 for seed yield and fiber yield, and for early was TAMCOT CAMD-E. The best cross for seed yield and fiber yield was: FM 993 x PSC 355 and for early it was: CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E. **CHAPTER III:** In cotton breeding programs, high fiber quality is one of the most desired traits. Therefore, breeding programs have developed hybrids with a high heterotic effect, which provides genetic combinations and segregating populations, from which superior genotypes can be selected. The objectives of this chapter were: to identify superior parents based on the GCA, to indicate the best crossings through the SCA and to estimate the phenotypic and genotypic correlations for fiber traits, such as: length, uniformity, short fiber index, strength, elongation, micronaire, maturity, reflectance, yellowness and reliability index. The experiments were conducted in two environments and two harvests (2015 and 2019) to evaluate six parents and 15 F₁'s hybrids obtained by diallel crosses. The design used was randomized blocks with three replications. Analysis of variance, diallel analysis and genetic correlations were performed. The parents with the highest GCA were: TAMB 139-17, PSC 355, IAC 26 and FM 993. The crosses with the highest SCA were: TAMB 139-17 x TAMCOT CAMDE, CNPA 04 2080 x PSC 355, TAMB 139-17 x IAC 26 , FM 993 x CNPA 04 2080. Positive genetic correlations were found between length, uniformity, strength and reliability index. The short fiber index showed negative correlations in relation to length, uniformity, resistance, elongation, yellowing degree and reliability index. **CHAPTER IV:** The evaluation of genetic diversity in breeding programs aims mainly to identify divergent genotypes, which when crossed, generate hybrids with greater heterotic effect and which provide greater genetic variability in their segregating populations. Thus, in this chapter, the genetic divergence between six parents and 15 crosses of upland cotton

was evaluated, using ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) molecular markers and multivariate analysis for agronomic and fiber traits. For the analysis of molecular markers, the Jaccard coefficient was used and for agronomic and fiber variables, the Mahalanobis distance was used. The grouping of the genotypes was performed using the UPGMA method (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) for the molecular, phenotypic data and for joint analysis of the matrices. The genetic divergence from the ISSR markers ranged from 0.016 to 0.161, with the TAMB 139-17 genotype being the most divergent among the parents and TAMB 139-17 x IAC 26 the most divergent between the crosses. The genetic divergence from agronomic and fiber traits ranged from 1.40 to 60.29. The TAMB 139-17 genotype was the most divergent among the parents and TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E the most divergent among the crosses. The genotypes have wide genetic variability and TAMB 139-17 is the most suitable for composing the crosses, as it is the most divergent parent and provides the greatest heterosis.

Key words: Plant breeding, combining ability, genetic variability and genetic divergence.

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

CAPÍTULO I

INTRODUÇÃO E REFERENCIAL TEÓRICO

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

1. INTRODUÇÃO

Gossypium hirsutum L. é uma espécie de algodoeiro alotetraploide ($2n=4x=52$), pertencente à família *Malvaceae* (Wendel et al. 2009). Esta espécie é conhecida como algodoeiro anual ou herbáceo (Penna 2009), e entre as quatro espécies cultivadas do gênero *Gossypium*, *G. hirsutum* contribui com mais de 95% da produção mundial de fibra de algodão (Conaty et al. 2015). A fibra do algodão é o principal produto desta cultura e é a *commodity* têxtil agrícola mais importante do mundo (Kim 2015). A espécie *G. hirsutum* também é utilizada na produção do óleo vegetal para o consumo humano, na indústria oleoquímica para produção de biodiesel e na formulação de ração animal (Vidal Neto e Freire 2013).

O cultivo mundial de *G. hirsutum* ocorre em aproximadamente 60 países (ABRAPA 2016), em regiões tropicais, subtropicais e temperadas (Bauer 2015), sendo a maior parte da produção mundial sob sistema de irrigação. A produção mundial de algodão em pluma para a safra 2019/2020 foi de 26597.205 toneladas, com área plantada de 34,83 milhões de hectares, tendo como maiores produtores mundiais: Índia, China, Estados Unidos, Brasil e Paquistão (USDA 2020).

O Brasil tem apresentado aumento na produção de algodão e na área de cultivo nas quatro últimas safras e, este aumento o coloca entre os maiores produtores de algodão do mundo (USDA 2020). Na safra 2019/2020, o Brasil ocupou o quarto lugar em produção mundial, e o segundo lugar em exportação (USDA 2020). A produção brasileira de algodão em caroço para a safra 2019/2020 foi de 7.372 toneladas, com área plantada de 1.665,6 mil ha (CONAB 2020a). Os Estados de maior produção na safra 2019/2020 foram: Mato Grosso (2.098,7 mil toneladas), Bahia (596,7 mil toneladas), Minas Gerais (64,5 mil toneladas), Goiás (60,1 mil toneladas) e Mato Grosso do Sul (58,3 mil toneladas) (CONAB 2020c).

Este cenário de aumento da produção de algodão que a cotonicultura no Brasil tem apresentado, está relacionado com as iniciativas governamentais para o setor (Silva e Pires 2015), com o uso do manejo integrado e de defensivos adequados (Freire et al. 2015) e com o desenvolvimento de novas cultivares pelos programas de melhoramento genético adaptadas as condições edafoclimáticas das regiões produtoras.

Os programas de melhoramento genético do algodoeiro no Brasil, objetivam desenvolver cultivares para atender as diversas regiões produtoras no Brasil e que tenham como características principais: alta produtividade, alto rendimento no

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

descaroçamento (Freire et al. 2015), e fibras de resistência superior a 28 gf tex⁻¹, uniformidade maior que 82%, micronaire entre 3,9 a 4,2 e comprimento médio a extra-longo (acima de 27 mm) (Vidal Neto e Freire 2013).

Para alcançar tais objetivos, os programas de melhoramento genético do algodoeiro buscam identificar genitores divergentes, que possam originar híbridos de alto efeito heterótico e populações segregantes de ampla variabilidade genética, que possibilite obter linhagens superiores agronomicamente a partir de suas gerações segregantes. Para escolha dos genitores divergentes é utilizado a análise de divergência genética, por meio das medidas de dissimilaridades genética obtidas a partir de caracteres agronômicos ou marcadores moleculares (Cruz et al. 2020). Para os caracteres agronômicos são utilizados as distâncias Euclidianas e de Mahalanobis e para os marcadores moleculares são mais utilizados os coeficientes de Jaccard e de Nei e Li (Cruz et al. 2020). Os marcadores moleculares dominantes *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR) são usados com eficiência na identificação de genótipos ou acessos divergentes, pois permitem a identificação dos genótipos sem influência do ambiente (Malik et al. 2014). Já para escolha de genitores e dos cruzamentos superiores são utilizadas a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC), obtidas através dos esquemas de cruzamentos dialélicos (Griffing 1956). A partir da CGC é identificado os genitores superiores para hibridação e, a partir da CEC são identificados os cruzamentos de maior heterose (Sprague e Tatum 1942). A partir destas estimativas, são obtidos também os efeitos genéticos aditivos e não aditivos que controlam os caracteres agronômicos e de fibra do algodoeiro, o que facilita a escolha do método de melhoramento genético mais adequado para a condução da população segregante.

Diante do exposto, objetivou-se neste trabalho identificar genitores superiores de algodoeiro herbáceo com base na capacidade geral de combinação (CGC) para caracteres agronômicos e de fibras, indicar os melhores cruzamentos por meio da capacidade específica de combinação (CEC), estimar a predominância dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos e avaliar a divergência genética entre seis genitores e 15 cruzamentos, visando atender as necessidades de seleção e recombinação, a curto e médio prazo, e que possibilite a determinação de parâmetros genéticos.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. O gênero *Gossypium*

O algodoeiro pertence a tribo taxonômica *Gossypieae*, que inclui oito gêneros dos quais quatro são pequenos e possui distribuições geográficas restritas: *Lebronnecia* (Ilhas Marquesas), *Cephalohibiscus* (Nova Guiné e Ilhas Salomão), *Gossypoides* (África Oriental e Madagascar) e *Kokia* (Hawaii) (Fryxell 1968, Wendel et al. 2009). Outros quatro, ocorrem em faixas geográficas mais amplas: *Hampea* possui 21 espécies (América Central), *Cienfuegosia* possui 25 espécies (África, América do Sul e Central), *Thespesia* possui 17 espécies (África, Malásia e Caribe); e por último *Gossypium* possui 53 espécies, considerado o maior gênero da tribo e com ampla distribuição (Fryxell 1968, Wendel et al. 2009).

O gênero *Gossypium* pertence à família *Malvaceae* (Ulloa et al. 2007), originado entre 5 a 10 milhões de anos atrás (Wendel e Grover 2015), composto por 47 espécies diploides ($2n=2x=26$, genomas A a G e K) e seis espécies alotetraploides ($2n=4x=52$, genoma AD) (Wendel et al. 2009). Na Tabela 1, estão relacionadas as espécies catalogadas do gênero *Gossypium* de acordo com Wendel e Grover (2015).

Tabela 1. Espécies pertencentes ao gênero *Gossypium*, seus respectivos grupos genômicos e distribuição geográfica de acordo com Wendel e Grover (2015).

| Grupo genômico | Espécies | Distribuição geográfica |
|----------------|-------------------------|-----------------------------------|
| A | <i>G. arboreum</i> | África e Ásia |
| A | <i>G. herbaceum</i> | África e Ásia |
| B | <i>G. anomalum</i> | África e Cabo Verde |
| B | <i>G. triphyllum</i> | África e Cabo Verde |
| B | <i>G. capitiviridis</i> | África e Cabo Verde |
| C | <i>G. sturtianum</i> | Austrália |
| C | <i>G. robinsonii</i> | Austrália |
| D | <i>G. thurberi</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. armourianum</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. harknessii</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. davidsonii</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. klotschianum</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. aridum</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. raimondii</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. gossypoides</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. lobatum</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. trilobatum</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

| | | |
|----|---------------------------|---|
| D | <i>G. laxum</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. turneri</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| D | <i>G. schwendimanii</i> | México, Peru, Galápagos e Arizona |
| E | <i>G. stocksii</i> | Península Arábica, Nordeste da África e Sudeste da Ásia |
| E | <i>G. somalense</i> | Península Arábica, Nordeste da África e Sudeste da Ásia |
| E | <i>G. areysianum</i> | Península Arábica, Nordeste da África e Sudeste da Ásia |
| E | <i>G. incanum</i> | Península Arábica, Nordeste da África e Sudeste da Ásia |
| E | <i>G. trifurcatum</i> | Península Arábica, Nordeste da África e Sudeste da Ásia |
| F | <i>G. longicalyx</i> | Leste da África |
| G | <i>G. bickii</i> | Austrália |
| G | <i>G. austral</i> | Austrália |
| G | <i>G. nelsonii</i> | Austrália |
| K | <i>G. anapoides</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. costulatum</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. cunninghamii</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. enthyle</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. exiguum</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. londonderriense</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. marchantiid</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. nobile</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. pilosum</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. populifolium</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. pulchellum</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| K | <i>G. rotundifolium</i> | Austrália, Península de Coburgo |
| AD | <i>G. hirsutum</i> | Ampla distribuição |
| AD | <i>G. barbadense</i> | Ampla distribuição |
| AD | <i>G. tomentosum</i> | Tropicais e Subtropicais |
| AD | <i>G. mustelinum</i> | Tropicais e Subtropicais |
| AD | <i>G. darwinii</i> | Tropicais e Subtropicais |
| AD | <i>G. ekmanianum</i> | Tropicais e Subtropicais |

O gênero *Gossypium* é morfologicamente diverso, possui espécies que são herbáceas perenes, outras que são pequenas árvores, sendo a maioria silvestres (Wendel et al. 2009). As espécies silvestres do gênero *Gossypium* são consideradas importantes fontes de genes para resistência a pragas, doenças, caracteres de interesse agrônômico e de fibra (McCarty e Percy 2001). As espécies cultivadas do gênero *Gossypium* são quatro, sendo duas diploides ($2n=2x=26$): *G. arboreum* e *G. herbaceum*, as quais possuem centro de origem na África e Índia, e duas alotetraploides ($2n=4x=52$): *G. barbadense* e *G. hirsutum*, que possuem centro de

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

origem na América Central e América do Sul (Lee 1984, Wendel et al. 2009). As espécies silvestres ancestrais das cultivadas são arbustos perenes ou pequenas árvores encontradas em regiões áridas e semiáridas dos trópicos (Wendel et al. 2010). Estas espécies geralmente não produzem fibras e, quando produzem, não possuem, principalmente, comprimento e resistência que seja viável para o aproveitamento pela indústria têxtil (Wendel et al. 2010).

O processo de domesticação das quatro espécies cultivadas do algodoeiro, ocorreu de forma simultânea (Wendel et al. 2009). As espécies *G. hirsutum* e *G. barbadense* foram domesticadas na América, e no mesmo período na África e na Ásia foram domesticadas: *G. arboreum* e *G. herbaceum* (Wendel et al. 2009). A domesticação destas espécies foi realizada pelos povos nativos, visando principalmente o uso da fibra do algodoeiro para a produção de cordas e de roupas.

As espécies diplóides (*G. herbaceum* e *G. arboreum*) são cultivadas em ambientes de sequeiro na Ásia e na África (Lee e Fang 2015), as quais apresentam tolerância à seca e são conhecidas por possuírem resistência ou tolerância a pragas como: mosca branca, tripses e pulgões (Kulkarni et al. 2009). Antes do cultivo do *G. hirsutum* na Ásia, até 1950, *G. arboreum* e *G. herbaceum* eram amplamente cultivados, mas estas espécies foram gradualmente substituídas devido a sua fibra curta, grossa e de baixa resistência, associada a características indesejáveis do capulho e da planta, entretanto, estas espécies ainda são cultivadas em áreas tradicionais de cultivo da Índia, Paquistão, China, Bangladesh e Irã (Kulkarni et al. 2009). As espécies *G. herbaceum* e *G. arboreum* são utilizados na produção de fibras curtas com menos de 25 mm (Fuzatto 1999), contribuem com menos de 5% da produção mundial de fibra do algodão (Lee e Fang 2015).

A espécie alotetraploide *G. barbadense* L. é conhecida como algodão Pima ou Egípcio (Lee e Fang 2015). As cultivares Pima, Sea Island, GIZA, MCU, Barakat e Shambat de *G. barbadense* são cultivadas comercialmente para a produção de fibra extra-longa, acima de 35 mm, e possuem áreas primárias de produção na Rússia, Egito, Índia, Estados Unidos, Peru, China e Sudão (Beltrão e Araújo 2004). As propriedades da fibra das cultivares dessa espécie como: comprimento, resistência e finura de muitas cultivares desta espécie, permitem que o preço da fibra seja superior ao das cultivares de *G. hirsutum* (Percy e Wendel 1990). Tais cultivares contribuem com aproximadamente 5% da produção mundial de fibra de algodão (Lee e Fang 2015).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Gossypium hirsutum L., também denominado de algodoeiro anual ou herbáceo, é cultivado em regiões tropicais e subtropicais, sendo considerado a mais importante entre as espécies cultivadas de algodoeiro (Lee e Fang 2015). Essa espécie é responsável por mais de 95% da fibra de algodão produzida mundialmente (Lee e Fang 2015), sendo que o comprimento da fibra varia de média a longa (25,40 a 34,90 mm), a depender da cultivar (Fuzatto 1999).

As plantas de *G. hirsutum* possuem elevada complexidade morfológica, fisiológica e bioquímica (Beltrão et al. 2008a), apresentam dois tipos de ramificações: monopodial e simpodial (Oosterhuis 2001), e folhas com glândulas internas de *gossipol* (Mauney 2015). Esta espécie possui porte subarbustivo, crescimento indeterminado e produz número variável de frutos (capulhos) com quatro a cinco lóculos, que contêm em média 32 a 40 sementes (Mauney 2015). O sistema radicular é do tipo pivotante (Oosterhuis 2001), as folhas são simples, dependendo da cultivar apresentam de 1 a 3 nectários nas nervuras da face dorsal (Mauney 2015). O algodoeiro herbáceo possui autogamia parcial (Carvalho 2008), o sistema reprodutivo é misto com flores hermafroditas (Mauney 2015). As sementes de *G. hirsutum* são ricas em óleo (Beltrão et al. 2008c) e cobertas por dois tipos de células diferenciadas, as fibras longas (fiáveis) e as fibras curtas (*línter*) (Oosterhuis 2001). O ciclo do algodoeiro herbáceo é dividido em cinco fases distintas. Fase 1: Estende-se do plantio à emergência, ocorre entre 4 a 10 dias; Fase 2: Surgimento do primeiro botão floral, ocorre aos 30 dias; Fase 3: Aparecimento da primeira flor, aos 45 dias; Fase 4: Abertura do primeiro capulho, aos 90 dias e Fase 5: Inclui as primeiras e últimas colheitas, quando os capulhos estão completamente abertos, o que ocorre em média, aos 126 dias (Souza et al. 2008). Os dados citados para o ciclo do algodoeiro foram obtidos de experimentos de campo, conduzidos sob irrigação.

A fibra do algodoeiro se origina de células protodérmicas do tegumento da semente (Oosterhuis 2001). A fibra possui 94% de celulose em sua composição (Kim 2015), representa entre 35% a 45% da produção total do capulho, é a fibra natural mais utilizada no mundo e abastece 50% do mercado mundial de fibras têxteis (Vidal Neto e Freire 2013). O algodoeiro também possui aproveitamento integral, pois, a fibra é usada como matéria-prima na indústria têxtil, a semente é usada na indústria de alimentos, cosméticos e o óleo extraído das sementes, também representa importante alternativa para a produção de energia baseada no biodiesel (Vidal Neto e Freire 2013).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

As fibras naturais têm competido com as sintéticas desde 1910, quando as fibras sintéticas começaram a ser produzidas e utilizadas (Ravandi e Valizadeh 2011). As fibras sintéticas possuem inúmeras aplicações como roupas, acessórios esportivos, médicos e aeronáuticos, e como vantagem principal possuem baixo custo em relação às fibras naturais (Ravandi e Valizadeh 2011). Entretanto, as fibras sintéticas como o poliéster, possuem baixa retenção de umidade, não absorve o suor, são fibras de baixa higroscopicidade e em sua maioria não são biodegradáveis (Ravandi e Valizadeh 2011). Já a fibra de algodão possui alta retenção de umidade, absorve o suor e o deixa evaporar, é altamente permeável ao vapor de água (Ravandi e Valizadeh 2011), não libera substâncias nocivas à saúde, não causa reações alérgicas, e é biodegradável, portanto, não gera danos ao ambiente (Kozłowski e Mackiewicz 2012).

2.2.A cultura do algodoeiro no mundo

A produção mundial de algodão vem aumentando significativamente desde 1980, sendo cultivado em cerca de 60 países e nos cinco continentes (ABRAPA 2016). Nos períodos de 1980 a 2013 a área plantada mundial, aumentou de 28 a 36 milhões de hectares com média anual de 33 milhões de hectares neste período (Adams 2015). Entretanto, a demanda mundial por fibra de algodão também tem aumentado gradualmente a partir da década de 1950, em média 2% ao ano (Adams 2015). O comércio mundial do algodão movimenta aproximadamente US\$ 12 bilhões anualmente, e envolve mais de 350 milhões de pessoas em sua produção, desde o plantio até a logística, descaroçamento, processamento e embalagem (ABRAPA 2016).

As práticas de cultivo do algodoeiro variam conforme as condições ambientais, econômicas e a disponibilidade de recursos (Bauer 2015). Neste sentido, o algodoeiro tem sido cultivado com sucesso como planta anual e devido a sua plasticidade fenotípica o seu cultivo ocorre em ampla variedade de regiões tropicais, subtropicais e temperadas, entre as latitudes 36° S a 46° N (Conaty et al. 2015). O cultivo do algodoeiro ocorre sob sistema irrigado em mais de 50% da área mundial cultivada, contudo, na América Central e do Sul, o algodão é produzido em sequeiro sob condições de alta precipitação pluvial (Beltrão et al. 2008b).

A produção mundial de algodão em pluma na safra 2019/20 foi 26597.205 toneladas e projeção para safra 2020/21 de 25279.972 toneladas (USDA 2020). A

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

área plantada na safra 2019/20 foi 34,83 milhões de hectares e projeção para a safra de 2020/21 de 32,63 milhões de hectares (USDA 2020). A produtividade da pluma na safra 2019/20 foi 764,00 kg ha⁻¹, e projeção para a safra 2020/21 de 775,00 kg ha⁻¹ (USDA 2020). Os cinco países maiores produtores na safra 2019/20 foram: Índia, China, Estados Unidos, Brasil e Paquistão, conforme USDA (2020), Tabela 2.

Tabela 2. Principais países produtores de algodão do mundo e suas participações na área, e na produção mundial de algodão na safra 2019/20, conforme USDA (2020).

| País | Área (Milhões de ha) | Participação na área (%) | Produção em pluma (toneladas) | Participação na produção (%) | Produtividade da pluma (kg ha ⁻¹) |
|----------------|----------------------|--------------------------|-------------------------------|------------------------------|---|
| Mundo | 34,83 | - | 26597.20 | - | 764,00 |
| Índia | 13,30 | 38,18 | 6422.86 | 24,14 | 483,00 |
| China | 3,45 | 9,90 | 5932.98 | 22,30 | 1720,00 |
| Estados Unidos | 4,70 | 13,49 | 4334.89 | 16,29 | 922,00 |
| Brasil | 1,67 | 4,79 | 3871.13 | 14,55 | 1802,00 |
| Paquistão | 2,45 | 7,03 | 1349.89 | 5,07 | 551,00 |
| Uzbequistão | 1,01 | 2,89 | 762.03 | 2,86 | 754,00 |
| Turquia | 0,57 | 1,63 | 751.14 | 2,82 | 1318,00 |

A produção mundial de algodão vem crescendo nas quatro últimas safras, sendo os maiores produtores mundiais: Índia, China, Estados Unidos e Brasil, como se observa na Tabela 3. Os maiores importadores de algodão na safra 2019/20 foram: China, Bangladesh e o Vietnã (USDA 2020). Os principais exportadores são: Estados Unidos, Brasil e Índia (USDA 2020).

Os cinco maiores produtores, detém 82,35% da produção mundial de algodão (Tabela 2). A Índia mantém o primeiro lugar em produção mundial e dedica mais área ao cultivo do algodoeiro do que qualquer outro país (USDA 2020), sendo o seu crescimento diretamente relacionado com a melhoria na produção (Adams 2015). A China vem competindo com a Índia em produção de algodão, já os Estados Unidos manteve o terceiro nível mais alto de produção (Tabela 3). O Brasil emergiu como um dos maiores produtores, à medida que a alta produtividade passou a ser a base para a produção do algodão (Adams 2015). O Paquistão se estabeleceu como o quinto maior produtor de algodão, e o quarto maior em área destinada ao cultivo do algodoeiro (Tabela 3).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 3. Relação dos principais países produtores de algodão em pluma nas últimas quatro safras, conforme USDA (2020).

| País | Safrá (Produção em mil toneladas) | | | |
|----------------|-----------------------------------|----------|----------|----------|
| | 2016/17 | 2017/18 | 2018/19 | 2019/20 |
| Índia | 5879.00 | 6314.00 | 5770.00 | 6422.86 |
| China | 4953.00 | 5987.00 | 6042.00 | 5932.98 |
| Estados Unidos | 3738.00 | 4555.00 | 3999.00 | 4334.89 |
| Brasil | 1528.00 | 2007.00 | 2787.00 | 3871.13 |
| Paquistão | 1676.00 | 1785.00 | 1655.00 | 1349.89 |
| Turquia | 697.00 | 871.00 | 806.00 | 751.14 |
| Uzbequistão | 811.00 | 840.00 | 713.00 | 762.03 |
| Outros | 3944.00 | 4590.00 | 4149.00 | 3172.28 |
| Total | 23227.00 | 26951.00 | 25920.00 | 26597.20 |

Neste contexto, o algodoeiro herbáceo apresenta importância econômica e social, principalmente nos países que cultivam esta *commoditie*. Sua fibra, principal produto, veste quase metade da humanidade, sendo utilizada como matéria-prima para a fabricação de tecidos em mais de 150 países (Beltrão 2006).

2.3.A cultura do algodoeiro no Brasil

No Brasil, o algodoeiro constitui uma *commodity* reconhecida como de alto peso econômico e por apresentar força e organização em sua cadeia produtiva (Rodrigues 2015). No *rank* mundial, o Brasil participa com 14,55% da produção mundial de algodão em pluma (Tabela 2) e posiciona-se entre os cinco maiores produtores de algodão e entre os três maiores exportadores (USDA 2020).

A produção brasileira de algodão em pluma na safra 2019/20 foi 3871.13 toneladas, área plantada foi 1.67 mil ha e a produtividade de 1.802,00 kg ha⁻¹ (USDA 2020). Para a safra 2020/21, a projeção para a produção brasileira é de 2,7 milhões de toneladas, ou seja, redução de 2,7% em relação à safra 2019/20, e área plantada de 1.56 mil ha, redução de 2,8% (CONAB 2020b).

A exportação segue como o principal destino do algodão brasileiro, devido a oferta ser crescente, comparada com a demanda nacional. No período de outubro de 2020, o Brasil exportou 241,2 mil toneladas (CONAB 2020b). Os principais países que importaram o algodão brasileiro foram: China, Vietnã, Indonésia, Bangladesh, Turquia,

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Malásia, Índia e Coreia do Sul (CONAB 2020b). Segundo Silva e Pires (2015) a alta produção na cotonicultura nacional posicionando o Brasil entre os maiores produtores e exportadores de algodão, deve-se ao desenvolvimento de novas cultivares, utilização de técnicas de manejo integrado, uso de defensivos mais adequados, o plantio de forma mais adensada, além de iniciativas governamentais dirigidas ao setor. Para Ferreira et al. (2015) o aumento expressivo em produtividade do algodoeiro brasileiro nos últimos 15 anos, está relacionado ao aumento no uso de fertilizantes e agrotóxicos, a intensificação da mecanização e o melhoramento genético da cultura.

O histórico do algodão no Brasil para as últimas safras evidencia o crescimento da cotonicultura e mostra aumento tanto em relação a área cultivada com algodoeiro, como em relação a produção de algodão em caroço e pluma (Tabela 4).

Tabela 4. Área e produção do algodão no Brasil nas seis últimas safras e projeção para safra 2020/21, conforme CONAB (2020a).

| | Saфра | | | | | | |
|--|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | 14/15 | 15/16 | 16/17 | 17/18 | 18/19 | 19/20 | 20/21* |
| Área (mil ha) | 976,2 | 955,2 | 939,1 | 1.174,7 | 1.618,2 | 1.665,6 | 1.614,8 |
| Produtividade em caroço (kg ha ⁻¹) | 4.007 | 3.378 | 4.076 | 4.267 | 4.210 | 4.427 | 4.282 |
| Produtividade em pluma (kg ha ⁻¹) | 1.601 | 1.350 | 1.629 | 1.708 | 1.685 | 1.802 | 1.744 |
| Produção em caroço (mil t) | 3.911,4 | 3.226,3 | 3.827,8 | 5.012,9 | 6.813,0 | 7.372,9 | 6.722,3 |
| Produção em pluma (mil t) | 1.562,8 | 1.289,0 | 1.528,0 | 2.007,0 | 2.787,0 | 3.001,6 | 2.737,9 |

*Estimativa para safra 2020/21.

Os Estados de maior produção de algodão em pluma no Brasil (safra 2019/20) foram: Mato Grosso (2.098,7 mil toneladas), Bahia (596,7 mil toneladas), Minas Gerais (64,5 mil toneladas), Goiás (60,1 mil toneladas) e Mato Grosso do Sul (58,3 mil toneladas) (CONAB 2020c).

Atualmente a produção de algodão ocorre em todas as Regiões do Brasil (CONAB 2020c). O Nordeste e o Sudeste eram as Regiões de maior produção de algodão até o início da década de 1990 (Rodrigues 2015), entretanto, a produção em sua maioria foi deslocada para o Cerrado, principalmente na Região Centro-Oeste nos anos seguintes, conforme se observa na Tabela 5 (EMBRAPA 2017b). Essa mudança foi impulsionada por um novo modelo agrícola, fundamentado em base empresarial, praticado em grandes propriedades, caracterizado pela tecnificação e mecanização completa da cultura, associado a altas produtividades das cultivares (Vidal Neto e Freire 2013).

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 5. Histórico de produção de algodão em caroço (mil toneladas) por Região do Brasil da década de 80 à década de 90 (CONAB 2020a).

| Região | Safrá | | | | | | | | | | | | | |
|--------------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | 1987/88 | 1988/89 | 1989/90 | 1990/91 | 1991/92 | 1992/93 | 1993/94 | 1994/95 | 1995/96 | 1996/97 | 1997/98 | 1998/99 | 1999/00 | 2000/01 |
| Nordeste | 530,4 | 379,4 | 239,0 | 321,6 | 228,7 | 128,3 | 333,0 | 219,4 | 200,0 | 161,3 | 65,7 | 102,2 | 268,5 | 203,6 |
| Sudeste | 827,3 | 608,9 | 556,4 | 456,0 | 452,8 | 286,8 | 322,4 | 394,7 | 247,3 | 235,8 | 308,5 | 239,1 | 263,7 | 243,8 |
| Centro-oeste | 230,1 | 210,3 | 211,8 | 283,1 | 264,0 | 230,8 | 309,1 | 387,5 | 364,7 | 353,8 | 609,7 | 987,5 | 1.230,9 | 1.846,7 |
| Sul | 875,0 | 805,1 | 857,6 | 983,5 | 957,1 | 515,6 | 430,2 | 502,0 | 341,5 | 115,4 | 184,2 | 110,8 | 122,8 | 163,1 |
| Norte | 11,7 | 31,2 | 29,5 | 29,4 | 18,1 | 33,0 | 40,2 | 31,1 | 18,2 | 7,7 | 6,3 | 4,3 | 1,8 | 3,5 |
| Brasil | 2.474,5 | 2.034,9 | 1.894,3 | 2.073,6 | 1.920,7 | 1.194,5 | 1.434,9 | 1.534,7 | 1.171,7 | 874,0 | 1.174,4 | 1.443,9 | 1.887,7 | 2.460,7 |

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

A partir desse cenário, as regiões produtoras de algodão estabeleceram objetivos específicos para a pesquisa com algodoeiro. Para o Cerrado foi a redução dos custos de produção e dos riscos fitossanitários associado a alta qualidade da fibra (Freire et al. 2015). Para as regiões Sul e Sudeste foi a melhoria da produtividade, precocidade, controle fitossanitário e qualidade de fibra (Freire et al. 2008). Para o semiárido brasileiro foi o aumento da produtividade, precocidade, tolerância a seca, agregação de valor por meio de fibras coloridas, longas ou extra-longa, sementes sem o *gossipol* e aumento no teor de óleo (Vidal Neto e Freire 2013).

As práticas culturais são diferentes em cada Região de produção de algodão no Brasil. No Cerrado, o algodoeiro está entre as principais culturas, como a soja e o milho. Sua produtividade média em regime de sequeiro com os melhores produtores chega a 4500 kg ha⁻¹ (EMBRAPA 2014b). A cotonicultura no Cerrado, encontra-se bastante avançada, com uso intensivo de insumos, como: defensivos agrícolas, fertilizantes, reguladores de crescimento e maturadores (EMBRAPA 2014b). Os produtores usam métodos de cultivo que permite extrair o máximo da cultura, além do preparo do solo de forma mínima e do plantio direto, incluem também, a rotação de cultura, a adubação equilibrada, o uso correto da época de plantio, das cultivares, do manejo adequado de pragas, doenças e plantas daninhas (Beltrão 2006). Uma modalidade de cultivo no Cerrado, principalmente no Mato Grosso é o algodão semeado após a colheita de uma cultura anterior em sistema de sequeiro, chamado de algodão de segunda safra (safrinha) (Takizawa 2015). O Estado do Mato Grosso possui condições climáticas favoráveis ao algodão safrinha, plantado após a soja e, eventualmente, feijão e arroz (Takizawa 2015).

No Nordeste, o cultivo do algodoeiro é realizado em dois ecossistemas diferentes, os Cerrados da Bahia, Piauí e Maranhão, e na Região Semiárida (Freire et al. 2008). No primeiro ecossistema, praticam-se a agricultura empresarial de grande escala, emprega um sistema intensivo de produção de algodão de fibra média, totalmente mecanizado e com elevada produtividade, semelhante ao Cerrado da Região Centro-Oeste (Vidal Neto e Freire 2013). No semiárido brasileiro, devido as irregularidades climáticas, os sistemas de produção do algodoeiro são diversificados (Freire et al. 2008). Os plantios no semiárido são realizados predominantemente em pequenas e médias propriedades, em regime de sequeiro, com baixo nível tecnológico, colheita manual e produtividade inferior as obtidas no Cerrado

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

(EMBRAPA 2014a). Nessa Região, o cultivo do algodoeiro já esteve entre as principais fontes de renda, principalmente para o pequeno e médio agricultor.

Atualmente, a cultura do algodoeiro herbáceo no Brasil encontra-se em desenvolvimento com aumento em produtividade, associado às qualidades da fibra, principalmente resistência, finura e comprimento. O sucesso da cotonicultura nacional está diretamente ligado ao desenvolvimento de novas cultivares de algodoeiro, obtidos por meio dos programas de melhoramento genético.

2.4. Melhoramento genético do algodoeiro no Brasil

Espécies desconhecidas de algodão já eram utilizadas pelos nativos do Brasil antes de 1500, os quais empregavam como adornos e nas pontas das flechas (Brasil 1946). Os portugueses, após a colonização, introduziram na Bahia e no Norte, espécies de algodoeiros do oriente (*Gossypium barbadense* L.) e, posteriormente os jesuítas levaram para o sul do país (Brasil 1946). No período colonial do Brasil, a produção do algodão era caseira, apenas para consumo interno e na metade do século XVII o Estado do Maranhão era o principal produtor, e o algodão tornou-se o principal produto de exportação da capitania (Gonçalves e Ramos 2008). No século XVIII, o Brasil já possuía duas companhias de comércio específicas para o transporte do algodão nacional (Costa e Bueno 2004).

Entretanto, as pesquisas com o algodoeiro no Brasil iniciaram em 1915 (Cavaleri e Gridi-Papp 1993), e os trabalhos de melhoramento genético tiveram início no Estado de São Paulo em 1921, com a formação da Seção de Algodão no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) (Freire et al. 2015). Os trabalhos de melhoramento genético iniciais do IAC tinham como objetivo, aumentar a produtividade e obter cultivares de maior comprimento de fibra (Cavaleri e Gridi-Papp 1993). Na Região Nordeste, as pesquisas com o algodoeiro iniciaram em 1920 no caso do algodoeiro “mocó” (*Gossypium hirsutum* L. var. *marie galante*), e a partir de 1923 com o algodoeiro herbáceo (Carvalho 2008). Os primeiros objetivos para a Região Nordeste eram: aclimatação dos cultivares introduzidos, aumentar a produtividade, aumentar a qualidade da fibra e obter cultivares tolerantes a doenças como, a fusariose e ramulose (Carvalho 2008).

Em 1930 já existia uma organização de pesquisa e melhoramento do algodoeiro no Brasil, que era realizada em estações experimentais sob a coordenação do Serviço Federal e dos Serviços Estaduais de Algodão, principalmente nos Estados

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

do Maranhão, Pernambuco, Rio Grande do Norte, Ceará, Sergipe, Minas Gerais e São Paulo na Seção do Algodão do IAC (Moreira e Santos 1994). Por volta de 1942, o algodoeiro plantado no Estado de São Paulo era proveniente de cultivares comerciais oriundas principalmente de duas fontes genéticas, as cultivares norte-americanas *Express* e *Texas Big-Boll* (Cavaleri 1965). Essas cultivares eram adaptadas às condições edafoclimáticas do Estado de São Paulo e possuíam qualidade de fibra, entretanto, havia a necessidade de melhorar não só a produtividade e o capulho, como também o comprimento da fibra, para corresponder às exigências da indústria têxtil e do mercado externo (Neves et al. 1969).

Em 1957, surgiu a murcha-de-fusarium no Estado de São Paulo o que levou os programas de melhoramento a tentar obter cultivares resistentes à doença (Cavaleri e Gridi-Papp 1993). A partir de 1971, as prioridades dos programas de melhoramento passaram a ser: aumentar a produtividade, obter cultivares com resistência múltipla a fatores adversos, principalmente as pragas e doenças, manter as características da fibra: uniformidade, resistência e finura (Cavaleri e Gridi-Papp 1993). Em decorrência da indústria têxtil passar a utilizar máquinas mais rápidas e de maior rotação, a partir de 1976, os programas de melhoramento começaram a trabalhar para aumentar a resistência da fibra (acima de 28 gf tex⁻¹) e manter outras características já obtidas (Cavaleri e Gridi-Papp 1993). No Nordeste o Centro Nacional de Pesquisa do Algodão (CNPQ) da EMBRAPA, em 1976, inicia os trabalhos de melhoramento do algodoeiro para obter cultivares de maior porcentagem de fibra, maior peso do capulho e tolerância a ramulose, fusariose e à seca (Carvalho 2008).

Atualmente, os programas de melhoramento genético do algodoeiro no Brasil, possuem objetivos semelhantes aos que estão em desenvolvimento na América do Sul (Freire et al. 2008). Os principais objetivos são: produtividade superior a 4500 kg ha⁻¹ de algodão em caroço, porcentagem de fibra acima de 40, resistência a pragas, doenças e cultivares de alta qualidade fibras: micronaire entre 3,6 a 4,2, resistência superior a 28 gf tex⁻¹ e uniformes acima de 82% (Freire et al. 2015). Contudo, cada país possui sua especificidade e objetivos em particular divergentes, o que exige constante atualização dos objetivos dos programas de melhoramento genético, para lançar novas cultivares (Vidal Neto e Freire 2013).

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Visando o cultivo no Cerrado Brasileiro, os objetivos dos programas de melhoramento eram bastante simples no início, mas a cada ano passaram a ser mais complexos, devido aos novos problemas que apareceram e para os quais procuraram soluções embasadas no melhoramento genético, conforme se observa na Tabela 6 (Freire et al. 2015). Na Tabela 7, encontram-se os principais cultivares recomendados para o cultivo nas regiões do Cerrado e suas principais características agronômicas e tecnológicas de fibras.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 6: Relação dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético do algodoeiro, para o desenvolvimento de cultivares nas condições do Cerrado Brasileiro (Freire et al. 2015).

| ANO | OBJETIVOS |
|--------------------|---|
| 1989 | Aumentar a produtividade e obter cultivares de fibras: média (25–32 mm) e longa (36-38 mm). |
| 1991 | Obter cultivares de fibra média a longa (34 a 36 mm) e resistentes à ramulose. |
| 1993 | Obter cultivares resistentes a viroses, de rendimento de pluma acima de 38% e com resistência acima de 28 gf tex ⁻¹ . |
| 1996 | Obter cultivares resistentes a doenças foliares e de alto rendimento de fibra (acima de 40%). |
| 2000 | Obter cultivares resistentes ao complexo fusarium-nematoide, resistentes a outras doenças foliares (ramulária, alternaria, ascochita, mirotercium), resistentes ao murchamento avermelhado (doença de causa desconhecida), resistentes a pragas e aos herbicidas. |
| 2004 | Obter cultivares de maior rendimento de pluma (acima de 42%) e características de fibras: comprimento maior de 30 mm e resistência acima de 30 gf tex ⁻¹ . Os produtores passaram a exigir cultivares transgênicas, resistentes aos herbicidas, as lagartas, as viroses e ao bicudo. |
| 2006 | Obter genótipos precoces para a época de safrinha, e selecionar fontes de resistência ao nematoide dos gêneros <i>Rotylenchus</i> e <i>Pratylenchus</i> . |
| 2007 | Obter genótipos tolerantes à seca. |
| 2008 | Incorporar nas linhagens elites nacionais via retrocruzamentos, os eventos transgênicos dos cultivares Americanos, que conferem resistência a herbicida e aos lepidópteros-pragas. |
| 2010 | Disponibilizar no mercado, as primeiras cultivares comerciais desenvolvidas no Cerrado com resistência múltiplas as doenças (ramulária, viroses, bacterioses, nematoides, ramulose e alternaria). |
| 2012 | A partir da introdução da <i>Helicoverpa armigera</i> no Brasil, todas as estratégias de melhoramento e de manejo da cultura foram reestruturadas para a incorporação dos eventos transgênicos <i>WideStrike</i> , <i>Bollgard II</i> e <i>Twinlink</i> , que confere boa resistência a esta praga, normalmente associada a eventos que conferem resistência a herbicida de ação total (glifosato ou glifosonato) de segunda geração. |
| TENDÊNCIAS FUTURAS | Alta produtividade, rendimento de fibra acima de 42%, com ciclo médio e precoce, e de alta qualidade de fibra: resistência acima de 30 gf tex ⁻¹ , micronaire entre 3,9 a 4,2, comprimento acima de 30 mm e alongação acima de 7,0. Obter também cultivares com resistência múltipla a doenças, eventos transgênicos como, resistência a lagartas, resistência ao bicudo, resistência a herbicidas e cultivares tolerantes à seca. |

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 7. Principais cultivares de algodoeiro lançados para o cultivo nas regiões do Cerrado Brasileiro (IAPAR 2007, EMBRAPA 2009, Freire et al. 2015, DELTAPINE 2017, EMBRAPA 2017a, BASF 2019, IMAmt 2019, TMG 2019).

| Cultivares | Obtentor | Métodos de obtenção | Cor da fibra | PROD* kg ha ⁻¹ | PF % | UHM mm | RES gf tex ⁻¹ | MIC | UNF % |
|-----------------|---------------------|---------------------|--------------|------------------------------|---------|-----------|-----------------------------|---------|-----------|
| BRS 268 | Embrapa | Convencional | Branco | 4874,0 | 39-41 | 30,5 | 28-31 | 3,9-4,5 | - |
| BRS 269 Buriti | Embrapa | Convencional | Branco | 4686,0 | 39,5-41 | 29-32 | 30-34 | 3,8-4,3 | 82,7-86,4 |
| BRS 293 | Embrapa | Convencional | Branco | 4623,0 | 40-41 | 30 | 28-32 | 3,9-4,3 | - |
| BRS 355 | Embrapa | Convencional | Branco | 4779,0 | 40-42 | 30 | 27-33 | 3,9-4,3 | - |
| BRS 336 | Embrapa | Convencional | Branco | 3851,0 | 38-39 | 33 | 31-34 | 4,0-4,9 | - |
| BRS 368 RF | Embrapa | Transgênica | Branco | 4222,0 | 40-41 | 30 | 28-31 | 4,1-4,3 | - |
| BRS 369 RF | Embrapa | Transgênica | Branco | 4453,0 | 40-41 | 30 | 29-32 | 4,3-4,5 | - |
| BRS 371 RF | Embrapa | Transgênica | Branco | 4393,0 | 30-40 | 30 | 28-3 | 4,3-4,5 | - |
| BRS 430 B2RF | Embrapa/Fundação BA | Transgênica | Branco | 6000,0 | 40,5 | 30 | 30,7 | - | - |
| BRS 432 B2RF | Embrapa/Fundação BA | Transgênica | Branco | 6000,0 | 41,5 | 30 | 30,2 | - | - |
| BRS 433 FL B2RF | Embrapa/Fundação BA | Transgênica | Branco | 5550,0 | 38,5 | 32,8 | 34,1 | 4,4 | 84,9 |
| IPR 140 | IAC/lapar/Seagro | Convencional | Branco | 1665,0 | Até 40 | 28,2 | - | 4,8 | 45,6 |
| lapar Jataí | IAC/lapar/Seagro | Convencional | Branco | 1755,0 | Até 40 | 27,6 | - | 4,6 | 46 |
| DP 555 BG1RR | Deltapine | Transgênica | Branco | 1942,5 | 41,7 | - | - | - | - |
| DP 1227 RF | Deltapine | Transgênica | Branco | 2005,5 | 37,4 | - | - | - | - |
| DP 1228 BG2RF | Deltapine | Transgênica | Branco | 1428,0 | 35,8 | - | - | - | - |
| DP 1231 BG2RF | Deltapine | Transgênica | Branco | 1641,0 | 37,6 | - | - | - | - |
| DP 1536 B2RF | Deltapine | Transgênica | Branco | - | 39-41 | 29,58 | 31,5 | 4,4 | - |
| DP 1552 RF | Deltapine | Transgênica | Branco | - | 40-41 | 29,58 | 31,5 | 4,4 | - |
| DP 1648 RF | Deltapine | Transgênica | Branco | - | 40-42 | 29,35 | 30,5 | 4,3 | - |
| FM 993 | Basf | Convencional | Branco | - | 40-42 | 28,5-30 | 28,5-31,5 | - | - |
| FM 994 GL1 | Basf | Transgênica | Branco | - | 41,7 | 30 | 32 | - | - |
| FM 975 WS2 | Basf | Transgênica | Branco | - | 39,8 | 30,6 | 30,9 | - | - |
| FM 982 GL1 | Basf | Transgênica | Branco | - | 40,5 | 29,7 | 31,5 | - | - |
| FM 980 GLT3 | Basf | Transgênica | Branco | - | 45 | 28 | 31 | - | - |

PROD: produtividade potencial de algodão em caroço*, PF: porcentagem de fibra, UHM: comprimento da fibra, RES: resistência da fibra, MIC: Micronaire, UNF: uniformidade da fibra, e -: dados não obtidos.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 7. Continuação...

| Cultivares | Obtendor | Métodos de obtenção | Cor da fibra | PROD* kg ha ⁻¹ | PF % | UHM mm | RES gf tex ⁻¹ | MIC | UNF % |
|----------------|----------|---------------------|--------------|------------------------------|-----------|------------|-----------------------------|-----------|----------|
| FM 906 GLT | Basf | Transgênica | Branco | - | 41 | 29,5 | 29,7 | 3,9 | - |
| FM 913 GLT | Basf | Transgênica | Branco | - | 41-42 | 30,04 | 32,8 | 4,1 | - |
| FM 940 GLT | Basf | Transgênica | Branco | - | 41-43 | 29,71 | 33 | 3,87 | - |
| FM 954 GLT | Basf | Transgênica | Branco | - | 41-42 | 31 | 31,60 | 3,9 | - |
| FM 983 GLT | Basf | Transgênica | Branco | - | 40-41 | 30,2 | 30,9 | 4,0 | - |
| FM 975 WS | Basf | Transgênica | Branco | - | 39-41 | 29,3 | 29,96 | 4,0 | - |
| FM 944 GL | Basf | Transgênica | Branco | - | 40-42 | 30 | 31,8 | 3,9 | - |
| FM 911 GLTP | Basf | Transgênica | Branco | - | 40 | 29-30 | 29,5-33,8 | 4,0-4,6 | - |
| FM 974 GLT | Basf | Transgênica | Branco | - | 42-45 | 30,1-30,6 | 30,3-33,3 | 4,0-4,6 | - |
| FM 985 GLTP | Basf | Transgênica | Branco | - | 40,1-42,3 | 29,5-30,6 | 29,8-32,9 | 3,9-4,5 | - |
| TMG 11 WS | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 38,4 | 30,7 | 29,9 | 3,5 | - |
| TMG 41 WS | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 38,2 | 29 | 32,3 | 4,0 | - |
| TMG 42 WS | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 38,6 | 29,5 | 29,9 | 3,6 | - |
| TMG 81 WS | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 41,8 | 28,6 | 30,9 | 3,7 | - |
| TMG 82 WS | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 41,4 | 29,8 | 29,9 | 3,6 | - |
| TMG 44 B2RF | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 42 | 29,5 | 28 | 4,7 | - |
| TMG 45 B2RF | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 41 | 29,5 | 32 | 4,7 | - |
| TMG 46 B2RF | FMT/TMG | Transgênica | Branco | - | 44 | 29,5 | 30 | 4,8 | - |
| TMG 47 B2RF | TMG | Transgênica | Branco | - | 43,5 | 31,81 | 29,03 | 3,93 | - |
| TMG 62 RF | TMG | Transgênica | Branco | - | 42,6 | 29,7 | 30,1 | 4,4 | - |
| TMG 61 RF | TMG | Transgênica | Branco | - | 41,5 | 29,68 | 29,29 | 4,02 | - |
| TMG 91 WS3 | TMG | Transgênica | Branco | - | 41,3 | 29,3 | 30,43 | 4,4 | - |
| TMG 50 WS3 | TMG | Transgênica | Branco | - | 44 | 28,9 | 28,9 | 4,2 | - |
| IMA 2106 GL | IMAmt | Transgênica | Branco | 3868,0 | 40-41 | 29,5 | 28,4 | - | - |
| IMA 5675 BG2RF | IMAmt | Transgênica | Branco | - | 40-42 | - | - | - | - |
| IMA 5801 B2RF | IMAmt | Transgênica | Branco | - | 37-39 | 29,1-29,89 | 28,08-30,87 | 4,29-4,61 | 82-83,05 |
| IMA 7501 WS | IMAmt | Transgênica | Branco | - | 40-41 | 30,1-31 | 30-31,9 | 4,1-4,5 | - |
| IMA 8405 GLT | IMAmt | Transgênica | Branco | - | 40-41 | 29,8-31,1 | 29,2-30,5 | 3,9-4,3 | - |

PROD: produtividade potencial de algodão em caroço, PF: porcentagem de fibra, UHM: comprimento da fibra, RES: resistência da fibra, MIC: Micronaire, UNF: uniformidade da fibra e -: dados não obtidos.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Para o cultivo na Região Nordeste, os dois ecossistemas diferentes em que ocorre o cultivo do algodoeiro possuem os objetivos distintos (Freire et al. 2008). No Cerrados buscam obter cultivares de alta produtividade, de ciclo precoce e médio, resistentes a doenças, ao bicudo do algodoeiro (*Anthonomus grandis* Boheman) e de alta qualidade de fibra (Vidal Neto e Freire 2013). Para o Semiárido, os objetivos são obter cultivares tolerantes a seca, de ciclo precoce, adaptados às condições edafoclimáticas locais, resistentes ao bicudo do algodoeiro (*Anthonomus grandis* Boheman) e que possuam características especiais como, fibra colorida, ausência de *gossipol* nas sementes e aumento do teor de óleo (Freire et al. 2008).

Na Tabela 8 são relacionadas as principais cultivares lançadas pela Embrapa para as condições do Semiárido Nordestino e de outras Regiões produtoras de algodão.

Tabela 8. Cultivares de algodoeiro herbáceo lançados pela Embrapa, para o cultivo nas condições do Semiárido e Cerrado Brasileiro.

| CULTIVARES | Cor da fibra | PF % | PROD kg ha ⁻¹ | UHM mm | RES lb.mg ⁽¹⁾ /gf tex ⁻¹⁽²⁾ | MIC |
|---------------------|--------------|------|--------------------------|--------|---|-----|
| CNPA 2H | Branca | - | 1.339 | 33,0 | 7,6 ¹ | 4,2 |
| CNPA 3H | Branca | 37,8 | 1.627 | 29,9 | 7,5 ¹ | 4,5 |
| CNPA ACALA 1 | Branca | 36,6 | 2.100 | 34,1 | 9,5 ¹ | - |
| CNPA PRECOCE 1 | Branca | 35,0 | 1.266 | 30,0 | 7,5 ¹ | 4,4 |
| CNPA 6H-OURO BRANCO | Branca | 39,6 | 1.295 | 29,5 | 7,4 ¹ | 4,6 |
| CNPA 7H | Branca | 39,1 | 1.759 | 29,3 | 7,4 ¹ | - |
| CNPA PRECOCE 2 | Branca | 43,2 | 1.939 | 29,8 | 6,7 ¹ | 3,9 |
| ANTARES | Branca | 37,6 | 3.226 | 30,1 | 23,2 ² | 3,9 |
| BRS 186 PRECOCE 3 | Branca | 38,0 | 2.147 | 29,9 | 22,0 ² | 4,1 |
| BRS 187 8H | Branca | 38,7 | 2.120 | 28,1 | 24,2 ² | 4,5 |
| BRS IPÊ | Branca | 38,5 | - | 29,7 | 28,8 ² | 4,2 |
| BRS AROEIRA | Branca | 39,8 | 3.841 | 31,0 | 29,3 ² | 4,4 |
| BRS JATOBÁ | Branca | 39,1 | 4.059 | 29,0 | 30,8 ² | 4,6 |
| BRS CAMAÇARI | Branca | 38,8 | 4.024 | 29,7 | 30,9 ² | 4,4 |
| BRS PEROBA | Branca | 38,8 | 4.200 | 29,9 | 31,1 ² | 4,3 |
| BRS ARAÇÁ | Branca | 38,3 | 4.625 | 29,1 | 30,1 ² | 4,2 |
| BRS ACALA | Branca | 36,0 | 2.719 | 33,5 | 35,8 ² | 4,2 |
| BRS ARARIPE | Branca | 39,7 | 2.725 | 30,0 | 31,2 ² | 4,2 |
| BRS SERIDÓ | Branca | 38,4 | 2.222 | 32,0 | 31,1 ² | 4,6 |
| BRS 286 | Branca | 40,2 | 4.874 | 30,2 | 29,6 ² | 4,2 |
| BRS 293 | Branca | 40,7 | 4.623 | 29,5 | 30,6 ² | 4,1 |

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

| | | | | | | |
|------------------|------------------------|------|-------|------|-------------------|-----|
| BRS 269 - BURITI | Branca | 40,2 | 4.868 | 30,5 | 32,0 ² | 4,0 |
| BRS 335 | Branca | 41,0 | 4.779 | 30,0 | 30,1 ² | 4,1 |
| BRS 336 | Branca | 38,7 | 3.851 | 33,0 | 32,6 ² | 4,4 |
| BRS 200 | Bege | 36,0 | - | 28,0 | 24,3 ² | 3,7 |
| BRS Verde | Verde | 34,0 | - | 29,6 | 26,0 ² | 2,7 |
| BRS Rubi | Marrom- avermelhada | 35,6 | - | 25,4 | 25,0 ² | 3,7 |
| BRS Safira | Marrom- avermelhada | 36,0 | - | 24,0 | 24,2 ² | 3,9 |
| BRS Topázio | Marrom-clara | 43,5 | 2.825 | 30,4 | 31,9 ² | 4,2 |
| BRS Jade | Marrom-clara | 41,0 | 4.500 | 28,6 | 29,2 ² | - |

PF: Porcentagem de fibra, PROD: Produtividade de algodão em caroço, UHM: Comprimento de fibra, RES: Resistência de fibra, MIC: Micronaire.

Em geral, os programas de melhoramento do algodoeiro buscam obter genótipos que apresentem ganhos genéticos para caracteres agrônômicos e tecnológicos de fibra como: a produtividade, o rendimento de fibra e o comprimento. Os ganhos genéticos têm sido correlacionados com o progresso genético de um programa de melhoramento. O progresso genético do algodoeiro no Brasil tem sido avaliado nos diferentes programas de melhoramento, contudo, as informações ainda permanecem escassas devido à falta de pesquisas voltadas para estimar o progresso genético em anos recentes.

O programa de melhoramento da Embrapa no Cerrado do Mato Grosso, teve seu progresso genético avaliado a partir da produtividade de algodão em caroço e rendimento de fibra entre os anos de 1989 a 2001 (Freire et al. 2015). O progresso médio anual para produção de algodão em caroço variou entre 3,93 a 3,63% e para o rendimento de fibra entre 0,96 a 1,03%, sendo esses valores indicativos de ganhos genéticos para produtividade no respectivo programa (Moresco 2003).

O programa de melhoramento do algodoeiro desenvolvido no Nordeste do Brasil pela Embrapa Algodão, teve seu progresso genético avaliado no período de 1976 a 1994 (Freire et al. 2015). Neste programa o progresso genético foi de 1,03% ao ano para o rendimento de algodão em caroço (Carvalho et al. 1997). Já Bridge e Meredith (1983) avaliaram o ganho genético em produção de algodão no Mississipi, Estados Unidos, entre 1866 a 1979. O estudo foi realizado com as cultivares Stoneville 825 e DES 56, 14 cultivares obsoletas e a cultivar Stoneville 213. As cultivares Stoneville 825 e DES 56 tiveram rendimentos maiores do que as outras. As cultivares

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

obsoletas produziram de 100,00 a 700,00 kg ha⁻¹ a menos de fibra. A taxa média de aumento de produção entre 1910 a 1979 foi de 9,46 kg ha ano⁻¹. Campbell et al. (2014) também estimaram o ganho genético das cultivares plantadas nos Estados Unidos entre 1981 a 1995, e entre 1996 a 2011. Os autores observaram que os ganhos genéticos entre 1981 a 1995 foram inferiores aos do período entre 1996 a 2011, sendo o ganho genético no período de 1996 a 2011 de 21,6 kg ha ano⁻¹.

Desta forma, o desenvolvimento de novas cultivares de algodoeiro é requisito importante para se obter ganhos genéticos nos programas de melhoramento. Para obtenção de novas cultivares de algodoeiro, os programas de melhoramento genético utilizam de diversos métodos de melhoramento, sendo escolhidos de acordo com o objetivo do programa, a herdabilidade do caráter e a fonte de germoplasma disponível (Dever 2012).

Os principais métodos de melhoramento aplicados ao algodoeiro são: seleção massal, seleção genealógica, método populacional (*bulk*) e seleção recorrente (Freire et al. 2008). A maioria destes métodos compartilham os mesmos processos básicos com as seguintes etapas (Dever 2012): I. recombinação dos genótipos para ampliação da variabilidade, por meio da hibridação; II. seleção dos genótipos superiores; III. autofecundações para fixação dos alelos e desenvolvimento das linhagens; IV. avaliação das linhagens superiores em vários ambientes; V. teste de comparação com outras cultivares padrão e VI. liberação da nova cultivar comercial.

Portanto, a demanda por novas cultivares de algodoeiro faz parte do processo de desenvolvimento e crescimento da cotonicultura em diversas regiões do Brasil. Para isso, os melhoristas selecionam genitores divergentes para hibridação, com o intuito de obter populações segregantes de ampla variabilidade genética, das quais possam extrair linhagens com características agrônômicas e tecnológicas de fibra superiores, que atendam os produtores e a indústria têxtil (Pedrosa et al. 2001).

Contudo, a escolha dos genitores e das populações segregantes consiste em atividade que exige habilidade e conhecimento do melhorista, pois os programas de seleção demandam tempo e recursos, e caso a hibridação gere uma população segregante que não origina nenhuma linhagem superior as anteriores, acarretará prejuízo ao programa (Ramalho et al. 2012). Os métodos para escolha dos genitores e das populações segregantes, podem ser divididos em duas categorias conforme Baenziger e Peterson (1991), os que utilizam as informações dos genitores como: a média, o coeficiente de parentesco e a divergência genética, e os que utilizam as

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

informações da descendência a partir de cruzamentos como: as capacidades combinatórias e a estimativa de $m + a'$.

Outro fator a ser considerado no desenvolvimento de novas cultivares de algodoeiro, é base genética estreita dos cultivares atuais (Bilwal et al. 2017, Witt et al. 2018). Essa redução da base genética é explicada pela domesticação, pelo melhoramento genético para aumentar a produtividade, pela predominância de cultivares transgênicos (Ulloa et al. 2013), e pelo uso recorrente do mesmo genitor nos programas de melhoramento do algodoeiro (Witt et al. 2018). A base genética estreita nos cultivares de algodoeiro é o principal contribuinte para o reduzido progresso genético dos programas de melhoramento e a reduzida quebra das correlações negativas entre o rendimento e a qualidade da fibra (Ulloa et al. 2013, Sun et al. 2019). Para ampliar a base genética, os programas de melhoramento utilizam da hibridação de genótipos divergentes, para tanto, são utilizadas as estimativas da dissimilaridade entre genótipos e das capacidades combinatórias, obtidas por meio da divergência genética e dos esquemas de cruzamentos dialélicos.

2.5. Divergência genética em algodoeiro

A estimativa da divergência genética entre grupos de genitores, identifica genótipos que poderão originar cruzamentos de maior efeito heterótico, de forma que haja a possibilidade de obter linhagens superiores a partir destes cruzamentos (Cruz et al. 2012). O principal objetivo da análise da divergência genética para os programas de melhoramento é a identificação de genitores que proporcionem maior segregação em suas recombinações, o que possibilita o surgimento de genótipos transgressivos (Cruz et al. 2020). Portanto, espera-se obter populações de ampla segregação, quando os genitores envolvidos na formação destas, forem mais divergentes entre si. O princípio de que genitores divergentes, cruzados entre si, gerem híbridos superiores, está de acordo com Falconer (1987) segundo o qual afirma que a heterose depende da dominância, logo, os locos sem dominância não causam heterose.

Para Falconer (1987), a quantidade de heterose no cruzamento entre duas linhagens ou populações, depende do quadrado da diferença da frequência gênica entre as populações. Desta forma, se as populações cruzadas não diferirem em frequência gênica, não haverá heterose, assim a heterose será máxima, quando um alelo for fixado em uma população, e outro alelo na outra população. Contudo, Bernardo (2002) afirma que existem duas hipóteses para a heterose, a primeira

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

baseada na dominância, defendida por Falconer (1987) e Davenport (1908), e a segunda baseada na ideia da sobredominância, proposta por Shull (1908) e East (1908).

A divergência genética pode ser estimada de duas maneiras, a primeira por meio das análises dialélicas, em que os genitores e seus cruzamentos são avaliados, e a segunda por meio das medidas de dissimilaridades, as quais podem ser obtidas através de variáveis quantitativas (dados morfológicos, fisiológicos ou moleculares), binárias (marcadores moleculares) e multicategóricas (Cruz et al. 2020). Para variáveis quantitativas são mais utilizadas as distâncias Euclidianas e de Mahalanobis e para variáveis binárias, resultantes de estudos de marcadores moleculares são mais utilizados os coeficientes de Jaccard e de Nei e Li (Cruz et al. 2012).

Trabalhos têm utilizado a distância de Mahalanobis para estimar a divergência genética avaliada por meio de caracteres agronômicos e de fibras em algodoeiro e identificar genitores para hibridação, como Gilio et al. (2017) que avaliaram divergência genética entre 18 genótipos de algodoeiro herbáceo nas condições de safra e safrinha, e identificaram seis genótipos para recombinação. Arket et al. (2019) avaliaram 100 genótipos de algodoeiro herbáceo de ciclo precoce, identificaram 30 genitores divergentes para hibridação. Miranda et al. (2020) avaliaram 18 genótipos de algodoeiro herbáceo dos principais programas de melhoramento genético do Brasil, e identificaram dois genótipos para hibridação que poderão originar populações segregantes com ampla variabilidade para produtividade e qualidade de fibra.

A estimativa da divergência genética avaliada através de marcadores moleculares, é constituída por meio da presença ou ausência de marcas (bandas), codificadas em zero (0) e um (1), para este tipo de análise os coeficientes de Jaccard e o Nei e Li, são vantajosos porque excluem as coincidências de ausência de marca molecular (Cruz et al. 2014).

Neste contexto, nos últimos anos os marcadores moleculares em especial os marcadores de DNA têm sido muito empregados, para se obter as estimativas da diversidade genética entre acessos e a divergência genética entre genótipos (Ramalho et al. 2012). Os marcadores de DNA são uma ferramenta poderosa para a avaliação da variabilidade genética, pois comparado aos marcadores morfológicos, podem revelar diferenças entre os genótipos em nível de DNA, e não são influenciados por efeitos ambientais (Turchetto et al. 2017). Além disso, podem de forma mais

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

eficiente direcionar a conservação e avaliar a variabilidade dos germoplasmas disponíveis (Sundar et al. 2014).

Entre os marcadores de DNA, os que são baseados na *Polymerase Chain Reaction* (PCR) como marcadores *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD), *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR) e *Simple Sequence Repeats* (SSR), constituem a principal classe de marcadores presentes no genoma do algodoeiro (Malik et al. 2014).

A técnica da PCR é utilizada para amplificação de pequenas quantidades de DNA, a reação consiste em vários ciclos de desnaturação, anelamento e extensão, sendo o produto da reação visualizado em gel de agarose ou poliacrilamida (Malik et al. 2014). A PCR tem sido empregada no estudo da diversidade genética e no estudo de marcadores de DNA, devido à facilidade da técnica e alta possibilidade de sucesso (Malik et al. 2014).

Neste contexto, a técnica de ISSR é baseada na técnica de SSR, cuja à amplificação ocorre com um único iniciador (*primer*), com várias repetições, ligado geralmente em dois ou até quatro nucleotídeos arbitrários (Turchetto et al. 2017). A técnica de ISSR possui maior reprodutibilidade em relação a RAPD, devido ao uso de iniciadores mais longos, possui herança dominante e têm sido utilizados em diversos trabalhos para estimar a diversidade genética interespecífica e intraespecífica, em espécies silvestres e cultivadas (Reddy et al. 2002).

Melo et al. (2011) avaliaram a similaridade genética entre dez genótipos de coentros, por meio de marcadores moleculares ISSR. Observaram que os marcadores ISSR foram eficientes para detectar polimorfismo em coentro. Muhammad et al. (2017) estimaram a divergência genética entre 21 genótipos de milho por meio de marcadores ISSR. Foi identificado de forma eficiente a divergência entre os genótipos estudados. A identificação dos genótipos divergentes foi utilizada para a seleção de genitores para o desenvolvimento futuro de populações superiores agronomicamente.

Esses marcadores são também amplamente utilizados pelos programas de melhoramento do algodoeiro, para a análise da diversidade genética entre e dentro de populações, e para seleção de genitores divergentes para hibridação (Malik et al. 2014).

Abdellatif et al. (2012) estimaram a diversidade genética entre 28 genótipos de algodoeiro egípcio (*G. barbadense*), por meio de marcadores ISSR, SSR e EST. Os ISSR apresentaram a maior porcentagem de bandas polimórficas, sendo

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

considerados ideais para quantificar a variabilidade genética e identificar os genótipos divergentes. Noormohammadi et al. (2013) utilizaram marcadores SSR, ISSR e RAPD, em cinco cultivares e seis progênies F_2 's. Observaram que os marcadores ISSR revelaram maior variabilidade genética em relação aos outros marcadores estudados.

Kahodariya et al. (2015) avaliaram a diversidade genética de 15 cultivares de algodoeiro do velho mundo (*G. herbaceum* e *G. arboreum*) e do novo mundo (*G. hirsutum* e *G. barbadense*), por meio de marcadores RAPD e ISSR. Observaram alta variabilidade genética entre as cultivares de algodoeiro do velho e do novo mundo e que os marcadores ISSR foram eficientes para quantificar a variabilidade entre os genótipos utilizados.

Rocha et al. (2016) avaliaram a diversidade genética entre 12 acessos de algodoeiro herbáceo de fibra branca e colorida. Utilizaram os marcadores ISSR para estimar a divergência e observaram a formação de grupos divergentes, os quais foram identificados genótipos com potenciais para hibridação e para formação de novas linhagens de fibra colorida.

Bilwal et al. (2017) estimaram a diversidade genética entre nove genótipos de algodoeiro herbáceo, por meio dos marcadores RAPD, ISSR e SSR. Todos os marcadores apresentaram alto número de bandas polimórficas, o que indica a eficiência dos marcadores de DNA, em especial os ISSR, na detecção de polimorfismo entre genótipos de algodoeiro herbáceo.

2.6. Análise dialélica

O termo dialelo tem sido utilizado para expressar determinado conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos, resultantes do cruzamento entre p genitores (linhagens, cultivares ou clones) (Cruz et al. 2012). No dialelo pode ser incluído, além dos genitores, os híbridos recíprocos e, outras gerações como F_2 's e retrocruzamentos. Pode ser compreendido também, por cruzamentos resultantes de todas as combinações possíveis entre genitores (Bernardo 2002).

De acordo com Griffing (1956), os esquemas de cruzamentos dialélicos, consistem no conjunto de p genitores cruzados entre si e que origina o máximo de combinações de p^2 , as quais são estabelecidas em uma tabela $p \times p$, em que X_{ij} representa o valor médio dos genitores, X_{ij} o valor médio dos híbridos F_1 's resultantes do cruzamento entre os genitores e X_{ji} representa o recíproco. Assim, as combinações

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

de p^2 podem ser divididas em três grupos: (I) os p genitores, (II) os $1/2p(p-1)$ híbridos F_1 's e (III) os $1/2p(p-1)$ híbridos F_1 's recíprocos (Griffing 1956). Para Cruz e Vencovsky (1989), os esquemas de cruzamentos dialélicos têm sido muito utilizados nos programas de melhoramento genético de plantas para obter informações a respeito do comportamento de determinado grupo de genitores de *per se* e em suas combinações, além de obter informações a respeito dos efeitos genéticos envolvidos na determinação de caracteres quantitativos.

Os objetivos das informações obtidas nos esquemas de cruzamento dialélico depende da metodologia e da natureza do material estudado (Cruz et al. 2012). As diferentes metodologias têm por objetivo em geral analisar o delineamento genético, prover estimativas que são úteis para a seleção de genitores para hibridação e entender os efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres quantitativos. Os métodos de análise dialélica foram propostos por Hayman (1954), Gardner e Eberhart (1966) e Griffing (1956).

A metodologia proposta por Hayman (1954), não se baseia em modelos estatísticos previamente estabelecidos, mas no conhecimento da natureza ambiental e genética das médias, variância e covariâncias para obter informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos genitores e do limite de seleção (Cruz et al. 2012). Já Gardner e Eberhart (1966), desenvolveram uma metodologia que inclui, no mínimo, p populações (ou cultivares) e os $p(p-1)/2$ híbridos F_1 's, sendo aplicada a genitores em equilíbrio de *Hardy-Weinberg* e tem por objetivo fornecer informações a respeito do potencial *per se* dos genitores e da heterose manifestada em seus híbridos (Cruz et al. 2012).

A metodologia proposta por Griffing (1956) baseia-se em um esquema dialélico em que os p possíveis genitores são reunidos em uma tabela $p \times p$ e divididos em três grupos, podendo ser classificada em quatro métodos, de acordo com a inclusão ou não dos genitores, híbridos F_1 's ou recíprocos. Nesta metodologia são obtidas estimativas dos efeitos e da soma de quadrados dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) (Griffing 1956).

O termo capacidade de combinação foi criado por Sprague e Tatum (1942), e dividida em CGC e CEC. A CGC é o desempenho médio do genitor em suas combinações; e a CEC define os casos em que certas combinações se mostram relativamente melhores ou piores do que poderia ser esperado com base na performance média dos dois genitores (Sprague e Tatum 1942).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Diversos trabalhos com esquemas dialélicos foram realizados para a cultura do algodoeiro, com o objetivo de estimar a CGC e a CEC e os efeitos genéticos associados aos caracteres agrônômicos e tecnológicos de fibras. Tais trabalhos resultaram em diferentes respostas.

Basal et al. (2011) estimaram a CGC e a CEC, para identificar genitores e híbridos de algodoeiro para produtividade, qualidade de fibra e determinar a heterose em populações F₁'s. Observaram efeitos significativos para CGC e CEC para todas as características, no entanto, a ação gênica não aditiva foi predominante para a maioria delas. Imran et al. (2012) utilizaram os cruzamentos dialélicos para identificar genitores e híbridos de melhor rendimento para caracteres do capulho e de alta qualidade de fibras. Observaram que a variância da CEC foi maior do que a da CGC para capulho/planta, sementes/capulho, peso de sementes, tamanho do capulho, produtividade de algodão em caroço e porcentagem de fibra, o que indica a predominância de efeitos gênicos não aditivos para estas características. Entretanto, a característica número de sementes era controlado por efeitos gênicos aditivos.

Simon et al. (2013) estudaram os efeitos da CGC e CEC em oito genótipos de algodoeiro na Região Nordeste da Nigéria, observaram tanto efeitos aditivos e não aditivos no controle genético dos caracteres estudados. Kumar et al. (2014) realizaram cruzamentos dialélicos entre sete genótipos de algodoeiro herbáceo para entender a ação gênica para produtividade e qualidade da fibra. Todas as características foram predominantemente controladas pela ação gênica aditiva, exceto número de ramificações simpodiais, produtividade de algodão em caroço e a resistência da fibra.

Bechere et al. (2016) estudaram os efeitos das estimativas da CEC e da CGC para a taxa de descaroçamento e a exigência de energia líquida no descaroçamento em algodoeiro herbáceo (*G. hirsutum*). Observaram tanto efeitos aditivos como os não aditivos no controle das características em estudo. Entretanto, a predominância foi de efeitos aditivos para ambas as características.

Zhang e Abdelraheem (2017a) estimaram a heterose, as capacidades combinatórias e a distância genética, entre nove genótipos elites de algodoeiro Pima Americano (*G. barbadense*). Observaram diferença significativa da CGC para as características: produtividade de algodão em caroço, peso do capulho, porcentagem de fibra, finura, comprimento de fibra, resistência da fibra e alongação. Observaram significância da CEC para produtividade de algodão em caroço, resistência da fibra e finura. Zhang e Abdelraheem (2017b) estimaram a heterose e as capacidades

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

combinatórias, entre cinco genótipos de *G. barbadense*, sendo dois cultivares comerciais e três linhagens exóticas. Observaram significância da CGC para todas as características, entretanto, a CEC foi significativa apenas para produtividade de fibra, resistência, finura da fibra e peso do capulho.

Khokhar et al. (2018) analisaram as capacidades combinatórias e a heterose entre seis genótipos de algodoeiro herbáceo e vinte híbridos F₁'s para produtividade e os componentes relacionados. Observaram a predominância dos efeitos não aditivos para altura de planta, número de ramos simpodiais, número de ramos monopodiais, número de capulho, peso do capulho, produtividade de algodão em caroço, porcentagem de fibra, comprimento e resistência da fibra.

Outros trabalhos foram realizados com a cultura do algodoeiro para estimar os efeitos genéticos associados a diversos caracteres, conforme pode ser observado na Tabela 9.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 9. Efeitos genéticos associados aos caracteres: produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), comprimento de fibra (UHM) e resistência da fibra (RES) no algodoeiro herbáceo.

| Efeitos genéticos predominantes | Caracteres | | | |
|------------------------------------|----------------------------|---------------------------|--|---|
| | PROD | PF | UHM | RES |
| Aditivos (CGC) | Vasconcelos et al. (2018) | Vasconcelos et al. (2018) | Ekinci e Basbag (2018) | Ekinci e Basbag (2018) Vasconcelos et al. (2020) |
| | | Carvalho et al. (2019) | Munir et al. (2018) Carvalho et al. (2019) Vasconcelos et al. (2020) | |
| Não aditivos (CEC) | Gnanasekaran et al. (2019) | | Gnanasekaran et al. (2019) | Munir et al. (2018) Carvalho et al. (2019) Gnanasekaran et al. (2019) |
| | | | Ullah et al. (2019) | Ullah et al. (2019) |

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abdellatif KF, Khidr YA, El-Mansy YM, El-Lawendey MM and YA Soliman (2012) Molecular diversity of egyptian cotton (*Gossypium barbadense* L.) and its relation to varietal development. **Journal of Crop Science and Biotechnology** 15: 93–99.

ABRAPA – Associação brasileira de produtores de algodão (2016). **Dados – algodão no mundo**. Disponível em: <<https://www.abrapa.com.br/paginas/dados/algodao-no-mundo.aspx>>. Acesso em: 11 de fevereiro, 2021.

Adams GM (2015) Marketing and economics. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 783-796.

Arket T, Islam AKMA, Rasul MG, Kundu S, Khalequzzaman and Ahmed JU (2019) Evaluation of genetic diversity in short duration cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Journal of Cotton Research** 2: 1-6.

Baenziger PS and Peterson CJ (1991) Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In Stalker HT and Murphy JP (eds) **Plant breeding in the 1990's**. North Carolina State University, Raleigh, p. 69-100.

Basal H, Canavar O, Khan NU and Cerit CS (2011) Combining ability and heterotic studies through line x tester in local and exotic upland cotton genotypes. **Pakistan Journal of Botany** 43: 1699–1706.

BASF (2019). **Guia de variedades fibermax – MT**. Disponível em: <<https://products.basf.com/documents/pim;view/pt/8924543789525.Guia%20de%20Variedades%20FiberMax%C2%AE%20-%20MT.pdf>>. Acesso em: 30 de setembro, 2019.

Bauer PJ (2015) Crop growing practices. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 419-438.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Bechere E, Zeng L and Hardin R (2016) Combining ability of ginning rate and net ginning energy requirement in upland cotton. **Crop Science 56**: 499–504.

Beltrão NEM and Araújo AE (2004) **Algodão: o produtor pergunta, a embrapa responde**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 265p.

Beltrão NEM (2006) **Fisiologia da produção do algodoeiro**. Embrapa Algodão, Campina Grande, 8p.

Beltrão NEM, Azevedo DMP, Cardoso GD, Vale LS and Albuquerque WG (2008a) Ecofisiologia do algodoeiro. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 61–110.

Beltrão NEM, Neto MSA, Lima RLS, Leão AB, Albuquerque WG and Cardoso GD (2008b) Zoneamento do algodão no nordeste. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 111–128.

Beltrão NEM, Souza JG, Azevedo DMP, Leão AB and Cardoso GD (2008c) Fitologia do algodoeiro herbáceo. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 181–218.

Bernardo R (2002) **Breeding for quantitative traits in plants**. University of Minnesota, Woodbury, 369p.

Bilwal BB, Vadodariya KV, Rajkumar BK, Upadhyay AK and Lahane GR (2017) Genetic diversity of parents using rapd, issr and ssr molecular markers in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Bulletin of Environment, Pharmacology and Life Sciences 6**: 51-57.

BRASIL - Ministério do Trabalho, Indústria e Comércio (1946). **Indústria têxtil algodoeira**. Comissão Executiva Têxtil, Rio de Janeiro, 353p.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Bridge RR and Meredith WR (1983). Comparative performance of obsolete and current cotton cultivars. **Crop Science 23**: 949-952.

Campbell BT, Boykin D, Abdo Z and Meredith WR (2014) Cotton. In Smith S, Diers B, Specht J and Carver B (eds) **Yield gains in major U.S. field crops**. Crop Science, Madison, p. 13-32.

Carvalho LP, Barbosa MHP, Costa JN, Farias FJC, Santana JCF and Andrade FP (1997) Progresso genético do algodoeiro herbáceo no Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira 32**: 283-291.

Carvalho LP (2008) Contribuição do melhoramento ao cultivo do algodão. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 273–297.

Carvalho LP, Farias FJC, Rodrigues JIS, Castro KS, Zuffo AM and Teodoro PE (2019) Correlations and selection of parents to technological traits of upland cotton. **Ciência Rural 6**: 1-7.

Cavaleri PA (1965) A semente. In Neves O (eds) **Cultura e adubação do algodoeiro**. Instituto Brasileiro Potassa, São Paulo, p. 161-219.

Cavaleri PA and Gridi-Papp IM (1993) Algodão. In Furlani AMC and Viégas GP (eds) **O melhoramento de plantas no Instituto Agronômico**. Instituto Agronômico, Campinas, p. 13-27.

CONAB - Companhia nacional de abastecimento (2020a). **Série histórica do algodão**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>>. Acesso em: 23 de novembro, 2020.

CONAB - Companhia nacional de abastecimento (2020b). Acompanhamento da safra brasileira de grãos. **Safra 2020/21, 2º levantamento**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 23 de novembro, 2020.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

CONAB - Companhia nacional de abastecimento (2020c). **Estimativas – produção e balanço de ofertas e demanda**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 23 de novembro, 2020.

Conaty W, Brodrick R, Mahan J and Payton P (2015) Climate and its interaction with cotton morphology. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 401-417.

Costa SR and Bueno MG (2004) **A saga do algodão: das primeiras lavouras à ação na omc**. Insight Engenharia, Rio de Janeiro, 144p.

Cruz CD and Vencovsky R (1989) Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética** 12: 425–438.

Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 514p.

Cruz CD, Carneiro PCS and Regazzi AJ (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 668p.

Cruz CD, Ferreira FM and Pessoni LA (2020) **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. UFV, Viçosa, 620p.

Davenport CB (1908) Degeneration, albinism and inbreeding. **Science** 28: 454-455.

DELTAPINE (2017) **Produtos**. Disponível em <<https://www.deltapine.com.br/pt-br/produtos.html>>. Acesso em: 30 de setembro de 2019.

Dever JK (2012) Cotton breeding and agro-technology. In Kozłowski RM (eds) **Handbook of natural fibres: types, properties and factors affecting breeding and cultivation**. Woodhead Publishing Series in Textiles, Cambridge, p. 469-507.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2009) **BRS 269 - buriti**. Embrapa Algodão, Campina Grande, 1p.

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2014a). **Cultura do algodão herbáceo na agricultura familiar**. Disponível em: <<https://www.spo.cnptia.embrapa.br/temas-publicados>>. Acesso em: 27 de setembro, 2019.

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2014b). **Cultivo do algodão irrigado**. Disponível em: <<https://www.spo.cnptia.embrapa.br/>>. Acesso em: 20 de janeiro, 2020.

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2017a) **Cultivares BRS B2RF: a evolução do melhoramento genético do algodoeiro**. Embrapa Algodão, Campina Grande, 2p.

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2017b). **Cultura do algodão no cerrado**. Disponível em: <<https://www.spo.cnptia.embrapa.br/>>. Acesso em: 20 de novembro, 2020.

East EM (1908) Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experimental Station Report**, 419-428.

Ekinci R and Basbag S (2018) Combining ability analysis and heterotic effects for cotton fiber quality traits. **Journal of Crop Breeding and Genetics 2**: 20-25.

Falconer DS (1987) **Introdução à genética quantitativa**. UFV, Viçosa, 279p.

Ferreira ACB, Carvalho MCS and Borin ALDC (2015) Manejo de solos aptos à cotonicultura no cerrado. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 65-90.

Freire EC, Morello CL, Farias FJC, Pedrosa MB and Silva Filho JLS (2015) Melhoramento do algodoeiro: cultivares convencionais e transgênicas para o cerrado.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

In Freire EC (eds) **Algodão no cerrado do Brasil**. Associação Brasileira dos Produtores de Algodão, Brasília, p. 151–201.

Freire EC, Morello CL, Farias FJC, Silva Filho JL, Vidal Neto FC, Pedrosa MB, Suinaga FA, Costa JN and Andrade FP (2008) Objetivos e métodos usados nos programas de melhoramento do algodão. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 299-324.

Fryxell PA (1968) A redefinition of tribe Gossypieae. **Botanical Gazette** **129**: 296-308.

Fuzatto MG (1999) Melhoramento genético do algodoeiro. In Cia E, Freire EC and Santos WJ (eds) **Cultura do algodoeiro**. Potafos, Piracicaba, p. 15–34.

Gardner CO and Eberhart SA (1966) Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics** **22**: 439–452.

Gilio TAS, Araújo DV, Krause W, Rosa HHR and Ascari JP (2017) Genetic divergence among cotton genotypes grown in the main season and off season. **Revista Caatinga** **30**: 377-390.

Gonçalves JS and Ramos SF (2008) Da origem à hegemonia e crise do algodão meridional brasileiro no século xx. **Informações Econômicas** **38**: 25-41.

Gnanasekaran M, Thiyagu K and Gunasekaran M (2019) Combining ability and heterosis studies for seed cotton yield and fibre quality traits in *hirsutum* cotton. **Electronic Journal of Plant Breeding** **4**: 1519-1531.

Griffing B (1956) Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences** **9**: 462-493.

Hayman HO (1954) The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics** **39**: 789–809.

IAPAR – Instituto agrônomo do Paraná (2007). **Novas cultivares de algodão ipr 140 e ipr jataí**. Disponível em:

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

<<http://www.iapar.br/arquivos/File/folhetos/algodao/ipr140.html>>. Acesso em: 30 de setembro, 2019.

IMAmt - Instituto Mato-Grossense do Algodão (2019). **Produtos**. Disponível em: <<https://imamt.org.br/>>. Acesso em: 30 de setembro, 2019.

Imran M, Shakeel FM, Farooq J, Saleem MF, Saeed A, Nazeer W, Riaz M, Naeem M and Javaid A (2012) Combining ability analysis for within-boll yield components in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Genetics and Molecular Research 11**: 2790–2800.

Kahodariya J, Sabara P and Vakharia D (2015) Assessment of genetic diversity in old world and new world cotton cultivars using rapd and issr markers. **Indian Journal of Biotechnology 14**: 511-517.

Kim HJ (2015) Fiber biology. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 97-128.

Khokhar ES, Shakeel A, Maqbool MA, Abuzar MK, Zareen S, Aamir SS and Asadullah M (2018) Studying combining ability and heterosis in different cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes for yield and yield contributing traits. **Pakistan Journal of Agricultural Research 31**: 55-68.

Kozłowski RM and Mackiewicz TM (2012) Introduction to natural textile fibres. In Kozłowski RM (eds) **Handbook of natural fibers**. Woodhead Publishing, Cambridge, p. 1–8.

Kulkarni VN, Khadi BM, Maralappanavar MS, Deshapande LA and Narayanan SS (2009) The worldwide gene pools of *Gossypium arboreum* L. and *G. herbaceum* L., and their improvement. In Paterson AH (eds) **Genetics and genomics of cotton**. Springer, New York, p. 69–100.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Kumar K, Ashokkumar K and Ravikesavan R (2014) Genetic effects of combining ability studies for yield in fiber quality traits in diallel crosses of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **African Journal of Biotechnology** **13**: 119–126.
- Lee JA (1984) Cotton as a world crop. In Kohel RJ and Lewis CF (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 1-25.
- Lee JA and Fang DD (2015) Cotton as a world crop: origin, history, and current status. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 1-24.
- Malik W, Ashraf J, Iqbal MZ, Khan AA, Qayyum A, Abid MA, Noor E, Ahmad MQ and Abbasi GH (2014) Molecular markers and cotton genetic improvement: current status and future prospects. **Hindawi Publishing Corporation 2014**: 1-15.
- Mauney JR (2015) Anatomy and morphology of cultivated cottons. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science, Madison, p. 77-96.
- McCarty JC and Percy RG (2001) Genes from exotic germplasm and their use in cultivar improvement in *Gossypium hirsutum* L. and *G. barbadense* L. In Jenkins JN and Saha S (eds) **Genetic improvement of cotton: emerging technologies**. Science Publishers, Enfield, p. 65–80.
- Melo RA, Resende LV, Menezes D, Beck APA, Costa JC, Coutinho AIE and Nascimento AVS (2011) Genetic similarity between coriander genotypes using issr markers. **Horticultura Brasileira** **29**: 526-530.
- Miranda MCC, Cardoso DBO, Paiva TS, Farias FJC and Sousa LB (2020) Determining genetic diversity in cotton genotypes to improve variability. **Revista Ceres** **67**: 464-473.
- Moresco ER (2003) **Progresso genético no melhoramento do algodoeiro no estado de Mato Grosso**. Tese (Agronomia: genética e melhoramento de plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 79p.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Moreira JAN and Santos RF (1994) **Origem, crescimento e progresso da cotonicultura no Brasil**. Embrapa, Campina Grande, 169p.
- Muhammad RW, Qayyum A, Ahmad MQ, Hamza A, Yousaf M, Ahmad B and Noor E (2017) Characterization of maize genotypes for genetic diversity on the basis of inter simple sequence repeats. **Genetic Molecular Research 16**: 1-9.
- Munir S, Qureshi MK, Shahzad AN, Manzoor H, Shahzad MA, Aslam K and Athar H (2018) Assessment of gene action and combining ability for fibre and yield contributing traits in interspecific and intraspecific hybrids of cotton. **Czech Journal of Genetics and Plant Breeding 2**: 71-77.
- Neves OS, Cavaleri PA, Gridi-Papp IL and Ferraz CM (1969) Melhoramento das variedades paulistas de algodão: criação da IAC-12. **Bragantia 28**: 291-306.
- Noormohammadi Z, Farahani YH-A, Sheidai M, Ghasemzadeh-Baraki S and Alishah O (2013) Genetic diversity analysis in opal cotton hybrids based on ssr, issr, and rapd markers. **Genetics and Molecular Research 12**: 256-269.
- Oosterhuis DM (2001) Development of a cotton plant. In Seagull R and Alpaugh P (eds) **Cotton fiber development and processing: an illustrated overview**. International Textile Center, Lubbock, p. 7-31.
- Pedrosa MB, Freire EC, Costa JN and Andrade FP (2001) Estimativas das capacidades combinatórias em híbridos $f_{1,s}$ de algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) irrigado no Estado do Rio Grande do Norte. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibras 5**: 439–445.
- Penna JCV (2009) Hibridação em algodão. In Borém A (eds) **Hibridação artificial de plantas**. UFV, Viçosa, p. 67-89.
- Percy RG and Wendel JF (1990) Allozyme evidence for the origin and diversification of *Gossypium barbadense* L. **Theoretical and Applied Genetics 79**: 529–542.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Ramalho MP, Abreu AFB, Santos JB and Nunes JAR (2012) **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA, Lavras, 522p.

Ravandi SAH and Valizadeh M (2011) Properties of fibers and fabrics that contribute to human comfort. In Song G (eds) **Improving comfort in clothing**. Woodhead Publishing, Cambridge, p. 61-78.

Reddy MP, Sarla N and Siddiq EA (2002) Inter simple sequence repeat (issr) polymorphism and its application in plant breeding. **Euphytica 128**: 9-17.

Rocha GMG, Cavalcanti JJV, Carvalho LP, Santos RC and Lima LM (2016) Genetic divergence of colored cotton based on intersimple sequence repeat (issr) markers. **African Journal of Agricultural Research 11**: 2663-2668.

Rodrigues JCJ (2015) Algodão no Brasil: mudança, associativismo e crescimento. In Freire EC (eds) **Algodão no cerrado do Brasil**. Associação Brasileira dos Produtores de Algodão, Brasília, p. 21–37.

Shull GH (1908) The composition of a field of maize. **Journal of Heredity 4**: 296-301.

Silva AA and Pires MM (2015) Os impactos do proalba na cotonicultura do estado da Bahia. **Revista Brasileira de Gestão e Desenvolvimento Regional 11**: 4–30.

Simon SY, Kadams AM and Aliyu B (2013) Combining ability analysis in f_1 hybrids of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) by diallel method in northeastern Nigeria. **Greener Journal of Agricultural Sciences 3**: 90–96.

Sprague GF and Tatum LA (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Agronomy Journal 34**: 923-932.

Souza JG, Beltrão NEM, Azevedo DMP, Albuquerque WG, Lima RLS and Cardoso GD (2008) Fisiologia. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informações Tecnológicas, Brasília, p. 219–250.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Sun Z, Wang X, Liu Z, Gu Q, Zhang Y, Li Z, Ke H, Yang J, Wu J, Wu L, Zhang G and Ma Z (2019) Evaluation of the genetic diversity of fiber quality traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) inferred from phenotypic variations. **Journal of Cotton Research 2**: 1-8.
- Sundar R, Patil SS, Ranganath HM, Srivalli P, Manjula SM and Pranesh KJ (2014) Genetic diversity analysis in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) based on morphological traits and microsatellite markers. **International Journal of Basic and Applied Biology 1**: 19-22.
- Takizawa EK (2015) Sistema de produção do algodão safrinha. In Freire EC (eds) **Algodão no cerrado do Brasil**. Associação Brasileira dos Produtores de Algodão, Brasília, p. 637–651.
- TMG - Tropical melhoramento e genética (2019). **Cultivares de algodão**. Disponível em: <<http://www.tmg.agr.br/ptbr/cultivares/algodao>>. Acesso em: 30 de setembro, 2019.
- Turchetto C, Turchetto ZAC, Passaia G and Zanella CM (2017) Marcadores genéticos baseados em DNA. In: Turchetto ZAC, Turchetto C, Zanella CM and Passaia G (eds) **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, p. 12-20.
- Ullah A, Shakeel A, Malik TA and Saleem MF (2019) Combining ability analysis of various fibre quality traits under normal and water deficit condition in cotton. **Pakistan Journal of Agricultural Sciences 56**: 359-366.
- Ulloa M, Brubaker C and Chee P (2007) Cotton. In Kole C (eds) **Genome mapping and molecular breeding in plants**. Springer, Heidelberg, p. 1-49.
- Ulloa M, Abdurakhmonov IY, Perez-M C, Percy R and Stewart JM (2013) Genetic diversity and population structure of cotton (*Gossypium* spp.) of the new world assessed by ssr markers. **Botany 91**: 251–259.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

USDA - United states department of agriculture, foreign agricultural service (2020).

Cotton: world markets and trade. Disponível em: <<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/cotton.pdf>>. Acesso em: 20 de novembro, 2020.

Vasconcelos UAA, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Vasconcelos WS and Santos RC (2018) Diallel analysis in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for water stress tolerance.

Crop Breeding and Applied Biotechnology 1: 24-30.

Vasconcelos WS, Santos RC, Vasconcelos UAA, Cavalcanti JJV and Farias FJC (2020) Estimates of genetic parameters in diallelic populations of cotton subjected to water stress. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental 24:** 541-546.

Vidal Neto FC and Freire EC (2013) Melhoramento genético do algodoeiro. In Vidal Neto FC and Cavalcanti JJV (eds) **Melhoramento genético de plantas no Nordeste.** Embrapa, Brasília, p. 49–83.

Zhang JF and Abdelraheem A (2017a) Combining ability, heterosis, and genetic distance among nine elite american pima cotton genotypes (*Gossypium barbadense*). **Euphytica 213:** 240.

Zhang JF and Abdelraheem A (2017b) Heterosis, combining ability and genetic effect, and relationship with genetic distance based on a diallel of hybrids from five diverse *Gossypium barbadense* cotton genotypes. **Euphytica 213:** 208.

Wendel JF, Brubaker C, Alvarez I, Cronn R and Stewart JM (2009) Evolution and natural history of the cotton genus. In Paterson AH (eds) **Genetics and genomics of cotton.** Springer, New York, p. 3–22.

Wendel JF, Brubaker CL and Seelanan T (2010) The origin and evolution of *Gossypium*. In Stewart JM, Oosterhuis DM, Heitholt JJ and Mauney JR (eds) **Physiology of cotton.** Springer, Dordrecht, p. 1-18.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Wendel JF and Grover CE (2015) Taxonomy and evolution of the cotton genus, *Gossypium*. **Cotton 57**: 25-44.

Witt TW, Ulloa M, Pelletier MG, Mendu Y and Ritchie GL (2018) Irrigation's effect and applied selection on the fiber quality of ethyl methanesulfonate (ems) treated upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Journal of Cotton Research 17**: 1-11.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

CAPÍTULO II

CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERES DE PRODUÇÃO E PRECOCIDADE EM ALGODOEIRO NA REGIÃO SEMIÁRIDA DO BRASIL

Capacidade combinatória para caracteres de produção e precocidade em algodoeiro na região semiárida do Brasil

Resumo

No melhoramento genético de plantas, a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) são utilizadas para escolha de genitores e cruzamentos que gerem populações segregantes de alta variabilidade genética. Os objetivos deste trabalho foram determinar os melhores genitores e cruzamentos com base na CGC e CEC para caracteres de produção e precocidade do algodoeiro herbáceo. O experimento foi conduzido em dois ambientes e em duas safras (2015 e 2019), para avaliar seis genitores e 15 cruzamentos F₁'s em blocos ao acaso com três repetições. Os caracteres estudados foram: dias para a primeira flor, dias para primeiro capulho, produtividade de algodão em caroço, produtividade de algodão em fibra, porcentagem de fibra e peso do capulho. Procedeu-se análise de variância e dialélica conjunta através da metodologia de Griffing (1956) método 2, modelo I. Os efeitos aditivos foram predominantes para todos os caracteres. Os melhores genitores com base na CGC e na média foram: FM 993 e CNPA 04 2080 para produtividade de algodão em caroço e fibra, e para precocidade foi TAMCOT CAMD-E. O melhor cruzamento para produtividade de algodão em caroço e fibra foi: FM 993 x PSC 355 e para precocidade foi: CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E. Os melhores cruzamentos para a produção e a precocidade serão autofecundados e avançados em método de condução para obter a linhagem superior para estes caracteres.

Palavras-chave: *G. hirsutum* L., produtividade de fibra, porcentagem de fibra e análise dialélica.

INTRODUÇÃO

No melhoramento de plantas, a escolha dos genótipos parentais que são utilizados para o desenvolvimento da população segregante é uma das decisões mais importantes para o sucesso do programa (Fehr 1991). Para isso, deve-se considerar tanto a característica a ser melhorada, como entendimento do modo de herança desta característica e a identificação de fontes de germoplasmas (Fehr 1991). Os cruzamentos dialélicos são estratégias úteis para ampliar a variabilidade genética por recombinação, selecionar parentais divergentes para hibridação e obter informações

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

sobre os efeitos genéticos (aditivos ou não aditivos) que atuam no controle dos caracteres (Cruz et al. 2012).

Os cruzamentos dialélicos são definidos como os conjuntos de híbridos $p(p-1)/2$, resultantes do cruzamento entre p genitores (Griffing 1956). A metodologia proposta por Griffing (1956) permite obter informações tanto da capacidade geral de combinação (CGC) como da capacidade específica de combinação (CEC). A CGC é definida como o desempenho médio de um genitor com base em suas combinações e a CEC é definida como o comportamento das combinações, seja melhor ou pior, baseado no desempenho médio dos genitores (Sprague e Tatum 1942).

As estimativas da CGC e da CEC são utilizadas pelos programas de melhoramento genético de plantas para escolha de genitores para hibridação e para escolha dos cruzamentos dos quais serão obtidas as populações segregantes de ampla variabilidade genética (Cruz et al. 2012). No caso do algodoeiro herbáceo, as estimativas da CGC são utilizadas na escolha de genitores que possuam alelos favoráveis para recombinação, de modo que, estimativas altas da CGC indicam a presença de efeitos genéticos aditivos, os quais são importantes quando o objetivo é o desenvolvimento de linhagens superiores (Campbell e Myers 2015). Já as estimativas da CEC apontam para a presença de efeitos genéticos não aditivos e são utilizadas para seleção de populações híbridas de alta estimativa de heterose, e que associada a estimativa da CGC, passa a ser critério para escolha de cruzamentos que formarão as populações segregantes, nas quais serão extraídas as linhagens superiores (Meredith 1999).

Alguns trabalhos já foram realizados com o algodoeiro herbáceo, com o objetivo de estimar as capacidades combinatórias, e a partir destas estimativas selecionar genitores e cruzamentos superiores. Zeng e Pettigrew (2015) avaliaram 20 genótipos para características de produtividade de fibra e qualidade da fibra em duas épocas de plantio. Os autores observaram que os efeitos da CGC foram predominantes para a maioria dos caracteres avaliados. Campbell et al. (2016) por meio de cruzamentos dialélicos avaliaram a produtividade de algodão em fibra, a porcentagem de fibra e o peso do capulho, entre quatro genótipos parentais e dez cruzamentos F_2 . Os autores observaram que os efeitos da CGC foram superiores aos da CEC para a maioria dos caracteres. Khokhar et al. (2018) estimaram a CGC e a CEC, tanto para a produtividade como para a qualidade da fibra, e observaram predominância da CEC para peso do capulho, produtividade de algodão em caroço e fibra, porcentagem de

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

fibra, comprimento e resistência de fibra, de modo que, por meio da CGC escolheram quatro genótipos como genitores, e por meio da CEC identificaram três cruzamentos superiores. Já Aguiar et al. (2007) observaram que os efeitos genéticos aditivos foram predominantes no controle de todos os caracteres estudados e identificaram três cruzamentos superiores para produtividade de algodão em caroço, fibra e precocidade. Neste mesmo sentido, Kaleri et al. (2017) estimaram a CGC e a CEC para a precocidade e a produtividade, e identificaram três genótipos como genitores por meio da CGC e três cruzamentos superiores através da CEC.

Outros trabalhos de cruzamentos dialélicos foram realizados com o intuito de identificar genótipos parentais e cruzamentos superiores de algodoeiro herbáceo para o semiárido do Brasil, tais como Vasconcelos et al. (2018) que realizaram cruzamentos dialélicos para obter os melhores genótipos parentais e híbridos F₁'s tolerantes ao estresse hídrico. Os autores identificaram quatro cruzamentos promissores tolerantes ao estresse hídrico e observaram que os efeitos aditivos foram predominantes no controle da produtividade de algodão em caroço, porcentagem de fibra, dias para o primeiro capulho e peso do capulho, já os efeitos não aditivos foram predominantes apenas para altura de planta. Do mesmo modo, Carvalho et al. (2018) por meio de cruzamentos dialélicos entre algodoeiro herbáceo (*G. hirsutum* L. r. *latifolium* Hutch) e arbóreo (*G. hirsutum* L. r. *marie galante* Hutch) obtiveram híbridos F₁ e F₂, e a partir destes, identificaram um genótipo como parental para recombinação e dois cruzamentos superiores para os caracteres agronômicos.

Considerando que ainda são poucos os trabalhos de análise dialélica para a cultura do algodoeiro na Região Semiárida do Brasil, este trabalho teve como objetivos: (i) estimar os efeitos genéticos aditivos e não aditivos entre genótipos de algodoeiro herbáceo para os caracteres de produção e precocidade; (ii) determinar os melhores genitores com as maiores CGC e média; (iii) indicar os cruzamentos mais promissores para a obtenção de linhagens superiores, para avançar nos trabalhos de melhoramento genético da cultura quanto aos caracteres de produção e de precocidade no semiárido do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados seis genitores de algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.), escolhidos previamente por possuírem características agronômicas superiores e contrastantes entre si (Tabela 1).

Tabela 1. Genitores utilizados no cruzamento dialélico para obtenção dos híbridos F₁'s, seus obtentores e registros.

| Genitores | Obtentores | Registro |
|------------------|----------------------------|----------------|
| FM 993 | BASF, Brasil | RNC 20328 |
| CNPA MT 04-2080 | Embrapa, Brasil | Linhagem elite |
| PHYTOGEN PSC 355 | Phytogen Seed Company, EUA | PI 612974 |
| TAMB 139-17 ELS | Texas A&M, EUA | PI 659699 |
| IAC 26 RMD | IAC, Brasil | RNC 30644 |
| TAMCOT CAMD-E | Texas A&M, EUA | PI 529633 |

PI, propriedade intelectual; RNC, registro nacional de cultivares pertencente ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Brasil.

Nos anos de 2015 e 2018 foram obtidas as sementes híbridas F₁'s, através de cruzamentos dialélicos balanceados entre os seis genitores. Os cruzamentos ocorreram em casa-de-vegetação na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), no Centro Nacional de Pesquisa do Algodão (CNPA), Campina Grande – Paraíba. Os cruzamentos foram realizados conforme Bourland e Myers (2015) através dos seguintes procedimentos: Na ocasião da floração, as flores das plantas escolhidas como genitoras femininas foram emasculadas na tarde do dia anterior, a partir das 15 horas. Na manhã do dia seguinte à emasculação, a partir das 9 horas, as flores do genitor masculino foram colhidas e polinizaram as flores emasculadas.

As sementes F₁'s provenientes dos cruzamentos em 2015 foram plantadas em 10 de agosto de 2015 na Estação Experimental da Embrapa Algodão localizada no Município de Patos – PB (7° 1' 38.91" S, 37° 16' 57.13" O). Em 19 de junho de 2019 as sementes F₁'s obtidas em 2018, foram plantadas na Estação Experimental da Embrapa Algodão no Município de Barbalha - CE (7° 0' 1.22" S, 37° 18' 43.47" O). O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliados 15 híbridos F₁'s e seis genitores o que totalizou 21 tratamentos. Os experimentos foram conduzidos em dois anos (2015 e 2019). A parcela experimental foi constituída de duas fileiras de 5,00 m de comprimento com espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas, com área útil de 4,00 m². O plantio foi realizado manualmente, a irrigação foi por sistema de aspersão convencional fixo e os tratos

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

culturais foram realizados de acordo com a necessidade da cultura ao longo da condução do experimento, conforme recomendações da EMBRAPA (2014).

Foram avaliadas as principais características agronômicas conforme Farias et al. (2008): aparecimento da primeira flor (APF, dias), aparecimento do primeiro capulho (APC, dias), produtividade de algodão em caroço (PROD, kg ha⁻¹), porcentagem de fibra (PF, %), produtividade de algodão em fibra (PRODF, kg ha⁻¹) e peso do capulho (PC, g). As análises genéticas-estatísticas foram realizadas com o auxílio do software GENES (Cruz 2013). Para análise de variância e para o teste de agrupamento de médias foram utilizados os testes F a 0,01 e 0,05 de probabilidade e Scott-Knott (1974) a 0,05 de probabilidade. Foi realizada análise de variância conjunta considerando os efeitos de genótipo e ambiente como fixos, portanto, são valores válidos apenas para estes genótipos e ambientes. Foi utilizado o seguinte modelo para análise de variância conjunta, conforme Cruz et al. (2012):

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que: Y_{ijk} - observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente; μ - média geral; B/A_{jk} - efeito do bloco k dentro do ambiente j; G_i - efeito do genótipo i; A_j - efeito do ambiente j; GA_{ij} - efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; ε_{ij} - erro experimental associado à observação Y_{ijk} .

As análises dialélicas e as estimativas da CGC e CEC foram estimadas a partir da metodologia de Griffing (1956), adaptada para análise conjunta, considerando o Método 2 que utiliza os pais e os F_1 's, Modelo I que considera o genótipo, a CGC e a CEC como fixo, ou seja, as estimativas da CGC e CEC obtidas neste trabalho são apenas destes genótipos, conforme modelo estatístico (Cruz et al. 2014):

$$Y_{ijk} = m_k + g_{ik} + g_{jk} + s_{jk} + e_{ijk}$$

Onde: Y_{ijk} - média experimental; m_k - efeito da média do ambiente k; g_{ik} e g_{jk} - efeitos da CGC associados ao i e j-ésimo genitor, estimados no ambiente k; s_{ijk} - efeito da CEC entre os genitores i e j, estimado no ambiente k; e_{ijk} - erro aleatório médio associado ao tratamento de ordem ij, obtido em cada ambiente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise conjunta e Parâmetros genéticos

Foram observadas diferenças estatísticas a 0,01 de probabilidade pelo teste F entre os genótipos para todos os caracteres com base na análise de variância (Tabela 2). A significância para o teste F, é indicativo de que há variabilidade genética entre

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

os genótipos para estes caracteres. A interação genótipo x ambiente não foi significativa para PROD, PRODF e PC, o que indica que os genótipos avaliados não apresentaram comportamentos diferentes nos ambientes testados (Patos e Barbalha) para estes caracteres (Tabela 2). Já para APF, APC e PF a interação genótipo x ambiente teve diferença significativa a 0,01 de probabilidade, o que demonstra que os genótipos se comportam diferente diante das variações ambientais para estes caracteres (Tabela 2). Os genótipos apresentaram médias gerais conforme valores médios exigidos para a cultura do algodoeiro herbáceo (Tabela 2), que de acordo com Farias et al. (2008) para o programa de melhoramento da Embrapa, as cultivares de algodoeiro devem possuir ciclo entre 100 a 110 dias para o semiárido e ciclo médio de 130 dias para o Cerrado, já a produtividade deve ser superior a 3000 kg ha⁻¹ de algodão em caroço e porcentagem de fibra superior a 40 com peso do capulho entre 4,5 g a 7 g para colheita mecanizada e acima de 6 g para colheita manual. Já para o Cerrado, segundo Freire et al. (2015) os programas de melhoramento do algodoeiro buscam genótipos de ciclo médio e precoce, de produtividade de algodão em caroço superior a 4500 kg ha⁻¹ e porcentagem de fibra igual ou superior a 42.

A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação ambiental (CVa) (Tabela 2), variou de 1,65% (APC) a 19,99% (PRODF), sendo estes valores indicativos de boa precisão experimental para o algodoeiro herbáceo, pois em outros trabalhos realizados com algodoeiro herbáceo no semiárido, como Vasconcelos et al. (2018), Carvalho et al. (2019a) e Albuquerque et al. (2020) encontraram alta precisão experimental com valores de CVa dentro dos observados neste estudo e que portanto, confirmam a precisão experimental. As maiores estimativas de CVa foram para PROD (19,67%) e PRODF (19,99%), estes altos valores estão relacionadas ao maior efeito ambiental, associado ao maior número de genes no controle destes caracteres.

O coeficiente de determinação genotípico (H²) variou de 66,02% (PROD) a 92,71% (PC) (Tabela 2). Os caracteres PC (92,71%), PF (92,21%) e APC (88,05%) apresentaram valores de H² superior a 70%, percentual que indica maior confiança no valor do fenótipo destes caracteres. O H² já foi estimado em outros trabalhos com o algodoeiro herbáceo para também determinar a confiabilidade fenotípica de características agrônômicas, como Song et al. (2015), Carvalho et al. (2019a) e Albuquerque et al. (2020), entretanto, estes autores encontram valores diferentes de H² para os mesmos caracteres avaliadas neste estudo. Contudo, Bernardo (2000) ressalta que as estimativas de H² variam conforme o genótipo utilizado, a

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

característica avaliada e as condições que foram conduzidas o experimento, desta forma, os valores de H^2 encontrados neste trabalho são apenas dos genótipos aqui utilizados.

O coeficiente de variação genético (CVg) variou de 1,77% (APF) a 12,14% (PRODF) (Tabela 2). O CVg é interpretado como a magnitude da variabilidade genética disponível para seleção, desta forma, quanto maiores os valores de CVg, maior a variação genética (Carvalho et al. 2016). Portanto, para este estudo, os caracteres PRODF (12,14%), PROD (11,20%) e PC (8,37%) possuem os maiores valores de CVg, o que indica maior variabilidade genética disponível para seleção nos ciclos seguintes para estes caracteres. Valores altos de CVg, quando associados a valores altos de H^2 indicam aumento no ganho genético com a seleção, assim, para este estudo PC possuem valores altos de CVg (8,37%) e valores altos do H^2 (92,71%), quando comparado aos demais caracteres, (Tabela 2), deste modo, a seleção para este caractere, indica ganho genético em ciclos subsequentes.

A razão CVg/CVa variou de 0,62 (APF) a 1,46 (PC), valores igual ou superior a 1,0 foram obtidos pelos caracteres APC (1,11), PF (1,40) e PC (1,46) (Tabela 2). Os caracteres APC, PF e PC possuem valores de CVg/CVa que indicam situação favorável à seleção, pois segundo Vencovsky e Barriga (1992) valores de CVg/CVa igual ou superior a 1,0 são favoráveis ao processo seletivo. Já os caracteres APF (0,62), PROD (0,57) e PRODF (0,61), tiveram valores abaixo da unidade, sendo os valores de PROD e PRODF relacionados a alta influência dos efeitos ambientais sobre os genéticos, o que reduz a estimativa CVg/CVa e dificulta os processos seletivos, e para APF o baixo valor de CVg/CVa está ligado a baixa variabilidade genética para esta característica neste estudo e a alta estimativa de CVa, o que dificulta também a seleção de genótipos para esta característica.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 2. Análise conjunta e parâmetros genéticos para os caracteres: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), campo experimental de Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).

| Fonte de Variação | GL | Quadrados Médios | | | | | |
|----------------------|----|------------------|-------------|-----------------------------|----------|------------------------------|--------------------|
| | | APF dias | APC dias | PROD kg ha ⁻¹ | PF % | PRODF kg ha ⁻¹ | PC g |
| Blocos | 2 | 12,39 | 5,72 | 1627420,77 | 1,63 | 253811,46 | 0,49 |
| Genótipos (G) | 20 | 5,80** | 20,54** | 1830411,60** | 11,91** | 372834,32** | 1,76** |
| Ambientes (A) | 1 | 1453,84** | 11600,64** | 21764805,79* | 121,23** | 2413571,44 ^{ns} | 0,05 ^{ns} |
| G x A | 20 | 5,70** | 6,99** | 742046,40 ^{ns} | 2,46** | 129079,59 ^{ns} | 0,20 ^{ns} |
| Resíduo | 80 | 1,74 | 2,45 | 621891,43 | 0,93 | 116142,62 | 0,13 |
| Média | - | 46,49 | 95,06 | 4008,23 | 42,58 | 1704,48 | 6,23 |
| Parâmetros genéticos | | | | | | | |
| CVa (%) | - | 2,84 | 1,65 | 19,67 | 2,26 | 19,99 | 5,75 |
| H ² (%) | - | 69,98 | 88,05 | 66,02 | 92,21 | 68,85 | 92,71 |
| CVg (%) | - | 1,77 | 1,83 | 11,20 | 3,18 | 12,14 | 8,37 |
| CVg/CVa | - | 0,62 | 1,11 | 0,57 | 1,40 | 0,61 | 1,46 |
| Maior QMR/Menor QMR | - | 2,35 | 1,08 | 1,95 | 1,57 | 1,88 | 2,51 |

CVa, coeficiente de variação ambiental; H², coeficiente de determinação genotípico; CVg, coeficiente de variação genotípico; CVg/CVa, razão entre o coeficiente de variação genotípico e coeficiente de variação ambiental. GL: Graus de liberdade.

**Significativo a 0.01 de probabilidade. *Significativo a 0.05 de probabilidade. ^{ns}não significativo.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Pelo agrupamento das médias dos genótipos a partir do teste de Scott e Knott (1974) a nível de 0,05 de probabilidade para os caracteres que não apresentaram interação GxA significativa, verificou-se a formação de grupos para todos os caracteres, o que confirma a existência de variabilidade genética entre os genótipos para estas variáveis (Tabela 3). Para PROD e PRODF a combinação FM 993 x PSC 355 apresentou os maiores valores de médias para estes caracteres, sendo os genótipos reunidos em dois grupos (Tabela 3). Para PC foram formados cinco grupos e a combinação TAMB 139-17 x IAC 26 (7,02 g) apresentou o maior valor de média (Tabela 3).

Para os caracteres que a interação GxA foi significativa, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1978) considerando cada ambiente separado (Tabela 4). Exceto para APF em Barbalha, houve formação de grupos entre as médias dos genótipos para todas os caracteres nos dois ambientes. Para APF, os genótipos foram reunidos em dois grupos em Patos, sendo o genótipo TAMCOT CAMD-E (39,00 e 49,00 dias) o que apresentou o menor valor de média em Patos e Barbalha, seguido da combinação CNPA 2080 x TAMCOT CAMD-E (40,00 dias) em Patos e das combinações CNPA 2080 x TAMB 139-17 (49,33 dias), PSC 355 x TAMB 139-17 (49,33 dias) e IAC 26 x TAMCOT CAMD-E (49,33 dias) em Barbalha (Tabela 4).

Para APC, os genótipos foram reunidos em três grupos em Patos e dois grupos em Barbalha, o genótipo TAMCOT CAMD-E (78,67 dias) e a combinação PSC 355 x TAMCOT CAMD-E (82,00 dias) tiveram os menores valores de média em Patos (Tabela 4). Já em Barbalha, o genótipo TAMB 139-17 (101, 33 dias) apresentou a menor média, seguido da combinação PSC 355 x TAMB 139-17 (102,67 dias) (Tabela 4). Em relação a PF, os genótipos foram reunidos em quatro grupos tanto em Patos como em Barbalha (Tabela 4). Em Patos o genótipo FM 993 (43,95%) apresentou a maior média seguido da combinação CNPA 2080 x PSC 355 (43,25%), e em Barbalha o genótipo CNPA 2080 (46,70%) apresentou a maior média seguido da combinação CNPA 2080 x IAC 26 (45,62%) (Tabela 4).

Os valores das médias dos caracteres avaliados neste estudo (Tabela 3 e 4), são concordantes com os valores encontrados em outros trabalhos de análise dialélica realizados no Semiárido Brasileiro, tais como, Vasconcelos et al. (2018) que encontraram valores de média para PROD de 3720,17 kg ha⁻¹ a 7229,83 kg ha⁻¹, para PF observaram médias de 36,95% a 45,46% e para PC encontraram valores de 4,67 g a 7,28 g, estes valores foram observados para o tratamento controle, o qual recebeu

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

a irrigação. Assim também como Carvalho et al. (2018), que encontraram valores para PF de 33,60% a 39,83% e para PC de 5,20 g a 7,23 g. Já Carvalho et al. (2019a) encontraram valores para PF de 36,40% a 40,46%.

Tabela 3. Médias dos caracteres: produtividade de algodão em caroço (PROD), produtividade de algodão em fibra (PRODF) e peso do capulho (PC), Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).

| Genótipos | PROD kg ha ⁻¹ | PRODF kg ha ⁻¹ | PC g |
|-------------------|-----------------------------|------------------------------|---------|
| 1 – FM 993 | 4182,53a | 1878,41a | 5,63d |
| 2 – CNPA 04 2080 | 4483,37a | 1974,74a | 5,73d |
| 3 – PSC 355 | 3864,90a | 1599,21b | 4,99e |
| 4 – TAMB 139-17 | 3811,33a | 1494,22b | 6,53b |
| 5 – IAC 26 | 4481,47a | 1878,51a | 6,23b |
| 6 - TAMCOT CAMD-E | 2656,40b | 1145,63b | 5,73d |
| 1x2 | 3707,47a | 1623,37b | 6,12c |
| 1x3 | 5194,63a | 2203,05a | 5,73d |
| 1x4 | 4232,80a | 1778,39a | 6,87a |
| 1x5 | 4019,73a | 1748,54a | 6,54b |
| 1x6 | 4680,87a | 1993,15a | 6,43b |
| 2x3 | 3955,90a | 1711,65a | 6,00c |
| 2x4 | 4304,40a | 1783,78a | 6,95a |
| 2x5 | 4078,53a | 1762,45a | 6,78a |
| 2x6 | 4283,13a | 1884,58a | 6,04c |
| 3x4 | 3745,87a | 1548,10b | 6,49b |
| 3x5 | 4135,20a | 1784,22a | 6,02c |
| 3x6 | 3081,00b | 1319,91b | 5,64d |
| 4x5 | 3959,47a | 1618,17b | 7,02a |
| 4x6 | 3227,60a | 1299,72b | 6,97a |
| 5x6 | 4086,13a | 1764,27a | 6,44b |

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo de acordo com o teste de Scott-Knott a 0,05 de probabilidade.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 4. Médias dos caracteres: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC) e porcentagem de fibra (PF), Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).

| Genótipos | APF | | APC | | PF | |
|-------------------|--------|----------|--------|----------|--------|----------|
| | dias | | dias | | % | |
| | Patos | Barbalha | Patos | Barbalha | Patos | Barbalha |
| 1 – FM 993 | 43,33a | 49,67a | 89,33a | 102,67b | 43,95a | 45,76a |
| 2 – CNPA 04 2080 | 42,00b | 50,67a | 85,00c | 105,00a | 42,35b | 46,70a |
| 3 – PSC 355 | 41,67b | 51,00a | 84,67c | 105,00a | 40,10c | 43,15b |
| 4 – TAMB 139-17 | 43,67a | 50,00a | 86,33b | 101,33b | 38,60d | 40,02d |
| 5 – IAC 26 | 46,33a | 49,00a | 86,33b | 102,00b | 41,07c | 42,93c |
| 6 - TAMCOT CAMD-E | 39,00b | 49,00a | 78,67d | 104,33b | 41,50b | 44,80a |
| 1x2 | 43,33a | 50,33a | 86,00b | 104,00b | 43,03a | 44,78a |
| 1x3 | 43,67a | 50,00a | 86,67b | 103,67b | 41,70b | 43,37b |
| 1x4 | 42,67b | 51,00a | 88,33a | 106,00a | 41,57b | 42,12c |
| 1x5 | 45,33a | 50,00a | 89,00a | 106,00a | 42,20b | 44,77a |
| 1x6 | 41,00b | 49,67a | 84,00c | 104,33b | 41,90b | 43,68b |
| 2x3 | 43,67a | 50,00a | 84,00c | 104,33b | 43,25a | 43,41b |
| 2x4 | 44,00a | 49,33a | 86,33b | 106,67a | 41,53b | 41,12d |
| 2x5 | 44,33a | 50,67a | 87,00b | 106,00a | 41,27c | 45,62a |
| 2x6 | 40,00b | 49,67a | 83,67c | 106,67a | 42,87a | 45,47a |
| 3x4 | 44,00a | 49,33a | 86,67b | 102,67b | 40,33c | 42,28c |
| 3x5 | 45,67a | 50,00a | 86,33b | 103,33b | 42,63a | 43,80b |
| 3x6 | 42,67b | 49,67a | 82,00c | 106,33a | 41,15c | 44,19b |
| 4x5 | 45,33a | 49,67a | 88,00a | 104,33b | 40,97c | 40,87d |
| 4x6 | 41,33b | 49,67a | 83,00c | 105,33a | 39,43d | 41,44d |
| 5x6 | 42,00b | 49,33a | 83,33c | 107,67a | 42,13b | 44,44b |

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo de acordo com o teste de Scott-Knott a 0,05 de probabilidade.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Capacidade geral e específica de combinação

Foram observadas diferenças significativas a 0,01 de probabilidade para CGC em relação a todos os caracteres, o que confirma a existência de variabilidade genética aditiva (Tabela 5). A significância da CGC indica também que no mínimo um dos seis genitores difere dos demais, no que diz respeito à concentração de alelos favoráveis. Para a CEC foram observadas diferenças significativas a 0,05 e 0,01 de probabilidade para PROD, PF, PRODF e PC, o que confirma a existência de variabilidade genética não aditiva também para estes caracteres (Tabela 5). A significância da CEC indica que no mínimo, uma das 15 combinações difere das demais, seja melhor ou pior, baseado no desempenho médio dos seus genitores. Os componentes aditivos tiveram comportamento diferente estatisticamente diante das variações ambientais (CGC x Ambiente) para os caracteres APF, APC e PF (Tabela 5). Já os componentes não aditivos associados a todas as variáveis, exceto para APC e a PF, não mostraram comportamento diferente estatisticamente diante das variações ambientais (CEC x Ambiente) (Tabela 5). O valor do componente quadrático da CGC (ϕ CGC) foi superior ao da CEC (ϕ CEC) em relação a todos os caracteres para os dois ambientes, exceto para PROD no ambiente 1, portanto, os efeitos genéticos aditivos são mais importantes que os não aditivos no controle genético destes caracteres (Tabela 5).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 5. Análise conjunta das capacidades combinatórias para os caracteres: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), Patos - Paraíba (2015) – A1 e Barbalha – Ceará (2019) – A2.

| Fonte de Variação | GL | Quadrados Médios | | | | | |
|-------------------|----|--------------------|--------------------|-------------------------|---------|-------------------------|--------------------|
| | | APF | APC | PROD | PF | PRODF | PC |
| Genótipos | 20 | 5,81** | 20,54** | 1830411,60** | 11,91** | 372834,32** | 1,76** |
| CGC | 5 | 21,16** | 78,91** | 2995763,16** | 42,14** | 750896,49** | 4,76** |
| CEC | 15 | 0,69 ^{ns} | 1,08 ^{ns} | 1441961,07** | 1,84* | 246813,59* | 0,76** |
| CGC x Ambiente | 5 | 16,61** | 20,19** | 565667,30 ^{ns} | 3,14** | 96897,70 ^{ns} | 0,11 ^{ns} |
| CEC x Ambiente | 15 | 2,08 ^{ns} | 2,59** | 800839,44 ^{ns} | 2,23** | 139806,88 ^{ns} | 0,23 ^{ns} |
| Resíduo | 80 | 1,74 | 2,45 | 621891,43 | 0,93 | 116142,62 | 0,13 |
| φCGC | A1 | 1,40 | 2,87 | 70286,96 | 0,55 | 17015,66 | 0,07 |
| | A2 | 0,02 | 1,04 | 26281,68 | 1,25 | 53810,37 | 0,11 |
| φCEC | A1 | -0,16 | -0,19 | 340808,62 | 0,38 | 8630,54 | 0,19 |
| | A2 | -0,07 | -0,21 | -7802,74 | 0,35 | -2365,29 | 0,05 |

CGC, capacidade geral de combinação; CEC, capacidade específica de combinação; φCGC, componente quadrático da CGC; φCEC, componente quadrático da CEC. GL, graus de liberdade. **Significativo a 0.01 de probabilidade. *Significativo a 0.05. ^{ns}não significativo.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

A partir da significância das estimativas da CGC e da CEC, assim como os componentes quadráticos associados a estas estimativas é possível estimar os efeitos genético aditivos e não aditivos dos caracteres avaliados. Entretanto, estas estimativas variam conforme o genótipo e a condição experimental, o que pode ser observado em outros trabalhos de análise dialélica realizados com algodoeiro, tais como Zhang e Abdelraheem (2017a) que observaram que a variância da CGC foi superior à da CEC para os caracteres PF, PRODF e PC, e observaram significância estatística da CGC x Ambiente apenas para PRODF na F₂ e para PF, PRODF e PC na F₃. Em outro experimento, Zhang e Abdelraheem (2017b) encontraram predominância da CGC para PF, PRODF e PC e observaram significância da CGC x ambiente para PF e PC em F₁, e PF na F₂. Já Vasconcelos et al. (2018) encontraram predominância da CGC para PF e PC, e predominância da CEC para PROD, os mesmos autores observaram significância da CGC x ambiente e CEC x ambiente apenas para PC. Neste mesmo sentido, Carvalho et al. (2019b) observaram predominância da CGC para PF.

De acordo com a estimativa da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i), o genótipo TAMCOT CAMD-E apresentou a menor estimativa negativa da \hat{g}_i para APF (-2,08 e -0,40) e APC (-3,11 e -1,24) em Patos e Barbalha (Tabela 6). O número de dias para primeira flor e para o primeiro capulho são características utilizadas para estimar a precocidade no algodoeiro, de modo que, os genótipos que apresentam o menor número de dias para estes caracteres, são considerados os mais precoces. Já para os caracteres PROD, PF e PRODF, os genótipos FM 993 e CNPA 04 2080 são indicados para recombinação, pois apresentaram as maiores estimativas média positivas da \hat{g}_i para PROD e PRODF, e as maiores estimativas positivas da \hat{g}_i nos dois ambientes (Patos e Barbalha) para PF, o que significa que podem contribuir geneticamente para o aumento da média destes caracteres (Tabela 6). Para PC, os genótipos TAMB 139-17 (0,47) e IAC 26 (0,21) foram os únicos que apresentaram estimativas positivas (Tabela 6), sendo recomendados para compor as combinações cujo objetivo seja aumentar o peso do capulho nestas populações, é importante ressaltar que o peso do capulho é um dos componentes de produção no algodoeiro. Para PROD, PRODF e PC foi considerado a estimativa média da \hat{g}_i (\bar{X}), pois para estes caracteres, não houve CGC x ambiente significativo (Tabela 5).

Em síntese, quanto maior a estimativa da \hat{g}_i , seja positiva ou negativa a depender da característica avaliada, maior será o número de alelos favoráveis no seu

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

controle, contudo, além da estimativa da \hat{g}_i os genitores devem possuir média alta para a característica, portanto, para recombinação devem ser escolhidos genitores de alta estimativa da \hat{g}_i . que possuam também média alta.

Tabela 6. Capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de seis genitores de algodoeiro herbáceo para: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).

| Caracteres | Ambientes | Genótipos | | | | | | DP(g _i) |
|------------|-----------|-----------|--------|---------|---------|---------|-----------|---------------------|
| | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | |
| APF | A1 | 0,13 | -0,29 | 0,17 | 0,38 | 1,71** | -2,08** | 0,29 |
| | A2 | 0,14 | 0,26 | 0,22 | -0,03 | -0,19 | -0,40* | 0,19 |
| APC | A1 | 1,81** | -0,15 | -0,40 | 0,85** | 1,01** | -3,11** | 0,29 |
| | A2 | 1,35** | 0,56 | -0,53 | 0,89** | -1,03** | -1,24** | 0,30 |
| PROD | \bar{X} | 267,87 | 154,82 | -26,90 | -120,60 | 148,05 | -423,26** | 144,98 |
| PF | A1 | 0,89** | 0,68** | -0,24 | -1,27** | 0,02 | -0,09 | 0,16 |
| | A2 | 0,67** | 1,11** | -0,19 | -2,13** | 0,06 | 0,49* | 0,20 |
| PRODF | \bar{X} | 146,50* | 97,99 | -20,75 | -114,35 | 62,91 | -172,31** | 62,74 |
| PC | \bar{X} | -0,09 | -0,03 | -0,47** | 0,47** | 0,21** | -0,08 | 0,07 |

1, FM 993; 2, CNPA 04 2080; 3, PSC 355; 4, TAMB 139-17; 5, IAC 26; 6, TAMCOT CAMD-E. DP(g_i), desvio padrão. \bar{X} , Estimativa média para os dois ambientes.

**Significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste *t*. *Significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste *t*.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

As melhores combinações para APF e APC foram: CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E (2x6) e PSC 355 x TAMCOT CAMD-E (3x6), respectivamente (Tabela 7). Estas combinações apresentaram as menores estimativas negativas da \hat{s}_{ij} , com um dos genitores de menor estimativa negativa da \hat{g}_i . Para PROD e PRODF a combinação FM 993 x PSC 355 (1x3) apresentou a maior estimativa positiva de \hat{s}_{ij} com um dos genitores de estimativa alta e positiva da \hat{g}_i , o que significa que desta combinação poderá ser extraído populações segregantes com alelos favoráveis para ambas os caracteres (Tabelas 7). Para PF a combinação CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E (2x6) teve a maior estimativa positiva da \hat{s}_{ij} , com um dos genitores de estimativa alta e positiva da \hat{g}_i . Para PC as melhores combinações foram CNPA 04 2080 x IAC 26 (2x5) e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMDE, pois apresentaram estimativa alta e positiva da \hat{s}_{ij} e genitores de estimativa alta e positiva da \hat{g}_i . Para APF, PROD, PRODF e PC foi considerado a estimativa média da \hat{s}_{ij} , pois para estes caracteres, não houve CEC x ambiente significativo (Tabela 5).

A semelhança da estimativa da \hat{g}_i , para a CEC quanto maior a estimativa da \hat{s}_{ij} , positiva ou negativa a depender da característica, maior será a heterose, entretanto, para se obter linhagens superiores a partir de cruzamentos de alta estimativa da \hat{s}_{ij} é necessário que a combinação possua um dos genitores de alta estimativa da \hat{g}_i , de forma que haja complementação no cruzamento.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 7. Capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) de seis genitores de algodoeiro herbáceo e suas 15 combinações para: aparecimento da 1ª flor (APF), aparecimento do 1º capulho (APC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).

| Genótipos | APF | APC | | PROD | PF | | PRODF | PC |
|----------------------|-----------|-------|-------|-----------|---------|--------|-----------|-----------|
| | \bar{X} | A1 | A2 | \bar{X} | A1 | A2 | \bar{X} | \bar{X} |
| 1 – FM 993 | -0,26 | 0,26 | 0,32 | -361,44 | 0,57 | 0,87 | -119,06 | -0,43** |
| 2 – CNPA 2080 | -0,13 | -0,16 | -0,43 | 165,49 | -0,62 | 0,92 | 74,27 | -0,43** |
| 3 – PSC 355 | -0,55 | 0,01 | 0,74 | -89,53 | -1,02** | -0,02 | -63,77 | -0,30 |
| 4 – TAMB 139-17 | -0,01 | -0,82 | -0,10 | 44,30 | -0,46 | 0,72 | 18,43 | -0,63** |
| 5 – IAC 26 | -0,34 | -1,16 | 0,74 | 177,14 | -0,57 | -0,74 | 48,20 | -0,41** |
| 6 – TAMCOT CAMDE | -0,01 | -0,57 | 0,49 | -505,31 | 0,08 | 0,27 | -214,23 | -0,34* |
| 1x2 | 0,22 | -1,11 | 0,11 | -723,46 | -0,14 | -0,56 | -325,60 | 0,01 |
| 1x3 | 0,02 | -0,20 | 0,53 | 945,43* | -0,55 | -0,66 | 372,83* | 0,06 |
| 1x4 | 0,04 | 0,22 | -0,22 | 77,30 | 0,35 | 0,03 | 41,76 | 0,26 |
| 1x5 | 0,29 | 0,72 | -0,64 | -404,42 | -0,31 | 0,49 | -165,35 | 0,19 |
| 1x6 | -0,05 | -0,16 | -0,43 | 828,02* | -0,50 | -1,03 | 314,49 | 0,36 |
| 2x3 | 0,16 | -0,91 | 1,32 | -180,25 | 1,21** | -1,06 | -70,07 | 0,27 |
| 2x4 | 0,02 | 0,18 | -0,10 | 261,95 | 0,52 | -1,42* | 95,65 | 0,29 |
| 2x5 | 0,27 | 0,68 | -0,51 | -232,57 | -1,03* | 0,90 | -102,94 | 0,38* |
| 2x6 | -0,40 | 1,47 | 0,03 | 543,34 | 0,67 | 0,31 | 254,42 | -0,08 |
| 3x4 | -0,19 | 0,76 | -0,68 | -114,86 | 0,24 | 1,05 | -21,28 | 0,26 |
| 3x5 | 0,39 | 0,26 | -1,10 | 5,82 | 1,26** | 0,38 | 37,58 | 0,05 |
| 3x6 | 0,72 | 0,05 | -1,55 | -477,07 | -0,12 | 0,33 | -191,51 | -0,04 |
| 4x5 | 0,08 | 0,68 | 0,49 | -76,21 | 0,62 | -0,62 | -34,88 | 0,11 |
| 4x6 | 0,08 | -0,20 | 0,70 | -236,77 | -0,81 | -0,48 | -118,11 | 0,35 |
| 5x6 | -0,34 | -0,03 | 0,28 | 353,11 | 0,60 | 0,34 | 169,18 | 0,09 |
| DP(s _{ii}) | 0,55 | 0,65 | 0,67 | 328,78 | 0,36 | 0,45 | 142,27 | 0,15 |
| DP(s _{ij}) | 0,66 | 0,79 | 0,82 | 398,17 | 0,43 | 0,55 | 172,30 | 0,18 |

DP(s_{ii}), desvio padrão do genitor i cruzado consigo mesmo. DP(s_{ij}), desvio padrão do genitor i cruzado com j. \bar{X} , Estimativa média para os dois ambientes. **Significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t. *Significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste t.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

CONCLUSÕES

Os efeitos aditivos são predominantes no controle genético de todos os caracteres avaliados neste estudo, o que indica a presença de alelos favoráveis no controle destas variáveis. Os melhores genitores para recombinação são: FM 993 e CNPA 04 2080, pois apresentam as maiores estimativas positivas da \hat{g}_i para PROD, PF e PRODF, acompanhados de médias altas para estas variáveis. Já para a precocidade avaliada pelo APF e APC, o melhor genitor é TAMCOT CAMD-E devido a sua menor estimativa negativa da \hat{g}_i . As melhores combinações a partir das estimativas da \hat{s}_{ij} , \hat{g}_i e média são: FM 993 x PSC 355 para os caracteres PROD e PRODF, e CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E para os caracteres APF e PF.

REFERÊNCIAS

Aguiar PAA, Penna JCV, Freire EC and Melo LC (2007) Diallel analysis of upland cotton cultivars. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 7**: 353-359.

Albuquerque RRS, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Queiroz DR and Carvalho LP (2020) Estimates of genetic parameters for selection of colored cotton fiber. **Revista Caatinga 33**: 253–259.

Bernardo R. (2002) **Breeding for quantitative traits in plants**. University of Minnesota, Woodbury, 369p.

Bourland F and Myers GO (2015) Conventional cotton breeding. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science Society of America, Madison, p. 205-228.

Campbell BT and Myers GO (2015) Quantitative genetics. In Fang DD and Percy RG (eds) **Cotton**. Crop Science Society of America, Madison, p. 187-203.

Campbell BT, Grenne J, Wu J and Jones DC (2016) Genetic variation for agronomic and fiber quality in a population derived high-quality cotton germplasm. **Crop Science 56**: 1689-1697.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Carvalho JF, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Ramos JPC, Queiroz DR and Santos RC (2019a) Selection of upland cotton for the brazilian semi-arid region under supplementary irrigation. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 19**: 185-192.
- Carvalho LP, Farias FJC, Morello CL and Teodoro PE (2016) Uso da metodologia reml/blup para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia 75**: 314-321.
- Carvalho LP, Teodoro PE, Rodrigues JIS, Farias FJC and Bhering LL (2018) Diallel analysis and inbreeding depression in agronomic and technological traits of cotton genotypes. **Bragantia 77**: 527-535.
- Carvalho LP, Farias FJC, Rodrigues JIS, Castro KS, Zuffo AM and Teodoro PE (2019b) Correlations and selection of parents to technological traits of upland cotton. **Ciência Rural 6**: 1-7.
- Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 514p.
- Cruz CD (2013) Genes – a software package for analysis in experimental statistic and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy 35**: 271–276.
- Cruz CD, Carneiro PCS and Regazzi AJ (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 668p.
- EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2014) **Sistema de produção Embrapa – cultivo do algodão irrigado**. Disponível em: <<https://www.spo.cnptia.embrapa.br/home>>. Acesso em: 09 dezembro, 2019.
- Farias FJC, Freire EC, Beltrão NEM, Bélot JL and Carvalho LP (2008) Caracteres de importância econômica no melhoramento do algodoeiro. In Beltrão NEM and Azevedo DMP (eds) **O agronegócio do algodão no Brasil**. Embrapa Informação tecnológica, Brasília, p. 413-430.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Fehr WR (1991) **Principles of cultivar development**. Iowa State University, Iowa, 536p.

Freire EC, Morello CL, Farias FJC, Pedrosa MB and Silva Filho JLS (2015) Melhoramento do algodoeiro: cultivares convencionais e transgênicas para o cerrado. In Freire EC (eds) **Algodão no cerrado do Brasil**. Associação Brasileira dos Produtores de Algodão, Brasília, p. 151–201.

Griffing B (1956) Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences** 9: 462-493.

Kaleri SH, Kaleri AA, Baloch AW, Mari SN, Kaleri SH, Gandahi N, Jatoi WA, Abro TF and Khan M (2017) Genetic studies in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for earliness and yield contributing traits. **Pure and Applied Biology** 6: 153-158.

Khokhar ES, Shakeel A, Maqbool MA, Abuzar MK, Zareen S, Aamir SS and Asadullah M (2018) Studying combining ability and heterosis in different cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes for yield and yield contributing traits. **Pakistan Journal of Agricultural Research** 31: 55-68.

Meredith WR (1999) Cotton and heterosis. In Coors JG and Pandey S (eds) **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Crop Science Society of American, Madison, p. 451-462.

Scott AJ and Knott M (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics** 30: 507-512.

Sprague GF and Tatum LA (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Agronomy Journal** 34: 923-932.

Song M, Fan S, Pang C, Wei H, Liu J and Yu S (2015) Genetic analysis of yield and yield-related traits in short-season cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Euphytica** 204: 135–147.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Vasconcelos UAA, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Vasconcelos WS and Santos RC (2018) Diallel analysis in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for water stress tolerance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 18**: 24-30.

Vencovsky R and Barriga P (1992) **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 492p.

Zeng L and Pettigrew W (2015) Combining ability, heritability, and genotypic correlations for lint yield and fiber quality of upland cotton in delayed planting. **Field Crops Research 175**: 176-183.

Zhang JF and Abdelraheem A (2017a) Combining ability, heterosis, and genetic distance among nine elite american pima cotton genotypes (*Gossypium barbadense*). **Euphytica 213**: 240.

Zhang JF and Abdelraheem A (2017b) Heterosis, combining ability and genetic effect, and relationship with genetic distance based on a diallel of hybrids from five diverse *Gossypium barbadense* cotton genotypes. **Euphytica 213**: 208.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

CAPÍTULO III

UTILIZANDO CAPACIDADES COMBINATÓRIAS COMO ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE ALGODOEIRO PARA ALTA QUALIDADE DE FIBRA

Utilizando capacidades combinatórias como estratégia de seleção de algodoeiro para alta qualidade de fibra

Resumo

A alta qualidade de fibra é uma das características mais desejadas no melhoramento do algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L. Hutch.). Para tanto, os programas de melhoramento têm desenvolvido híbridos de alto efeito heterótico, que proporcione combinações genéticas e populações segregantes, das quais possam ser selecionados genótipos superiores. Os objetivos deste estudo foram: identificar genitores superiores com base na capacidade geral de combinação (CGC), indicar os melhores cruzamentos por meio da capacidade específica de combinação (CEC) e estimar as correlações fenotípicas e genotípicas para características de fibra, tais como: comprimento, uniformidade, índice de fibras curtas, resistência, alongamento, micronaire, maturidade, reflectância, grau de amarelecimento e índice de fiabilidade. Os experimentos foram conduzidos em dois ambientes e duas safras (2015 e 2019) para avaliar seis genitores e 15 híbridos F₁'s obtidos por cruzamentos dialélicos. O delineamento utilizado foi blocos ao acaso com três repetições. Procedeu-se análise de variância, análise dialélica e correlações genéticas. Os genitores de maior CGC foram: TAMB 139-17, PSC 355, IAC 26 e FM 993. Os cruzamentos de maior CEC foram: TAMB 139-17 x TAMCOT CAMDE, CNPA 04 2080 x PSC 355, TAMB 139-17 x IAC 26, FM 993 x CNPA 04 2080. Foram encontradas correlações genéticas positivas entre comprimento, uniformidade, resistência e índice de fiabilidade. O micronaire teve correlações positivas com maturidade. O índice de fibras curtas apresentou correlações negativas em relação ao comprimento, uniformidade, resistência, alongamento, grau de amarelecimento e índice de fiabilidade.

Palavras-chave: Análise dialélica, comprimento, resistência, *G. hirsutum* e instrumento de alto volume.

INTRODUÇÃO

O cultivo do algodoeiro tem como principal finalidade a produção de fibra para atender à indústria têxtil. A fibra corresponde de 35% a 45% da produção total do capulho do algodoeiro e é a fibra têxtil natural mais consumida mundialmente (Vidal Neto e Freire 2013). Na indústria têxtil, as fibras sintéticas têm dominado o mercado têxtil, desde a metade da década de 1990 (Dhaliwal 2019). A utilização das fibras

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

sintéticas e a exigência do mercado têxtil mundial por maior qualidade, tem aumentado a demanda por melhoria na qualidade das fibras naturais, principalmente a do algodoeiro.

A qualidade da fibra do algodoeiro é definida pelas características intrínsecas e extrínsecas da mesma, e pode ser determinada pelo sistema HVI (Costa et al. 2006). Como características intrínsecas referem-se ao comprimento, a finura, ao micronaire, a resistência, a uniformidade e ao alongamento da fibra, as quais possuem controle genético e são influenciadas pelo ambiente (Vidal Neto e Freire 2013). Já as características extrínsecas são adquiridas, principalmente, no armazenamento e na colheita, e referem-se à regularidade da massa da fibra, ao teor de *neps* e a presença ou ausência de contaminantes vegetais (Freire 2015).

De acordo com Vidal Neto e Freire (2013), para ser considerado de alta qualidade de fibra, os genótipos devem ter padrões mínimos de porcentagem de fibra acima de 40, fibras de comprimento acima de 28,5 mm, resistência acima de 28 gf tex⁻¹, micronaire de 3,8 a 4,5 e uniformidade superior a 82%, sendo que os programas de melhoramento do algodoeiro buscam o desenvolvimento de genótipos que tenham alta qualidade de fibra e alta produtividade (Bourland e Myers 2015, Carvalho et al. 2018). Para tanto, o desenvolvimento das populações segregantes deve ser feito utilizando genitores divergentes que proporcione obter híbridos de alto efeito heterótico, dos quais possam ser selecionados os genótipos superiores (Cruz et al. 2012).

A escolha dos genitores e das populações segregantes é requisito fundamental dos programas de melhoramento genético. Bernardo (2002) explica que nos programas de melhoramento objetiva-se obter populações segregantes de média alta e de ampla variabilidade genética, contudo, vale ressaltar que esta informação se aplica aos caracteres quantitativos. Neste sentido, a média genotípica das progênies selecionadas na população, depende da média da população, do desvio dos segregantes em relação à média da população e da eficiência na seleção dos melhores segregantes (Bernardo 2002). Para garantir que as populações formadas e as progênies selecionadas tenham média alta é necessário que os genótipos escolhidos para gerar as populações sejam divergentes e que tenham médias altas. Neste sentido, Baenziger e Peterson (1991) dizem que para escolha dos genitores e seleção das populações segregantes, podem ser utilizados os cruzamentos dialélicos,

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

pois, as estimativas obtidas são baseadas nas informações da descendência, a partir do cruzamento entre os genitores.

Os cruzamentos dialélicos têm sido utilizados em programas de melhoramento de planta por fornecer abordagem metodológica que permite a escolha de genitores e híbridos (Verhalen e Murray 1967). Os autores ressaltam ainda, que a utilização de cruzamentos dialélicos facilita a escolha do método de condução da população segregante, por permitir a obtenção de estimativas da magnitude e da relevância de parâmetros genéticos.

Os esquemas dialélicos consistem em cruzamentos entre p genitores, o que origina híbridos $p(p-1)/2$ com todas as possíveis combinações (Griffing 1956). A partir destes cruzamentos é possível obter estimativas das capacidades combinatórias CGC e CEC (Sprague e Tatum 1942). Tais cruzamentos têm sido utilizados com eficiência no melhoramento do algodoeiro, como reportado por Smith et al. (2010), Zeng et al. (2011), Berger et al. (2012), Ng et al. (2014), Zeng e Pettigrew (2015), Campbell et al. (2016), Kothari et al. (2016), Zang et al. (2016), Carvalho et al. (2018) e Gnanasekaran (2019).

Assim, como o entendimento das capacidades combinatórias é essencial para escolha de genitores e dos híbridos, para se obter ganhos genéticos em ciclos subsequentes a partir de vários caracteres, são necessários também o conhecimento das correlações entre estes (Cruz et al. 2012). Pois, conforme explica Falconer (1987) é necessário o entendimento de como o melhoramento de uma característica pode causar mudanças simultâneas em outras. As correlações entre características podem ser fenotípicas ou genotípicas, sendo que as fenotípicas são devidas as causas genéticas e não genéticas, e as genotípicas são devidas a pleiotropia e as ligações gênicas (Bernardo 2002).

Em relação as características de fibra do algodoeiro foram reportadas correlações genotípicas positivas entre comprimento, uniformidade e resistência (Hinze et al. 2011). Correlações genotípicas positivas também foram relatadas para comprimento e resistência de fibra (Ng et al. 2014, Srinivas et al. 2015, Kothari et al. 2016 e Abdelraheem et al. 2020). Farias et al. (2016) encontraram correlações fenotípicas positivas entre resistência e maturidade de fibra, enquanto correlações fenotípicas negativas foram identificadas entre comprimento e índice de fibras curtas (Reis et al. 2017).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Neste sentido, o Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro da Embrapa Algodão busca obter genótipos superiores para formar populações-base, das quais sejam extraídas linhagens superiores para alta qualidade de fibras. Desta forma, foi escolhido a cultivar convencional FM 993 por possuir alta qualidade de fibras como: resistência superior a 28 gf tex⁻¹, micronaire entre 3,8 a 4,5 e uniformidade acima de 83%, associado a alta produtividade de algodão em caroço e rendimentos de fibra superior 40% (BASF BRASIL 2018). A linhagem experimental CNPA MT 04-2080 foi escolhida por apresentar nos Ensaio de Competição de Cultivares alta qualidade de fibras como, comprimento acima de 29,83 mm, uniformidade superior a 84,42%, resistência de 32,09 gf tex⁻¹ e valor máximo de micronaire de 4,39 (Benites et al. 2010), associado a produtividade média de algodão em caroço de 4200 kg ha⁻¹ (Ribeiro et al. 2012). Já a cultivar convencional Phytogen PSC 355 foi escolhida por possuir alto potencial produtivo, ciclo precoce e alta qualidade de fibras (Mcpherson et al. 2000). A cultivar convencional TAMB 139-17 ELS foi escolhida por possuir fibra extra-longa, e alta qualidade de fibra, em especial, comprimento e resistência (Smith et al. 2011). A cultivar convencional IAC 26 RMD foi escolhida por possuir resistência múltipla em graus diversos, à murcha de *Fusarium*, ramulária (Gonçalves et al. 2014), mancha-angular, doença azul, alternária, tolerante em condições de campo aos nematoides *Meloidogyne* e *Rotylenchulus*, e possuir alta retenção da pluma ao capulho. A cultivar convencional TAMCOT CAMD-E foi escolhida principalmente pela precocidade significativa em condições de campo no semiárido do Brasil (Queiroz et al. 2017) e pela alta resistência a ferrugem bacteriana, ao *Fusarium* e resistência intermediária ao *Verticillium* (Bird 1979).

Este trabalho teve por objetivos, estimar os efeitos genéticos associados as características tecnológicas de fibra, identificar os genitores de maiores médias para características tecnológicas de fibra, maior CGC, indicar os melhores cruzamentos por meio da CEC e estimar correlações fenotípicas e genotípicas entre as referidas características.

MATERIAIS E MÉTODOS

Neste trabalho foram avaliados seis genitores: FM 993 (RNC 20328; Registro Nacional de Cultivares 2006), CNPA MT 04 2080 (Linhagem final em teste; Embrapa Algodão), PSC 355 (PI 612974), TAMB 139-17 ELS (PI 659699; Smith et al. 2011), IAC 26 RMD (RNC 30644; Registro Nacional de Cultivares 2013) e TAMCOT CAMD-E (PI 529633; Bird 1979), e 15 híbridos F₁'s provenientes de cruzamentos dialélicos

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

balanceado completo, sem os recíprocos entre os referidos genitores. Os experimentos foram realizados em dois ambientes, Estação Experimental da Embrapa Algodão localizada no Município de Patos – Paraíba (7° 1' 38.91" S, 37° 16' 57.13" O) e Estação Experimental da Embrapa Algodão no Município de Barbalha - Ceará (7° 0' 1.22" S, 37° 18' 43.47" O). No primeiro ambiente, o plantio ocorreu em 10 de agosto de 2015 e, no período de condução do experimento (Agosto a Dezembro) houve precipitação de 7,7 mm (AESAs 2019). No segundo ambiente, o experimento foi instalado em 19 de junho de 2019 e, no período de condução do experimento (Junho a Novembro) houve precipitação de 462,7 mm (FUNCEME 2019). Em ambos os ambientes foram realizadas irrigações suplementares por aspersão e tratos culturais conforme Embrapa (2014).

Nos dois ambientes foi utilizado o delineamento experimental blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela experimental teve duas linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, constituindo área útil de 4,00 m². Para evitar o efeito da competição de plantas entre os aspersores da irrigação, foi utilizado a cultivar BRS 433FL B2RF (RNC 36253, Registro Nacional de Cultivares 2017) como bordadura, posicionada após 12 linhas consecutivas, equivalente a seis tratamentos, sendo estes os pontos de localização da irrigação. O plantio foi feito manualmente, e 30 dias após a germinação, foi realizado desbaste, deixando dez plantas por metro linear. O controle de plantas daninhas foi feito aplicando Gramocil 2,5 L/ha, Dual 0,8 L/ha, Herbadox (Pendimetalina) 2,5 L/ha e Diuron 1,0 L/ha, em pré-emergência.

Para avaliação das características tecnológicas de fibra foram tomados aleatoriamente 20 capulhos por parcela como amostra padrão (AP), que foram avaliadas no Laboratório de Tecnologia de Fibra e Fios da Embrapa Algodão, em Campina Grande – Paraíba. Utilizou-se o aparelho Uster HVI 1000 (USTER 2017) para avaliar a qualidade da fibra, por meio das seguintes características: comprimento de fibra (UHM, mm), uniformidade de fibra (UNF, %), índice de fibras curtas (IFC, %), resistência de fibra (RES, gf tex⁻¹), alongamento (ALG, %), micronaire (MIC), maturidade (MAT, %), reflectância (rd, %), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), conforme Brasil (2002).

As análises genética-estatística foram realizadas com o auxílio do *software* GENES (Cruz 2013). Utilizou-se o teste *F* a 0,05 de probabilidade para análise de variância e o agrupamento de média foi feito pelo teste de Scott e Knott (1974),

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

também a 0,05 de probabilidade. Realizou-se análise de variância conjunta, considerando os efeitos de genótipo e ambiente como fixos, ou seja, os resultados obtidos neste estudo são válidos apenas para estes genótipos e ambientes, conforme modelo estatístico (Cruz et al. 2012):

$$Y_{ijk} = \mu + B/A_{jk} + G_i + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que: Y_{ijk} - observação no k-ésimo bloco, avaliada no i-ésimo genótipo e j-ésimo ambiente; μ - média geral; B/A_{jk} - efeito do bloco k dentro do ambiente j; G_i - efeito do genótipo i; A_j - efeito do ambiente j; GA_{ij} - efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente j; ε_{ij} - erro experimental associado à observação Y_{ijk} .

As análises dialélicas e as estimativas da CGC e CEC foram realizadas usando o modelo genético-estatístico proposto por Griffing (1956) e adaptado para análise conjunta, consistindo no Método 2 que usa os pais e os F_1 's, e o Modelo I que considera os efeitos dos genótipos, da CGC e da CEC como fixos, ou seja, as estimativas obtidas neste estudo para a CGC e a CEC são válidas apenas para estes genótipos (Cruz et al. 2014):

$$Y_{ijk} = m_k + g_{ik} + g_{jk} + s_{jk} + e_{ijk}$$

Onde: Y_{ijk} - média experimental; m_k - efeito da média do ambiente k; g_{ik} e g_{jk} - efeitos da CGC associados ao i e j-ésimo genitor, estimados no ambiente k; s_{ijk} - efeito da CEC entre os genitores i e j, estimado no ambiente k; e_{ijk} - erro aleatório médio associado ao tratamento de ordem ij, obtido em cada ambiente.

Os coeficientes de correlação foram estimados para os dois ambientes (Patos-2015 e Barbalha-2019) por meio das expressões propostas por Cruz et al. (2012):

Correlação fenotípica (r_f):

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Onde: r_f - Estimador do coeficiente de correlação fenotípica; PMG_{xy} - Produto médio associado aos efeitos do genótipo para as características x e y; QMG_x - Quadrado médio entre o genótipo para característica x e QMG_y - Quadrado médio entre o genótipo para a característica y.

Correlação genotípica (r_g):

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \hat{\sigma}_{gy}^2}}$$

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Onde: r_g - Estimador do coeficiente de correlação genotípica; $\hat{\sigma}_{gxy}$ - Estimador da covariância genotípica entre os caracteres x e y; $\hat{\sigma}_{gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{gy}^2$ - Estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres x e y.

A significância das estimativas das r_i foram realizadas pelo teste t a 0,05 de probabilidade. Para as r_g a significância foi estimada a 0,05 de probabilidade pelo método de *bootstrap* com 5000 simulações.

RESULTADOS

Análise conjunta, parâmetros genéticos e ambientais

Foi observada diferença significância a 0,01 de probabilidade pelo teste F entre os genótipos para todas as características de fibra (Tabela 1). Entre os ambientes foi observada diferença significativa a 0,01 e 0,05 de probabilidade para os caracteres UHM, IFC, ALG, MIC, MAT e CSP. A interação genótipo x ambiente foi significativa para UHM, RES, ALG, MIC, MAT, +b e não significativa para UNF, IFC, rd e CSP.

O coeficiente de variação ambiental (CVa) foi inferior a 10%, o maior valor foi de IFC (8,39%) e o menor valor foi de MAT (0,78%) (Tabela 1). O coeficiente de determinação genotípico (H^2) variou de 80,34% (UNF) a 95,11% (UHM). Todas as características apresentaram estimativa de H^2 acima de 80%, sendo as maiores de UHM (95,11%), CSP (92,96%) e ALG (92,62%) (Tabela 1). O coeficiente de variação genética (CVg) variou de 0,79% (MAT) a 10,17% (CSP). A relação CVg/CVa variou de 0,83 (UNF e IFC) a 1,80 (UHM) (Tabela 1).

Houve formação de grupos pelo teste de agrupamento de Scott e Knott (1978), entre as médias dos genótipos, em relação a todas as características que não apresentaram interação GxA significativa (Tabela 2). A UNF teve médias que variaram de 83,67% (TAMCOT CAMD-E) a 86,81% (PSC 355 x TAMB 139-17). No IFC, as estimativas das médias variaram de 6,17% (TAMB 139-17) a 8,04% (FM 993 x TAMCOT CAMD-E). As médias de rd variaram de 79,56% (PSC 355 x IAC 26) a 83,76% (FM 993 x CNPA 04 2080). Todos os genótipos apresentaram médias de CSP acima de 2414,84.

Para as características que a interação GxA foi significativa, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott (1978) considerando cada ambiente separado (Tabela 3). Exceto para o MIC no ambiente 2, houve formação de grupos entre as médias dos genótipos para todas as características nos dois ambientes. Todos os genótipos tiveram comprimento de fibra superior a 26,50 mm, em ambos os

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

ambientes, sendo classificados como fibra média, enquanto os genótipos TAMB 139-17 (32,27 e 33,23 mm), FM 993 x TAMB 139-17 (32,70 e 32,79 mm) e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E (31,17 e 32,43 mm), tiveram fibras classificadas como longas para os dois ambientes. Todos os genótipos, exceto TAMCOT CAMD-E (28,03 e 26,87 gf tex⁻¹), tiveram resistência de fibra acima de 29,00 gf tex⁻¹ nos dois ambientes. O ALG variou de 4,07% (CNPA 04 2080 x IAC 26) a 6,53% (PSC 355) no ambiente 1, e no ambiente 2, o ALG variou de 4,65% (TAMB 139-17 x IAC 26) a 6,84% (PSC 355). O MIC variou de 4,33 (TAMB 139-17) a 5,87 (PSC 355 x IAC 26) no ambiente 1, e no ambiente 2, o MIC variou de 3,87 (TAMB 139-17) a 4,64 (PSC 355). Todos os genótipos apresentaram médias de maturidade de fibra acima de 0,86 para ambos os ambientes. O +b variou de 8,51 (FM 993) a 10,87 (PSC 355 x IAC 26) no ambiente 1, e no ambiente 2, o +b variou de 8,78 (FM 993) a 10,63 (PSC 355).

Análise conjunta das capacidades combinatórias

As somas de quadrados dos genótipos foram desdobradas nos efeitos associados a CGC, CEC e as suas interações (CGC x Ambiente e CEC x Ambiente) (Tabela 4). Para as estimativas do quadrado médio da CGC, todas as características tiveram significância estatística no nível de 0,01 de probabilidade pelo teste *F*. Em relação as estimativas do quadrado médio da CEC, as características UHM e RES tiveram significância estatística ao nível de 0,05 de probabilidade pelo teste *F* e as demais não tiveram significância estatística. A interação CGC x Ambiente foi significativa pelo teste *F* a 0,01 de probabilidade para as características: UHM, ALG, MIC MAT, CSP e não significativa pelo mesmo teste para as características: UNF, IFC, RES, rd e +b. A interação CEC x Ambiente foi significativa pelo teste *F* a nível 0,05 de probabilidade para as características: RES, ALG, MIC, MAT, +b e não significativa para as características: UHM, UNF, IFC, rd e CSP. Para os componentes quadráticos da CGC (ϕ CGC) e CEC (ϕ CEC), os valores dos ϕ CGC foram maiores que os da ϕ CEC para todas as características nos dois ambientes.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Capacidade geral (\hat{g}_i) e específica (\hat{s}_{ij}) de combinação

O genótipo TAMB 139-17 teve os maiores valores positivos e significativos da \hat{g}_i nos dois ambientes (Patos e Barbalha) em relação aos caracteres UHM, UNF, RES, CSP e os menores valores negativos e significativos da \hat{g}_i para IFC (Tabela 5). Os genótipos de maior valor positivo da \hat{g}_i para ALG foi PSC 355 e para o MIC e a MAT foi IAC 26. FM 993 teve, os maiores valores positivos da \hat{g}_i de rd e os menores valores negativos e significativos da \hat{g}_i de +b. Para os caracteres UNF, IFC, RES, rd e +b foi considerado a estimativa da \hat{g}_i média entre os dois ambientes, pois estes caracteres não tiveram CGC x Ambiente significativa.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 1. Análise conjunta e parâmetros genéticos das características de fibra: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), Patos - Paraíba (2015) e Barbalha – Ceará (2019).

| Fonte de Variação | GL | Quadrados médios | | | | | | | | | |
|-----------------------------------|----|------------------|---------------------|--------------------|-----------------------------|----------|----------|-----------|--------------------|--------------------|------------------------|
| | | UHM mm | UNF % | IFC % | RES gf tex ⁻¹ | ALG % | MIC - | MAT % | rd % | +b - | CSP - |
| Blocos | 2 | 1,95 | 1,08 | 0,66 | 1,28 | 0,01 | 0,02 | 0,00004 | 2,38 | 0,44 | 51608,31 |
| Genótipos (G) | 20 | 16,84** | 4,97** | 1,75** | 24,71** | 1,62** | 0,40** | 0,00034** | 8,06** | 1,33** | 548862,31** |
| Ambientes (A) | 1 | 62,39* | 10,34 ^{ns} | 51,12** | 2,48 ^{ns} | 14,38** | 28,95** | 0,026** | 0,06 ^{ns} | 0,82 ^{ns} | 1407008,73* |
| G x A | 20 | 1,43* | 1,10 ^{ns} | 0,38 ^{ns} | 5,70* | 0,22* | 0,17** | 0,0001** | 1,38 ^{ns} | 0,35* | 62189,96 ^{ns} |
| Resíduo | 80 | 0,82 | 0,98 | 0,34 | 3,01 | 0,12 | 0,06 | 0,00005 | 0,99 | 0,17 | 38664,76 |
| Parâmetros genéticos e ambientais | | | | | | | | | | | |
| CVa (%) | - | 3,08 | 1,16 | 8,39 | 5,34 | 6,76 | 5,22 | 0,78 | 1,22 | 4,30 | 6,85 |
| H ² (%) | - | 95,11 | 80,34 | 80,45 | 87,83 | 92,62 | 84,47 | 86,17 | 87,71 | 87,13 | 92,96 |
| CVg (%) | - | 5,56 | 0,96 | 6,95 | 5,86 | 9,78 | 4,97 | 0,79 | 1,33 | 4,56 | 10,17 |
| CVg/CVa | - | 1,80 | 0,83 | 0,83 | 1,10 | 1,45 | 0,95 | 1,02 | 1,09 | 1,06 | 1,48 |
| Maior QMR/Menor QMR | - | 1,59 | 1,02 | 2,85 | 1,83 | 1,25 | 1,41 | 1,29 | 2,25 | 1,14 | 1,23 |

CVa, coeficiente de variação ambiental; H², coeficiente de determinação genotípico; CVg, coeficiente de variação genética; CVg/CVa, relação entre CVg e CVa; GL, graus de liberdade; **Significativo a 0,01 de probabilidade. *Significativo a 0,05 de probabilidade. ^{ns}não significativo.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 2. Médias das características: comprimento (UHM), índice de fibras curtas (IFC), reflectância (rd) e índice de fiabilidade (CSP), Patos - Paraíba (A1) e Barbalha - Ceará (A2).

| Genótipos | UNF | IFC | rd | CSP |
|------------------|--------|-------|--------|----------|
| | % | % | % | - |
| 1 – FM 993 | 83,84b | 7,72a | 83,47a | 2671,09c |
| 2 – CNPA 04 2080 | 85,36a | 6,61b | 81,34b | 2849,19b |
| 3 – PSC 355 | 85,98a | 6,40b | 79,75c | 2904,09b |
| 4 – TAMB 139-17 | 85,91a | 6,17b | 82,39a | 3442,10a |
| 5 – IAC 26 | 83,92b | 7,01b | 80,43c | 2720,03b |
| 6 – TAMCOT CAMDE | 83,67b | 7,94a | 80,93b | 2414,84c |
| 1x2 | 84,65b | 7,19a | 83,76a | 2783,41b |
| 1x3 | 85,35a | 6,89b | 81,66b | 2816,55b |
| 1x4 | 85,67a | 6,46b | 83,07a | 3306,84a |
| 1x5 | 84,39b | 6,83b | 81,24b | 2635,94c |
| 1x6 | 83,69b | 8,04a | 82,91a | 2600,40c |
| 2x3 | 85,50a | 6,61b | 80,98b | 2883,39b |
| 2x4 | 85,72a | 6,61b | 82,33a | 3231,75a |
| 2x5 | 84,76b | 7,01b | 81,65b | 2678,77c |
| 2x6 | 84,38b | 7,48a | 81,46b | 2590,87c |
| 3x4 | 86,81a | 6,42b | 81,31b | 3343,21a |
| 3x5 | 85,00b | 6,94b | 79,56c | 2730,68b |
| 3x6 | 84,80b | 7,21a | 80,15c | 2703,03b |
| 4x5 | 85,86a | 6,51b | 81,22b | 3167,03a |
| 4x6 | 86,10a | 6,58b | 82,39a | 3269,04a |
| 5x6 | 83,94b | 7,68a | 80,69b | 2497,70c |
| Médias | 85,01 | 6,97 | 81,55 | 2868,57 |
| Vm | 0,015 | 0,005 | 0,015 | 613,726 |

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo de acordo com o teste de Scott-Knott a 0,05 de probabilidade. Vm: Variância da média.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 3. Médias das características: comprimento (UHM), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), e grau de amarelecimento (+b), Patos - Paraíba (A1) e Barbalha - Ceará (A2).

| Genótipos | UHM | | RES | | ALG | | MIC | | MAT | | +b | |
|-----------|--------------|--------|---------------------------------|--------|-------------|-------|-------|-------|-------------|-------|--------|--------|
| | -----mm----- | | -----gf tex ⁻¹ ----- | | -----%----- | | - | | -----%----- | | - | |
| | A1 | A2 | A1 | A2 | A1 | A2 | A1 | A2 | A1 | A2 | A1 | A2 |
| 1 | 27,53c | 28,83b | 33,92a | 32,01b | 4,27d | 5,21c | 5,55a | 4,43a | 0,91a | 0,87a | 8,51b | 8,78b |
| 2 | 27,40c | 30,30b | 30,55b | 34,28a | 5,05c | 5,56b | 5,20a | 4,58a | 0,90a | 0,88a | 9,60b | 9,33b |
| 3 | 27,53c | 29,36b | 33,67a | 32,21a | 6,53a | 6,84a | 5,33a | 4,64a | 0,89b | 0,87b | 10,70a | 10,63a |
| 4 | 32,27a | 33,23a | 35,73a | 34,39a | 5,10c | 5,67b | 4,33c | 3,87a | 0,87c | 0,86b | 9,43b | 9,27b |
| 5 | 27,07c | 28,74b | 34,40a | 32,90a | 4,27d | 4,81d | 5,37a | 4,46a | 0,90a | 0,88a | 10,23a | 10,09a |
| 6 | 26,73c | 29,70b | 28,03b | 26,87b | 4,87c | 5,99b | 4,97b | 4,25a | 0,89b | 0,86b | 9,17b | 9,65b |
| 1x2 | 28,20c | 30,55b | 30,87b | 33,47a | 4,40d | 4,69d | 5,50a | 4,33a | 0,91a | 0,88a | 9,07b | 9,29b |
| 1x3 | 27,85c | 29,34b | 31,30b | 33,61a | 5,05c | 5,83b | 5,55a | 4,46a | 0,90a | 0,87a | 9,50b | 9,90a |
| 1x4 | 32,70a | 32,79a | 35,20a | 34,47a | 4,30d | 4,86d | 4,77b | 4,34a | 0,89b | 0,87a | 8,97b | 9,12b |
| 1x5 | 26,81c | 29,09b | 30,84b | 33,66a | 4,41d | 5,13c | 5,84a | 4,49a | 0,91a | 0,88a | 9,80b | 9,49b |
| 1x6 | 28,20c | 29,70b | 30,10b | 30,00b | 4,65d | 5,16c | 4,90b | 4,43a | 0,89b | 0,87a | 9,40b | 9,47b |
| 2x3 | 27,50c | 29,74b | 36,10a | 31,74b | 5,75b | 5,84b | 5,75a | 4,30a | 0,91a | 0,87b | 10,40a | 10,35a |
| 2x4 | 30,87b | 32,52a | 34,13a | 34,84a | 4,64d | 5,34c | 5,01b | 4,11a | 0,89b | 0,86b | 9,58b | 9,15b |
| 2x5 | 28,13c | 28,12b | 32,17b | 31,26b | 4,07d | 5,62b | 5,53a | 4,51a | 0,91a | 0,87a | 10,00a | 9,47b |
| 2x6 | 28,10c | 29,22b | 29,40b | 29,97b | 4,50d | 5,74b | 5,43a | 4,25a | 0,90a | 0,86b | 10,00a | 9,14b |
| 3x4 | 31,57b | 30,81b | 35,07a | 34,93a | 4,53d | 5,79b | 4,90b | 4,26a | 0,89b | 0,87b | 9,37b | 9,92a |
| 3x5 | 27,53c | 28,88b | 32,97a | 31,41b | 5,03c | 5,42c | 5,87a | 4,28a | 0,91a | 0,87b | 10,87a | 9,59b |
| 3x6 | 27,50c | 29,63b | 30,00b | 30,99b | 5,35b | 6,09b | 5,40a | 4,04a | 0,90a | 0,86b | 10,00a | 9,59b |
| 4x5 | 31,13b | 30,98b | 35,77a | 33,37a | 4,53d | 4,65d | 5,30a | 4,28a | 0,90a | 0,88a | 9,33b | 9,73a |
| 4x6 | 31,17b | 32,43a | 34,33a | 33,24a | 4,63d | 5,43c | 4,77b | 4,03a | 0,89b | 0,86b | 9,67b | 8,99b |
| 5x6 | 27,10c | 28,49b | 30,50b | 29,53b | 4,50d | 4,93d | 5,53a | 4,33a | 0,91a | 0,87a | 10,50 | 9,75a |

1, FM 993; 2, CNPA 04 2080; 3, PSC 355; 4, TAMB 139-17; 5, IAC 26; 6, TAMCOT CAMDE. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo de acordo com o teste de Scott-Knott a 0,05 de probabilidade.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 4. Quadrados médios das capacidades combinatórias associados as características: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), na Estação Experimental de Patos-Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha-Ceará em 2019 (A2).

| Fonte de variação | Graus de Liberdade | Quadrados Médios | | | | | | | | | |
|-------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|-----------------------|--------------------|--------------------|------------------------|
| | | UHM | UNF | IFC | RES | ALG | MIC | MAT | rd | +b | CSP |
| CGC | 5 | 61,54** | 17,15** | 6,00** | 87,78** | 5,40** | 1,47** | 0,00117** | 28,59** | 4,69** | 2036840,60** |
| CEC | 15 | 1,94** | 0,91 ^{ns} | 0,33 ^{ns} | 3,68* | 0,37 ^{ns} | 0,05 ^{ns} | 0,00007 ^{ns} | 1,22 ^{ns} | 0,21 ^{ns} | 52869,54 ^{ns} |
| CGC x Ambiente | 5 | 2,25* | 0,88 ^{ns} | 0,75 ^{ns} | 5,26 ^{ns} | 0,09** | 0,25** | 0,00013* | 1,90 ^{ns} | 0,36 ^{ns} | 101517,21* |
| CEC x Ambiente | 15 | 1,16 ^{ns} | 1,18 ^{ns} | 0,25 ^{ns} | 5,85* | 0,26** | 0,15** | 0,00009* | 1,20 ^{ns} | 0,35* | 49080,88 ^{ns} |
| Resíduo | 80 | 0,82 | 0,98 | 0,34 | 3,01 | 0,12 | 0,06 | 0,00005 | 0,99 | 0,17 | 38664,76 |
| φCGC | A1 | 1,66 | 0,40 | 0,05 | 2,05 | 0,11 | 0,05 | 0,00003 | 0,56 | 0,13 | 58127,21 |
| | A2 | 0,92 | 0,26 | 0,19 | 1,57 | 0,10 | 0,01 | 0,00001 | 0,61 | 0,06 | 27748,96 |
| φCEC | A1 | 0,41 | 0,02 | -0,01 | 1,39 | 0,06 | 0,02 | 0,00002 | 0,11 | 0,05 | 7511,76 |
| | A2 | 0,06 | 0,01 | -0,01 | -0,22 | 0,06 | -0,00 | 0,00000 | 0,03 | 0,01 | 695,20 |

CGC, capacidade geral de combinação; CEC, capacidade específica de combinação; φCGC, componente quadrático da CGC; φCEC, componente quadrático da CEC. **Significativo a 0,01 de probabilidade. *Significativo a 0,05. ^{ns}não significativo.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 5. Capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de seis genótipos de algodoeiro herbáceo em relação aos caracteres: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), na Estação Experimental de Patos-Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha-Ceará em 2019 (A2).

| Características | Ambientes | Genótipos | | | | | | | DP(g_i) |
|-----------------|-----------|-----------|-----------|---------|-------------|-----------|-----------|-------|-------------|
| | | FM 993 | CNPA 2080 | PSC 355 | TAMB 139-17 | IAC 26 | TAMCOT | CAMDE | |
| UHM | A1 | -0,27 | -0,42** | -0,49** | 2,63** | -0,77** | -0,68** | 0,15 | |
| | A2 | -0,21 | -0,01 | -0,46** | 1,90** | -0,97** | -0,25 | 0,19 | |
| UNF | \bar{X} | -0,46* | 0,08 | 0,54** | 0,86** | -0,41* | -0,61** | 0,18 | |
| IFC | \bar{X} | 0,26* | -0,08 | -0,24* | -0,48** | 0,03 | 0,51** | 0,11 | |
| RES | \bar{X} | 0,04 | -0,07 | 0,32 | 1,93** | 0,08 | -2,30** | 0,32 | |
| ALG | A1 | -0,27** | 0,00 | 0,66** | -0,08 | -0,30** | -0,01 | 0,07 | |
| | A2 | -0,27** | 0,02 | 0,56** | -0,10 | -0,35** | 0,14* | 0,06 | |
| MIC | A1 | 0,09 | 0,09 | 0,15** | -0,44** | 0,23** | -0,12* | 0,05 | |
| | A2 | 0,09* | 0,06 | 0,05 | -0,18** | 0,07 | -0,08 | 0,04 | |
| MAT | A1 | 0,003* | 0,003* | 0,000 | -0,010** | 0,007** | -0,004** | 0,001 | |
| | A2 | 0,004** | 0,001 | -0,002 | -0,004** | 0,005** | -0,004** | 0,001 | |
| rd | \bar{X} | 1,08** | 0,25 | -0,97** | 0,52** | -0,71** | -0,18 | 0,18 | |
| +b | \bar{X} | -0,40** | -0,04 | 0,45** | -0,23** | 0,27** | -0,05 | 0,08 | |
| CSP | A1 | -76,90* | -85,25* | 23,43 | 473,38** | -122,32** | -212,35** | 34,72 | |
| | A2 | -71,77 | 31,89 | 27,84 | 307,14** | -110,13** | -184,97** | 38,47 | |

\bar{X} , Estimativa da \hat{g}_i média entre os dois ambientes. DP(g_i), desvio padrão. **Significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste *t*.

*Significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste *t*.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

A combinação TAMB 139-17 x TAMCOT CAMDE (4x6) teve os maiores valores positivos da \hat{s}_{ij} para os caracteres UHM, UNF, RES, CSP e o menor valor negativo para IFC, sendo o genitor TAMB 139-17 de maior valor positivo da \hat{g}_i para UHM, UNF, RES, CSP e menor valor negativo da \hat{g}_i para IFC (Tabelas 6). A combinação CNPA 04 2080 x PSC 355 (2x3) teve os maiores valores positivos da \hat{s}_{ij} para ALG, com o genitor PSC 355 de maior valor positivo da \hat{g}_i para ALG. A combinação TAMB 139-17 x IAC 26 (4x5) teve os maiores valores positivos para MIC e MAT, nesta combinação o genitor IAC 26 possui os maiores valores positivos da \hat{g}_i para ambas as características. Em relação a rd e +b, a combinação FM 993 x CNPA 04 2080 (1x2) teve os maiores valores positivos da \hat{s}_{ij} para rd e os menores valores negativos para +b, sendo o genitor FM 993 de maior valor positivo da \hat{g}_i para rd e de menor valor negativo para +b.

Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g)

As estimativas de r_f foram significativa e positiva entre os caracteres UHM, UNF, RES e CSP (Tabela 7). Já a característica MIC teve r_f significativa e positiva apenas em relação a MAT. O ALG teve r_f significativa e positiva em relação ao +b. O IFC teve r_f significativa e negativa em relação ao UHM, UNF, RES e CSP. O +b teve r_f negativa e significativa com rd.

Foram observados r_g positivas e significativas entre UHM, UNF, RES e CSP (Tabela 7). O IFC teve r_g negativa e significativas para UHM, UNF, RES e CSP. O ALG teve r_g positiva e significativa para +b e negativa e significativa para MAT e rd. O MIC teve r_g positiva e significativa para MAT, e negativa para +b, CSP e UHM. A rd teve r_g negativa e significativa para +b.

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 6. Capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) para as características: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b), índice de fiabilidade (CSP), nas Estações Experimentais de Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).

| Genótipos | UHM | UNF | IFC | RES | | ALG | | MIC | | MAT | | rd | +b | | CSP |
|----------------|-----------|-----------|-----------|--------|-------|---------|---------|---------|--------|--------|--------|-----------|---------|--------|-----------|
| | \bar{X} | \bar{X} | \bar{X} | A1 | A2 | A1 | A2 | A1 | A2 | A1 | A2 | \bar{X} | A1 | A2 | \bar{X} |
| 1 | -0,75 | -0,26 | 0,23 | 1,85** | -1,04 | 0,02 | 0,28* | 0,09 | -0,06 | 0,00 | 0,00 | -0,26 | -0,14 | -0,26 | -48,81 |
| 2 | -0,14 | 0,18 | -0,19 | -0,93 | 1,08 | 0,27 | 0,07 | -0,25* | 0,15 | -0,01* | 0,01 | -0,71 | -0,17 | -0,02 | 33,98 |
| 3 | -0,01 | -0,12 | -0,10 | -0,06 | -0,31 | 0,42** | 0,27 | -0,24* | 0,22* | -0,01* | 0,00 | 0,13 | 0,11 | 0,14 | -15,74 |
| 4 | -1,19 | -0,82 | 0,17 | -1,29* | -1,26 | 0,48** | 0,41** | -0,06 | -0,09 | -0,01 | -0,01 | -0,22 | 0,28 | 0,07 | -206,99 |
| 5 | 0,23 | -0,27 | -0,01 | 1,11 | 0,90 | 0,09 | 0,06 | -0,38** | 0,00 | -0,01 | 0,00 | 0,29 | -0,22 | 0,20 | 83,91 |
| 6 | -0,27 | -0,13 | -0,05 | -0,10 | -0,75 | 0,11 | 0,25 | -0,07 | 0,09 | 0,00 | 0,00* | -0,27 | -0,52** | 0,25 | -56,41 |
| 1 x 2 | 0,42 | 0,02 | 0,05 | -0,91 | 0,34 | -0,11 | -0,52** | 0,05 | -0,13 | 0,00 | 0,00 | 0,87 | -0,15 | 0,10 | 15,85 |
| 1 x 3 | -0,10 | 0,25 | -0,10 | -1,60* | 0,82 | -0,13 | 0,08 | 0,03 | 0,01 | 0,00 | 0,00 | -0,01 | -0,12 | 0,14 | -3,32 |
| 1 x 4 | 1,31** | 0,26 | -0,29 | 0,65 | 0,12 | -0,14 | -0,23 | -0,16 | 0,12 | 0,00 | 0,00 | -0,10 | 0,06 | 0,00 | 122,35 |
| 1 x 5 | -0,36 | 0,25 | -0,43 | -1,84* | 1,13 | 0,19 | 0,29 | 0,24 | 0,01 | 0,01 | 0,00 | -0,69 | 0,25 | 0,03 | -42,07 |
| 1 x 6 | 0,24 | -0,26 | 0,30 | 0,00 | -0,33 | 0,15 | -0,17 | -0,35* | 0,11 | -0,01 | 0,00* | 0,45 | 0,23 | 0,26 | 4,82 |
| 2 x 3 | -0,10 | -0,13 | -0,04 | 3,50** | -1,13 | 0,31 | -0,19 | 0,24 | -0,12 | 0,01 | 0,00* | 0,15 | 0,22 | 0,43 | 15,87 |
| 2 x 4 | 0,24 | -0,23 | 0,21 | -0,12 | 0,41 | -0,06 | -0,04 | 0,09 | -0,08 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,11 | -0,12 | -0,40 |
| 2 x 5 | -0,21 | 0,08 | 0,09 | -0,22 | -1,35 | -0,41* | 0,50** | -0,06 | 0,06 | 0,00 | -0,01 | 0,56 | -0,11 | -0,15 | -46,90 |
| 2 x 6 | -0,08 | -0,11 | 0,08 | -0,41 | -0,44 | -0,27 | 0,12 | 0,19 | -0,04 | 0,00 | 0,00 | -0,17 | 0,27 | -0,23 | -52,37 |
| 3 x 4 | -0,01 | 0,39 | 0,17 | -0,31 | 0,84 | -0,83** | -0,12 | -0,09 | 0,08 | 0,00 | 0,00 | 0,19 | -0,51* | 0,08 | 58,75 |
| 3 x 5 | 0,14 | -0,14 | 0,19 | -0,54 | -0,85 | -0,11 | -0,24 | 0,21 | -0,16 | 0,01 | -0,01 | -0,33 | 0,34 | -0,59* | -47,30 |
| 3 x 6 | 0,09 | -0,15 | -0,03 | -0,93 | 0,93 | -0,08 | -0,07 | 0,10 | -0,24* | 0,00 | 0,00 | -0,26 | -0,14 | -0,35 | 7,49 |
| 4 x 5 | 0,25 | 0,40 | -0,01 | 0,61 | -0,46 | 0,13 | -0,35* | 0,23 | 0,07 | 0,01 | 0,01 | -0,15 | -0,47* | 0,19 | 24,43 |
| 4 x 6 | 0,59 | 0,83 | -0,42 | 1,75* | 1,61 | -0,06 | -0,07 | 0,05 | -0,02 | 0,00 | 0,00 | 0,49 | 0,25 | -0,30 | 208,87* |
| 5 x 6 | -0,29 | -0,05 | 0,17 | -0,22 | -0,27 | 0,03 | -0,31 | 0,14 | 0,02 | 0,01 | 0,00 | 0,02 | 0,43 | 0,12 | -55,98 |
| DP(s_{ij}) | 0,46 | 0,51 | 0,29 | 0,75 | 1,01 | 0,19 | 0,17 | 0,14 | 0,12 | 0,0038 | 0,0034 | 0,50 | 0,21 | 0,22 | 100,50 |

1, FM 993. 2, CNPA 04 2080. 3, PSC 355. 4, TAMB 139-17. 5, IAC 26. 6, TAMCOT CAMD-E. \bar{X} , Estimativa da \hat{s}_{ij} média entre os dois ambientes. DP(g_i), desvio padrão. **Significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste t . *Significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste t .

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 7. Correlações fenotípicas (diagonal inferior) e genotípicas (diagonal superior) das características: comprimento (UHM), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência (RES), alongamento (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), nas Estações Experimentais de Patos - Paraíba em 2015 (A1) e Barbalha – Ceará em 2019 (A2).

| | | UHM | UNF | IFC | RES | ALG | MIC | MAT | rd | +b | CSP |
|-----|----|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| UHM | A1 | 1 | 0,86** | -0,53* | 0,69** | -0,19 | -0,82** | -0,68** | 0,31 | -0,43* | 0,97** |
| | A2 | 1 | 0,58* | -0,60* | 0,64** | -0,14 | -0,92** | -0,48 | 0,56* | -0,40 | 0,89** |
| UNF | A1 | 0,75** | 1 | -0,88** | 0,79** | 0,28 | -0,40 | -0,41 | -0,06 | -0,05 | 0,91** |
| | A2 | 0,51* | 1 | -1,17** | 0,80** | 0,48 | -0,06 | -0,23 | -0,13 | 0,56 | 0,85** |
| IFC | A1 | -0,47* | -0,76** | 1 | -0,94** | -0,48* | 0,03 | -0,04 | 0,46 | -0,48 | -0,74** |
| | A2 | -0,61** | -0,90** | 1 | -0,90** | -0,21 | 0,32 | 0,20 | -0,07 | -0,31 | -0,98** |
| RES | A1 | 0,63** | 0,67** | -0,74** | 1 | 0,07 | -0,27 | -0,16 | -0,02 | 0,00 | 0,84** |
| | A2 | 0,56** | 0,59** | -0,78** | 1 | -0,27 | -0,21 | 0,22 | 0,57* | -0,19 | 0,91** |
| ALG | A1 | -0,19 | 0,16 | -0,36 | 0,08 | 1 | 0,03 | -0,21 | -0,34 | 0,56* | 0,03 |
| | A2 | -0,13 | 0,37 | -0,13 | -0,22 | 1 | 0,06 | -0,71** | -0,62* | 0,57* | -0,02 |
| MIC | A1 | -0,73** | -0,36 | 0,04 | -0,24 | 0,05 | 1 | 0,98** | -0,38 | 0,53* | -0,68** |
| | A2 | -0,62** | -0,12 | 0,15 | -0,06 | 0,01 | 1 | 0,63 | -0,32 | 0,57 | -0,52 |
| MAT | A1 | -0,59** | -0,32 | 0,03 | -0,13 | -0,22 | 0,94** | 1 | -0,25 | 0,38 | -0,60** |
| | A2 | -0,36 | -0,19 | 0,06 | 0,24 | -0,63** | 0,71** | 1 | 0,18 | 0,13 | -0,21 |
| rd | A1 | 0,29 | -0,02 | 0,29 | 0,00 | -0,31 | -0,35 | -0,23 | 1 | -0,82** | 0,15 |
| | A2 | 0,44* | -0,18 | -0,02 | 0,39 | -0,53* | -0,16 | 0,16 | 1 | -0,84** | 0,41 |
| +b | A1 | -0,40 | -0,08 | -0,32 | -0,02 | 0,48* | 0,44* | 0,31 | -0,74** | 1 | -0,27 |
| | A2 | -0,37 | 0,33 | -0,16 | -0,12 | 0,43* | 0,36 | 0,09 | -0,64** | 1 | -0,10 |
| CSP | A1 | 0,93** | 0,86** | -0,65** | 0,82** | 0,00 | -0,65** | -0,55** | 0,16 | -0,26 | 1 |
| | A2 | 0,84** | 0,80** | -0,89** | 0,85** | -0,01 | -0,41 | -0,18 | 0,27 | -0,10 | 1 |

**Significativo a 0,01 de probabilidade pelo teste *t* para as correlações fenotípicas. *Significativo a 0,05 de probabilidade pelo teste *t* para as correlações fenotípicas. **Significativo a 0,01 de probabilidade pelo método de bootstrap com 5000 simulações para as correlações genotípicas. *Significativo a 0,05 de probabilidade pelo método de bootstrap com 5000 simulações para as correlações genotípicas.

DISCUSSÃO

Análise conjunta, parâmetros genéticos e ambientais

Os resultados da análise de variância revelam a presença de variabilidade genética entre os genótipos para todas as características pela diferença significativa a 0,01 de probabilidade pelo teste F , portanto pelo menos um dos genótipos possui média diferente para estas características (Tabela 1). A existência de interação genótipo x ambiente para UHM, RES, ALG, MIC, MAT e +b aponta a ocorrência de comportamento diferente dos genótipos para estas variáveis nos ambientes (Tabela 1). Assim, a seleção para estas características deve ser realizada por ambiente. Os valores do CVa foram inferiores a 10% para todas as características (Tabela 1), deste modo, conforme relatado por Carvalho et al. (2018) e Carvalho et al. (2019a) para experimentos com o algodoeiro herbáceo no semiárido Brasileiro, houve alta precisão experimental.

Os resultados demonstraram alta confiabilidade fenotípica, pois todas as características apresentaram estimativa de H^2 acima de 80% (Tabela 1), percentuais que correspondem a variação fenotípica devida as causas genéticas. A alta confiabilidade fenotípica para características de fibra, já tem sido relatada em outros trabalhos, tais como Kothari et al. (2016) para UHM. Zeng e Pettigrew (2015) em relação a RES e a ALG. Carvalho et al. (2019b) para UHM, RES, ALG, CSP e MIC. Albuquerque et al. (2020) em relação a UHM, RES e MIC. Entretanto, vale ressaltar que apesar do H^2 ser usado para estimar a confiança do valor fenotípico como guia para o valor genético e possuir papel preditivo, ele não é apenas propriedade do caráter, mas também da população e das condições experimentais (Falconer 1987). Portanto, as estimativas do H^2 observados neste estudo, são inerentes as populações estudadas, nas condições experimentais as quais foram submetidas. O coeficiente de variação genética (CVg) foi superior ao CVa para UHM, RES, ALG, MAT, rd, +b e CSP (Tabela 1). A razão CVg/CVa para UHM, CSP, ALG, RES, rd, +b e MAT foi superior a 1,0 (Tabela 1), assim, a seleção para estas características é favorável, conforme Vencovsky e Barriga (1992).

O agrupamento entre as médias dos genótipos para todas as características pelo teste de Scott-Knott (Tabela 2 e 3), confirma o que já havia sido observado na análise de variância, a existência de variabilidade genética, sendo que de maneira geral, os valores atendem as exigências para a qualidade de fibra em algodoeiro herbáceo para UHM, UNF, RES, MAT, rd, +b e CSP, enquanto as características IFC,

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

ALG e MIC tiveram médias fora dos padrões mínimos, conforme Vidal Neto e Freire (2013). Os valores padrões aceitáveis, especificados por estes autores são: comprimento acima de 28,5 mm, uniformidade superior a 82%, índices de fibras curtas menor que 5%, resistência acima de 28 gf tex⁻¹, alongamento acima de 7, micronaire de 3,8 a 4,5, reflectância acima de 70%, grau de amarelecimento menor que 10 e fiabilidade acima de 2200. Vale ressaltar que as médias dos genótipos para todas as características (Tabela 2 e 3), estão dentro dos valores médios de materiais que já foram selecionados por meio de cruzamentos dialélicos para o semiárido, em relação as características da fibra, conforme pesquisas realizadas por Carvalho et al. (2018) e Carvalho et al. (2019a).

Análise conjunta das capacidades combinatórias

Os resultados observados neste estudo evidenciam que para todas as características da fibra, o quadrado médio da CGC foi superior a CEC, deste modo, a CGC possui maior importância no controle genético das características (Tabela 4). Tal explicação é dado por Cruz et al. (2012) que afirmam que a análise de variância das capacidades combinatórias aponta a importância dos efeitos da CGC ou CEC em relação a característica em estudo. Já a significância das estimativas do quadrado médio da CGC observadas neste estudo (Tabela 4), evidenciam também a ocorrência de variabilidade genética aditiva para todas as características. Portanto, em relação a todas as características estudadas, um dos seis genitores (FM 993, CNPA 04 2080, PSC 355, TAMB 139-17, IAC 26 e TAMCOT CAMDE) difere dos demais, em relação à concentração de alelos favoráveis. Para a CEC, as estimativas do quadrado médio apontam a existência de variabilidade genética não aditiva relacionada ao UHM e a RES (Tabela 4).

A decomposição da GxA em efeitos associados a CGC e a CEC, aponta que a significância da GxA para UHM (Tabela 4), pode ser atribuída aos componentes aditivos, pois houve significância estatística da CGC x Ambiente para UHM. A significância da GxA de RES e +b podem ser atribuída aos componentes não aditivos, devido a significância estatística da CEC x Ambiente para estas características. A significância da GxA de ALG, MIC e MAT podem ser atribuídas a ambos os componentes (aditivos e não aditivos), pois houve significância estatística da CGC x Ambiente e da CEC x Ambiente, para estas características. A superioridade dos valores dos ϕ CGC em relação ao ϕ CEC, indicam que os efeitos aditivos são mais importantes no controle de todas as características de fibra do que os efeitos não

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

aditivos. A presença de efeitos aditivos no controle das características nas populações deste estudo, indica que poderá ocorrer sucesso na seleção de genótipos que proporcione ganhos genéticos para qualidade fibra, o que pode aumentar o sucesso na seleção em ciclos subsequentes. Outra utilidade dada a presença dos efeitos aditivos é explicada por Verhalen e Murray (1967) que afirmam que para obter linhagens superiores em culturas como a do algodoeiro, é importante que nos híbridos, dos quais serão obtidos as populações segregantes, a variabilidade genética aditiva, seja superior a não aditiva e associada a altos efeitos de heterose.

Predominância da CGC em relação a CEC foi observada para MIC, UHM, RES, UNF e ALG em trabalhos de análise dialélica em algodoeiro (Berger et al. 2012). Os mesmos autores observaram significância da interação CGC x ambiente apenas para MIC e ALG, e encontraram significância da interação CEC x ambiente para todas as características estudadas. Smith et al. (2010) encontraram maior variabilidade aditiva em relação a não aditiva para a uniformidade da fibra. Braden et al. (2009) também relataram que os efeitos aditivos foram predominantes para UHM medido pelo HVI, entre quinze genótipos de algodoeiro herbáceo. Contudo, os resultados encontrados por Khokhar et al. (2018) diferiram dos observados anteriormente, pois os autores observaram a superioridade dos efeitos não aditivos no controle da RES e do UHM, entre nove linhagens e 21 híbridos de algodoeiro.

Os diferentes resultados relatados por Braden et al. (2009), Smith et al. (2010), Berger et al. (2012) e Khokhar et al. (2018), confirmam as afirmações de Vencovsky e Barriga (1992) que a quantidade absoluta de variância aditiva e de não aditiva não é propriedade apenas do caráter, mas sim, do caráter em uma dada população. Zeng et al. (2011) também argumenta que as estimativas da CGC e CEC são pertinentes ao conjunto de parentais avaliados apenas em seus híbridos. Portanto, as estimativas dos efeitos aditivos e não aditivos para as características da fibra relatadas neste trabalho, só se aplicam às populações usadas neste estudo, sendo que tais conhecimentos são de grande relevância para a escolha de genitores, de híbridos dos quais são obtidos populações segregantes e do método de melhoramento mais apropriado.

Capacidade geral (\hat{g}_i) e específica (\hat{s}_{ij}) de combinação

O genótipo TAMB 139-17 teve os maiores valores positivos da \hat{g}_i para UHM, UNF, RES, CSP e os menores valores negativos da \hat{g}_i para IFC (Tabela 5). Os valores positivos da \hat{g}_i está relacionado com a presença de alelos favoráveis no sentido de

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

aumentar a média da característica. Já os valores negativos da \hat{g}_i apontam para a existência de alelos favoráveis no sentido de diminuir a média da característica, deste modo, quanto maior o valor da \hat{g}_i , maior o número de alelos favoráveis. Entretanto, quanto menor o valor da \hat{g}_i , menor o número de alelos favoráveis. Neste contexto, o genitor TAMB 139-17 é o mais indicado para compor os cruzamentos, pois possui alelos favoráveis para aumentar a média dos caracteres UHM, UNF, RES e CSP, e alelos favoráveis para diminuir a média de IFC.

A explicação para as altas estimativas da \hat{g}_i de TAMB 139-17 é dada por Smith et al. (2011), os quais afirmam que este genótipo possui fibra extra-longa e foi desenvolvido para qualidade da fibra, especialmente para comprimento e resistência. Logo, as altas estimativas da \hat{g}_i para TAMB 139-17 está relacionado a base genética deste material, o qual foi desenvolvido para alta qualidade da fibra. Vencovsky e Barriga (1992) afirmam que o efeito da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) é um componente genético da média, assim os valores positivos do genótipo TAMB 139-17 está relacionado a sua média alta para as características estudadas. Neste mesmo sentido, Cruz et al. (2012) afirmam que \hat{g}_i permite inferir sobre a concentração de genes aditivos e alelos favoráveis, ou seja, quanto maior a estimativa, seja positiva ou negativa, a depender do caráter, maior a presença de alelos que contribuem para aumentar a média da característica. Assim, genitores de estimativa alta da \hat{g}_i são escolhidos para formar novas populações e propiciar ganhos genéticos nos ciclos seletivos. Deste modo, TAMB 139-17 deve fazer parte dos cruzamentos para que as médias das características sejam aumentadas nas populações formadas.

As combinações TAM 139-17 x TAMCOT CAMDE, CNPA 04 2080 x PSC 355, TAMB 139-17 x IAC 26 e FM 993 x CNPA 04 2080 tiveram os maiores valores positivos da \hat{s}_{ij} , e nestas combinações o genitor TAMB 139-17, PSC 355, IAC 26 e FM 993, respectivamente, tiveram valores da \hat{g}_i mais alto e positivo (Tabelas 6). Os maiores valores positivos da \hat{s}_{ij} indicam maior efeito da heterose no sentido de aumentar a média da característica. Os menores valores negativos da \hat{s}_{ij} indicam maior efeito da heterose no sentido de diminuir a média da característica. No entanto, a presença de um genitor de estimativa da \hat{g}_i favorável para o caráter na combinação híbrida, confirma a presença de heterose e complementação gênica. Vencovsky e Barriga (1992) explicam que a complementação ocorre quando dois genitores se completam, ou seja, um supre as deficiências do outro a nível de genoma. De acordo com Sprague e Tatum (1942) e Cruz et al. (2012) o efeito da capacidade específica de combinação

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

($\hat{\sigma}_{ij}$) são estimativas dos efeitos genéticos não aditivos, os melhoristas buscam combinações que tenham estimativas da $\hat{\sigma}_{ij}$ favoráveis, sejam valores altos positivos ou negativos, de acordo com o caráter em estudo, envolvendo no mínimo um dos genitores com estimativa alta da $\hat{\sigma}_i$.

Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g)

As r_f e r_g positivas observadas entre UHM, UNF, RES e CSP, o MIC e a MAT, o ALG e o +b (Tabela 7), indicam que as variações nas médias destas características ocorrem na mesma direção. Assim, a seleção dos genótipos para uma destas características no sentido de aumentar a média, implica no aumento da média das demais características correlacionadas positivamente. Já a significância estatística pelo teste t a 0,05, confirma que as estimativas observadas são valores diferentes de zero, portanto, as estimativas são consideradas válidas. As r_f e r_g negativas e significativas de IFC em relação ao UHM, UNF, RES e CSP, e entre +b e rd (Tabela 7), indica que a variação na média de IFC e +b, ocorrem na direção oposta às características correlacionadas negativamente. Portanto, a seleção para aumentar a média de IFC e +b, implica na redução das médias das características com correlações negativas.

As associações encontradas neste estudo (Tabela 7), estão de acordo com os objetivos gerais do melhoramento do algodoeiro para a qualidade de fibra, que relatado por Vidal Neto e Freire (2013) consistem em aumentar: o comprimento, a resistência, a uniformidade, o alongamento, a fiabilidade e a reflectância. Portanto, são necessárias correlações genéticas positivas entre UHM, UNF, RES, ALG, rd e CSP, para obter ganhos genéticos simultâneos. Em relação as características IFC e +b, os objetivos em geral do melhoramento do algodoeiro é reduzir as médias destas, assim buscam-se correlações genéticas negativas para ambas as características em relação as demais.

As razões das correlações encontradas na Tabela 7, podem ser explicadas por Falconer (1987) e Bernardo (2002), os quais atribuem a correlação fenotípica as causas genéticas e não genéticas. No entanto, Falconer (1987) argumenta que quando a característica possuir alta herdabilidade, as causas genéticas são mais importantes na determinação da correlação fenotípica, o que foi observado nos resultados apresentados neste estudo. Já as correlações genéticas são explicadas por Falconer (1987) e Bernardo (2002) como sendo devido a ligação gênica e/ou a pleiotropia. Em geral, no algodoeiro têm sido observadas correlações fenotípicas e

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

genotípicas positivas entre UHM, UNF, RES e CSP, MIC e MAT, tais como em trabalhos realizados por Hinze et al. (2011), Ng et al. (2014), Kothari et al. (2016), Srinivas et al. (2015), Farias et al. (2016), Reis et al. (2017) e Abdelraheem et al. (2020), o que apoiam os resultados encontrados neste estudo e valida a metodologia utilizada. Entretanto, é importante ressaltar que neste trabalho foram estimados as correlações em dois ambientes, o que não foi realizado nos estudos anteriores, portanto, as correlações observadas, nos permite inferir sobre o comportamento destas, em relação aos ambientes avaliados e comparar se ocorreu diferenças na associação entre as características de um ambiente para outro.

CONCLUSÕES

Os efeitos aditivos são predominantes no controle de todas as características tecnológicas de fibra. Os melhores genitores para recombinação, com base na estimativa da \hat{g}_i e na média são: TAMB 139-17 para UHM, UNF, IFC, RES e CSP, PSC 335 em relação a +b, IAC 26 para MIC e MAT, FM 993 para rd e +b. As combinações mais promissoras com base nas estimativas da \hat{s}_{ij} , \hat{g}_i e na média são: TAMB 139-17 x TAMCOT CAMDE (4x6) para UHM, UNF, IFC, RES e CSP, CNPA 04 2080 x PSC 355 (2x3) em relação a ALG, TAMB 139-17 x IAC 26 para MIC e MAT, FM 993 x CNPA 04 2080 (1x2) para rd e +b. Há correlações genéticas positivas entre os caracteres UHM, UNF, RES e CSP e, entre MIC e MAT. Há correlações genética negativas do IFC em relação ao UHM, UNF, RES, ALG, +b e CSP, e entre rd e +b.

REFERÊNCIAS

Abdelraheem A, Adams N and Zhang J (2020) Effects of drought on agronomic and fiber quality in a introgressed backcross inbred line population of upland cotton under field conditions. **Field Crops Research** 254: e107850.

AESA - Agência executiva de gestão das águas (2019) **Meteorologia: chuvas**. Disponível em: <http://www.aesa.pb.gov.br/aesa-website/meteorologia-chuvas-grafico/?id_municipio=135&date_chart=2015-12-31&period=year>. Acesso em: 06 dezembro, 2019.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Albuquerque RRS, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Queiroz DR and Carvalho LP (2020) Estimates of genetic parameters for selection of colored cotton fiber. **Revista Caatinga** **33**: 253–259.

Baenziger PS and Peterson CJ (1991) Genetic variation: Its origin and use for breeding self-pollinated species. In Stalker HT and Murphy JP (eds) **Plant breeding in the 1990's**. North Carolina State University, Raleigh, p. 69-100.

BASF BRASIL (2018) **Fibermax variedades. variedade FM 993**. Disponível em: <<https://www.agro.bayer.com.br/produtos/fibermax#tab-5>>. Acesso em: 11 janeiro, 2021.

Benites FRG, Pedrosa MB and Silva Filho JL (2010) **Resultados de pesquisa com algodão no estado da Bahia – safra 2008/2009**. Embrapa Algodão, Campina Grande, 113p.

Berger G, Hague S and Smith CW (2012) Diallel analysis of fiber traits for extra-long staple cotton progeny. **Crop Science** **52**: 683-689.

Bernardo R (2002) **Breeding for quantitative traits in plants**. University of Minnesota, Woodbury, 369p.

Bird LS (1979) Registration of tamcot camd-e cotton (reg. no. 74). **Crop Science** **19**: 411-412.

Bourland F and Myers GO (2015) **Conventional cotton breeding**. In Fang DD and Percy RG (eds) Cotton. Crop Science, Madison, p. 205-228.

Braden CA, Smith CW and Hequet EF (2009) Combining ability for fiber length in near-long-staple upland cotton. **Crop Science** **49**, 756-762.

Brasil (2002) Instrução normativa MAPA nº 63, de 5 de dezembro de 2002. **Aprova o regulamento técnico de identidade e de qualidade para a classificação do algodão em pluma**. Diário Oficial da União, Brasília, p. 6-8.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Campbell BT, Greene J, Wu J and Jones DC (2016) Genetic variation for agronomic and fiber quality traits in a population derived from high-quality cotton germplasm. **Crop Science 56**: 1689-1697.

Carvalho LP, Teodoro PE, Rodrigues JIS, Farias FJC and Bhering LL (2018) Diallel analysis and inbreeding depression in agronomic and technological traits of cotton genotypes. **Bragantia 77**: 527-535.

Carvalho LP, Farias FJC, Rodrigues JIS, Castro KS, Zuffo AM and Teodoro PE (2019a) Correlations and selection of parents to technological traits of upland cotton. **Ciência Rural 6**: 1-7.

Carvalho JF, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Ramos JPC, Queiroz DR and Santos RC (2019b) Selection of upland cotton for the Brazilian semi-arid region under supplementary irrigation. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 19**: 185-192.

Costa JN, Santana JCF, Wanderley MJR, Andrade JEO and Sobrinho RE (2006) **Padrões universais para classificação do algodão**. Embrapa Algodão, Campina Grande, 22p.

Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 514p.

Cruz CD (2013) Genes – a software package for analysis in experimental statistic and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy 35**: 271–276.

Cruz CD, Carneiro PCS and Regazzi AJ (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 668p.

Dhaliwal JS (2019) Natural fibers: applications. In Abbas M and Jeon HY (eds) **Generation, development and modifications of natural fibers**. IntechOpen Limited, London, p. 1-23.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2014) **Sistema de produção embrapa – cultivo do algodão irrigado**. Disponível em: <<https://www.spo.cnptia.embrapa.br/home>>. Acesso em: 09 dezembro, 2019.

Falconer DS (1987) **Introdução à genética quantitativa**. UFV, Viçosa, 279p.

Farias FJC, Carvalho LP, Silva Filho JL and Teodoro PE (2016) Correlations and path analysis among agronomic and technological traits of upland cotton. **Genetics and Molecular Research 15**: 1-8.

Freire EC (2015) Fatores que afetam a qualidade das fibras. In Freire EC (eds) **Algodão no cerrado do Brasil**. Associação Brasileira de Produtores de Algodão, Brasília, p. 751-766.

FUNCEME - Fundação cearense de meteorologia e recursos hídricos (2019). **Portal hidrológico do Ceará**. Disponível em: <<http://www.hidro.ce.gov.br/app/pagina/show/185>>. Acesso em: 09 de dezembro, 2019.

Gnanasekaran M, Thiyagu K and Gunasekaran M (2019) Combining ability and heterosis studies for seed cotton yield and fiber quality traits in *hirsutum* cotton. **Electronic Journal of Plant Breeding 10**: 1519-1531.

Gonçalves C, Capanema LM and Aguiar ATE (2014) Cultivares iac lançadas no período de 2011-2014. **O Agrônomo 64-66**: 14-30.

Griffing B (1956) Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences 9**: 462-493.

Hinze LL, Campbell BT and Kohel R (2011) Performance and combining ability in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) populations with diverse parents. **Euphytica 181**: 115-125.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Kothari N, Campbell BT, Dever JK and Hinze LL (2016) Combining ability and performance of cotton germplasm with diverse seed oil content. **Crop Science 56**: 19-29.
- Khokhar ES, Shakeel A, Maqbool MA, Abuzar MK, Zareen S, Aamir SS and Asadullah M (2018) Studying combining ability and heterosis in different cotton (*Gossypium hirsutum* L.) genotypes for yield and yield contributing traits. **Pakistan Journal of Agricultural Research 31**: 55-68.
- Mcperson R, Lubbers E, Bordelon F and Schwer J (2000) Phytogen psc 355 and psc 952: conventional, early maturing picker varieties. **Proceedings Beltwide Cotton Conferencies 1**: 110-112.
- Ng EH, Smith CW, Hequet E, Hague S and Dever J (2014) Diallel analysis of fiber quality traits with an emphasis on elongation in upland cotton. **Crop Science 54**: 514-519.
- Queiroz DR, Farias FJC, Vasconcelos JJC, Carvalho LP, Neder DG, Souza LSS, Farias FC and Teodoro PE (2017) Diallel analysis for agronomic traits in upland cotton in semi-arid zones in Brazil. **Genetic and Molecular Research 16**: gmr16039677.
- Reis MC, Cardoso DBO, Silva Junior EG, Gomes BC, Pereira LGT, Gomes DA and Sousa LB (2017) Correlation among traits as criterion of cotton genotypes indirect selection. **Genetics and Molecular Research 16**: 1-9.
- Ribeiro JL, Ribeiro VQ, Morello CL, Farias FJC, Suassuna ND, Silva Filho JL and Pedrosa MB (2012) **Desempenho da cultura do algodoeiro herbáceo no município de Colinas, MA, nos anos agrícolas de 2008/2009, 2009/2010 e 2010/2011**. Embrapa Meio-Norte, Teresina, 8p.
- Scott AJ and Knott M (1974) A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics 30**: 507-512.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Smith CW, Braden CA and Hequet EF (2010) Genetic analysis of fiber length uniformity in upland cotton. **Crop Science 50**: 567-573.

Smith CW, Hague S, Hequet EF and Jones D (2011) Tamb 139–17 els upland cotton. **Journal of Plant Registrations 5**: 113-117.

Sprague GF and Tatum LA (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Agronomy Journal 34**: 923-932.

Srinivas B, Bhadru D and Rao B (2015) Correlation and path coefficient analysis for seed cotton yield and its components in American cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Agricultural Science Digest 35**: 13-18.

Uster (2017) **Uster hvi 1000 - the fiber classification and analysis system**. Uster Technologies AG, Uster, 15p.

Vencovsky R and Barriga P (1992) **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 492p.

Verhalen LM and Murray JC (1969) A diallel analysis of several fiber property traits in upland cotton. **Crop Science 9**: 310-315.

Vidal Neto FC and Freire EC (2013) Melhoramento genético do algodoeiro. In Vidal Neto FC and Cavalcanti JJV (eds) **Melhoramento genético de plantas no nordeste**. Embrapa, Brasília, p. 49–83.

Zang J, Wu M, Yu J, Li X and Pei W (2016) Breeding potential of introgression lines developed from interspecific crossing between upland cotton (*Gossypium hirsutum*) and *Gossypium barbadense*: heterosis, combining ability and genetic effects. **Plos One 11**: e0143646.

Zeng L, William R, Meredith J and Deborah LB (2011) Germplasm potential for continuing improvement of fiber quality in upland cotton: combining ability for lint yield and fiber quality. **Crop Science 51**: 60-68.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Zeng L and Pettigrew W (2015) Combining ability, heritability, and genotypic correlations for lint yield and fiber quality of upland cotton in delayed planting. **Field Crops Research** **175**: 176-183.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

CAPÍTULO IV

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENITORES DE ALGODOEIRO E HÍBRIDOS PROVENIENTES DE CRUZAMENTO DIALÉLICO

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Divergência genética entre genitores de algodoeiro e híbridos provenientes de cruzamento dialélico

Resumo

A avaliação da diversidade genética em programas de melhoramento visa principalmente identificar genótipos divergentes, que ao se cruzarem gerem híbridos de maior efeito heterótico e que proporcionem maior variabilidade genética em suas populações segregantes. Desta forma, o presente estudo avaliou a divergência genética entre seis genitores e 15 cruzamentos de algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. Hutch.), por meio de marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) e análise multivariada para caracteres agronômicos e de fibras. Para análise dos marcadores moleculares foi utilizado o coeficiente de Jaccard e para as variáveis agronômicas e de fibra foi utilizado a distância de Mahalanobis. O agrupamento dos genótipos foi realizado pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) para os dados moleculares, fenotípicos e para análise conjunta das matrizes. Foram constatadas diferenças significativas pelo teste F entre os genótipos, para todas as características avaliadas. A divergência genética a partir dos marcadores ISSR variou de 0,016 a 0,161, sendo o genótipo TAMB 139-17 o mais divergente entre os genitores e TAMB 139-17 x IAC 26 o mais divergente entre os cruzamentos. A divergência genética a partir dos caracteres agronômicos e de fibras variou de 1,40 a 60,29. O genótipo TAMB 139-17 foi o mais divergente entre os genitores e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E o mais divergente entre os cruzamentos. Os genótipos possuem ampla variabilidade genética e TAMB 139-17 é o mais indicado para compor os cruzamentos, por ser o genitor mais divergente e proporcionar maior heterose.

Palavras-chave: Análise multivariada, *Gossypium hirsutum*, base genética estreita, marcadores ISSR, uniformidade de fibra.

INTRODUÇÃO

O nível de diversidade genética em *G. hirsutum*, em especial nos cultivares plantados atualmente no mundo têm sido relatado por Saha et al. (2006) e Wendel et al. (2009) como baixo. Além disso, Witt et al. (2018) e Bilwal et al. (2017) relatam que os cultivares elites atuais de algodoeiro plantados em todo o mundo têm base genética

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

estreita. A explicação dada por Ulloa et al. (2013) para a redução na base genética da maioria das plantas cultivadas foi a domesticação, a qual reduziu a diversidade genética em relação aos tipos silvestres. Já Witt et al. (2018) relaciona o estreitamento da base genética dos cultivares em geral, ao uso recorrente dos mesmos genitores nos cruzamentos. No algodoeiro, a baixa diversidade genética, associada a base genética estreita, tem sido descrita como a principal causa do platô na produtividade e do baixo progresso genético nos programas de melhoramento (Ulloa et al. 2013).

Para ampliar a base genética uma estratégia utilizada tem sido a seleção de genitores divergentes para compor combinações, das quais são extraídas populações segregantes de ampla variabilidade genética. Em concordância, Abdellatif e Soliman (2013) e Cruz et al. (2014) afirmam que para se obter progresso em um programa de melhoramento genético de plantas, é necessário que haja variabilidade genética, a qual depende da diversidade genética entre e dentro dos grupos de genótipos. Desta forma, os esforços dos programas de melhoramento são aprimorados quando ocorre uma melhor seleção dos genitores que irão compor as populações-base, das quais serão obtidas as populações segregantes (Moiana et al. 2015). Assim, a escolha de genitores divergentes é uma decisão crucial que os melhoristas enfrentam continuamente e reflete a sua importância nos programas de melhoramento genético (Bernardo 2002).

Para a seleção de genitores divergentes são utilizadas as estimativas da divergência genética, a qual pode ser obtida principalmente por meio de métodos multivariados, que variam conforme a precisão desejada, a facilidade da análise e a obtenção dos dados (Cruz et al. 2012). Entre os métodos multivariados, existem os aglomerativos que dependem das medidas de dissimilaridades estimadas previamente, sendo aplicados para variáveis quantitativas, as distâncias Euclidianas e de Mahalanobis. As medidas de dissimilaridade genética, principalmente, a de Mahalanobis têm sido utilizada para obter as estimativas de divergência genética entre genótipos de algodoeiro herbáceo, a partir de caracteres agronômicos e de fibras, como nos experimentos realizados por Sundar et al. (2014), Cunha Neto et al. (2015), Santos et al. (2017), Arket et al. (2019) e Miranda et al. (2020), os quais por meio das medidas de dissimilaridade para caracteres agronômicos e também de fibra identificaram genótipos divergentes para hibridação.

Para variáveis binárias obtidas por marcadores moleculares, são aplicados os métodos aglomerativos baseados nas medidas de dissimilaridades, obtidas pelos

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

coeficientes de Jaccard e de Nei e Li, principalmente (Cruz et al. 2012). Para tanto, marcadores moleculares em especial os de DNA são utilizados para estudos da diversidade genética entre acessos, por detectar maior variabilidade entre indivíduos e não serem influenciados por efeitos ambientais (Turchetto et al. 2017). Dentre os marcadores de DNA, a técnica de *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR) é baseada na técnica de *Simple Sequence Repeats* (SSR), cuja à amplificação ocorre com um único *primer*, com várias repetições, anelado geralmente em dois ou até quatro nucleotídeos arbitrários (Turchetto et al. 2017). A técnica de ISSR possui maior reprodutibilidade em relação a *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD), e possui herança dominante.

Os marcadores ISSR tem sido usados com sucesso em diversos trabalhos, para estimar a diversidade genética interespecífica e intraespecífica, em muitas espécies silvestres e cultivadas (Reddy et al. 2002), como os experimentos realizados por Melo et al. (2011) em coentros, Zhao et al. (2014) em lírio e Muhammad et al. (2017) em milho. Na cultura do algodoeiro Bilwal et al. (2017) analisaram a diversidade genética entre nove genótipos através de marcadores ISSR, RAPD e SSR, e por meio das medidas de dissimilaridades identificaram os genótipos mais divergentes para recombinação. Enquanto, Rocha et al. (2016) observaram a formação de cinco grupos entre genótipos de algodoeiro de fibra branca e colorida, utilizando marcadores ISSR e identificaram genótipos para realização de cruzamentos. Já para estimar a diversidade genética entre genótipos de *G. hirsutum*, *G. Barbadense*, *G. herbaceum* e *G. arboreum*, Kahodariya et al. (2015) utilizaram marcadores RAPD e ISSR, e observaram que os ISSR foram o que identificaram maior variabilidade entre os genótipos.

Com base neste contexto, este trabalho avaliou a divergência genética entre seis genitores de *G. hirsutum* e 15 híbridos F₁'s provenientes de cruzamentos dialélicos, por meio da análise de marcadores moleculares ISSR e análise multivariada para caracteres agrônômicos e de fibra.

MATERIAL E MÉTODOS

Germoplasmas avaliados

Foram avaliados seis genótipos de algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L.) utilizados como genitores (Tabela 1), e 15 híbridos F₁ provenientes de cruzamento dialélico balanceado entre os referidos genitores.

Tabela 1. Genealogia e origem dos genitores de algodoeiro utilizados no cruzamento dialélico para obtenção dos híbridos F₁'s.

| Genitores | Genealogia | Origem | Registro |
|------------------|--|--------|-------------------|
| FM 993 | Indisponível | Brasil | RNC 20328 |
| CNPA MT 04-2080 | Seleção em CNPA CO 03-1382 | Brasil | Linhagem avançada |
| PHYTOGEN PSC 355 | DES 949 x ACALA 1517-88 | EUA | PI 612974 |
| TAMB 139-17 ELS | TAM 94L-25 x PD 6992 | EUA | PI 659699 |
| IAC 26 RMD | IAC 05-82 x IAC 05-1993 | Brasil | RNC 30644 |
| TAMCOT CAMD-E | (MDR SP7-67 x 17M2) x (SP46-67 x 17M2) | EUA | PI 529633 |

PI: Propriedade intelectual. RNC: Registro Nacional de Cultivares pertencente ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do Brasil.

Experimento de campo

Para análise dos caracteres agronômicos e de fibra, foram plantadas as sementes dos genitores e dos F₁'s no ano de 2015, na Estação Experimental da Embrapa Algodão em Patos – PB (7° 1' 38.91" S, 37° 16' 57.13" O), e foram plantadas no ano de 2019, na Estação Experimental da Embrapa Algodão em Barbalha – CE (7° 0' 1.22" S, 37° 18' 43.47" O). O delineamento experimental utilizado nos dois ambientes foi blocos ao acaso, composto de três repetições e 21 tratamentos, sendo seis genitores e 15 híbridos F₁'s. A parcela foi constituída de duas linhas de 5,00 m de comprimento com espaçamento de 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. Nos dois ambientes, o plantio foi realizado manualmente, foram realizadas irrigações suplementares por aspersão e tratos culturais conforme recomendações técnicas da EMBRAPA (2014).

Para o estudo da divergência fenotípica foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos: aparecimento da primeira flor (APF, dias), aparecimento do primeiro capulho (APC, dias), peso do capulho (PC, g), produtividade de algodão em caroço (PROD, kg ha⁻¹), porcentagem de fibra (PF, %) e produtividade de algodão em fibra (PRODF, kg ha⁻¹). A avaliação dos caracteres de fibra foi realizada por meio do aparelho HVI (*High Volume Instrument*) para obter: comprimento de fibra (UHM, mm), uniformidade de fibra (UNF, %), índice de fibras curtas (IFC, %), resistência de fibra

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

(RES, gf tex^{-1}), alongamento a ruptura (ALG, %), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (Rd, %), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP), conforme normas técnicas estabelecidas por Brasil (2002).

Marcadores ISSR

Para análise de divergência genética por marcadores moleculares ISSR, foi extraído o DNA genômico das sementes dos 21 genótipos de algodoeiro de acordo com o método CTAB (Doyle e Doyle 1990) modificado, adicionado de 10,0 μL de proteinase K (10 mg.mL^{-1}). A qualidade e a quantidade do DNA foram analisadas através de eletroforese em gel de agarose 0,8% (TBE 0,5X), de concentração conhecida de DNA λ 100 pb. As reações de PCR e as análises de ISSR foram realizadas utilizando: 1,0 μL de DNA genômico ($30 \text{ ng}/\mu\text{L}$), 2,5 μL de tampão de reação (10X), 0,8 μL de MgCl_2 (25 mMol.L^{-1}), 0,6 μL de dNTPs ($10 \text{ }\mu\text{Mol.L}^{-1}$), 1,0 μL de oligonucleotídeo (10 mMol.L^{-1}) e 0,5 μL de Taq DNA polimerase ($5 \text{ U.}\mu\text{L}^{-1}$). O volume final de 25,0 μL foi completado com H_2O ultrapura autoclavada.

As reações foram realizada em duplicatas e conduzidas em termociclador, com a seguinte programação: desnaturação inicial de $96^\circ\text{C}/5$ minutos, seguido de 30 ciclos de: desnaturação a $96^\circ\text{C}/45$ segundos, anelamento a $40^\circ\text{C}/45$ segundos e extensão $72^\circ\text{C}/1$ minuto. A extensão final foi a $72^\circ\text{C}/5$ minutos. Aos produtos das reações foram adicionados: 2,5 μL de tampão de amostra (azul de bromofenol 0,25% e sacarose a 40%) e 2,5 μL de SYBR® *Gold* (Invitrogen). Posteriormente, os produtos das reações foram separados em eletroforese de gel de agarose 1,5% (TBE 0,5X), com o uso do marcador Leader Norgen 100pb, DNA ladder (100pb – 2000pb) como padrão, e em seguida foram fotodocumentados.

Análise estatística

As análises foram realizadas por meio do *software* GENES (Cruz 2013). Utilizou-se o teste F a 5% de probabilidade para análise de variância conjunta, sendo considerado os efeitos de genótipos e ambientes como fixos. As medidas de dissimilaridade fenotípica foram obtidas por meio da distância D^2 de Mahalanobis (Mahalanobis 1936) para os caracteres agronômicos e de fibra, excluindo as variáveis que tiveram interação G x A significativa pelo teste F. Para a identificação dos caracteres agronômicas ou de fibra de maior contribuição relativa (S_j) para a divergência genética entre os genótipos, foi realizado o método de Singh (1981).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Os produtos da amplificação provenientes dos marcadores ISSR, foram analisados como presentes (1) ou ausentes (0), sendo calculado o número de bandas, o número de bandas polimórficas e a taxa de polimorfismo. A partir dos dados provenientes dos marcadores foi realizada a estimativa de similaridade genética (s_{ij}) entre cada par de genótipo, calculada pelo coeficiente de Jaccard, definido pela seguinte expressão, conforme Cruz et al. (2020):

$$s_{ij} = \frac{a}{a + b + c}$$

Onde: s_{ij} : similaridade genética entre o par de genótipos i e j ; a : presença da banda em ambos os genótipos; b : presença da banda em i e ausência em j ; c : ausência da banda em i e presença em j . Para gerar a matriz de dissimilaridade foi adotado o complemento aritmético ($d_{ij} = 1 - s_{ij}$).

A análise de divergência genética foi estimada também por uma matriz de dissimilaridade conjunta, obtida a partir da soma dos elementos das matrizes geradas separadamente pelos dados: agronômicos, de fibra e moleculares. Os valores de dissimilaridade de cada matriz foram padronizados. Foi realizada a correlação entre as matrizes, por meio do coeficiente de correlação de Pearson e a significância pelo teste de Mantel. O agrupamento foi realizado pelo UPGMA separado para cada matriz (agronômica-fibra, molecular e conjunta). Para a definição da altura do ponto de corte e a separação dos grupos, utilizou-se a metodologia de Mojena (1977) de $k = 1,25$ conforme Milligan e Cooper (1985).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

RESULTADOS

Análise conjunta dos caracteres agronômicos e de fibra

Foi verificada diferenças significativas a nível de 1% de probabilidade pelo teste F, entre as médias dos genótipos, para todos os caracteres (Tabela 2). Para os ambientes onde foram conduzidos os experimentos, os caracteres: APF, APC, PROD, PF, UHM, IFC, ALG, MIC, MAT e CSP apresentaram diferenças significativas a 5% de probabilidade (Tabela 2). Já os caracteres: PRODF, PC, UNF, RES, Rd e +b, não apresentaram diferenças estatísticas para os ambientes. A interação genótipo x ambiente foi significativa estatisticamente a nível de 5% de probabilidade para os caracteres: APF, APC, PF, UHM, RES, ALG, MIC, MAT e +b, e não significativa para os caracteres: PROD, PRODF, PC, UNF, IFC, Rd e CSP (Tabela 2). O coeficiente de variação ambiental (CVa) foi inferior a 10% para a maioria dos caracteres, exceto para PROD (19,67%) e PRODF (19,99%) (Tabela 2). O coeficiente de determinação genotípica (H^2) variou de 66,02% (PROD) a 95,11% (UHM) (Tabela 2).

Queiroz, Damião Ranieri. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 2. Quadrado médio, Coeficiente de variação ambiental (CVa) e Coeficiente de determinação genotípico (H²) dos caracteres: aparecimento da primeira flor (APF), aparecimento do primeiro capulho (APC), peso do capulho (PC), produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), comprimento de fibra (UHM), uniformidade de fibra (UNF), índice de fibras curtas (IFC), resistência de fibra (RES), alongamento a ruptura (ALG), micronaire (MIC), maturidade (MAT), reflectância (Rd), grau de amarelecimento (+b) e índice de fiabilidade (CSP) em Patos-Paraíba (2015) e Barbalha-Ceará (2019).

| Fontes de Variação | Quadrados Médios | | | | | CVa (%) | H ² (%) |
|------------------------------|------------------|---------------|--------------------------|-------------------------|-----------|---------|--------------------|
| | Blocos | Genótipos (G) | Ambientes (A) | G x A | Resíduo | | |
| Graus de Liberdade | 2 | 20 | 1 | 20 | 80 | - | - |
| APF (dias) | 12,39 | 5,80** | 1453,84** | 5,70** | 1,74 | 2,84 | 69,98 |
| APC (dias) | 5,72 | 20,54** | 11600,64** | 6,99** | 2,45 | 1,65 | 88,05 |
| PROD (kg ha ⁻¹) | 1627420,77 | 1830411,60** | 21764805,79* | 742046,40 ^{ns} | 621891,43 | 19,67 | 66,02 |
| PF (%) | 1,63 | 11,91** | 121,23** | 2,46** | 0,93 | 2,26 | 92,21 |
| PRODF (kg ha ⁻¹) | 253811,46 | 372834,32** | 2413571,44 ^{ns} | 129079,59 ^{ns} | 116142,62 | 19,99 | 68,85 |
| PC (g) | 0,49 | 1,76** | 0,05 ^{ns} | 0,20 ^{ns} | 0,13 | 5,75 | 92,71 |
| UHM (mm) | 1,95 | 16,84** | 62,39* | 1,43* | 0,82 | 3,08 | 95,11 |
| UNF (%) | 1,08 | 4,97** | 10,34 ^{ns} | 1,10 ^{ns} | 0,98 | 1,16 | 80,34 |
| IFC (%) | 0,66 | 1,75** | 51,12** | 0,38 ^{ns} | 0,34 | 8,39 | 80,45 |
| RES (gf tex ⁻¹) | 1,28 | 24,71** | 2,48 ^{ns} | 5,70* | 3,01 | 5,34 | 87,83 |
| ALG (%) | 0,01 | 1,62** | 14,38** | 0,22* | 0,12 | 6,76 | 92,62 |
| MIC | 0,02 | 0,40** | 28,95** | 0,17** | 0,06 | 5,22 | 84,47 |
| MAT (%) | 0,00004 | 0,00034** | 0,026** | 0,0001** | 0,00005 | 0,78 | 86,17 |
| Rd (%) | 2,38 | 8,06** | 0,06 ^{ns} | 1,38 ^{ns} | 0,99 | 1,22 | 87,71 |
| +b | 0,44 | 1,33** | 0,82 ^{ns} | 0,35* | 0,17 | 4,30 | 87,13 |
| CSP | 51608,31 | 548862,31** | 1407008,73* | 62189,96 ^{ns} | 38664,76 | 6,85 | 92,96 |

Significativo a **1%, *5% e ^{ns}não significativo pelo teste F.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Houve formação de grupos pelo teste de agrupamento de Scott-Knott (1978), entre as médias dos genótipos, em relação a todos os caracteres que não tiveram interação G x A significativa (Tabela 3). O caractere PROD variou de 2656,40 kg ha⁻¹ (TAMCOT CAMD-E) a 5194,63 kg ha⁻¹ (FM 993 x PSC 355) (Tabela 3). A PRODF variou de 1145,63 kg ha⁻¹ (TAMCOT CAMD-E) a 2203,05 kg ha⁻¹ (FM 993 x PSC 355) (Tabela 3). Todos os genótipos apresentaram PC acima de 5,00 g, sendo TAMB 139-17 x IAC 26 (7,02 g) o de maior PC (Tabela 3). A UNF foi superior a 83% para todos os genótipos, sendo TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E (86,10%) o de maior UNF (Tabela 3). O IFC variou de 6,17 (TAMB 139-17) a 8,04 (FM 993 x TAMCOT CAMD-E) (Tabela 3). O Rd foi superior a 79% para todos os genótipos e o CSP foi superior a 2400 em relação a todos os genótipos (Tabela 3).

Tabela 3. Médias dos caracteres: produtividade de algodão em caroço (PROD), produtividade de algodão em fibra (PRODF), peso do capulho (PC), uniformidade (UNF), índice de fibras curtas (IFC), reflectância (RFC) e índice de fiabilidade (INF), em Patos-Paraíba (2015) e Barbalha-Ceará (2019).

| Genótipos | PROD (kg ha ⁻¹) | PRODF (kg ha ⁻¹) | PC (g) | UNF (%) | IFC | Rd (%) | CSP |
|---------------------|--------------------------------|---------------------------------|-----------|------------|-------|-----------|----------|
| 1 – FM 993 | 4182,53a | 1878,41a | 5,63d | 83,84b | 7,72a | 83,47a | 2671,09c |
| 2 – CNPA MT 04 2080 | 4483,37a | 1974,74a | 5,73d | 85,36a | 6,61b | 81,34b | 2849,19b |
| 3 – PSC 355 | 3864,90a | 1599,21b | 4,99e | 85,98a | 6,40b | 79,75c | 2904,09b |
| 4 – TAMB 139-17 | 3811,33a | 1494,22b | 6,53b | 85,91a | 6,17b | 82,39a | 3442,10a |
| 5 – IAC 26 | 4481,47a | 1878,51a | 6,23b | 83,92b | 7,01b | 80,43c | 2720,03b |
| 6 – TAMCOT CAMD-E | 2656,40b | 1145,63b | 5,73d | 83,67b | 7,94a | 80,93b | 2414,84c |
| 1x2 | 3707,47a | 1623,37b | 6,12c | 84,65b | 7,19a | 83,76a | 2783,41b |
| 1x3 | 5194,63a | 2203,05a | 5,73d | 85,35a | 6,89b | 81,66b | 2816,55b |
| 1x4 | 4232,80a | 1778,39a | 6,87a | 85,67a | 6,46b | 83,07a | 3306,84a |
| 1x5 | 4019,73a | 1748,54a | 6,54b | 84,39b | 6,83b | 81,24b | 2635,94c |
| 1x6 | 4680,87a | 1993,15a | 6,43b | 83,69b | 8,04a | 82,91a | 2600,40c |
| 2x3 | 3955,90a | 1711,65a | 6,00c | 85,50a | 6,61b | 80,98b | 2883,39b |
| 2x4 | 4304,40a | 1783,78a | 6,95a | 85,72a | 6,61b | 82,33a | 3231,75a |
| 2x5 | 4078,53a | 1762,45a | 6,78a | 84,76b | 7,01b | 81,65b | 2678,77c |
| 2x6 | 4283,13a | 1884,58a | 6,04c | 84,38b | 7,48a | 81,46b | 2590,87c |
| 3x4 | 3745,87a | 1548,10b | 6,49b | 86,81a | 6,42b | 81,31b | 3343,21a |
| 3x5 | 4135,20a | 1784,22a | 6,02c | 85,00b | 6,94b | 79,56c | 2730,68b |
| 3x6 | 3081,00b | 1319,91b | 5,64d | 84,80b | 7,21a | 80,15c | 2703,03b |
| 4x5 | 3959,47a | 1618,17b | 7,02a | 85,86a | 6,51b | 81,22b | 3167,03a |
| 4x6 | 3227,60a | 1299,72b | 6,97a | 86,10a | 6,58b | 82,39a | 3269,04a |
| 5x6 | 4086,13a | 1764,27a | 6,44b | 83,94b | 7,68a | 80,69b | 2497,70c |

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo de acordo com o teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Divergência genética por caracteres agrônômicos e de fibra

Os caracteres PROD, PRODF, PC, UNF, IFC, Rd e CSP, não tiveram interação genótipo x ambiente significativa pelo teste F, sendo suas médias utilizadas para estimar a dissimilaridade pela distância D^2 de Mahalanobis (Tabela 4). A dissimilaridade genética variou de 1,400 entre FM 993 x IAC 26 e CNPA 04 2080 x IAC 26 a 60,290 entre PSC 355 e FM 993 x TAMB 139-17. O genótipo TAMB 139-17 teve a maior dissimilaridade genética, quando comparado apenas com os genitores. As combinações PSC 355 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E tiveram as maiores estimativas de dissimilaridade, quando comparada apenas entre os cruzamentos. A maior dissimilaridade genética, apenas entre os cruzamentos foi entre PSC 355 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E (Tabela 4). Os caracteres que tiveram a menor contribuição relativa para os valores de dissimilaridade foram PROD (0,0%) e UNF (0,0%), e as de maior contribuição relativa foram CSP (36,54%) e PC (23,39%) (Tabela 5).

Foram formados três grupos pelo método UPGMA para as distâncias de Mahalanobis (Figura 1). O primeiro grupo foi composto por 14 genótipos: FM 993 x IAC 26, CNPA 04 2080 x IAC 26, CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E, IAC 26 x TAMCOT CAMD-E, CNPA 04 2080, CNPA 04 2080 x PSC 355, PSC 355 x IAC 26, FM 993 x PSC 355, TAMCOT CAMD-E, PSC 355 x TAMCOT CAMD-E, IAC 26, FM 993, FM 993 x CNPA 04 2080, FM 993 x TAMCOT CAMD-E. O segundo grupo foi formado apenas por um genótipo: PSC 355. O terceiro grupo foi composto por seis genótipos: FM 993 x TAMB 139-17, CNPA 04 2080 x TAMB 139-17, TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E, PSC 355 x TAMB 139-17, TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 4. Matriz de dissimilaridade genética obtida pelo coeficiente de Jaccard (diagonal inferior) e pela distância de Mahalanobis (diagonal superior) entre 21 genótipos de algodoeiro herbáceo.

| Genótipos | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1 | - | 10,35 | 39,59 | 46,69 | 24,22 | 15,28 | 4,84 | 16,17 | 25,41 | 15,96 | 12,14 | 12,49 | 27,49 | 17,46 | 8,21 | 25,58 | 21,95 | 16,83 | 32,29 | 34,37 | 17,57 |
| 2 | 0,017 | - | 17,75 | 47,73 | 14,26 | 13,77 | 13,25 | 5,96 | 31,10 | 7,81 | 20,22 | 1,84 | 28,91 | 12,36 | 4,08 | 20,15 | 5,45 | 6,85 | 26,80 | 37,60 | 11,66 |
| 3 | 0,068 | 0,051 | - | 51,87 | 19,84 | 23,12 | 42,71 | 11,88 | 60,29 | 32,32 | 44,03 | 17,13 | 52,87 | 41,44 | 26,81 | 35,64 | 15,32 | 11,33 | 44,96 | 59,27 | 32,07 |
| 4 | 0,082 | 0,066 | 0,082 | - | 28,05 | 48,11 | 34,45 | 36,75 | 10,77 | 44,03 | 30,60 | 36,38 | 9,50 | 42,20 | 48,96 | 11,91 | 47,86 | 40,93 | 11,99 | 9,58 | 46,82 |
| 5 | 0,067 | 0,050 | 0,067 | 0,049 | - | 13,78 | 23,79 | 7,62 | 26,42 | 10,30 | 12,29 | 9,72 | 19,27 | 14,42 | 11,47 | 18,40 | 7,04 | 9,43 | 14,42 | 28,40 | 8,04 |
| 6 | 0,067 | 0,050 | 0,034 | 0,049 | 0,033 | - | 14,49 | 14,28 | 38,54 | 10,21 | 14,23 | 9,54 | 32,82 | 12,98 | 6,87 | 26,28 | 10,31 | 3,68 | 27,53 | 34,60 | 6,98 |
| 7 | 0,051 | 0,034 | 0,051 | 0,066 | 0,050 | 0,050 | - | 17,47 | 15,22 | 11,38 | 9,43 | 10,83 | 16,57 | 9,88 | 9,60 | 16,41 | 23,40 | 17,28 | 19,91 | 18,57 | 15,77 |
| 8 | 0,034 | 0,017 | 0,034 | 0,049 | 0,033 | 0,033 | 0,017 | - | 31,04 | 11,93 | 14,00 | 5,85 | 25,63 | 15,65 | 7,66 | 19,82 | 7,40 | 8,40 | 23,04 | 35,24 | 11,65 |
| 9 | 0,050 | 0,033 | 0,050 | 0,033 | 0,017 | 0,017 | 0,033 | 0,017 | - | 25,07 | 17,28 | 23,38 | 1,50 | 20,98 | 29,30 | 6,33 | 36,75 | 34,64 | 6,36 | 3,92 | 30,26 |
| 10 | 0,067 | 0,050 | 0,067 | 0,049 | 0,033 | 0,033 | 0,017 | 0,033 | 0,017 | - | 11,93 | 4,42 | 20,42 | 1,40 | 3,30 | 19,11 | 6,46 | 9,63 | 15,97 | 26,60 | 2,88 |
| 11 | 0,050 | 0,033 | 0,050 | 0,033 | 0,049 | 0,049 | 0,033 | 0,017 | 0,033 | 0,049 | - | 15,73 | 13,45 | 9,70 | 9,76 | 18,99 | 20,30 | 18,98 | 14,89 | 20,01 | 8,34 |
| 12 | 0,066 | 0,049 | 0,066 | 0,016 | 0,033 | 0,033 | 0,049 | 0,033 | 0,016 | 0,033 | 0,016 | - | 19,92 | 7,41 | 3,59 | 12,20 | 3,51 | 3,73 | 16,38 | 25,59 | 7,55 |
| 13 | 0,082 | 0,066 | 0,050 | 0,033 | 0,049 | 0,049 | 0,066 | 0,049 | 0,033 | 0,049 | 0,033 | 0,016 | - | 16,41 | 25,27 | 4,30 | 29,58 | 29,10 | 2,01 | 2,78 | 23,18 |
| 14 | 0,115 | 0,098 | 0,115 | 0,066 | 0,082 | 0,082 | 0,098 | 0,082 | 0,066 | 0,082 | 0,066 | 0,049 | 0,066 | - | 5,26 | 17,04 | 11,20 | 14,23 | 12,90 | 21,10 | 3,78 |
| 15 | 0,097 | 0,081 | 0,097 | 0,048 | 0,065 | 0,065 | 0,081 | 0,065 | 0,048 | 0,065 | 0,048 | 0,032 | 0,048 | 0,049 | - | 21,25 | 5,27 | 6,54 | 22,68 | 33,01 | 3,01 |
| 16 | 0,082 | 0,066 | 0,082 | 0,065 | 0,081 | 0,081 | 0,066 | 0,049 | 0,065 | 0,081 | 0,033 | 0,048 | 0,065 | 0,066 | 0,016 | - | 20,94 | 18,55 | 3,92 | 5,41 | 22,13 |
| 17 | 0,131 | 0,115 | 0,100 | 0,113 | 0,129 | 0,098 | 0,083 | 0,098 | 0,113 | 0,098 | 0,082 | 0,097 | 0,113 | 0,083 | 0,066 | 0,050 | - | 3,86 | 22,36 | 38,09 | 5,65 |
| 18 | 0,113 | 0,097 | 0,082 | 0,065 | 0,081 | 0,049 | 0,097 | 0,081 | 0,065 | 0,081 | 0,065 | 0,048 | 0,065 | 0,066 | 0,016 | 0,033 | 0,050 | - | 23,15 | 32,82 | 8,59 |
| 19 | 0,161 | 0,145 | 0,100 | 0,082 | 0,129 | 0,098 | 0,145 | 0,129 | 0,113 | 0,129 | 0,113 | 0,097 | 0,082 | 0,083 | 0,066 | 0,082 | 0,068 | 0,050 | - | 4,08 | 17,86 |
| 20 | 0,145 | 0,129 | 0,083 | 0,097 | 0,113 | 0,082 | 0,129 | 0,113 | 0,097 | 0,113 | 0,097 | 0,081 | 0,066 | 0,098 | 0,049 | 0,066 | 0,083 | 0,033 | 0,051 | - | 30,22 |
| 21 | 0,083 | 0,067 | 0,051 | 0,097 | 0,082 | 0,050 | 0,067 | 0,050 | 0,066 | 0,082 | 0,066 | 0,081 | 0,097 | 0,098 | 0,049 | 0,033 | 0,051 | 0,033 | 0,083 | 0,067 | - |

1. FM 993; 2. CNPA 04 2080; 3. PSC 355; 4. TAMB 139-17; 5. IAC 26. 6. TAMCOT CAMD-E; 7. 1x2; 8. 1x3; 9. 1x4; 10. 1x5; 11. 1x6; 12. 2x3; 13. 2x4; 14. 2x5; 15. 2x6; 16. 3x4; 17. 3x5; 18. 3x6; 19. 4x5; 20. 4x6; 21. 5x6.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 5. Contribuição relativa (S_j) dos caracteres: peso do capulho (PC), produtividade de algodão em caroço (PROD), produtividade de algodão em fibra (PRODF), uniformidade de fibra (UNF), índice de fibras curtas (IFC), reflectância (Rd) e índice de fiabilidade (CSP), para as estimativas de dissimilaridade obtida pela distância de Mahalanobis.

| Caracteres | S_j | S_j (%) |
|------------|---------|-----------|
| PROD | 0,00 | 0,00 |
| PRODF | 985,40 | 23,13 |
| PC | 996,57 | 23,39 |
| UNF | 0,00 | 0,00 |
| IFC | 86,45 | 2,02 |
| Rd | 634,22 | 14,89 |
| CSP | 1556,47 | 36,54 |

Divergência genética por marcadores ISSR

Dos 19 oligonucleotídeos testados apenas 12 geraram bandas e foram utilizados (Tabela 6). Os oligonucleotídeos identificaram um total de 39 bandas, sendo 15 polimórficas. A taxa de polimorfismo variou de 25% (UCB 884) a 75% (UCB 827). Apenas dois oligonucleotídeos não geraram bandas polimórficas (UCB 834 e UCB 866).

A dissimilaridade genética estimada pelo coeficiente de Jaccard variou de 0,016 entre TAMB 139-17 e CNPA 04 2080 x PSC 355 a 0,161 entre FM 993 e TAMB 139-17 x IAC 26 (Tabela 4). Os genitores de maiores estimativas de dissimilaridade genética foram: TAMB 139-17 e IAC 26. Os cruzamentos de maiores estimativas de dissimilaridades genéticas foram: PSC 355 x IAC 26, TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E. A maior dissimilaridade entre os cruzamentos foi obtida entre PSC 355 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E, sendo o valor de dissimilaridade estimado em 0,161.

Por meio do método de agrupamento UPGMA foram formados quatro grupos (Figura 2). O primeiro grupo foi composto por cinco genótipos: CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E, PSC 355 x TAMCOT CAMD-E, PSC 355 x TAMB 139-17, IAC 26 x TAMCOT CAMD-E e PSC 355 x IAC 26. O segundo grupo foi composto por dois genótipos: TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E. O terceiro grupo foi composto apenas pelo genótipo CNPA 04 2080 x IAC 26. O quarto grupo foi

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

composto por 13 genótipos: FM 993, CNPA 04 2080, FM 993 x PSC 355, FM 993 x TAMCOT CAMD-E, FM 993 x CNPA 04 2080, CNPA 04 2080 x PSC 355, CNPA 04 2080 x TAMB 139-17, TAMB 139-17, FM 993 x TAMB 139-17, FM 993 x IAC 26, IAC 26, TAMCOT CAMD-E e PSC 355.

Análise de agrupamento para os marcadores moleculares e caracteres agronômicos e de fibra

A partir da soma das matrizes de dissimilaridade genética, provenientes dos dados moleculares e dos caracteres agronômicos e de fibra, os genótipos foram reunidos em três grupos pelo método UPGMA (Figura 3). O primeiro grupo foi composto por 15 genótipos: CNPA 04 2080, FM 993 x PSC 355, FM 993, FM 993 x CNPA 04 2080, FM 993 x TAMCOT CAMD-E, FM 993 x IAC 26, CNPA 04 2080 x PSC 355, TAMCOT CAMD-E, IAC 26, CNPA 04 2080 x TAMCOT CAMD-E, PSC 355 x TAMCOT CAMD-E, IAC 26 x TAMCOT CAMD-E, PSC 355 x IAC 26, PSC 355 x TAMB 139-17 e CNPA 04 2080 x IAC 26. O segundo grupo foi composto apenas pelo genótipo PSC 355. O terceiro grupo foi composto por cinco genótipos: FM 993 x TAMB 139-17, CNPA 04 2080 x TAMB 139-17, TAMB 139-17, TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E.

A correlação obtida entre as estimativas de Mahalanobis e Jaccard foi de 0,10, sendo não significativa pelo teste de Mantel, com nível crítico estabelecido após 5.000 permutações. A correlação obtida entre as estimativas de Mahalanobis e a soma das duas matrizes (Mahalanobis e Jaccard) foi de 0,74, significativa a 1% pelo teste de Mantel, com nível crítico estabelecido após 5.000 permutações, sendo os mesmos valores de correlação e Mantel obtidos entre as estimativas de Jaccard e a soma das duas matrizes (Mahalanobis e Jaccard).

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Tabela 6. Oligonucleotídeos ISSR usados na análise da divergência genética molecular entre 21 genótipos de algodoeiro herbáceo.

| Oligonucleotídeo | Sequência (5'→ 3') | Número total de bandas | Números de bandas polimórficas | Taxa de polimorfismo (%) |
|------------------|-------------------------|------------------------|--------------------------------|--------------------------|
| UBC 808 | AGA GAG AGA GAG AGA GC | 4 | 2 | 50 |
| UBC 812 | GAG AGA GAG AGA GAG AA | 3 | 1 | 33 |
| UBC 813 | CTC TCT CTC TCT CTC TT | 2 | 1 | 50 |
| UBC 817 | CAC ACA CAC ACA CAC AA | 2 | 1 | 50 |
| UBC 818 | CAC ACA CAC ACA CAC AG | 4 | 2 | 50 |
| UBC 826 | ACA CAC ACA CAC ACA CC | 3 | 1 | 33 |
| UBC 827 | ACA CAC ACA CAC ACA CG | 4 | 3 | 75 |
| UBC 830 | TGT GTG TGT GTG TGT GG | 5 | 2 | 40 |
| UBC 834 | AGA GAG AGA GAG AGA GYT | 4 | 0 | 0 |
| UBC 866 | CTC CTC CTC CTC CTC CTC | 2 | 0 | 0 |
| UBC 868 | GAAGAAGAAGAAGAAGAA | 2 | 1 | 50 |
| UBC 884 | HBHAGAGAGAGAGAGAG | 4 | 1 | 25 |
| Total | - | 39 | 15 | 38,46 |

UBC. University of British Columbia; Y = bases C e T; H = bases A, C e T; B = bases C, G e T

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

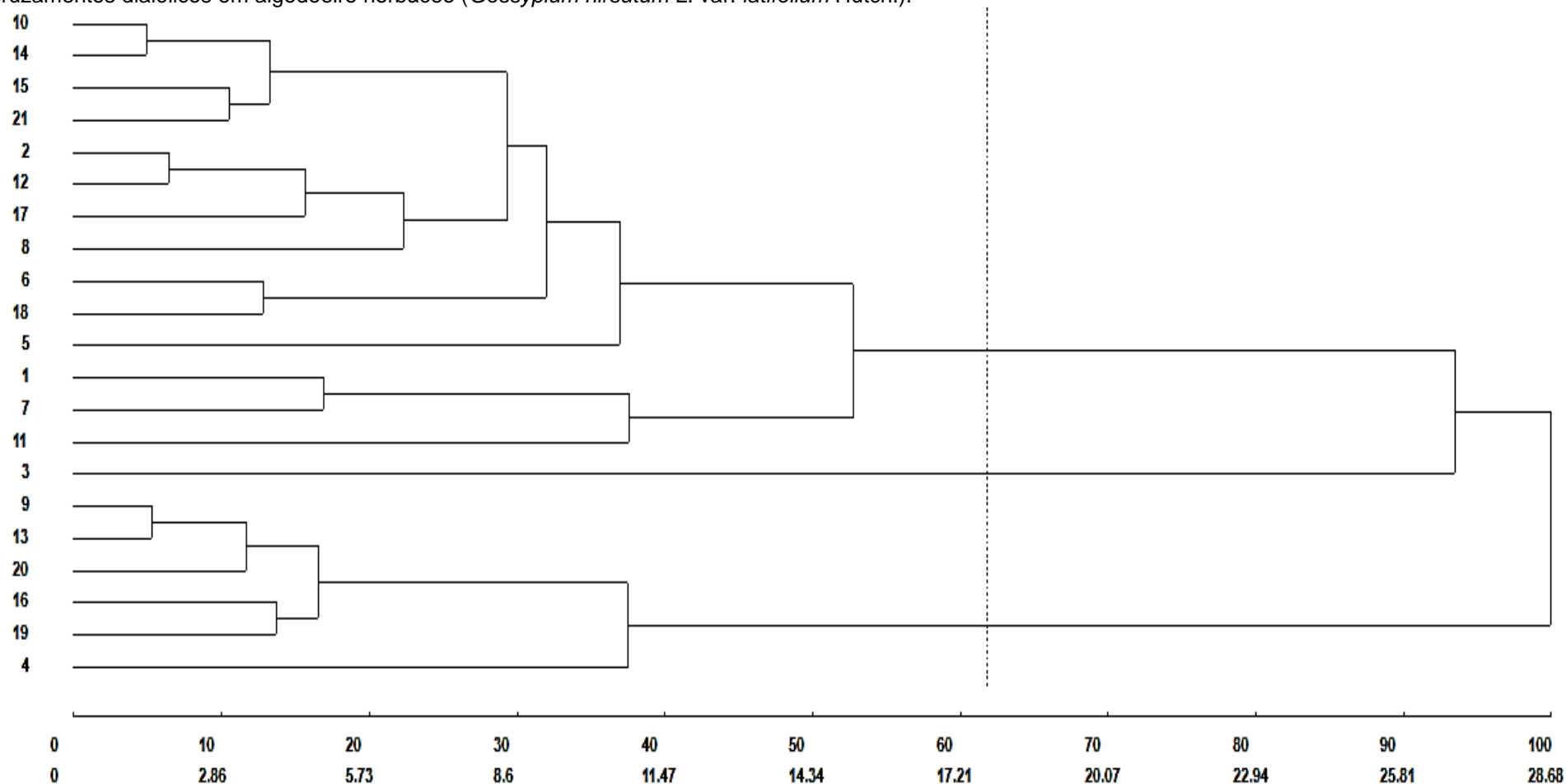


Figura 1. Agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA a partir da matriz de dissimilaridade obtida pela distância de Mahalanobis. Coeficiente de correlação cofenética: 0,76. 1. FM 993; 2. CNPA 04 2080; 3. PSC 355; 4. TAMB 139-17; 5. IAC 26. 6. TAMCOT CAMD-E; 7. 1x2; 8. 1x3; 9. 1x4; 10. 1x5; 11. 1x6; 12. 2x3; 13. 2x4; 14. 2x5; 15. 2x6; 16. 3x4; 17. 3x5; 18. 3x6; 19. 4x5; 20. 4x6; 21. 5x6.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

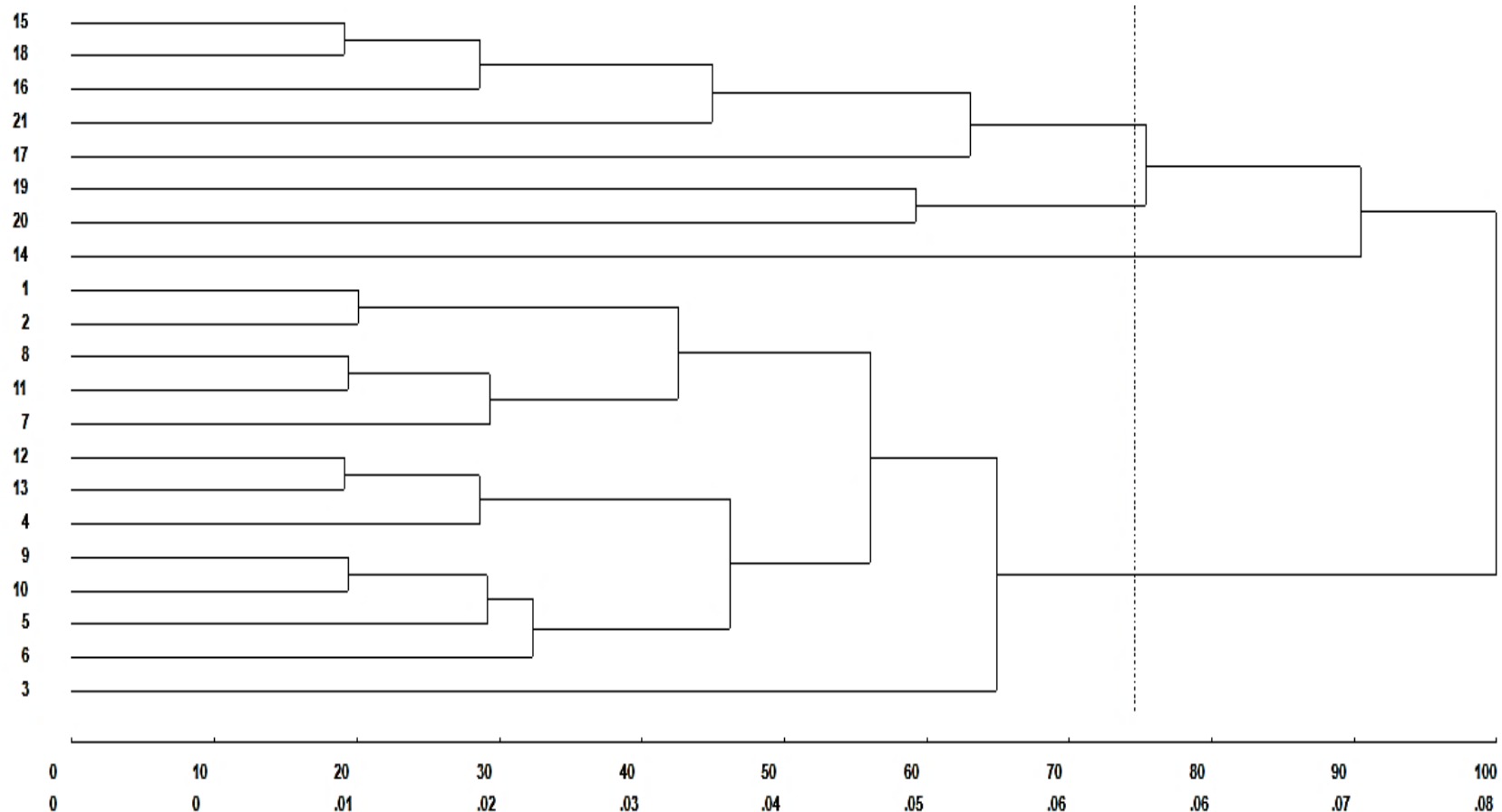


Figura 2. Agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA, a partir da matriz de dissimilaridade obtida pelo coeficiente de Jaccard. Coeficiente de correlação cofenética 0,72. 1. FM 993; 2. CNPA 04 2080; 3. PSC 355; 4. TAMB 139-17; 5. IAC 26. 6. TAMCOT CAMD-E; 7. 1x2; 8. 1x3; 9. 1x4; 10. 1x5; 11. 1x6; 12. 2x3; 13. 2x4; 14. 2x5; 15. 2x6; 16. 3x4; 17. 3x5; 18. 3x6; 19. 4x5; 20. 4x6; 21. 5x6.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

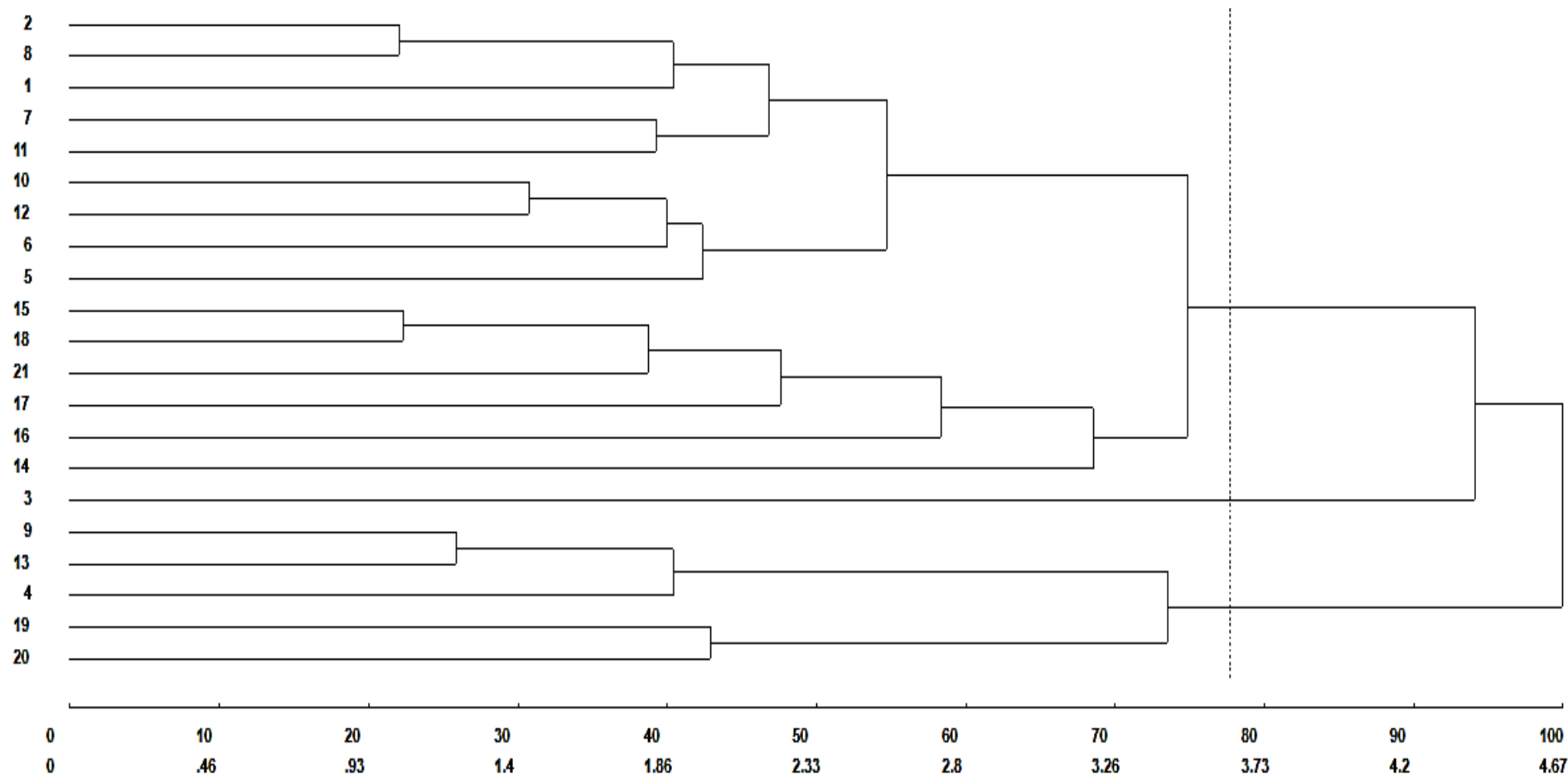


Figura 3. Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA, a partir da soma das matrizes de dissimilaridade para os dados moleculares e quantitativos entre 21 genótipos de algodoeiro. 1. FM 993; 2. CNPA 04 2080; 3. PSC 355; 4. TAMB 139-17; 5. IAC 26. 6. TAMCOT CAMD-E; 7. 1x2; 8. 1x3; 9. 1x4; 10. 1x5; 11. 1x6; 12. 2x3; 13. 2x4; 14. 2x5; 15. 2x6; 16. 3x4; 17. 3x5; 18. 3x6; 19. 4x5; 20. 4x6; 21. 5x6.

DISCUSSÃO

Análise conjunta dos caracteres agronômicos e de fibra

A diferença significativa entre as médias dos genótipos para todas os caracteres, confirma a existência de variabilidade genética e que pelo menos um genótipo difere dos demais (Tabela 2). Os genitores foram escolhidos por possuírem caracteres agronômicos e de fibra contrastes entre si, desta forma, a variabilidade genética observada entre os genótipos, confirma a hipótese para a escolha dos genitores, e a ampliação da variabilidade nos cruzamentos, a partir destes genótipos. A interação G x A significativa para: APF, APC, PF, UHM, RES, ALG, MIC, MAT e +b, indica que houve comportamento diferentes dos genótipos nos ambientes avaliados, e que para estes caracteres a seleção deve ser por ambiente (Tabela 2).

Os valores do CVa abaixo de 10% para a maioria das características (Tabela 2), estão dentro das estimativas de precisão experimental relatadas por Ribeiro et al. (2018), Vasconcelos et al. (2018) e Vasconcelos et al. (2020) para o algodoeiro herbáceo. Os valores de CVa acima de 10% de PROD e PRODF, é relacionado a maior influência do ambiente no controle genético destas características, de modo que, PROD e PRODF possuem o maior número de genes no seu controle e uma maior influência ambiental. A estimativa de H^2 superior a 80% para a maioria dos caracteres, exceto PROD (66,02%), PRODF (68,85%) e APF (69,98%), indica maior confiança nos valores da média, e que para estes caracteres a seleção é favorável (Tabela 2). Os baixos valores de H^2 para PROD, PRODF e APF, está relacionado a maior influência do ambiente, assim é necessário maior atenção na seleção para estes caracteres.

Pelo teste de comparação de médias todos os genótipos formaram grupos, desta forma confirma a ocorrência de variabilidade genética (Tabela 3). As maiores produtividades de algodão em caroço e fibra foram para os cruzamentos FM 993 x PSC 355 (5194,63 kg ha⁻¹ e 2203,05 kg ha⁻¹) e FM 993 x TAMCOT CAMDE (4680,87 kg ha⁻¹ e 1993,15 kg ha⁻¹), as quais possuem o genitor FM 993 de média alta para PROD e PRODF (Tabela 3). Para PC, os cruzamentos que possuem o genitor TAMB 139-17 foram que apresentaram as maiores médias, sendo a combinação TAMB 139-17 x IAC 26 (7,02 g) a de maior média (Tabela 3). As médias de todos os genótipos para UNF foram superior a 82%, que é o valor mínimo exigido pela indústria têxtil, contudo, os cruzamentos que possuem os genitores TAMB 139-17 ou PSC 355 tiveram as maiores média para UNF (Tabela 3). Os menores valores de média para o

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

IFC foram TAMB 139-17 (6,17) e os cruzamentos que possuem este genitor (Tabela 3). O Rd foi superior a 79% para todos os genótipos, sendo os genitores FM 993 (83,47%) e TAMB 139-17 (82,39%) de maiores médias e as combinações com estes genótipos possuindo também médias altas para Rd (Tabela 3). A maior média de CSP foi do genitor TAMB 139-17 (3442,10) e os cruzamentos que possuem este genitor na sua composição, como PSC 355 x TAMB 139-17 (3343,21) e FM 993 x PSC 355 (3306,94) (Tabela 3).

Divergência genética por caracteres agrônômicos e de fibra

O genótipo TAMB 139-17 é o mais divergente em relação aos genitores para os caracteres agrônômicos e de fibra, e o cruzamento mais divergente TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E tem como um dos genitores, o referido genótipo (Tabela 4). TAMB 139-17 tem características de fibra, que são superiores aos demais genitores (Smith et al. 2011), estas características fazem com que sua distância genética por meio de dados quantitativos, seja superior aos demais genótipos. Desta forma, para este estudo os cruzamentos que têm TAMB 139-17 como genitor são indicados para se obter maior heterose.

Pelo agrupamento dos genótipos pode-se observar que o genótipo PSC 355 ficou isolado dos demais (Figura 1). De acordo com Mcpherson et al. (2000), PSC 355 possui como principais características alta produtividade e a qualidade de fibra, assim, o isolamento deste genótipo, confirma a sua divergência principalmente para PROD, PRODF, UNF, IFC, Rd e CSP. Outro importante fator para a divergência de PSC 355 é a presença dos cultivares divergentes DES 949 e Acala 1517-88 na sua genealogia (Bowman et al. 2006). Também foi observado no agrupamento, que o primeiro grupo foi composto pelo maior número de genitores e seus cruzamentos, o que indica maior homogeneidade destes genótipos (Figura 1). Já o terceiro grupo foi constituído pelo genótipo TAMB 139-17 e cruzamentos que tenham como um dos genitores o mencionado genótipo (Figura 1), sendo desta forma, notório a contribuição de TAMB 139-17 para a divergência genética e para ampliar a variabilidade genética, principalmente nos cruzamentos que este genótipo esteja presente.

Divergência genética por marcadores ISSR

Entre os 19 oligonucleotídeos testados, 12 foram selecionados por terem bons perfis de bandas, ou seja, as bandas foram replicadas nas duas repetições de

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

amplificação (Tabela 6). Os oligonucleotídeos UBC 27, UBC 808 e UBC 818, são os mais contributivos para diferenciação dos genótipos, por terem amplificados mais bandas e terem o maior número de bandas polimórficas (Tabela 6).

Quanto a dissimilaridade genética por marcadores ISSR, o genótipo TAMB 139-17 é o mais divergente em relação aos genitores (Tabela 4). A genealogia de TAMB 139-17, contribui para aumentar a sua distância genética em relação aos demais genitores utilizados neste trabalho. De acordo com Smith et al. (2011) TAMB 139-17 é proveniente do cruzamento de TAM 94L-25 x PD 6992. O cultivar TAM 94L-25 é proveniente do cruzamento TAM 87G3-27 x TAM 87O3-37 (Smith 2003). Já PD 6992 é proveniente da seleção em F₃ derivada do híbrido duplo (SC-1 x Pee Dee 8619) x (Coker 310 x Pee Dee 7396) (Culpa et al. 1985). Desta forma, os cruzamentos que possuem TAMB 139-17 como genitor são os mais divergentes, tais como: TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E (Tabela 4).

Os grupos formados pelo método UPGMA (Figura 2), confirmam a variabilidade genética verificada na análise de variância. Os cruzamentos TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E formaram um grupo (C) isolado dos demais, o que confirma a sua maior divergência em relação aos demais cruzamentos. O agrupamento não detectou a divergência genética do genótipo TAMB 139-17 em relação aos demais genitores, colocando em um único grupo com os demais parentais (Figura 2).

Análise de agrupamento para os marcadores moleculares e caracteres agronômicos e de fibra

O agrupamento a partir da soma das matrizes com as estimativas de dissimilaridade de Jaccard e Mahalanobis, reuniu os genótipos em três grupos (Figura 3). Este agrupamento é mais coincidente ao da Figura 1, ou seja, com a divergência a partir dos caracteres morfológicos e de fibra, entretanto, pelo teste de correlação há grande concordância tanto com a matriz de Jaccard como a matriz de Mahalanobis, com a matriz proveniente da soma das duas (Jaccard e Mahalanobis). No primeiro grupo, está reunido o maior número de genótipo e está presente os genitores CNPA 04 2080, FM 993, IAC 26 e TAMCOT CAMD-E, e cruzamentos que possui como genitores FM 993 e CNPA 04 2080. Assim, os genótipos deste grupo possuem PROD e PRODF como características importantes para determinação da divergência. O genótipo PSC 355 permaneceu em grupo isolado, o que aponta divergência genética

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

em relação aos demais genótipos (Figura 3). PSC 355 possui como característica negativa baixo PC, em relação aos genitores, contudo, possui UNF, IFC, Rd e CSP superior aos outros genitores utilizados neste estudo, exceto TAMB 139-17. O terceiro grupo foi composto por cruzamentos que possuem como genitor TAMB 139-17, sendo este genótipo incluso no agrupamento (Figura 3).

CONCLUSÕES

O genótipo TAMB 139-17 proporciona a maior divergência genética entre os seis genitores, tanto a nível molecular como em relação aos caracteres agronômicos e de fibra.

Os cruzamentos possuem ampla variabilidade genética tanto a nível molecular, como a nível agronômico e de fibra. Os cruzamentos TAMB 139-17 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E são os mais divergentes a nível molecular, já PSC 355 x IAC 26 e TAMB 139-17 x TAMCOT CAMD-E são os mais divergentes a nível morfológico.

REFERÊNCIAS

Abdellatif KF and Soliman YA (2013) Genetic relationships of cotton (*Gossypium barbadense* L.) genotypes as studied by morphological and molecular markers. **African Journal of Biotechnology** 12: 4736-4746.

Arkter T, Islam AKMA, Rasul MG, Kundu S, Khaleqzzaman and Ahmed JU (2019) Evaluation of genetic diversity in short duration cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Journal of Cotton Research** 2: 1-6.

Bernardo R (2002) **Breeding for quantitative traits in plants**. University of Minnesota, Woodbury, 369p.

Bilwal BB, Vadodariya KV, Rajkumar BK, Upadhyay AK and Lahane GR (2017) Genetic diversity of parents using rapd, issr and ssr molecular markers in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Bulletin of Environment, Pharmacology and Life Sciences** 6: 51-57.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Bowman DT, Gutierrez OA, Percy RG, Calhoun DS and May OL (2006) **Pedigrees of upland and pima cotton cultivars released between 1970 and 2005**. Mississippi Agricultural & Forestry Experiment Station, Mississippi, 60p.

Brasil (2002) Instrução normativa MAPA nº 63, de 5 de dezembro de 2002. **Aprova o regulamento técnico de identidade e de qualidade para a classificação do algodão em pluma**. Diário Oficial da União, Brasília, p. 6-8.

Cruz CD, Regazzi AJ and Carneiro PCS (2012) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 514p.

Cruz CD (2013) Genes – a software package for analysis in experimental statistic and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy 35**: 271–276.

Cruz DC, Carneiro PCS and Regazzi AJ (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 668p.

Cruz CD, Ferreira FM and Pessoni LA (2020) **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. UFV, Viçosa, 620p.

Culp TW, Moore RF and Pitner JB (1985) Registration of seven cotton germplasm lines. **Crop Science 25**: 201-202.

Cunha Neto J, Bertini CHCM and Silva APM (2015) Divergência genética entre genitores de algodoeiro de fibras brancas e coloridas. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias 10**: 492-498.

Doyle JJ and Doyle JL (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissues. **Focus 12**: 13–15.

EMBRAPA – Empresa brasileira de pesquisa agropecuária (2014) **Sistema de produção embrapa – cultivo do algodão irrigado**. Disponível em: <<https://www.spo.cnptia.embrapa.br/home>>. Acesso em: 24 setembro, 2020.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Kahodariya J, Sabara P and Vakharia D (2015) Assessment of genetic diversity in old world and new world cotton cultivars using RAPD and ISSR markers. **Indian Journal of Biotechnology** **14**: 511-517.
- Mahalanobis PC (1936) On the generalized distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India** **2**: 49-55.
- Mcpherson R, Lubbers E, Bordelon F and Schwer J (2000) Phytogen psc 355 and psc 952: conventional, early maturing picker varieties. **Proceedings of the Beltwide Cotton Conferences** **1**: 110-113.
- Melo RA, Resende LV, Menezes D, Beck APA, Costa JC, Coutinho AIE and Nascimento AVS (2011) Genetic similarity between coriander genotypes using ISSR markers. **Horticultura Brasileira** **29**: 526-530.
- Milligan GW and Cooper MC (1985) An examination of procedures for determining the number of cluster in a data set. **Psychometrika** **50**: 159-179.
- Miranda MCC, Cardoso DBO, Paiva TS, Farias FJC and Sousa LB (2020) Determining genetic diversity in cotton genotypes to improve variability. **Ceres** **67**: 464-473.
- Moiana LD, Vidigal Filho PS, Gonçalves VMC and Carvalho LP (2015) Genetic diversity and population structure of upland cotton brazilian cultivars (*Gossypium hirsutum* L. raça *latifolium* H.) using SSR markers. **Australian Journal of Crop Science** **9**: 143-152.
- Mojena R (1977) Hierarchical grouping methods and stopping ruler: an evaluation. **The Computer Journal** **20**: 359-363.
- Muhammad RW, Qayyum A, Ahmad MQ, Hamza A, Yousaf M, Ahmad B and Noor E (2017) Characterization of maize genotypes for genetic diversity on the basis of inter simple sequence repeats. **Genetic Molecular Research** **16**: 1-9.

- Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).
- Reddy MP, Sarla N and Siddiq EA (2002) Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. **Euphytica 128**: 9-17.
- Ribeiro LP, Carvalho LP, Farias FJC, Rodrigues JIS, Teodoro PE and Bhering LL (2018) Genetic gains in agronomic and technological traits of elite cotton genotypes. **Bragantia 77**: 466-475.
- Rocha GMG, Cavalcanti JJV, Carvalho LP, Santos RC and Lima LM (2016) Genetic divergence of colored cotton based on intersimple sequence repeat (ISSR) markers. **African Journal of Agricultural Research 11**: 2663-2668.
- Saha S, Jenkins, JN, Wu J, McCarty JC, Gutiérrez OA, Percy RG, Cantrell RG and Stelly DM (2006) Effects of chromosome-specific introgression in upland cotton on fiber and agronomic traits. **Genetics 172**: 1927–1938.
- Santos IG, Teodoro PE, Farias FC, Farias FJC, Carvalho LP, Rodrigues JIS and Cruz CD (2017) Genetic diversity among cotton cultivars in two environments in the state Mato Grosso. **Genetics and Molecular Research 16**: 1-8.
- Singh D (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding 41**: 237–245.
- Smith CW (2003) Registration of tam 94I-25 and tam 94j-3 germplasm lines of upland with improved fiber. **Crop Science 43**: 742-743.
- Smith CW, Hague S, Hequet EF and Jones D (2011) Tamb 139-17 els upland cotton. **Crop Science 5**: 113-117.
- Sundar R, Patil SS, Ranganath HM, Srivalli P, Manjula SM and Pranesh KJ (2014) Genetic diversity analysis in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) based on morphological traits and microsatellite markers. **International Journal of Basic and Applied Biology 1**: 19-22.

Queiroz, Damião Raniere. Universidade Federal Rural de Pernambuco; Março de 2021; Parâmetros genéticos em populações segregantes provenientes de cruzamentos dialélicos em algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch.).

Turchetto C, Turchetto ZAC, Passaia G and Zanella CM (2017) Marcadores genéticos baseados em DNA. In: Turchetto ZAC, Turchetto C, Zanella CM and Passaia G (eds) **Marcadores Moleculares na Era Genômica: Metodologias e Aplicações**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, p. 12-20.

Ulloa M, Abdurakhmonov IY, Perez-M C, Percy R and Stewart JM (2013) Genetic diversity and population structure of cotton (*Gossypium* spp.) of the new world assessed by SSR markers. **Botany 91**: 251–259.

Vasconcelos UAA, Cavalcanti JJV, Farias FJC, Vasconcelos WS and Santos RC (2018) Diallel analysis in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) for water stress tolerance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 18**: 24-30.

Vasconcelos WS, Santos RC, Vasconcelos UAA, Cavalcanti JJV and Farias FJC (2020) Estimates of genetic parameters in diallelic populations of cotton subjected for water stress. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental 24**: 541-546.

Zhao R, Fan JP, Zhang H, Liu YB and Yan GS (2014) Analysis on genetic relationships in lily hybrids based on ISSR molecular markers. **Acta Horticulturae 1035**: 215-222.

Wendel JF, Brubaker C, Alvarez I, Cronn R and Stewart JM (2009) Evolution and natural history of the cotton genus. In Paterson AH (eds) **Genetics and genomics of cotton**. Springer, New York, p. 3–22.

Witt TW, Ulloa M, Pelletier MG, Mendu Y and Ritchie GL (2018) Irrigation's effect and applied selection on the fiber quality of ethyl methanesulfonate (ems) treated upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **Journal of Cotton Research 17**: 1-11.