

Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão⁽¹⁾

Luiz Paulo de Carvalho⁽²⁾, Marcelo Abreu Lanza⁽³⁾, Joel Fallieri⁽³⁾ e José Wellington dos Santos⁽²⁾

Resumo – O conhecimento da diversidade genética entre um grupo de genitores é importante no melhoramento, sobretudo na identificação de combinações híbridas de maior heterozigose e maior efeito heterótico e, portanto, na recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes. Os métodos preditivos de diversidade têm sido muito utilizados porque dispensam a obtenção de combinações híbridas entre os genitores e normalmente usam uma medida de similaridade para avaliar a diversidade entre eles. Foram avaliados 221 acessos do banco ativo de germoplasma de algodão da Epamig, por meio da distância euclidiana média e posterior agrupamento dos indivíduos, de modo a permitir escolhas mais apropriadas de genitores para cruzamentos. Para isso foram consideradas 11 características morfológicas e de fibra. Foi detectada grande diversidade genética entre os 221 acessos reunidos em dez grupos distintos. A maior distância euclidiana (4,36) ocorreu entre os acessos S 8186 e T-295-1-1 e a menor (0,25) entre os acessos TX CACES 1-81 e TX CDPS 177.

Termos para indexação: *Gossypium*, variação genética, genitores, hibridação, método de melhoramento.

Analysis of the genetic diversity among accessions of cotton germplasm collection

Abstract – The knowledge of the genetic diversity among groups of parents is important to plant breeding mainly in the identification of hybrid combinations that show more heterozygosity and higher heterotic effect, and in the recovering of greater genotypes in segregating generations. The predictive methods of diversity have been used considerably because they discard the obtainment of hybrid combinations between parents. They often use a measure of similarity to evaluate the diversity, such as the euclidean distance. In this work 221 accessions of germplasm collection belonging to Epamig were evaluated using the euclidean distance and later grouping the accessions to get an alternative criterion to choose parents for hybridization. Eleven morphological and fiber traits were considered. A great diversity among the 221 accessions was observed and they were clustered in 10 groups. The largest euclidean distance mean obtained (4.36) was between the S 8186 and T-295-1-1 accessions and the smallest (0.25) between the TX CACES 1-81 and TX CDPS 177 accessions.

Index terms: *Gossypium*, genetic variation, parents, hybridization, breeding methods.

Introdução

O conhecimento da diversidade genética entre um grupo de genitores é importante no melhoramento, sobretudo para identificar combinações híbridas de maior heterozigose e de maior efeito heterótico. Tomando-se por base essas combinações, a proba-

bilidade de se recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes é maior. O uso de genitores com insuficiente diversidade genética na formação de populações para hibridação reduz a variabilidade genética quanto aos caracteres quantitativos (Fehr, 1987). Maurya & Singh (1977) comentam que os genitores com ampla diversidade genética devem ser usados para produzir melhores tipos segregantes.

Os métodos preditivos de diversidade genética têm sido bastante utilizados, sobretudo pelo fato de que, ao se basearem em diferenças morfológicas e fisiológicas dos genitores, dispensam a obtenção das combinações híbridas entre eles, o que é vantajoso, especialmente quando o número de genitores cujas diversidades se deseja conhecer é elevado. Entre os

⁽¹⁾ Aceito para publicação em 25 de julho de 2003.

⁽²⁾ Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Algodão, Caixa Postal 174, CEP 58107-720 Campina Grande, PB. E-mail: lpaulo@cnpa.embrapa.br, jwsantos@cnpa.embrapa.br

⁽³⁾ Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Caixa Postal 351, CEP 38001-970 Uberaba, MG. E-mail: mlanza@epamiguberaba.com.br, fallieri@zaz.com.br

métodos preditivos estão aqueles que quantificam a diversidade por meio de medidas de dissimilaridade, entre as quais encontra-se a distância euclidiana. Considerando-se essas medidas, aplicam-se métodos aglomerativos, estudando-se a diversidade entre os materiais avaliados. A distância generalizada de Mahalanobis e a euclidiana têm sido as mais utilizadas, a primeira necessitando de repetições para ser estimada. A distância euclidiana pode ser estimada tomando-se por base dados sem repetições, como é o caso de dados oriundos do banco ativo de germoplasma, tornando-se viável a sua aplicação. No caso de bancos de germoplasma, o número de acessos é relativamente grande e os dados são coletados, geralmente, no campo, em fileiras simples, sem repetições.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética dos acessos de algodão do banco ativo de germoplasma da Epamig, de modo a permitir escolhas mais apropriadas de genitores para cruzamentos.

Material e Métodos

Em 1998 foi instalado na Fazenda Experimental de Gortuba, da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Município de Porteirinha, MG, um experimento composto de 221 acessos do gênero *Gossypium*. Cada acesso foi semeado em fileira de 10 m, sem repetições, no espaçamento de 1,00 x 0,40 m. Foram avaliadas as seguintes características: porcentagem de fibra, índice de fibra (g), comprimento de fibra (2,5% mm), índice de uniformidade de fibra (%), resistência de fibra (índice Pressley), finura de fibra (índice micronaire), altura de planta (cm), precocidade de maturação (dias), altura do primeiro ramo frutífero (cm), número de ramos frutíferos e número de ramos reprodutivos. Os caracteres de fibra foram determinados em uma amostra de 20 capulhos coletados de cada acesso, na colheita; os demais caracteres, como altura de planta, altura do primeiro ramo frutífero, número de ramos vegetativos e número de ramos reprodutivos, foram avaliados utilizando-se a média de 10 plantas ao acaso.

Inicialmente, com os dados dos 221 genótipos e as 11 variáveis, foram calculadas as distâncias euclidianas médias entre cada par de genótipo, do seguinte modo:

$$x_{ij} = X_j / S(X_j)$$

em que $S(X_j)$ é o desvio-padrão dos dados do j -ésimo caráter; então

$$d_{ii'} = \sqrt{1/n \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

em que $d_{ii'}$ é a distância euclidiana média baseada em dados padronizados e n é o número de caracteres analisados. Obteve-se, assim, uma matriz de distância $p \times p$, em que $p = 221$; em seguida aplicou-se o método aglomerativo do vizinho mais próximo na tentativa de se estabelecer um dendrograma que pudesse estabelecer grupos de genótipos. Utilizou-se o Proc Cluster do SAS, versão 8.2 (SAS Institute, 2000). Posteriormente, selecionaram-se de três a quatro genótipos de cada um dos grupos formados e, ainda, os dois mais e menos divergentes na análise inicial para um novo cálculo de distância euclidiana média e posterior agrupamento, perfazendo o total de 38 acessos, numa segunda análise, mantendo-se, nestes, a variabilidade presente entre os acessos iniciais. De posse da nova matriz de distância euclidiana média, agruparam-se os 38 acessos pelo método do vizinho mais distante.

Resultados e Discussão

O resumo dos resultados do agrupamento inicial dos 221 acessos feito pelo método do vizinho mais próximo está apresentado na Tabela 1. O dendrograma resultante desta análise não pode ser apresentado em virtude do elevado número de acessos, contudo, é apresentado na Figura 1 um dendrograma menor com a análise de 38 acessos em que tentou-se manter a variabilidade presente nos 221 acessos iniciais. Os acessos são principalmente de *Gossypium hirsutum* L., de *G. barbadense* L., em menor número, e de derivados de materiais silvestres, como os que foram sintetizados para resistência ao bicudo, isto é T-277-2-6, T-295 e outros, de acordo com Lukefahr & Vieira (1986). A análise realizada considerou todos os acessos a fim de se conhecer a extensão da diversidade genética entre eles. Pela Tabela 1, constata-se grande diversidade entre os acessos, revelada pelos dez grupos apresentados. Os materiais do grupo 10 são os mais divergentes pois foram aqueles que apresentaram as maiores distâncias em relação à maioria dos genótipos, como pode ser observado na Tabela 2. Os materiais do grupo 10, T-295, duas linhas dele derivadas (T-295-1-1 e T-295-5-2) e o T-277-13-2, foram selecionados para resistência ao bicudo do algodoeiro e derivam de acessos primitivos

Tabela 1. Grupos formados pelo primeiro agrupamento dos 221 genótipos de *Gossypium* spp.

		Grupo 1	
TX CACES 1-81	TX CDPS 177	137 F	3996
TX-LEBOS 1-81	MG-82570	C-25-6-79	Paymaster 303
73	Thorpe	(G4009 x G45570)F4b	4S 180
SS 186	La DASS 5194	S 6046	T-7538
Tamcot SP 21	T-8688	V-79-099	6111
DPL 16 Ne AD3	C-65-7-80	V-79-090	V-79-093
C-97-2-81	153-7	-	-
		Grupo 2	
TX CAMAS 1-81	V 79-098	TX CARBORS 482	TH 458
Tashkent 2	SL-26-691	Stoneville 7A Ne	Stoneville 213
SL-7-Sm6	SL-15-60223	SL-156160	SL-15-43273
HD-3	3279	6396	Acala Greeg 25V
G 002-7-11	Auburn FG-277	BJ 3127	C-1211
HG-17-1-81	SS-153	Lasani II	-
		Grupo 3	
BJ 3136	BJ 3137	BJ 3146	4459
OSF	SL-1(15-43273)	M-73130 (SM3)	SL-23-61142
SL-15-60225	SL-9-72158	SL-15-82215	SL-26-691
SL-2	SL-22-2223	SL-22-61131	SL-9-6142
SL-8-2	SATU 65	SL-23-72187	SL-3-1554
SU-01	-	-	-
		Grupo 4	
Auburn 566 RNR	Auburn FG-16	Coker 310	Empire WR
Coker 3131	Coker Car Queen	Empire Glandless	BJ 3144
Coker 220	BJ 1304 V 18B-15	C-23-8-78	BJ 3141
DPL Sm Nectl.	SL-8-1	SL-26-64142	SL-7-Sm6
SL-9-6135	SL-21-62196	SL-9-6132	SL-826-67157
SS-200	V 78-151	-	-
		Grupo 5	
4521	74-HG 404	149 F	GLN 1
Des 24-8-Okra	HD-2	BJ 3191	Des 56 Ne
Pee Dee 8619	La 453 RKR	Pee Dee 695	SK 32
SL-23-7013	SL-23-6879	SL-7-6662	Tashkent 1
Pee Dee 875	SL-23-66133(Sm2)	Stoneville 7A	Reba B-50
SL-23-70132	SL-23-73602	SL-23704	SL-26-6428
SL-23-72001	SL-3	SL-21-82691	SL-23-7220
SL-5(3-5600)	Pee Dee 0113	SL-26-64209	-
		Grupo 6	
(H 4016x5690) F4b	IPEACO	C-28-8-80	C-97-2-80
Delcot 311	C-94-2-80	C-23-3-78	DPL 16Ne AD3
La DASS 5187	La DASS 5175	La DISIS 1213	JPM 782-459-3
Paymaster 1764	C-55-2-80	Sinwalt 82	SL-23-6680
SL-23-66133(Sm4)	V-79-053	Stoneville 731-N	T-7044
Tamcot 788	V-79-086	V-79-097	V-79-059
TX-CABUCS 1-81	FX-CARBORS-482-Fg	SL-23-61143	V-79-087
V-79-065	TX CAHUS 31-82	-	-
		Grupo 7	
V 79-094	V 79-120	V 79-109	V 79-100
V 79-092	V 79-088	V 79-091	V 79-089
2421	V 79 058	SL-25-62275	SL-23-7022
Super Okra Compacta	Stoneville 256	Tamcot SP 37	Tamcot CAMDE
N 9311	La 434 RKR	S 5303 PD 00113	Des 24-8
HG-DDS-N-11	JPM 781-78-3	Lankburn	-
		Grupo 8	
108F	138F	1656-71-5C-2	BJ 3123
BJ 3134	BJ 3138	Acala-4-42-A	SLH-6475
Coker 417	BP 52NC 63	HG-NC-SM-10-7	S 8186
SL-18-61114	SL-24-82885	V 79-117	SL-26-6744
SL-2664304	SU 0450-8909	SS-207	Stoneville 7
Upright short fruit branch	BJ 3139	T 705	-
		Grupo 9	
Albar 627	Allen 333/57	AH (67) M	BJ 3129
BJ 592	CA (68) 36	Carmak	Dendera
Giza 75	Giza 80	SL-26-70124	T 25
T-277-2-6	T-277-5-3	T-295-11-4	T-295-14-1
T-295-6-2	V 79-096	-	-
		Grupo 10	
T-295-1-1	T-295-5-2	T-295	T-277-13-2

Distância euclidiana média máxima: 4,36 (Acessos S 8186 e T-295-1-1)

Distância euclidiana média mínima: 0,25 (Acessos TX CACES 1-81 e TX CDPS 177)

vos de algodão, segundo Jenkins et al. (1978), Lambert et al. (1980) e McCarty et al. (1982). Assim também outros materiais derivados de T-277 e do

T-295, constantes do grupo 9 e que apresentam grandes distâncias euclidianas em relação aos demais (Tabela 2). Todos esses acessos, com a sigla T, são

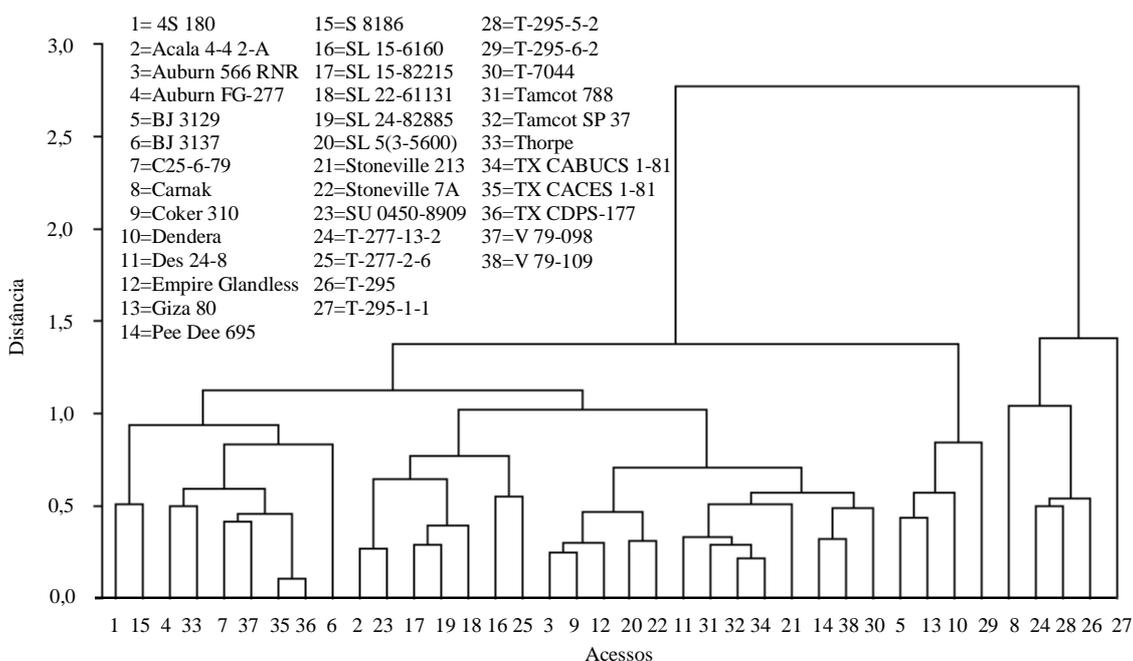


Figura 1. Agrupamento dos acessos de algodão pelo método do vizinho mais distante, com base na diversidade genética expressa pela distância euclidiana média.

Tabela 2. Genótipos mais divergentes entre os 221 acessos baseados na distância euclidiana média, na análise inicial.

Genótipos	Distância	Genótipos	Distância
T-295-1-1 e demais	(1,87 a 4,36) ⁽¹⁾	T-277-2-6 e 1656-71-5-C2	2,36
T-295-5-2 e demais	(1,01 a 3,49) ⁽¹⁾	T-295 e C-65-7-80	3,09
Carnak e demais	(1,54 a 3,56) ⁽¹⁾	T-295 e S 8186	3,08
T-295 e demais	(1,01 a 3,14) ⁽¹⁾	T-295 e (G4009 x G4570)F4b	3,14
T-277-13-2 e demais	(0,94 a 3,2) ⁽¹⁾	T-277-13-2 e C-97-2-81	3,20
4S 180 e T-277-13-2	3,00	T-277-13-2 e C-65-7-80	3,14
AH (67) M e 1656-71-5 C-2	2,55	T-277-5-3 e (G 4009 x G 4570) F4b	2,49
AH (67) M e C-97-2-81	2,51	T-277-5-3 e V 79-117	2,48
Albar 627 e 1656-71-5 C-2	2,35	T-295-11-4 e (G 4005 x G 4570) F4b	2,52
Allen 333/57 e 1656-71-5-2	2,36	T-295-14-1 e S 8186	2,46
Allen 333/57 e V 79-117	2,53	T-295-14-1 e (G 4009 x 64577) F4b	2,62
T 295 e BJA 3129	2,44	T-295-14-1 e C-65-7-80	2,67
C-97-2-81 e T-227-13-2	3,20	T-295-14-1 e C-97-2-81	2,72
C-23-3-78 e T-277-13-2	2,59	T-295-6-2 e (G 4009 x 64570) F4b	2,71
108 F e Giza 80	2,37	T-295-6-2 e C-97-2-81	2,71
108 F e T-277-13-2	3,07	T-295-1-1 e S 8186	(4,36) ⁽²⁾
108 F e SL-26-70124	2,47	T-295-5-2-e (G 4009 x G 4570) F4b	(3,49) ⁽²⁾
T-7538 e T-295	2,90	Carnak e C-97-2-81	(3,56) ⁽²⁾
T-295 e Stoneville 213	2,68	T-295 e (G 4009 x G 4570) F4b	(3,14) ⁽²⁾
		T-277-13-2 e C-97-2-81	(3,20) ⁽²⁾

⁽¹⁾Distâncias entre o acesso mencionado e o genótipo mais próximo e o mais distante; a maioria das distâncias mínimas é menor que 2,0. ⁽²⁾Distância máxima entre cada acesso do grupo 10.

originários do Estado do Texas nos EUA, têm em sua genealogia materiais silvestres e ficaram reunidos em grupos mais divergentes (9 e 10) dos grupos iniciais, mostrando serem, como se esperava, os mais divergentes. É evidente que outras análises, considerando-se maior número de variáveis, poderiam subdividir mais os grupos apresentados.

A diversidade genética entre populações pode ser avaliada por meio de estudos genealógicos, diversidade ecogeográfica, análise dialéctica com inclusão dos genitores e da análise multivariada, segundo Morais (1992). A falta de registros de ancestrais dificulta o estudo da diversidade por meio de estudos genealógicos. Associações entre diversidade parental e performance da progênie não têm sido bem documentadas em algodão (*G. hirsutum* L.), conforme Gutierrez et al. (2002). Os autores encontraram correlações entre caracteres agronômicos e de fibra da geração F₂ com as distâncias genéticas dos genitores, as quais variaram de positivas a negativas, dependendo do caráter, do genótipo utilizado e do ambiente. Quando genitores contrastantes eram usados no cruzamento, havia maior eficiência na predição da performance da geração F₂ quanto a caracteres agronômicos e de fibra. Esbroeck et al. (1999) não encontraram relação entre parentesco e medidas de similaridade. Singh & Bains (1968) constataram, em relação ao algodoeiro, que não houve relação entre diversidade genética e geográfica, pois variedades de mesma origem geográfica ficaram em grupos distintos, e atribuíram este fato à seleção e adaptação realizadas nessas populações. Resultados semelhantes em algodoeiro foram obtidos por Amalraj (1982) e Singh & Gill (1984).

Não é possível correlacionar a diversidade entre os materiais, mostrada pelos dez grupos da Tabela 2, com a sua genealogia, que é desconhecida. Embora cultivares sintetizadas em diferentes localidades ou países apareçam juntas em alguns grupos, cultivares pertencentes a essas mesmas origens se distribuem indistintamente nos grupos, mostrando a importância da seleção e da adaptação dessas cultivares para a sua diversidade. Assim, por exemplo, cultivares de sigla SL desenvolvidas pela Epamig em Sete Lagoas, MG, se distribuem em nove dos dez grupos formados.

Deve-se, contudo, mencionar a importância da genealogia na formação de alguns grupos, como é o caso dos grupos 9 e 10, mais divergentes, que reúnem genótipos originários de materiais silvestres e selecionados para resistência ao bicudo do algodoeiro. McCarty & Jenkins (2002), ao sintetizarem novas linhas a partir de materiais primitivos cruzados com Deltapine 16, comentam que os acessos derivados são reservatórios de diversidade genética e que devem ser explorados por melhoristas para aumentar a base genética do algodoeiro. Do mesmo modo, as linhas mais divergentes neste trabalho, constantes do grupo 10 e aquelas com a mesma sigla T do grupo 9, foram desenvolvidas pelos mesmos autores a partir também de materiais primitivos cruzados com Deltapine 16. Estas linhas, a exemplo do que sugerem os autores no primeiro caso, têm mostrado grande diversidade, que pode ser usada nos programas de melhoramento, como mostram os resultados deste trabalho, pela total diversidade de quase todos os materiais da coleção. Carvalho et al. (1996) relatam linhagens com alto potencial produtivo obtidas do cruzamento desses materiais de origem silvestre com outros adaptados.

Em uma primeira análise, o intercruzamento dos acessos dos diferentes grupos poderia ser promissor nos trabalhos de melhoramento, em virtude da diversidade entre grupos, mas se deve levar em consideração o potencial per se de cada acesso, sobretudo do rendimento, que não foi avaliado neste trabalho, e outras características desejáveis no melhoramento do algodoeiro; além disso, a origem de cada acesso deve, em termos específicos, ser considerada.

Levando-se em conta as distâncias euclidianas médias indicadas na Tabela 2, vê-se que os genitores mais divergentes foram T-295-1-1, T-292-5-2 e Carnak, os quais apresentaram as mais elevadas distâncias em relação a quase todos os acessos. A maioria dessas situou-se entre 2,0 e 4,36. No agrupamento apresentado na Tabela 1, esses materiais permaneceram nos grupos mais divergentes, ou seja, 9 e 10. Considerando-se a análise feita com 38 genótipos, os resultados são semelhantes, conforme a Figura 1, na qual se verifica que o grupo mais divergente permaneceu como o grupo 10 da análise inicial da Tabela 1,

ou seja, com os mesmos acessos. O dendrograma com os 221 acessos é muito semelhante ao da Figura 1, em que também se pode dividir os acessos em 10 grupos. Outros pares de acessos mostraram-se também bastante divergentes, como apresentado na Tabela 2, e em muitos deles um elemento do par é material de origem silvestre selecionado para resistência ao bicudo. Dependendo de outros caracteres importantes para o melhoramento do algodoeiro, como o rendimento, e caso os genótipos sejam da mesma espécie, os cruzamentos podem ser promissores, com possibilidade de recuperação de tipos superiores nas gerações segregantes.

O melhoramento genético do algodoeiro visa ao aumento do rendimento de fibras, maturação precoce, adaptação à colheita mecanizada, resistência a pragas e doenças e boas qualidades tecnológicas da fibra (Poehlman, 1959). O objetivo final é a obtenção de alto rendimento de fibra e boa qualidade tecnológica. As características apresentadas na Tabela 3 são importantes no melhoramento do algodoeiro; os dados permitem verificar a extensão da variabilidade nestes caracteres pois são apresentados os acessos com maior e menor valor em cada um

deles, os quais podem ser utilizados como genitores contrastantes, para estudos de análise genética desses caracteres. A porcentagem de fibra variou de 26,4% no genótipo Super Okra Compacto, a 41,7% no genótipo BJ 3127. Quanto ao número de ramos frutíferos por planta, o genótipo T-295 foi o que apresentou o maior valor (18,0). Os acessos com a maior resistência de fibra foram V-79-117 e 4S 180, com 28,0 de índice Pressley, e os genótipos com menores valores foram GH-17-1-81, com 17,8, Coker 3131 e Tamcot SP 21, com valores de 18,1. Quanto à precocidade de maturação em número de dias, o menor valor foi de 93 dias para acessos como Tashkent 2, S 8186, SS 153 e 4S 180. O genótipo mais tardio quanto à maturação foi o T-295, com 111 dias, considerando a média de seis linhagens dele derivadas. A altura de inserção do primeiro ramo frutífero variou de 18,6 cm do genótipo 1666-71-5-C2 a 49,8 cm do CA (68) 36. Vários genótipos apresentaram índice de fibras curtas com valores menores que 3,8%; o menor valor foi do acesso T-295-5-2 (2,7%). A altura de plantas variou de 2,25 m, máxima para o acesso T-295, até 0,77 m, mínima para o 1656-71-5C-2, e nos outros genótipos de 1,23 a 1,25 m.

Tabela 3. Acessos de *Gossypium hirsutum* spp. analisados, que apresentam maiores e menores médias quanto à porcentagem de fibra (PF), índice de fibras curtas (%), IFC), índice Pressley (IP), número de ramos vegetativos por planta (NMRVP), altura de plantas (cm, AP), precocidade de maturação (dias, PM), inserção do primeiro ramo frutífero (cm, IPRF) e número médio de ramos frutíferos por planta (NMRFP).

Acesso	PF	Acesso	IFC	Acesso	IP	Acesso	NMRVP
(BJ) 3127 ⁽²⁾	41,7	SL 2-4-82 885	3,8	(V-79-117) ⁽²⁾	28,0	(BJ 3129) ⁽¹⁾	1,0
TX Caces 1-81	40,3	108 F	3,8	4S 180	28,0	BJ 3127	1,2
SL 26-691	40,0	T-295-6-2	3,7	Giza 75	27,3	BJ 3229	1,2
153-7	39,8	SL-18-61114	3,7	Carnak	26,5	C 121-1	1,0
La DASS 5194	39,6	2421	3,5	153-7	26,0	Coker 310	1,2
TX CDPS 177	39,8	T-295	3,4	T-277-2-6	26,0	SL-34	1,0
153-7	39,8	T-295-1-1	3,0	Lasani II	25,9	SS-186	1,2
TX CARBOSR 482 Fg	39,2	(T-295-5-2) ⁽¹⁾	2,7	Dendera	26,2	SL-26-64-209	1,4
BJ-3136	40,0	U.S. Fruit. Branch	3,8	(GH-17-1-81) ⁽¹⁾	17,8	T-86-88 e outros	1,4
(Super Okra Compacto) ⁽¹⁾	26,4	(Auburn FG-277) ⁽²⁾	7,1	(Tamcot SP 21)	18,1	(T-295-1-1) ⁽²⁾	7,0
Acesso	AP	Acesso	PM	Acesso	IPRF	Acesso	NMRFP
3996	1,25	Auburn FG-277	106	SL-15-60223	45,0	(T-295) ⁽²⁾	18,0
108 F	1,25	BJ 3129	105	[CA (68) 36] ⁽²⁾	49,8	T-295-1-1	18,0
Des 24-8	1,25	BP 52 NNC 63	105	Carnak	46,8	V-79-095	17,0
Paymaster 1764	1,25	CA (68) 36	105	Coker 417	42,4	T-295-5-2	17,0
SL-22-2223	1,25	Dendera	106	SL-26-701224	44,2	T-295-6-2	16,4
4 S 80	1,24	Giza-75	110	SL 3-1554	43,8	T-277-5-3	15,2
Des 56-Ne	1,24	Giza-80	106	SL 9-72158	42,0	BJA 592	15,2
TH 458 e outros	1,23	T-2775-3	106	T-277-13-2	44,0	Allen 333/57	15,2
(T-295) ⁽²⁾	2,25	(T-295) ⁽²⁾	111	T-295-1-1	43,8	138-F	15,0
(1656-71-5C-2) ⁽¹⁾	0,77	(Tashkent 2 e outros) ⁽¹⁾	93	(1666-71-5-C2) ⁽¹⁾	18,6	(V-79-091) ⁽¹⁾	8,4

⁽¹⁾Valor mínimo da característica. ⁽²⁾Valor máximo da característica.

Conclusões

1. Existe grande diversidade genética entre os acessos avaliados.
2. Os acessos se agrupam em dez grupos distintos, independentemente de sua origem.
3. Os acessos de origem silvestres selecionados para resistência ao bicudo são os mais divergentes.

Referências

- AMALRAJ, S. F. A. Genetic divergence in *Gossypium hirsutum* L. **Genetic Agriculture**, Bangalore, v. 36, p. 23-30, 1982.
- CARVALHO, L. P. de; LUKEFAHR, M. J.; FARIAS, F. J. C.; VIEIRA, R. de M.; MOREIRA, J. de A. N.; COSTA, J. N. da. Seleção de algodoeiro com resistência ao bicudo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 3, p. 195-199, mar. 1996
- ESBROECK, G. A. van; BOWMAN, D. T.; MAY, O. L.; CALHOUN, D. S. Genetic similarity indices for ancestral cotton cultivars and their impact on genetic diversity estimates of modern cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 2323-2328, 1999.
- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. 536 p.
- GUTIERREZ, O. A.; BASU, S.; SAHA, S.; JENKINS, J. N.; SHOEMAKER, C. L.; CHEATHM, C. L.; McCARTY, J. C. Genetic distance among selected cotton genotypes and relationship with F₂ performance. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1841-1847, 2002.
- JENKINS, J. N.; PARROT, J. C.; McCARTY, J. C.; EARNHARDT, T. **Evaluation of primitive races of *Gossypium hirsutum* L. for resistance to boll weevil**. Washington: United States Department of Agriculture, 1978. 13 p. (Technical Bulletin, 91).
- LAMBERT, L.; JENKINS, J. N.; PARROTT, W. L.; McCARTY, J. C. Evaluation of foreign and domestic cotton cultivars and strains for boll weevil resistance. **Crop Science**, Madison, v. 20, p. 804-806, 1980.
- LUKEFAHR, M. J.; VIEIRA, R. M. New sources of boll weevil resistance in primitive races stocks of *Gossypium hirsutum*. In: BELTWISE COTTON PRODUCTION RESEARCH CONFERENCE, 1986, Las Vegas. **Proceedings...** Memphis: National Cotton Council, 1986. p. 493-495.
- McCARTY, J. C.; JENKINS, J. N. Registration of 16 day length-neutral flowering primitive cotton germplasm lines. **Crop Science**, Madison, v. 42, p. 1755-1756, 2002.
- McCARTY, J. C.; JENKINS, N.; PARROTT, W. L. Partial suppression of boll weevil oviposition by a primitive cotton. **Crop Science**, Madison, v. 22, p. 490-492, 1982.
- MAURYA, D. W.; SINGH, D. P. Genetic divergence in rice. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, Calcutta, v. 37, p. 395-402, 1977.
- MORAIS, O. P. **Avaliação do potencial para fins de melhoramento genético, de uma população de arroz oriunda de intercruzamento de variedades, usando-se macho-esterilidade**. 1992. 255 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1992.
- POEHLMAN, J. M. Breeding cotton. In: POEHLMAN, J. M. **Breeding field crops**. 2nd ed. Westport: Avi, 1959. 724 p.
- SAS INSTITUTE (Cary, Estados Unidos). **SAS/STAT user's guide**. Cary, 2000. CD-ROM.
- SINGH, R. R.; BAINS, S. S. Genetic divergence for ginning advance in upland cotton. **Indian Journal of Agricultural Science**, New Delhi, v. 351, p. 209-213, 1968.
- SINGH, T. H.; GILL, S. S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. **Indian Journal and Plant Breeding**, New Delhi, v. 44, p. 506-513, 1984.