

# Divergência genética e índice de seleção via BLUP em acessos de algodoeiro para características tecnológicas da fibra<sup>1</sup>

Maria Aparecida Vilela de Resende<sup>2</sup>, Joelson André de Freitas<sup>3</sup>,  
Marcelo Abreu Lanza<sup>4</sup>, Marcos Deon Vilela de Resende<sup>5</sup>, Camila Ferreira Azevedo<sup>5</sup>

## ABSTRACT

Genetic divergence and BLUP selection index for fiber traits in cotton accessions

Technological cotton fiber traits are essential for the quality and remuneration of its products. This study aimed to estimate the genetic divergence among cotton accessions and assort the best ones, based in a selection index combining all the important traits. A total of 248 cotton accessions were evaluated using multivariate analysis (Mahalanobis distance and Tocher grouping) and a selection index based in average rank via mixed models (REML/BLUP). The Tocher grouping analysis enabled the structuring of the accessions population by allocating them into 14 divergent groups. Selective accuracies were high for all traits, ranging from 0.89 to 0.94, indicating a favorable scenario for selection. Genetic correlations among the six traits were moderate to low, making impossible the breeding of a trait, via indirect selection, in another. The simultaneous selection for fiber traits, concerning the Mulamba and Mock selection index, showed to be promising. The best accessions for the six traits were simultaneously the 4S180, C96480, Giza75, 196Lasani11, Brown Egyptian, Early Fluff 316, C268-80 and 207MG-82607.

KEY-WORDS: *Gossypium hirsutum* L.; cotton breeding; multivariate analysis.

## RESUMO

As características tecnológicas da fibra do algodoeiro são determinantes da qualidade de seus produtos e de sua remuneração. Este trabalho objetivou estimar a divergência genética entre acessos de algodoeiro e ordenar os melhores, com base em um índice de seleção combinando todas essas características de interesse. Foram avaliados 248 acessos de algodoeiro, empregando-se análise multivariada (distância de Mahalanobis e agrupamento de Tocher) e índice de seleção baseado em *rank* médio via metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). A análise de agrupamento de Tocher permitiu a estruturação populacional dos acessos, resumindo-os em 14 grupos divergentes. As acurácias seletivas foram altas para todas as características avaliadas, variando de 0,89 a 0,94, indicando situação favorável à seleção. As correlações entre as seis variáveis apresentaram magnitudes moderadas a baixas, não sendo possível o melhoramento de uma característica, via seleção indireta, em outra. A seleção simultânea para as características de fibra, com base no índice de seleção de Mulamba e Mock, mostrou-se promissora. Os melhores acessos para as seis variáveis, simultaneamente, foram 4S180, C96480, Giza75, 196Lasani11, Brown Egyptian, Early Fluff 316, C268-80 e 207MG-82607.

PALAVRAS-CHAVE: *Gossypium hirsutum* L.; melhoramento de algodão; análise multivariada.

## INTRODUÇÃO

O algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) é uma das principais culturas anuais, no Brasil, e a eficiência de seu sistema de produção depende de esforços do melhoramento genético, visando à oferta de cultivares cada vez mais especializadas e competitivas, em termos de produtividade e qualidade de seus produtos. Nesse contexto, a avaliação genética, caracterização e seleção de germoplasmas superiores são etapas

fundamentais em um programa de melhoramento, com vistas a disponibilizar cultivares competitivas ao mercado (Penna 2005).

As características tecnológicas da fibra de algodão, tais como percentagem de fibra, índice de fibras, comprimento (SL 2,5%), uniformidade do comprimento, resistência (índice de Pressley) e finura (índice *micronaire*), são caracteres importantes para o melhoramento genético do algodoeiro, pois são determinantes da qualidade de seus produtos e de

1. Trabalho recebido em out./2013 e aceito para publicação em set./2014 (nº registro: PAT 26957).

2. Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG), Unidade de Ubá, Ubá, MG, Brasil. E-mail: tida@nortecnet.com.br.

3. Nunhems - Bayer Crop Science, Setor de Melhoramento Vegetal, Campinas, SP, Brasil. E-mail: joelson.freitas@bayer.com.

4. Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig), Divisão de Pesquisa Vegetal, Belo Horizonte, MG, Brasil.

E-mail: mlanza@epamig.br.

5. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Estatística, Viçosa, MG, Brasil.

E-mails: marcos.deon@gmail.com, camila.azevedo@ufv.br.

sua remuneração. Assim, torna-se relevante a avaliação genética de acessos e populações, para essas variáveis, visando a agrupar acessos semelhantes e redundantes, estimar a divergência genética entre eles e ordenar os melhores, com base em um índice de seleção combinando todas essas características de interesse.

Freitas et al. (1999) realizaram a caracterização morfológica de um extenso conjunto de germoplasma, porém, não estudaram a divergência genética e tampouco as correlações entre as características dos acessos avaliadas. Carvalho et al. (2003) estudaram a diversidade genética entre acessos de algodoeiro, porém, não estimaram seus valores genotípicos e correlações genéticas entre caracteres e não realizaram seleção. Zeng et al. (2013) analisaram características da fibra em populações  $F_2$ , envolvendo 14 genitores de algodoeiro. Os resultados indicaram potencial de melhoramento genético simultâneo, para vários caracteres.

O melhoramento da qualidade das fibras de algodoeiro tem sido abordado, também, com o auxílio de marcadores moleculares. Foram identificados 65 locos de caracteres quantitativos (QTLs) para características das fibras e 51 QTLs para caracteres da produção, com média de 8-12 QTLs por caractere, distribuídos em todos os 26 cromossomos (Yu et al. 2013). Esses resultados revelaram forte controle genético das características, reforçando a importância de estudos genéticos com algodoeiro. A diversidade genética do germoplasma do algodoeiro também tem sido estudada via marcadores moleculares, assim como a resistência a doenças (Fang et al. 2013, Li et al. 2013).

Via de regra, os programas de melhoramento genético contam com grande número de acessos, em seu banco ativo de germoplasma. Assim, as caracterizações morfológicas e/ou agrônômicas desses acessos e o estudo da diversidade genética entre eles, bem como as estimativas de seus valores genotípicos, constituem valor prático de grande ordem, no processo de escolha de genitores a serem avançados e/ou cruzados, para a obtenção de genótipos superiores.

Este trabalho objetivou estimar a divergência genética e valores genéticos e realizar a seleção em acessos de algodoeiro, para características tecnológicas da fibra.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 248 acessos de algodoeiro do banco ativo de germoplasma da Empresa de Pesquisa

Agropecuária de Minas Gerais (Epamig), para caracteres (percentagem e índice de fibras) e características tecnológicas da fibra: comprimento (SL 2,5%), uniformidade de comprimento, resistência (índice de Pressley) e finura (índice *micronaire*) da fibra.

As avaliações foram realizadas no Centro Tecnológico do Norte de Minas, na fazenda experimental do Gorutuba, município de Nova Porteirinha (MG), com avaliação de 1995 a 1998.

Os genótipos foram semeados em sulcos adubados com 300 kg ha<sup>-1</sup> da formulação 4-30-16 + Zn, em fileiras duplas de 5 m, e raleados para 5 plantas m<sup>-1</sup>. As características tecnológicas das fibras foram avaliadas em laboratório, empregando-se o delineamento experimental inteiramente ao acaso, com duas repetições, tomadas em quatro plantas distintas por acesso, sendo duas plantas oriundas de cada fileira da parcela experimental. Os detalhes experimentais, nomes dos acessos e resultados da caracterização morfológico-agronômica foram apresentados por Freitas et al. (1999).

Os dados foram, inicialmente, submetidos à análise estatística, via REML/BLUP, para estimar os valores genéticos, sendo esses empregados em métodos multivariados, estimando-se as distâncias genéticas entre acessos por meio da estatística Distância Generalizada de Mahalanobis. Essas distâncias foram submetidas à análise de agrupamento, pelo método de Tocher.

Os grupos gerados, representados por diferentes números de acessos, foram submetidos à análise REML/BLUP, de onde foram estimados os valores genotípicos para cada grupo, para as seis variáveis. Esses valores foram utilizados para a composição do índice de seleção de *rank* médio de Mulamba e Mock, o qual não demanda informações sobre pesos econômicos das características. Esses pesos, apesar de potencialmente importantes, não estão disponíveis para a cultura do algodoeiro. Detalhes desses procedimentos estão descritos em Cruz & Regazzi (1994) e Resende (2002, 2007).

Também foram estimadas as correlações genéticas entre as diferentes características de produtividade e qualidade tecnológica da fibra, utilizando-se o programa Selegen-Reml/Blup (Resende 2002).

O modelo estatístico para a avaliação genética dos grupos de acesso equivaleu a  $y = Xu + Zg + e$ , em que  $y$ ,  $u$ ,  $g$  e  $e$  são vetores de dados, do efeito da média geral (fixo), do efeito genotípico (aleatório) e de erros aleatórios, respectivamente, e  $X$  e  $Z$  as

matrizes de incidência para  $u$  e  $g$ , respectivamente.

As equações de modelo misto empregadas para a estimação da média geral e predição de valores genéticos equivaleram a

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{u} \\ \hat{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

em que  $I$  é uma matriz identidade,  $\sigma_g^2$  a variância genotípica e  $\sigma_e^2$  a variância residual.

Segundo o modelo apresentado, os estimadores REML, pelo algoritmo EM, para a obtenção das estimativas dos componentes de variância  $\sigma_g^2$  e  $\sigma_e^2$ , foram:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{b}'X'y - \hat{g}'Z'y] / [N - r(X)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \sigma_e^2 \text{tr } C^{22}] / N_g,$$

em que  $N_g$  é o número de elementos aleatórios (indivíduos);  $I$  a matriz identidade;  $\text{tr}$  o operador traço matricial, dado pela soma dos elementos da diagonal da matriz;  $N$  o número total de dados;  $r(X)$  o posto ou número de colunas linearmente independentes de  $X$ ; e  $C^{22}$  é da seguinte forma:

$$\begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} \\ C^{21} & C^{22} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + I(\sigma_e^2/\sigma_g^2) \end{bmatrix}^{-1}$$

Foram, também, estimadas as seguintes quantidades:

$$\hat{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2} = \text{herdabilidade, no sentido amplo;}$$

$$\hat{h}_{mg}^2 = \frac{n\hat{h}_g^2}{1 + (n-1)\hat{h}_g^2} = \text{herdabilidade de média de genótipos (h2mg), em que } n \text{ é o número de repetições;}$$

$$CV_{gi}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\hat{u}} \cdot 100 = \text{coeficiente de variação genotípica;}$$

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\hat{u}} \cdot 100 = \text{coeficiente de variação residual;}$$

$$CV_r = \frac{CV_{gi}(\%)}{CV_e(\%)} = \text{coeficiente de variação relativa.}$$

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

O agrupamento de acessos, em grupos homogêneos dentro deles e divergentes entre eles, é apresentado na Tabela 1. Verificou-se a formação de 14 grupos, sendo que a maioria (87,9%) dos acessos foi alocada no grupo 1. Os correspondentes nomes dessa extensa lista de acessos podem ser conferidos no trabalho de Freitas et al. (1999).

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

Estudando a diversidade genética envolvendo germoplasma de algodoeiro oriundo de 26 países, Fang et al. (2013), usando marcadores genéticos e métodos hierárquicos de agrupamento, classificaram os acessos em 15 grupos, de acordo com a árvore filogenética, e concluíram que o resultado do agrupamento foi congruente com a história do melhoramento e pedigree das cultivares. No presente trabalho, o histórico do melhoramento praticado também explica a concentração da maioria do germoplasma em um único grupo homogêneo. Essa informação é muito importante para a sequência do programa de melhoramento do algodoeiro, pois permitirá melhor direcionamento dos cruzamentos, visando à obtenção de populações com altas médias e ampla variabilidade genética. Isso reforça a importância do estudo de agrupamento realizado.

Tabela 1. Agrupamento de acessos de algodoeiro, pelo método de Tocher, com base nas Distâncias de Mahalanobis (Nova Porteirinha, MG, 1995 a 1998).

Grupo	Genótipos
1	Demais acessos, exceto os listados abaixo
2	BJ 3132, BJ 3136, BJ 3137 e S 5652
3	BJ 3125, BJ 3133, Reba 627, S 2643 e S 5653
4	4 S 180, C-96-4-80, Giza 75 e 196 Lasani 11
5	Auburn FG-56 e S 8033
6	Barb. x Harknessii e HG-NC-SM-10-7
7	Carnak e Giza 80
8	4959, CA (68) 41 e Sealand 7 yell-anth
9	Brown Egyptian e Early Fluff 316
10	C-26-8-80 e 207 MG-82607
11	AH (67) M
12	108-F
13	AK-DjuraRed
14	BJ 3131

Verificou-se que a análise de divergência genética realizada simplifica bastante a estrutura populacional dos acessos, facilitando o uso do germoplasma, pelo melhorista. O processo de melhoramento deve enfatizar o cruzamento de acessos dentro de grupos, quando o objetivo for manter a homogeneidade ou uniformidade das características, e enfatizar o cruzamento de acessos entre grupos, quando o objetivo for criar mais variabilidade e/ou promover a heterose na descendência.

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

As estimativas de parâmetros genotípicos para cada caráter são apresentadas na Tabela 2. Verificou-se que todos os caracteres apresentaram alta variabilidade (vista pelo  $CV_{gi}\%$ ), exceto para índice de uniformidade e alta herdabilidade, no sentido amplo, entre populações (h2g). Isso conduziu a altas herdabilidades de média de genótipos (h2mg) e altas acurácias seletivas, variando de 0,89 a 0,94.

Os valores do coeficiente de variação relativa foram superiores a 1 (Tabela 2), indicando situação muito favorável para a seleção (Vencovsky & Barriga 1992, Resende & Duarte 2007). Altas herdabilidades para qualidade da fibra, índice de sementes e percen-

tagem de fibra foram observadas por Yu et al. (2013). Outros resultados referentes a estimativas de herdabilidade em algodoeiro podem ser consultados em Carvalho (1995), Tang et al. (1996), Larik et al. (1997) e Khan et al. (2010). Estimativas de herdabilidade para essas características tecnológicas da fibra, com magnitudes entre 20% e 40%, foram relatadas por Tang et al. (1996). As estimativas obtidas no presente estudo foram bastante superiores a essas, refletindo, provavelmente, em maior variabilidade genética. Por outro lado, as estimativas relatadas por Larik et al. (1997) e Khan et al. (2010) apresentaram magnitudes mais similares àquelas do presente trabalho.

Os valores genotípicos preditos para cada grupo de acessos e caractere de algodoeiro, bem como a acurácia seletiva para cada população, são mostrados na Tabela 3. As acurácias diferiram para cada população, em função da representatividade diferenciada, devido, provavelmente, aos diferentes números de acessos em cada grupo. O método BLUP considera adequadamente essa questão e produz estimativas não viesadas de valores genotípicos (Duarte & Vencovsky 2001). A aplicação dessa metodologia não tem sido comum no melhoramento do algodoeiro, no Brasil. Mora et al. (2007) aplicaram vantajosamente essa metodologia no melhoramento do algodoeiro, no Paraguai e no Brasil.

Uma das grandes vantagens do emprego do método BLUP ocorre no melhoramento para caracteres quantitativos, por meio da predição dos valores genéticos, livres dos efeitos ambientais (Resende 2002). A seleção e recombinação de indivíduos de diferentes grupos com altos valores genotípicos e acurácias seletivas poderá promover ganhos genéticos

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genotípicos para as características avaliadas nos acessos de algodoeiro (Nova Porteirinha, MG, 1995 a 1998).

Parâmetro	PF	IF	CF	IU	IP	IM
Vg	22,078	1,382	8,312	8,455	10,956	0,415
Ve	6,134	0,706	2,496	4,584	3,363	0,192
Vf	28,212	2,088	10,808	13,040	14,319	0,607
h2g	0,780	0,660	0,770	0,650	0,770	0,680
h2mg	0,880	0,790	0,870	0,790	0,870	0,810
Acurácia	0,940	0,890	0,930	0,890	0,930	0,900
$CV_{gi}\%$	14,010	24,610	11,000	5,620	15,270	18,030
$CVe\%$	7,380	17,600	6,030	4,140	8,460	12,250
CVr	1,900	1,400	1,820	1,360	1,800	1,470
Média	33,550	4,780	26,200	51,760	21,680	3,570

PF: percentagem de fibra; IF: índice de fibra; CF: comprimento de fibra (SL 2,5%); IU: índice de uniformidade; IP: índice de Pressley; IM: índice *micronaire*; Vg: variância genotípica; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica; h2g: herdabilidade individual, no sentido amplo; herdabilidade, no sentido amplo, ao nível de médias de genótipos;  $CV_{gi}\%$ : coeficiente de variação genotípica;  $CVe\%$ : coeficiente de variação residual; CVr: coeficiente de variação relativa.

Tabela 3. Valores genotípicos preditos (VG) para cada grupo de acessos e característica de algodoeiro e suas respectivas acurácias seletivas (Acur) (Nova Porteirinha, MG, 1995 a 1998).

Grupo	PF		IF		CF		IU		IP		IM	
	VG	Acur	VG	Acur	VG	Acur	VG	Acur	VG	Acur	VG	Acur
1	35,72	0,96	5,56	0,95	27,51	0,96	53,45	0,95	20,98	0,96	3,60	0,95
2	39,28	0,93	4,24	0,90	26,13	0,93	52,90	0,90	18,98	0,93	2,90	0,91
3	36,42	0,93	4,67	0,91	22,99	0,93	48,53	0,91	19,08	0,93	3,32	0,92
4	35,68	0,93	5,09	0,90	27,67	0,93	53,73	0,90	27,83	0,93	3,71	0,91
5	38,64	0,90	4,52	0,86	25,81	0,90	50,26	0,85	19,96	0,90	4,45	0,87
6	26,09	0,90	4,44	0,86	28,24	0,90	49,20	0,85	22,39	0,90	2,90	0,87
7	35,44	0,90	4,40	0,86	30,37	0,90	48,02	0,85	24,26	0,90	2,82	0,87
8	28,07	0,92	3,71	0,89	23,90	0,92	53,83	0,88	19,46	0,92	4,49	0,89
9	33,07	0,90	7,18	0,86	26,50	0,90	54,98	0,85	20,01	0,90	3,96	0,87
10	37,24	0,90	6,75	0,86	28,07	0,90	51,28	0,85	19,14	0,90	4,33	0,87
11	31,63	0,86	4,26	0,79	30,35	0,85	53,28	0,78	23,15	0,85	3,80	0,80
12	29,13	0,86	4,13	0,79	24,36	0,85	56,07	0,78	22,77	0,85	3,52	0,80
13	27,09	0,86	3,67	0,79	22,05	0,85	49,65	0,78	18,25	0,85	2,98	0,80
14	36,17	0,86	4,26	0,79	22,89	0,85	49,52	0,78	27,28	0,85	3,25	0,80

PF: percentagem de fibra; IF: índice de fibra; CF: comprimento de fibra (SL 2,5%); IU: índice de uniformidade; IP: índice de Pressley; IM: índice *micronaire*.

satisfatórios, para aumento dos atributos quantitativos e qualitativos da fibra do algodoeiro.

As estimativas de correlações genéticas entre caracteres do algodoeiro são mostradas na Tabela 4. Verificou-se que todas as correlações apresentaram magnitudes moderadas a baixas, sendo o maior valor (0,43) associado à combinação índice de uniformidade e índice *micronaire*.

Isso sugere que não é satisfatório o melhoramento de uma variável via seleção indireta em outra. Dessa forma, o uso de um índice de seleção combinando todas essas variáveis torna-se bastante interessante. Khan et al. (2010) relataram correlações entre essas características variando entre -0,20 e 0,09, portanto, também, de baixas magnitudes. Por outro lado, Zeng et al. (2013) verificaram correlações genéticas favoráveis (negativas e de altas magnitudes) entre essas propriedades da fibra.

Verificou-se que os três melhores grupos de acessos foram os de número 4, 10 e 9 (Tabela 5).

Esses obtiveram um *rank* médio em torno do 5º lugar, para as seis variáveis. Os acessos que compõem essas populações são: 4S180, C96480, Giza75, 196Lasani11, Brown Egyptian, EarlyFluff 316, C268-80 e 207MG-82607. O índice de seleção de *rank* médio de Mulamba e Mock mostrou-se promissor, identificando três genótipos superiores à média geral, para, pelo menos, cinco características. Esses acessos, em termos de características da fibra, são melhores que a grande maioria dos acessos, os quais são pertencentes ao grupo 1. A inclusão do grupo 1 na seleção não é recomendada, pois implicaria na seleção de acessos com valores genotípicos em torno da média, fato que não contribuiria para a obtenção de ganho genético com seleção.

O presente trabalho enfatizou a importância da realização do agrupamento de acessos, com base na divergência genética, e do uso de índices de seleção multicaudal, no melhoramento do algodoeiro. O agrupamento possibilita uma orientação prática

Tabela 4. Estimativas de correlações genéticas entre as características avaliadas nos acessos do algodoeiro (Nova Porteirinha, MG, 1995 a 1998).

	PF	IF	CF	IU	IP	IM
PF	1,00	0,35 ± 0,039	0,16 ± 0,044	-0,13 ± 0,044	0,07 ± 0,045	0,13 ± 0,044
IF		1,00	0,33 ± 0,040	0,25 ± 0,042	-0,12 ± 0,044	0,37 ± 0,039
CF			1,00	0,06 ± 0,045	0,27 ± 0,042	0,01 ± 0,045
IU				1,00	0,00 ± 0,045	0,43 ± 0,037
IP					1,00	-0,20 ± 0,043
IM						1,00

PF: percentagem de fibra; IF: índice de fibra; CF: comprimento de fibra (SL 2,5%); IU: índice de uniformidade; IP: índice de Pressley; IM: índice *micronaire*.

Tabela 5. Ordem dos valores genotípicos para cada grupo de acessos e característica de algodoeiro e índice de seleção de Mulamba e Mock (Nova Porteirinha, MG, 1995 a 1998).

Genótipo	PF	IF	CF	IU	IP	IM	Rank médio
4	7	4	5	4	1	6	4,50
10	3	2	4	8	11	3	5,17
9	9	1	7	2	8	4	5,17
1	6	3	6	5	7	7	5,67
11	10	9	2	6	4	5	6,00
5	2	6	9	9	9	2	6,17
12	11	12	10	1	5	8	7,83
7	8	8	1	14	3	14	8,00
8	12	13	11	3	10	1	8,33
14	5	10	13	11	2	10	8,50
2	1	11	8	7	13	13	8,83
6	14	7	3	12	6	12	9,00
3	4	5	12	13	12	9	9,17
13	13	14	14	10	14	11	12,67

PF: percentagem de fibra; IF: índice de fibra; CF: comprimento de fibra (SL 2,5%); IU: índice de uniformidade; IP: índice de Pressley; IM: índice *micronaire*.

para a condução dos trabalhos de cruzamento, visando à obtenção de populações experimentais mais promissoras. A utilidade prática do índice de seleção refere-se à adoção de critérios mais elaborados para seleção de genótipos superiores, considerando várias características simultaneamente. Essas duas ações podem contribuir sobremaneira para a maximização do custo/benefício do programa de melhoramento. Os resultados apresentados geraram as informações necessárias para a capitalização desses benefícios relatados.

### CONCLUSÕES

1. A análise de agrupamento de Tocher permitiu uma estruturação populacional dos acessos, resumindo os 248 acessos em 14 grupos divergentes.
2. As acurácias seletivas foram altas para todas as características avaliadas, com situação favorável para a seleção.
3. Não foi possível o melhoramento de uma característica via seleção indireta em outra.
4. A seleção simultânea para as características de fibra, com base no índice de seleção de *rank* médio de Mulamba e Mock, mostrou-se promissora, identificando três genótipos superiores à média geral, para, pelo menos, cinco características.
5. Os melhores acessos para as seis variáveis, simultaneamente, foram 4S180, C96480, Giza75, 196Lasani11, Brown Egyptian, Early-Fluff-316, C268-80 e 207MG-82607.

### REFERÊNCIAS

- CARVALHO, L. P. Controle genético da porcentagem de fibra e peso do capulho em algodoeiro herbáceo. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 42, n. 244, p. 626-636, 1995.
- CARVALHO, L. P. et al. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 1994.
- DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.
- FANG, D. D.; HINZE, L. L.; PERCY, R. G. A microsatellite-based genome-wide analysis of genetic diversity and linkage disequilibrium in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivars from major cotton-growing countries. *Euphytica*, Wageningen, v. 191, n. 3, p. 391-401, 2013.
- FREITAS, J. A. et al. Caracterização morfológico-agronômica de acessos de algodoeiro da Epamig. *Revista de Oleaginosas e Fibrosas*, Campina Grande, v. 3, n. 1, p. 21-54, 1999.
- KHAN, N. U.; MARWAT, K. B.; HASAN, G. Genetic variation and heritability for cotton seed, fiber and oil traits in *G. hirsutum*. *Pakistan Journal of Botany*, Islamabad, v. 42, n. 1, p. 615-625, 2010.
- LARIK, A. S.; ANSARI, S. R.; KUMBHAR, M. B. Heritability analysis of yield and quality components in

- G. hirsutum*. *Pakistan Journal of Botany*, Islamabad, v. 29, n. 1, p. 97-101, 1997.
- LI, C. Q.; LIU, G. S.; ZHAO, H. H. Marker-assisted selection of *Verticillium* wilt resistance in progeny populations of upland cotton derived from mass selection-mass crossing. *Euphytica*, Wageningen, v. 191, n. 3, p. 469-480, 2013.
- MORA, F.; PUPIM-JUNIOR, O.; SCAPIM, C. A. Predicción del efecto de cultivares de algodón en la presencia de interacción genotipo-ambiente. *Ciencia e Investigación Agraria*, Santiago, v. 34, n. 1, p. 13-21, 2007.
- PENNA, J. C. V. Melhoramento do algodão. In: BORÉM, A. (Ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 15-23.
- RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.
- RESENDE, M. D. V. *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.
- TANG, J. N. B.; JENKS, C. E.; WATSON, J. C. Evaluation of genetic variation, heritabilities and correlations yield and fiber traits among cotton F<sub>2</sub> hybrids populations. *Euphytica*, Wageningen, v. 91, n. 3, p. 315-322, 1996.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- YU, J.; YU, S.; GORE, M. Identification of quantitative trait loci across interspecific F<sub>2</sub>, F<sub>2,3</sub> and testcross populations for agronomic and fiber traits in tetraploid cotton. *Euphytica*, Wageningen, v. 191, n. 3, p. 375-389, 2013.
- ZENG, L.; WU, J.; BECHERE, E. Genetic effects and genetic values of fiber properties in F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> hybrids between germplasm lines and high yield cultivars. *Euphytica*, Wageningen, v. 190, n. 3, p. 459-469, 2013.