



## DIVERSIDADE GENÉTICA DE COLEÇÕES TEMÁTICAS DE ALGODOEIRO MOCÓ (*Gossypium hirsutum* raça *Marie Galante*) DO BRASIL SEGUNDO CONDIÇÕES DE ESTRESSE HÍDRICO E FERTILIDADE DO SOLO

Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes<sup>1\*</sup>; Tiago Henrique Lima<sup>1</sup>; Rafaela Ribeiro Brito<sup>1</sup>; Juliana Oliveira Silva<sup>1</sup>; Paulo Augusto Vianna Barroso<sup>2</sup>; Lúcia Vieira Hoffmann<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal Goiano, Urutaí, Goiás, Brasil; <sup>2</sup>Embrapa Algodão, Santo Antonio de Goiás, Goiás, Brazil. \*E-mail do autor apresentador: ivan.menezes@ifgoiano.edu.br

O algodoeiro mocó representa uma importante fonte de variabilidade para o melhoramento genético do algodão comercial. A Embrapa tem realizado coletas e conservação deste algodoeiro, devido apresentarem ampla variação morfológica e tecnológica de fibra, ainda pouco explorada. Outra razão, é bom desempenho no semiárido nordestino, o que nos faz acreditar que esta espécie tenha sido selecionada sob condições adversas de solo e clima desenvolvendo genótipos superiores. O objetivo deste trabalho foi caracterizar acessos de algodoeiro mocó pertencentes ao germoplasma da Embrapa Algodão, utilizando marcadores microssatélites, assim como a seleção de genótipos que possam ter maior tolerância a condições climáticas de seca e baixa fertilidade de solo. Dados geográficos de coleta de 331 plantas de algodoeiro do tipo mocó, disponíveis no site ALBRANA, foram utilizados para definição das coleções temáticas (CTs) quanto a períodos de seca e baixa fertilidade de solo através de mapas interativos usando Divagis. A análise genética foi realizada com base em 12 marcadores de microssatélites altamente polimórficos. Obteve-se três coleções temáticas, CT1 (n=160) para períodos de seca < 6 meses e solos com média e/ou baixa fertilidade; CT2 (n=69) para período de seca >7 e solos com média e/ou alta fertilidade; e, CT3 (n=102) para período de seca >7 e solos com baixa fertilidade. Embora expressiva diversidade genética detectada ( $H_e=0,54$  e  $H_o=0,11$ ;  $H_e=0,49$  e  $H_o=0,22$ ;  $H_e=0,50$  e  $H_o=0,17$ ) entre as CTs, respectivamente, não foi estatisticamente diferente considerando o teste de Wilcoxon ( $p > 0,05$ ). Todavia, os três pools gênicos apresentaram baixa e significativa diferenciação genética ( $F_{ST} = 0,05$ ,  $p < 0,05$ ). O valor de  $F_{ST}$  encontrado corroborou com a baixa média de distância genética entre as coleções temáticas (0,062). Desta maneira, verificamos uma fraca estruturação genética das CTs considerando os estratos de secas e fertilidade de solo. Logo, podemos selecionar uma CT em detrimento de outra e, visto que as coleções apresentaram diversidade similar, os acessos da CT3 são mais interessantes por ser composta de genótipos desenvolvidos e coletados em área de grandes períodos de seca e baixa fertilidade de solo e, desta maneira, mais indicados para estudos que visem maior eficiência de raízes na absorção de água e nutrientes.

**Palavras-chave:** Algodoeiro mocó; Pré-melhoramento; Coleções temáticas.

**Agradecimentos:** CNPq, Embrapa, IFGoiano e FAPEG.