

13º CBA

13º CBA

13º CBA



13º

CONGRESSO BRASILEIRO DO ALGODÃO

LIVRO DE RESUMOS

16 a 18/AGO/2022 • Salvador/BA

Realização:



Apoio:



Apoio Científico:



Patrocínio Cota Ouro:



13º Congresso Brasileiro do Algodão

13º Congresso Brasileiro do Algodão

13º Congresso Brasileiro do Algodão

13º Congresso Brasileiro do Algodão

Salvador - BA, 16 a 18 de agosto de 2022

LIVRO DE RESUMOS

EDITORES:

ABRAPA - Associação Brasileira dos Produtores de Algodão

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

Agosto 2022

CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE ALGODÓN GOSSYPIUM SPP. COLECTADO EN LA COSTA ECUATORIANA

Ernesto Cañarte ¹, Marjorie Asanza-Castillo ², José Navarrete-Cedeño ¹, Geover Peña-Monserrate ¹, Fernando Sanchez-Mora ²

¹ INIA - Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (Portoviejo, Manabí, Ecuador), ²UTM - Universidad Técnica de Manabí (Portoviejo, Manabí, Ecuador)

RESUMO

Se ha señalado a México como el centro de origen y diversidad de *Gossypium hirsutum*; mientras que para *Gossypium barbadense* se cita a Perú y Ecuador, de donde se distribuyó al este de Sudamérica, el Caribe y finalmente Centroamérica. La caracterización de los recursos fitogenéticos, nos ayudan a medir y conocer la variabilidad genética de una población para seleccionar descriptores morfológicos que permitan discriminar caracteres entre plantas evaluadas. En este contexto, en el marco del proyecto GCP/RLA/199/BRA "Fortalecimiento del Sector Algodonero por medio de la Cooperación Sur-Sur", firmado entre los gobiernos de Brasil, Ecuador y la FAO; el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP-Ecuador), desarrolló un "Plan de implementación de la colección nacional de algodón", con miras a su caracterización agro-morfológica para viabilizar futuros programas de fitomejoramiento. El objetivo de este estudio fue determinar la diversidad genética de la colección de algodón *Gossypium* spp., colectada en la costa de Ecuador, mediante la aplicación de descriptores morfo-agronómicos. Esta investigación se la realizó en la colección de algodón conservada ex situ, conformada por 36 accesiones, ubicada en la Estación Experimental Portoviejo del INIAP, en Santa Ana, Manabí-Ecuador (01°09'51"S; 80°23'24"W y 60 msnm) y (26,4 °C; 81% de HR; 851,57 mm). Se utilizaron descriptores morfológicos desarrollados para el género *Gossypium*, propuestos por el International Board for Plant Genetic Resources IBPGR y la Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales UPOV. Se seleccionaron 49 descriptores; 20 de tipo cuantitativos y 29 cualitativos. Para obtener estimaciones de variabilidad genética, se utilizaron descriptores de planta, rama, hoja, fruto, semilla, fibra y se determinó en base a parámetros como desviación estándar y porcentaje de coeficiente de variación. Para la estimación de grupos, se utilizó una matriz mixta de datos cuantitativos y cualitativos; se estimó la distancia genética utilizando como medida de similaridad, el método de Gower y para el agrupamiento jerárquico, el método de Ward. Posteriormente, se determinó el valor discriminante de los caracteres entre grupos. Para el análisis estadístico, se empleó el software estadístico R. En base al coeficiente de variación, se determinó que, de los 20 caracteres cuantitativos, cinco de ellos determinaron la diversidad genética de las 36 accesiones de la colección de algodón: número de nudos del tallo hasta la rama fructífera inferior en floración (52,57%), largo del peciolo de la hoja madura (35,17%), número de nudos de rama fructífera (32,65%), longitud del pedúnculo de la cápsula (32,26%) y longitud de la rama fructífera (31,45%), al presentar los mayores valores de variabilidad. Caracteres cuantitativos como: altura de la planta, número de semillas por mota y cualitativos como, densidad de la borra en la semilla; época de apertura; intensidad del color de la mancha de los pétalos; color de la borra, fueron los de mayor poder discriminante y permitieron separar los grupos genéticos en la colección. Mediante el algoritmo multivariado del análisis de agrupamiento jerárquico de Ward, sobre la matriz de distancia obtenido con el método de Gower, para los caracteres cualitativos y cuantitativos de las accesiones de algodón caracterizadas, se logró identificar la estructura taxonómica en tres grupos. El grupo 1, conformado por seis accesiones, que corresponden a *G. hirsutum* (16,67%); grupo 2, con 17 accesiones (50%); mientras que, el grupo 3, comprende a 12 accesiones, que representan el 33,33% de aquellas caracterizadas en la colección, correspondiendo los dos últimos grupos a *G. barbadense*. Se concluyó que existe una variabilidad genética en la colección de algodón de Ecuador, formada por tres grupos genéticos bien diferenciados por seis características cualitativas y cuantitativas discriminantes.

Palavras-chaves: algodón, caracteres discriminantes, colección, Ecuador, grupos genéticos.

Realização:



Apoio:



Apoio Científico:



Patrocínio Cota Ouro:



13º CBA

13º CBA

13º CBA



13º

CONGRESSO BRASILEIRO DO ALGODÃO

LIVRO DE RESUMOS

16 a 18/AGO/2022 • Salvador/BA

Realização:



Apoio:



Apoio Científico:



Patrocínio Cota Ouro:

