



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

RODRIGO DE SOUZA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO
REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL POR MEIO DE
CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS**

**BELÉM
2015**



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

RODRIGO DE SOUZA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO
REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL POR MEIO DE
CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural da Amazônia, como parte das exigências do curso de mestrado em Agronomia, área de concentração Agronomia, para obtenção do título de Mestre.

Orientadora: Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Coorientador: Dr. João Tomé de Farias Neto

**BELÉM
2015**

Silva, Rodrigo de Souza

Diversidade genética entre acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental por meio de caracteres morfoagronômicos/Rodrigo de Souza Silva. - Belém, 2015.

129 f.

Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal Rural da Amazônia, 2014.

Orientador: Elisa Ferreira Moura Cunha

1. Mandioca – caracterização fenotípica 2. Mandioca – dissimilaridade genética 3. *Manihot esculenta* 4. Procedimento REML/BLUP I. Título.

CDD – 633.682



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DA AMAZÔNIA

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

RODRIGO DE SOUZA SILVA

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO
REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL POR MEIO DE
CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural da Amazônia, como parte das exigências do curso de mestrado em Agronomia, área de concentração Agronomia, para obtenção do título de Mestre.

BANCA EXAMINADORA

Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha
Presidente/Orientador
Embrapa Amazônia Oriental

Profª Dra. Dênmora Gomes de Araujo
1º Examinador
Universidade Federal Rural da Amazônia

Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo
2º Examinador
Embrapa Mandioca e Fruticultura

Dra. Maria do Socorro Padilha de Oliveira
3º Examinador
Embrapa Amazônia Oriental

DEDICATÓRIA

Aos meus pais Meire Sueli de S. Silva e Agnaldo da S. Filho, meus maiores incentivadores nos momentos mais difíceis. Todo o meu amor a vocês!

AGRADECIMENTOS

A DEUS

À Universidade Federal Rural da Amazônia - UFRA e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, por todo suporte e também pela oportunidade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela concessão da bolsa.

À Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha, pela orientação, pela amizade e todo empenho no desenvolvimento deste trabalho e acima de tudo pela confiança.

Ao Dr. João Tomé de Farias Neto, pela orientação, pela amizade e todo apoio no desenvolvimento deste trabalho e acima de tudo pelo incentivo profissional.

Ao Engenheiro Agrônomo José Edson Sampaio, Assistente A, Embrapa Amazônia Oriental, pelos conhecimentos repassados neste trabalho e principalmente pela amizade conquistada.

À Prof^a Dra. Mônica Trindade Abreu de Gusmão, pela orientação nas atividades curriculares, pela amizade e acima de tudo pelo incentivo profissional.

Ao Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo, pela disponibilidade de materiais para o desenvolvimento deste trabalho e acima de tudo pelo incentivo aos estudos.

Aos integrantes da equipe de curadoria do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, Embrapa Amazônia Oriental, pelo auxílio e contribuições para o desenvolvimento deste trabalho.

A todos os alunos do programa de pós-graduação em Agronomia da UFRA pelo apoio durante o mestrado.

Aos meus pais Meire Sueli de Souza Silva e Agnaldo da Silva Filho e irmão Bruno de Souza Silva, que mesmo distantes sempre me incentivaram com muito amor e carinho.

A todos aqueles que contribuíram para realização deste trabalho meus sinceros agradecimentos.

ÍNDICE DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 -	Contribuição dos seis descritores quantitativos avaliados, obtida por meio da técnica de componentes principais.	57
Figura 2 -	Dispersão gráfica dos 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA, com base nos dois primeiros componentes principais.	60
Figura 3 -	Análise percentual dos 21 descritores qualitativos usados na caracterização de 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental.	75
Figura 4 -	Dendrograma representativo do agrupamento de 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, estimado pelo método UPGMA por meio de 21 descritores qualitativos.	80
Figura 5 -	Pesagem das folhas e ramos e de caules sem as cepas da parcela experimental.	98
Figura 6 -	Contabilização do número de raízes não podres e do número de raízes podres da parcela experimental.	98
Figura 7 -	Separação das raízes não podres e pesagem das raízes não podres da parcela experimental.	99
Figura 8 -	Amostras de raízes de mandiocas lavadas, determinação da amostra de três quilos e do peso em água das raízes de mandioca da parcela experimental.	100

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1 -	Identificação dos 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA, conservados no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental e avaliados por meio de seis descritores quantitativos.	51
Tabela 2 -	Mínimo (Mín.), máximo (Max.) e valores de média (Média), amplitude de média (Amplitude), coeficiente de variação experimental (CV%) e teste de normalidade de seis descritores quantitativos avaliados em 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA.	54
Tabela 3 -	Coeficiente de correlação de Spearman entre os seis descritores quantitativos mensurados em 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA.	57
Tabela 4 -	Conjunto de autovetores e autovalores associados aos componentes principais e os valores de variâncias percentuais e acumulados dos autovalores de seis descritores quantitativos de 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA.	58
Tabela 5 -	Identificação de 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA, agrupados por meio do método de otimização de Tocher aplicado à matriz de distância euclidiana média, com base em seis descritores quantitativos.	61
Tabela 6 -	Identificação dos 21 descritores qualitativos usados na caracterização de 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental e suas classes fenotípicas.	74
Tabela 7 -	Contribuições de 21 descritores qualitativos avaliados em 262 acessos de mandioca associadas às dimensões e os respectivos autovalores e porcentagem de variação.	83
Tabela 8 -	Correlações fenotípicas entre os 21 descritores qualitativos avaliados em 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental.	86
Tabela 9 -	Análise de deviance de seis caracteres quantitativos avaliados em 56 acessos de mandioca no município de Igarapé-Açu, PA.	103
Tabela 10-	Coeficiente de correlação entre os seis caracteres quantitativos avaliados em 56 acessos de mandioca no município de Igarapé-Açu, PA.	103
Tabela 11-	Ordenamento (O), acesso, média fenotípica (F), média genotípica (u+g) e ganho genético (G%) dos cinco melhores acessos de mandioca avaliados no município de Igarapé-Açu, PA.	104
Tabela 12-	Coeficiente de variação genotípica (CV _{gi} %), herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h ² _g), média geral e acurácia da seleção (Acclon) de 56 acessos de mandioca.	107

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	
RESUMO	11
ABSTRACT	13
1. CONTEXTUALIZAÇÃO	15
1.1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	19
1.1.1 Considerações gerais sobre a mandioca	19
1.1.2 Recursos genéticos	21
1.1.2.1 Recursos genéticos da mandioca	22
1.1.3 Pré-melhoramento: caracterização de germoplasma	24
1.1.3.1 Caracterização morfoagronômica em acessos de mandioca	26
1.1.4 Estimativa da variabilidade genética por meio de análise multivariada	28
1.1.4.1 Métodos de estudo da diversidade genética em acessos de mandioca	29
1.1.5 Parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no estudo da diversidade genética	31
1.1.5.1 Procedimento REML/BLUP	33
1.1.6 Delineamento experimental em blocos aumentados	34
REFERÊNCIAS	36
CAPÍTULO 2	47
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA DA REGIÃO DO TAPAJÓS, PARÁ POR MEIO DE CARACTERES AGRONÔMICOS	
RESUMO	47
ABSTRACT	48
2.1 INTRODUÇÃO	49
2.2 MATERIAL E MÉTODOS	50
2.2.1 Descrição do local de avaliação e do material	50
2.2.2 Descritores quantitativos avaliados	52
2.2.3 Análise estatística	52
2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	54
2.4 CONCLUSÃO	64
REFERÊNCIAS	65

CAPÍTULO 3	68
CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA EM ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL	
RESUMO	68
ABSTRACT	69
3.1 INTRODUÇÃO	70
3.2 MATERIAL E MÉTODOS	72
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	75
3.4 CONCLUSÃO	88
REFERÊNCIAS	89
CAPÍTULO 4	93
PARÂMETROS GENÉTICOS EM ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL	
RESUMO	93
ABSTRACT	94
4.1 INTRODUÇÃO	95
4.2 MATERIAL E MÉTODOS	97
4.2.1 Local do experimento/avaliações	97
4.2.2 Análise estatística: procedimento REML/BLUP	100
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	103
4.4 CONCLUSÃO	111
REFERÊNCIAS	112
ANEXOS	115

CAPÍTULO 1

RESUMO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das mais importantes espécies cultivadas nos países tropicais e subtropicais, principalmente em função de suas raízes tuberosas, ricas em amido. Nos últimos anos a importância dos recursos genéticos dessa espécie tem aumentado, o que torna o processo de pré-melhoramento indispensável na avaliação e caracterização dos recursos disponíveis, a fim de inferir sobre a presença e a magnitude da diversidade genética para a conservação e o provimento de materiais para os programas de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi quantificar a diversidade genética entre acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental. Foi realizada a caracterização fenotípica de 39 acessos, durante dois anos consecutivos, por meio de seis descritores quantitativos. Realizou-se a análise de estatística descritiva, bem como análises de correlação fenotípica e de componentes principais. A dissimilaridade genética foi estimada por meio da distância euclidiana média e os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher, com os seis descritores quantitativos avaliados. A caracterização por meio de 21 descritores qualitativos foi realizada em 262 acessos. Calculou-se a frequência percentual e aplicou-se a técnica de análise de correspondência múltipla. A medida de dissimilaridade foi estimada pelo método de variáveis multicatóricas, em que os dados foram convertidos em dados binários (presente = 1 e ausente = 0) para as classes fenotípicas de cada descritor, e os acessos foram agrupados pelo método UPGMA. Cinquenta e seis acessos pertencentes ao BAG foram caracterizados por meio de seis descritores quantitativos no município de Igarapé-Açu, Pará, durante dois anos consecutivos, por meio do delineamento em blocos aumentados. Foram estimados os parâmetros genéticos e os valores genotípicos para os 56 acessos, utilizou-se a metodologia de modelos lineares mistos procedimento da máxima verossimilhança restrita - REML e da melhor predição linear não viciada - BLUP. Houve variação fenotípica entre os descritores morfoagronômicos avaliados. Os descritores peso da parte aérea da planta e cor da epiderme do caule foram os que mais contribuíram para a variabilidade genética. As técnicas de análises multivariadas foram eficientes na discriminação dos acessos e permitiu a identificação de acessos divergentes entre si e potencialmente promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético. Os acessos Olho roxo-13, 40 quilos e Inambuzinho-55 foram divergentes, sendo o acesso Olho Roxo-13 promissor para ser utilizado como genitor

na geração de híbridos heteróticos. O procedimento REML/BLUP apresentou-se altamente eficiente na classificação dos acessos e nos seus ordenamentos. Foi encontrado intervalo de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo de 4,0% para número de raízes podres por planta a 46,0% para número de raízes por planta. O caráter produtividade de raízes tuberosas apresentou correlações baixas e significativas ao teste *t* com o peso da parte aérea da planta ($r = 0,35^*$) e com o número de raízes por planta ($r = 0,30^*$), e de magnitude média com o índice de colheita ($r = 0,43^*$), além de correlação baixa, significativa e negativa com o número de raízes podres por planta ($r = -0,30^*$). Portanto, o melhoramento genético por meio dos caracteres quantitativos avaliados mostra-se amplamente viável, e pode ser realizado com sucesso adotando-se um intervalo de duas a dez repetições nos experimentos.

Palavras-chave: mandioca - caracterização fenotípica, mandioca - dissimilaridade genética, *Manihot esculenta*, procedimento REML/BLUP.

CHAPTER I

ABSTRACT

The Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) is one of the most important species cultivated in tropical and subtropical countries, mainly due to their roots, which is rich in starch. The importance of genetic resources of this species has increased lately, and it enables the essential pre-breeding procedure in the evaluation and characterization of available resources, in order to infer the presence and magnitude of genetic diversity for the conservation and the provision of materials for the genetic improvement program. The aim of this study is to gauge the cassava diversity among the cassava accessions of the Regional Germplasm Bank in Eastern Amazonia. The phenotypic characterization of 39 accessions was held, for two consecutive years, through six quantitative descriptors. The analysis of descriptive statistics was carried out, as well as, the phenotypic correlation and main component analysis. The genetic divergence was estimated by the Euclidean distance and accessions were clustered by the optimization method proposed by Tocher, with the six evaluated quantitative descriptors. The characterization using 21 qualitative descriptors was conducted in 262 accessions. The percentage frequency was calculated and the multiple correspondence analysis technique was used. The dissimilarity measure was estimated by the method of multicategorical variables and the data was converted into binary data (present = 1 and absent = 0) for the phenotypic classes of each descriptor, and accessions were clustered by UPGMA method. Fifty-six accessions, which belong to BAG, were characterized by six quantitative descriptors in the city of Igarapé-Açu, in the State of Pará, for two consecutive years, through augmented blocks designs. Genetic parameters and genotypic values for the 56 accessions were estimated, and it was used the mixed model methodology through the restricted maximum likelihood - REML and best linear unbiased prediction procedure - BLUP. There was phenotypic variation among the morphological and agronomic descriptors evaluated. The weight of the aerial part of the plant, as well as, the color of the stem epidermis were the most important contributors to the genetic variability. The techniques of multivariate analyzes were effective in discriminating the accessions, and it allowed the identification of different accessions and potentially promising in order to be used in genetic improvement programs. The accessions Olho Roxo-13, 40 kilograms, and Inambuzinho-55 were different; the accession Olho Roxo-13 was promising to be used as a parental in heterotic hybrid generation. The procedure REML/BLUP was very efficient in the classification of the

accessions and in their systems. It was found out the heritability of plot from 4% for the number of rotten roots per plant to 46% for the number of roots per plant. When it comes to the commercial roots productivity, it has shown low and significant correlations with the test t with the weight of the aerial part of the plant ($r = 0.35^*$), and with the number of roots per plant ($r = 0.30^*$), and average magnitude with harvest index ($r = 0.43^*$), as well as, low, significant and negative correlation with the number of rotten roots per plant ($r = -0.30^*$). Therefore, the genetic improvement program the evaluated quantitative and evaluated traits proves to be viable, and it can be successfully performed by taking an interval of two to ten repetitions in the experiments.

Keywords: cassava - phenotypic characterization, cassava - genetic dissimilarity, *Manihot esculenta*, REML/BLUP procedure.

1. CONTEXTUALIZAÇÃO

A mandioca (*M. esculenta* Crantz) é uma das mais importantes culturas agrícolas presente em mais de 100 países tropicais e subtropicais. É a única espécie do gênero *Manihot* a ter importância comercial em decorrência da produção de suas raízes tuberosas, rica em amido (RIBEIRO et al., 2011; FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO, 2013). Toda a planta pode ser utilizada como fonte de alimentação humana e animal ou como matéria-prima para os mais diversos processos industriais, sejam alimentícios ou de bens materiais. Todavia, a maior contribuição da cultura reside na alimentação humana, tendo um papel de grande relevância econômica e social, já que representa uma fonte imprescindível de carboidratos, depois do arroz e do milho, para milhões de pessoas nas regiões mais carentes (EL-SHARKAWY, 2004; FAO, 2009). As suas raízes e folhas também são fontes de minerais e vitaminas, entretanto, as raízes são pobres em proteínas (MONTAGNAC et al., 2009; BURNS et al., 2012).

A importância da espécie na manutenção da segurança alimentar ainda é atribuída à sua facilidade de cultivo, principalmente em áreas marginais, com solos mais pobres em nutrientes, bem como em regiões com baixa pluviosidade e com altas temperaturas. Tais características são pertinentes à frente das mudanças climáticas (BURNS et al., 2012). Em vista disso, no Brasil, é cultivada da Região Norte até o Sul evidenciando ampla variabilidade genética e capacidade de adaptação edafoclimática (VIEIRA et al., 2013). A produção brasileira é de aproximadamente 23,0 milhões de toneladas de raízes tuberosas. Apesar da elevada produção brasileira e de a mandioca apresentar alto potencial produtivo, podendo produzir até 50000 kg ha⁻¹ por meio de pesquisa, a produtividade nacional é baixa, em torno de 14500 kg ha⁻¹ (ALBUQUERQUE et al., 2009; INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2014), sendo ocasionada pelo baixo potencial produtivo das variedades.

As variedades de mandioca têm sido classificadas de acordo com o conteúdo de glicosídeos cianogênicos presente em suas raízes (NASSAR & ORTIZ, 2007; MEZETTE et al., 2009; BURNS et al., 2012). Assim sendo, a planta é classificada em dois grupos: mandioca-brava ou amarga, em que os níveis de glicosídeos cianogênicos na polpa da raiz são superiores a 100 ppm e grupo de mandioca-mansa ou doce, também conhecidas como macaxeiras, em que os níveis de glicosídeos cianogênicos são menores que 100 ppm na polpa da raiz (BURNS et al., 2012).

Nos últimos anos tem aumentado a importância da conservação dos recursos genéticos da espécie como forma de prover os melhoristas de informações úteis à seleção de acessos potencialmente promissores e que se adaptem às necessidades dos programas de melhoramento (NICK et al., 2010), no intuito de selecionar acessos mais produtivos, mais resistentes às doenças e com melhores qualidades morfoagronômicas. Por isto, o processo de pré-melhoramento torna-se indispensável para que se possa avaliar e caracterizar os recursos genéticos disponíveis, a fim de ampliar o conhecimento sobre a natureza e a intensidade das variações de origem genética e ambiental, já que é por meio da expressão fenotípica que se infere sobre a presença e a magnitude da diversidade genética (NICK et al., 2010; DIAS et al., 2011).

Os recursos genéticos da mandioca vêm sendo mantidos, principalmente de duas formas, no seu local de cultivo, *in situ*, pelos próprios produtores, essencialmente em roças mais tradicionais, e por meio de coleções de acessos conservados em bancos ativos de germoplasma, de forma *ex situ*, no campo, os quais são mantidos por instituições de pesquisas e de ensino (FUKUDA et al., 2005; NASSAR, 2006). Segundo Ribeiro et al., (2011) e Vieira et al., (2013) a conservação do germoplasma de mandioca é fundamental para a redução da erosão genética da própria espécie, bem como das espécies afins, a estimativa do grau de parentesco entre os acessos, a identificação de possíveis duplicidades e auxiliando na definição de genitores em cruzamentos, a incorporação de genes exóticos aos programas e, do mesmo modo, para a recomendação de novas variedades aos agricultores.

O estudo da diversidade genética entre os acessos pertencentes aos bancos de germoplasma pode ser realizado por meio de marcadores moleculares (ASARE et al., 2011; COSTA et al., 2013) os quais apresentam maior capacidade de acessar às informações contidas no genoma (VIEIRA et al., 2011a), ou pelo uso de descritores fenotípicos, sejam eles morfológicos ou agronômicos, qualitativos ou quantitativos (AMORIM et al., 2007; AFONSO et al., 2014; GARCÍA et al., 2014). Os descritores morfológicos são todas as características que permitem identificar e diferenciar facilmente os acessos no campo e geralmente apresentam alta herdabilidade, pois são menos influenciados pelo ambiente (FUKUDA & GUEVARA, 1998; ELAMEEN et al., 2010; VIEIRA et al., 2013). Por sua vez, os descritores agronômicos são caracteres que apresentam maior influência do ambiente já que são governados por vários genes (RESENDE, 2002), possuindo baixa herdabilidade, porém, importantes sob o ponto de vista econômico (FUKUDA & GUEVARA, 1998; NICK et al., 2010).

No caso da mandioca a sua diversidade genética pode ser acessada mediante o uso de 75 descritores morfoagronômicos classificados por categorias e, ou, ordem de importância: 13 foram considerados descritores mínimos, 13 principais, 11 secundários, 21 agronômicos preliminares e 17 complementares, sendo a caracterização de folhas e pecíolos realizadas em plantas aos seis ou oito meses de idade após plantio e as caracterizações de caule e raízes efetuadas em meses próximos a época de colheita, bem como durante a colheita (FUKUDA & GUEVARA, 1998).

A diversidade genética tem sido avaliada pela dissimilaridade ou similaridade genética entre os acessos por meio de técnicas biométricas baseadas no estudo da heterose, as quais envolvem análises dialélicas ou por meio de processos preditivos que levam em considerações informações fenotípicas e genotípicas entre os acessos e que são geradas através de diferenças morfológicas, fisiológicas, agronômicas ou moleculares (CRUZ et al., 2012).

Na predição da diversidade genética torna-se apropriada a utilização de técnicas de análise multivariada, uma vez que trata os dados de forma simultânea (CRUZ, 2006), permitindo: quantificar a divergência genética existente entre os acessos, com a identificação dos mais divergentes para cruzamentos, auxiliar na identificação de grupos de similaridades que possam se constituir em duplicatas e, ainda, realizar inferências sobre as características de maior contribuição para a diversidade genética (CARDOSO & FARIAS-NETO, 2003; FILHO et al., 2011).

Adicionalmente, o delineamento de estratégias eficientes de melhoramento depende do conhecimento do controle genético das características a serem analisadas, tais como: herdabilidade, repetibilidade, correlação entre caracteres, entre outras (RESENDE, 2002). Deste modo, as estimativas de parâmetros genéticos e de valores genotípicos são indispensáveis para o melhoramento genético, uma vez que permitem inferir sobre a estrutura genética da população, o nível de variabilidade presente, além de serem indicadores da pressão de seleção a ser utilizada em populações, gerando subsídios para a predição de ganho genético (BARRETO & RESENDE, 2010; LAVIOLA et al., 2010; OLIVEIRA et al., 2013).

Tendo em vista que os programas de melhoramento fundamentam-se na seleção de acessos superiores, a conservação e a valoração da diversidade encontrada na mandioca e mantida nos bancos ativos de germoplasma são inesgotavelmente importantes para os melhoristas (KVITSCHAL et al., 2003) e, do mesmo modo, para o êxito dos trabalhos de melhoramento genético da espécie.

Nesse sentido, este trabalho traz a hipótese de que há variabilidade genética entre os acessos de mandioca conservados no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental

possível de ser utilizada nos programas de melhoramento genético. Desta forma, o objetivo geral desse trabalho foi quantificar a diversidade genética entre os acessos por meio de descritores morfoagronômicos, mediante a aplicação de técnicas de análise multivariada, a estimativa de parâmetros genéticos e a predição de valores genotípicos. Os objetivos específicos foram:

- Quantificar a diversidade genética entre acessos de mandioca da região do Tapajós, Pará por meio de caracteres agronômicos;
- Avaliar a variabilidade genética entre acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental por meio de descritores morfoagronômicos qualitativos;
- Estimar parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos em acessos de mandioca pertencentes ao Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental.

1.1 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1.1 Considerações gerais sobre a mandioca

A mandioca (*M. esculenta* Crantz) é uma espécie que se caracteriza por apresentar parte aérea arbustiva, ser do tipo lenhosa perene, pertence à família Euphorbiaceae e ao gênero *Manihot* Mill (ALLEM, 1994; NASSAR, 2007). São aproximadamente 98 espécies do gênero *Manihot* distribuídas pelas regiões tropicais do novo mundo, a partir do México até a Argentina, em que a maioria das espécies, por volta de 80, encontra-se na América do sul (ROGERS & APPAN, 1973; OLSEN, 2004), sendo a mandioca a única espécie que figura entre as principais culturas agrícolas.

A cultura é considerada rústica, pois apresenta capacidade adaptativa a diversas condições de solos e climas, sendo tolerante ao déficit hídrico (VIEIRA et al., 2012), o que proporciona maior flexibilidade na época de plantio e de colheita (ASARE et al., 2011). É cultivada ao longo das regiões tropicais e subtropicais do mundo, principalmente nas áreas entre 30 °N e 30 °S da linha do equador, em áreas em que a temperatura média anual é maior que 18 °C (CEBALLOS et al., 2004; NASSAR & ORTIZ, 2007). É a sexta cultura alimentar mais importante depois do trigo, arroz, milho, batata e cevada (BHATTACHARJEE et al., 2012). Suas raízes, ricas em amido, são consideradas excelentes fontes de carboidratos (BENESI et al., 2010; NASSAR et al., 2010) sendo um componente essencial na dieta alimentar de aproximadamente um bilhão de pessoas em 105 países das regiões mais carentes (FAO, 2008a, 2009). Em condições ambientais propícias: temperaturas elevadas e umidade relativa alta, a espécie produz mais energia por hectare que o milho, a soja e o arroz (EL-SHARKAWY, 2004).

O Brasil é considerado o possível centro de origem e diversificação da espécie (OLSEN, 2004; NASSAR, 2007; CHACÓN et al., 2008), tais evidências são corroboradas devido a grande diversidade de espécies do gênero *Manihot* encontrada no país, particularmente na região central (ALLÉM, 1994). Olsen (2004) e Léotard et al., (2009) reforçam a ideia de que a domesticação da mandioca ocorreu, provavelmente, na região sul da Amazônia. A cultura se destaca por ser uma planta de muitos usos, desde a alimentação humana e animal ao uso industrial (SOUZA et al., 2006a). Basicamente todas as partes da planta podem ser utilizadas, entretanto as raízes tuberosas fornecem o produto mais utilizado (CEBALLOS et al., 2004). Estima-se que aproximadamente 70% da produção de raízes de mandioca no mundo seja aproveitada para o consumo humano, quer diretamente após o

cozimento ou em formas processadas, os restantes 30% são usados na alimentação animal, bem como através de produtos industriais, tais como amido, glicose e álcool, enfatiza El-Sharkawy (2004).

A espécie é considerada uma planta cianogênica, ou seja, produz glicosídeos cianogênicos em todos os tecidos, exceto nas sementes, os quais liberam o radical cianeto (CN⁻) que é altamente tóxico (MEZETTE, 2009; RIJSSEN et al., 2013). De acordo com Nassar e Ortiz (2007) e Vieira et al., (2011b), os teores de glicosídeos cianogênicos são utilizados para classificar as variedades de mandioca em dois grandes grupos: ‘bravas’ ou ‘amargas’, em que apresentam níveis elevados (> 100 ppm) de glicosídeos cianogênicos na polpa da raiz, e as variedades ‘doces’ ou ‘mansas’, também conhecidas como macaxeiras, em que os teores de glicosídeos cianogênicos encontram-se em níveis inferiores (< 100 ppm) na polpa da raiz.

Em alguns países, principalmente da África Central, as folhas jovens de mandioca são regularmente utilizadas para o consumo humano e apresentam valores em torno de 25% de proteínas, além de ser uma fonte valiosa de ferro, cálcio e vitaminas A, C e O (FREGENE et al., 2000; FAO, 2013), por outro lado as suas raízes contêm valores baixos de proteínas, salientam Montagnac et al., (2009) e Benesi et al., (2010). Vale ressaltar que o caule quando maduro é utilizado como estaca de plantio. A cultura ao longo do tempo vem sendo propagada vegetativamente pela interferência humana, todavia, manteve a reprodução sexuada ativa, promovendo a ampliação da variabilidade genética (SILVA et al., 2001; MONTERO-ROJAS et al., 2011).

A produção anual de raízes tuberosas de mandioca no mundo é de aproximadamente 280 milhões de toneladas (FAO, 2013). O Brasil foi o maior produtor mundial de raízes de mandioca até o ano de 1991, sendo a partir desse ano superado pela Nigéria (MEZETTE, 2007) que obteve, somente no ano de 2011, uma produção por volta de 52,0 milhões de toneladas de raízes tuberosas (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2014). Atualmente, a Nigéria é considerada o maior produtor mundial, sendo o Brasil considerado o quarto produtor mundial de raízes de mandioca, com uma produção da ordem de 23,0 milhões de toneladas em uma área colhida de aproximadamente 1,60 milhões de hectares (IBGE, 2014).

A mandioca é cultivada em todas as regiões do Brasil devido a sua capacidade de adaptação, sendo considerada uma cultura de subsistência, plantada principalmente em áreas marginais para outras espécies agrícolas. Gomes et al., (2007) mencionam que as pesquisas com a cultura ainda são limitadas e a produtividade das raízes alcançadas nas diversas regiões

brasileiras é baixa, entorno de 14500 kg ha⁻¹ (IBGE, 2014). Fukuda et al., (1996) assinalam que um dos fatores responsáveis para a baixa produtividade das raízes no Brasil é o uso de variedades com baixo potencial produtivo. Atrelado a esses fatores estão: a baixa fertilidade dos solos brasileiros e o uso de práticas de manejos inadequadas para o sistema de cultivo. Contudo, houve avanços nos níveis de produtividade nas últimas décadas, principalmente em decorrência de programas de melhoramento bem sucedidos para a cultura, porém, esses avanços ficam, no âmbito geral, restrito aos estados das regiões mais ricas do país.

As principais regiões brasileiras produtoras de raízes de mandioca são: Norte, respondendo por 33,4%; Sul, responsável por 25,3% da produção; Nordeste (22,0%), Sudeste, (11,0%) e Centro-Oeste, responsável por 5,6%. Entre os estados produtores destaca-se o Pará em primeiro lugar do ranking com produção de raízes equivalente a 4,90 milhões de toneladas e uma área colhida de 345 mil hectares, respondendo por 21,0 % da produção nacional, o que aponta a mandioca como uma importante cultura energética para a população do estado. Em seguida vêm os estados do Paraná e Bahia, respectivamente (IBGE, 2014).

Nas regiões Norte e Nordeste têm a sua cadeia produtiva, na quase totalidade, à transformação das raízes de mandioca em farinha, que é o principal produto dentre os derivados das raízes no Brasil, apontam Almeida e Ledo (2006). Esses autores enfatizam que nas regiões Sul, Sudeste e Centro - Oeste a raiz de mandioca apresenta uma maior diversidade de uso, incluindo também a produção de fécula.

1.1.2 Recursos genéticos

Os recursos genéticos vegetais correspondem à fração da biodiversidade que tem valor atual ou potencial (GIACOMETTI, 1993). Agricultura e biodiversidade estão intimamente ligadas. A agrobiodiversidade é o termo genérico que inclui todos os componentes da diversidade biológica (plantas, animais e microrganismos) essenciais para a alimentação e à agricultura, bem como para todos os componentes da biodiversidade ecológica que compõem os agroecossistemas (NASS et al., 2012). Assim sendo, os recursos genéticos são a base para a segurança alimentar e energética global, e compreendem algumas atividades que não podem ser subestimadas: introdução e troca de germoplasma, caracterização, avaliação, documentação e conservação, uma vez que servem como matéria-prima para o melhoramento de plantas (NASS & PATERNIANI, 2000; NASS et al., 2012).

Para Hernández (2013), a partir do século XX, houve o incremento na produção de novas variedades mediante cruzamentos, com o intuito de buscar maneiras de solucionar

alguns problemas de produção, o que ocasionou um aumento na proteção, bem como o reconhecimento sobre a importância dos recursos genéticos. Wang et al., (2007) reforçam que o reconhecimento dos valores intrínsecos dos recursos genéticos e dos multi-valores do germoplasma ocorreram por conta do crescimento da população e dos problemas ambientais decorrentes desse crescimento desenfreado. Os recursos genéticos se perdem em virtude da sua utilização inadequada e da destruição de habitats (VASCONCELOS et al., 2007). Cruz et al., (2012) citam que a perda da diversidade genética tende a reduzir a capacidade dos organismos de responder às mudanças ambientais, assim como elimina características biológicas valiosas, muitas ainda nem conhecidas. Tais consequências preocupam insistentemente os programas de melhoramento de plantas, em virtude da diminuição da variabilidade genética das espécies cultivadas e selvagens, ocasionando o estreitamento da base genética.

Parte da conservação e uso dos recursos genéticos no Brasil é coordenado pela Embrapa Recursos Genético e Biotecnologia, uma das 39 unidades de pesquisas da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa (DINIZ & FERREIRA, 2000). A unidade foi criada em 1976, e recebeu o nome de Recursos Genéticos (CENARGEN), sendo responsável pelo foco inicial das pesquisas com recursos genéticos no país (BUSTAMANTE & FERREIRA, 2011).

É importante enfatizar que no país a conservação dos recursos genéticos torna-se importante não só devido à biodiversidade presente (VIEIRA et al., 2011c), mas também em decorrência da alta dependência de germoplasma de plantas exóticas para o melhoramento, considerando que a vasta maioria das plantas de importância econômica e social não são nativas do Brasil (BUSTAMANTE & FERREIRA, 2011). Neste contexto, Vieira et al., (2011c) destacam a mandioca como espécie estratégica, pois, entre as grandes culturas do agronegócio mundial, é a única possivelmente originária do Brasil.

1.1.2.1 Recursos genéticos da mandioca

Com a crescente importância da produção de mandioca no cenário mundial, houve o reconhecimento da necessidade de preservar os recursos genéticos da cultura, bem como de espécies afins para o desenvolvendo de variedades com características específicas e adaptação a diferentes condições edafoclimáticas (FAO, 2008b, 2013). A espécie apresenta ampla variabilidade genética e fenotípica (FERREIRA et al., 2008), que surge em decorrência de fatores biológicos e ambientais, principalmente devido ao seu modo de reprodução, em que

ocasionais cruzamentos naturais ocorrem entre os inúmeros acessos e também com as espécies filogeneticamente próximas, além de fatores humanos, por intermédio do modo de propagação disseminado e o fluxo de materiais entre produtores (FARALDO et al., 2000; NASSAR & ORTIZ, 2007).

A conservação da ampla variação genotípica encontrada na mandioca é realizada, principalmente de forma *ex situ*, fora do seu local de origem por meio do estabelecimento de bancos ativos de germoplasma a campo (GEPTS, 2006), que são normalmente constituídos por variedades antigas (etnovariedades), variedades modernas (melhoradas) e variedades silvestres (VIEIRA et al., 2008). Cruz et al., (2012) definem banco ativo de germoplasma como unidade conservadora de material genético de uso imediato ou com potencial de uso futuro, que tem como objetivo realizar a caracterização fenotípica mínima e a multiplicação dos materiais com a manutenção da identidade genética.

A conservação fora do local de origem também pode se realizada por meio da técnica de cultura de tecidos *in vitro*, a qual compreende uma das formas menos onerosa e efetiva na conservação do germoplasma de mandioca, ou ainda por meio de sementes botânicas, utilizada mais em espécies silvestres (FUKUDA et al., 2005).

Outrossim, pode-se conservar o germoplasma de mandioca no seu local de origem, *in situ*, a exemplo de alguns trabalhos desenvolvidos em aldeias indígenas, com o intuito de conservar a cultura dos povos locais e preservar a riqueza genética da espécie e de espécies selvagens pertencentes ao gênero *Manihot*. Estratégias para a conservação e preservação de recursos genéticos *in situ* necessitam ser planejadas, principalmente para evitar erosão genética (FARALDO, 2000).

O estabelecimento dos bancos ativos de germoplasma de mandioca possibilita a difusão de materiais aos programas de melhoramento e minimiza as perdas dos recursos genéticos da espécie e das espécies afins. De acordo com Fukuda et al., (1996) a perda dos recursos genéticos (erosão genética) na mandioca ocorre, principalmente, em função da expansão das fronteiras agrícolas, do avanço da urbanização, dos estresses bióticos e abióticos e, em menor mensuração, pela substituição de variedades tradicionais por variedades melhoradas.

No ano de 1976, a Embrapa Mandioca e Fruticultura iniciou, em Cruz das Almas, Bahia, a formação do primeiro banco ativo de germoplasma de mandioca (FUKUDA et al., 2005). A partir de 1994, outros cinco bancos regionais de germoplasma foram criados e, ou, incorporados em praticamente todas as regiões brasileiras, segundo Fukuda e Iglesias (2006), sendo eles: o Banco de Germoplasma de Mandioca para as condições Semi-Áridas, mantido

pela Embrapa Semi-Árido - CPATSA, em Petrolina, PE; o Banco de Germoplasma de Mandioca para os Cerrados, mantido pela Embrapa Cerrados - CPAC, em Brasília, DF; o Banco Regional de Germoplasma de Mandioca da Amazônia Oriental, mantido pela Embrapa Amazônia Oriental - CPATU, em Belém, PA; o Banco de Germoplasma de Mandioca para a Amazônia Ocidental, mantido pela Embrapa Amazônia Ocidental - CPAA, em Manaus, AM, e o Banco de Germoplasma de Mandioca para as Condições Subtropicais, mantido pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Difusão de Tecnologia de Santa Catarina - EPAGRI, em Itajaí, SC.

É importante mencionar que, a conservação a campo tem duração de curto e médio prazo, sendo uma das formas de conservação mais onerosas e que apresentam altos riscos de perdas de materiais. Desta forma, cuidados contínuos devem ser tomados durante todos os ciclos de um banco ativo de germoplasma, principalmente nas etapas de regeneração dos acessos.

1.1.3 Pré-melhoramento: caracterização de germoplasma

Pré-melhoramento de plantas refere-se às atividades destinadas à identificação de genes e, ou, características desejáveis em germoplasma exóticos ou semi-exóticos, incluindo àquelas em populações que não foram submetidas a qualquer processo de melhoramento, e tem como objetivo à inserção desses materiais em acessos elites agronomicamente para serem testados pelos programas de melhoramento (NASS & PATERNIANI, 2000; NASS, 2011).

Vale assinalar que qualquer programa de melhoramento fundamenta-se na seleção de acessos superiores, desta maneira, a variabilidade genética disponível é de grande interesse dos melhoristas (KVITSCHAL et al., 2003), seja pela coleta de material vegetal *in situ* ou pelo intercâmbio de germoplasma caracterizado e mantido em bancos ativos de germoplasma (KVITSCHAL et al., 2009; NEITZKE et al., 2010).

Segundo Asare et al., (2011) um programa de melhoramento eficiente requer o levantamento de informações relativas à extensão e à natureza da diversidade genética do germoplasma para a caracterização e determinação do potencial dos acessos. A falta de informação dos acessos mantidos e conservados em um banco, conseqüentemente, reduz a capacidade de uso destes materiais pelos programas. De acordo com Souza e Fávero (2010), apesar do indiscutível avanço dos últimos anos, os bancos de germoplasma, de modo geral, são subutilizados e servem, geralmente, de base para programas de melhoramento que caminham em apenas uma direção. Vasconcelos et al., (2007) assinalam que apenas 4,0% de

todos os acessos armazenados no mundo é utilizado pelos programas de melhoramento. Estes autores chamam a atenção para o desafio de aumentar o uso dos germoplasma conservados.

Nass e Paterniani (2000) levantam os principais fatores responsáveis pela baixa utilização dos recursos genéticos: a falta de documentação e descrição inadequada das coleções, o que gera a escassez de informações, a restrita adaptabilidade dos acessos, os números insuficientes de melhoristas, particularmente em países mais pobres, e a falta de coleções caracterizadas. O principal problema não é a quantidade de acervos de materiais coletados e conservados das principais espécies de importância agrícola, mas os dados informativos levantados destes acervos. Deste modo, a atribuição de valor a um germoplasma por meio da diversificação de seu uso e, conseqüentemente, do desenvolvimento de novos produtos, passa por trabalhos de caracterizações que devem ser dirigidos ao uso pretendido ou ao potencial identificado dos germoplasma (SOUZA & FÁVERO, 2010).

A coleta de informações para o estudo da diversidade e da divergência genética de inúmeras espécies agrícolas pode ser realizada, essencialmente, por meio de descritores fenotípicos, morfológicos ou agronômicos, e também através de marcadores moleculares. Segundo Terzopoulos e Bebeli (2010), os marcadores moleculares são ferramentas úteis para a caracterização da composição genética das espécies agrícolas e quando comparados com os descritores fenotípicos têm a vantagem de não serem influenciados pelo ambiente. Entretanto, apresentam a desvantagem de acessar o genoma como um todo e não apenas as regiões responsáveis pela expressão das características de interesse (VIEIRA et al., 2011b).

Por conseguinte, a caracterização fenotípica pode ser utilizada com sucesso nas coleções de germoplasma, uma vez que gera subsídios úteis sobre as relações genéticas e as características específicas de importância morfoagronômica entre os acessos, sendo uma ferramenta de fundamental importância para os programas de melhoramento genéticos (LAURIE et al., 2013).

Os descritores agronômicos são utilizados com maior frequência em avaliações de campo em que se exigem experimentos mais elaborados, com delineamentos experimentais e de preferência em vários locais e anos (ELAMEEN et al., 2010; ETICHA et al., 2010). Segundo Albuquerque et al., (2011) e Vieira et al., (2013), os descritores agronômicos apresentam baixa herdabilidade, porém, são importantes economicamente e auxiliam na identificação de materiais adaptados e com potencial produtivo.

Por outro lado, os descritores morfológicos incluem características de fácil identificação (ALBUQUERQUE et al., 2011), potencialmente utilizados para a identificação de clones e a estimação das distâncias genéticas entre os acessos (ELAMEEN et al., 2010).

Geralmente, é a forma mais acessível de quantificar a diversidade genética (LI et al., 1995), uma vez que sofrem menos influências do ambiente, além de ser uma ferramenta menos onerosa (VIEIRA et al., 2007). Sudré et al., (2010) relatam a importância da atividade da caracterização morfológica na disponibilização de informações sobre o germoplasma conservado, aumentando a eficiência em seu uso. Acessos duplicatos em bancos ativos de germoplasma podem ser identificados através da caracterização por meio dos descritores morfológicos (RITSCHELOS & HUÁMANZ et al., 2002; RIMOLDI et al., 2010).

Vários estudos, em inúmeras culturas, têm demonstrados resultados positivos com a estimativa da variabilidade genética dos acessos estudados e com a seleção de potenciais acessos que podem ser utilizados em programas de melhoramento por meio do uso de descritores morfológicos e agronômicos: arroz (MOUKOUMBI et al., 2011; GANA et al., 2013), banana (MATTOS et al., 2010), batata-doce (ELAMEEN et al., 2010; MOULIN et al., 2012), cevada (ETICHA et al., 2010), feijão (CELION et al., 2007; HEGAY et al., 2013), maçã (REIM et al., 2011), maracujá (CASTRO et al., 2012), pimenta (NEITZKE et al., 2010) e tomate (TERZOPOULOS & BEBELI, 2010). Para mandioca os trabalhos desenvolvidos por Elias et al., (2001); Cardoso e Farias-Neto (2003) e Mezette et al., (2013).

1.1.3.1 Caracterização morfoagronômica em acessos de mandioca

Os acessos de mandioca podem ser caracterizados mediante o uso de 75 descritores morfológicos e agronômicos, os quais são classificados por categorias ou por ordem de importância (FUKUDA & GUEVARA, 1998). Estes autores salientam que os descritores estabelecidos para a cultura foram uniformizados e padronizados para América Latina, com o intento de viabilizar o intercâmbio de informações sobre os recursos genéticos disponíveis nos bancos ativos de germoplasma desta região.

Asare et al., (2011) mencionam que na ausência de marcadores moleculares, as ferramentas mais disponíveis para quantificar a diversidade genética da espécie são os descritores morfológicos. Estes são expressos em diferentes ambientes e apresentam alta herdabilidade (FUKUDA & GUEVARA, 1998). Asare et al., (2011) reverberam que as características morfológicas da cultura, por vezes, são bastante variáveis e têm sido utilizadas pelos agricultores locais na identificação e na classificação das variedades no campo.

Devido à amplitude da base genética da espécie e de seu cultivo ocorrer, principalmente, por pequenos produtores que possuem o interesse em preservar e selecionar determinadas variedades no campo (FARALDO et al., 2000; ZACHARIAS et al., 2004), há a

possibilidade de confusões com os nomes e as identificações de algumas variedades. As plantas são multiplicadas e repassadas entre os agricultores frequentemente com outros nomes, os quais são estabelecidos em razão de características morfológicas muito próximas (ELIAS et al., 2001; EMPERAIRE & PERONI, 2007), gerando dúvidas durante a coleta e o armazenamento dos acessos e, por conseguinte, o surgimento de duplicatas dentro das coleções de trabalho. Portanto, a caracterização dos acessos de mandioca por meio de descritores morfológicos permite identificar não somente acessos que atendam às necessidades dos programas de melhoramento, mas também possíveis duplicidades nas coleções (RIMOLDI et al., 2010; MOURA et al., 2013).

Os descritores morfológicos mais utilizados na caracterização de acessos de mandioca têm sido: a cor da folha apical, a pubescência do broto apical, a forma do lóbulo central, a cor do pecíolo, a cor externa do caule, a cor externa da raiz, a cor do córtex da raiz, a cor da polpa da raiz, a cor da folha desenvolvida, o número de lóbulos, o comprimento do lóbulo, a largura do lóbulo, a relação comprimento e largura do lóbulo central, a floração, o hábito de crescimento do caule, a cor dos ramos terminais nas plantas adultas, a altura da planta, a altura da primeira ramificação e o hábito de ramificação (VIEIRA et al., 2008; ALBUQUERQUE et al., 2009; BENESI et al., 2010; CAMPOS et al., 2010; ASARE et al., 2011; MEZETTE et al., 2013).

Em relação aos descritores agronômicos, estes contribuem para visualizar, de forma preliminar, a adaptação e o potencial produtivo dos acessos da espécie, indicando os mais promissores para recomendação direta ao produtor e, ou, utilização em programas de melhoramento (FUKUDA & GUEVARA, 1998). Rimoldi et al., (2010) destacam que a seleção de acessos produtivos, acompanhada de outros atributos agronômicos e com determinada estabilidade diante das variações do ambiente, são propósitos básicos dos programas de melhoramento genético da mandioca.

Os descritores agronômicos mais usados em alguns estudos desenvolvidos por Cardoso e Farias-Neto (2003), Albuquerque et al., (2009), Rimoldi et al., (2010), Asare et al., (2011) e Vieira et al., (2011b) são: o peso da parte aérea da planta (kg), o peso total da parte aérea (kg), o comprimento médio da raiz (cm), o diâmetro médio da raiz (cm), o rendimento das raízes comerciais (kg ha^{-1}), a porcentagem do teor de amido das raízes, o índice de colheita (%), o destaque da película da raiz, o destaque do córtex da raiz, o número de raízes podres por planta e o número de raízes por planta.

Mesmo com os vários estudos de diversidade genética por meio dos descritores morfoagronômicos, ainda são escassos os dados botânicos de inúmeras variedades brasileiras

de mandioca, o que reforça a necessidade de reunir parte do material conservado para ser caracterizado e avaliado, no que permeia a identidade genética e o potencial produtivo (ALBUQUERQUE et al., 2009; KVISTSCHAL et al., 2009), com ênfase para a região Amazônica, onde possivelmente se deu o processo de domesticação da espécie (LEOTÁRD et al., 2009).

1.1.4 Estimativa da variabilidade genética por meio de análise multivariada

A quantificação da diversidade genética é muito importante em um programa de melhoramento, uma vez que revela a estrutura genética da população e possibilita a escolha de acessos potencialmente promissores nas populações segregantes (CEOLIN et al., 2007). Alguns procedimentos têm sido utilizados para a escolha dos acessos e são avaliados por meio de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose ou por processos preditivos. Os métodos preditivos dispensam à necessidade de hibridização entre os acessos. Além disso, são realizados por meio de caracteres agronômicos, morfológicos ou moleculares, e contribuem para a análise de medidas de similaridade ou dissimilaridade através da dispersão gráfica e dos métodos aglomerativos (CRUZ et al., 2012).

Com o crescente desenvolvimento computacional, as técnicas de análises multivariadas passaram a ser mais utilizadas para a avaliação dos diversos comportamentos e tendências nas mais diferentes áreas do conhecimento (FÁVERO et al., 2009), inclusive para quantificar a diversidade genética entre os acessos na área do melhoramento vegetal (MAJI & SHAIBU et al., 2012; HEGAY et al., 2013). De acordo com Eticha et al., (2010) a efetiva aplicação das técnicas de análises multivariadas na quantificação da diversidade genética, em acessos caracterizados por meio de descritores morfológicos e agronômicos, tem possibilitado a separação dos acessos mediante o uso de medidas de dissimilaridade ou similaridade, o que vem a colaborar com a estimativa de diversidade genética entre os acessos, além da identificação dos acessos mais divergentes para cruzamentos (FILHO et al., 2011).

A identificação de acessos superiores com base em apenas uma característica, geralmente prejudica o sucesso de uma variedade no mercado, principalmente quando não são consideradas as características morfológicas (BERTINI et al., 2010). Portanto, torna-se apropriada a utilização de técnicas multivariadas para as análises de caracteres morfológicos, agronômicos e moleculares no melhoramento de plantas, já que trata os dados de forma simultânea (CRUZ, 2006) e auxilia no estudo da divergência genética, bem como na identificação de acessos com duplicidades dentro das coleções e na quantificação da

diversidade genética, inferindo sobre as características de maior contribuição para a variação total. Inúmeros trabalhos têm sido realizados em diferentes espécies com o objetivo de quantificar a diversidade genética por meio do uso de descritores fenotípicos morfoagronômicos e moleculares, conjuntamente com a aplicação de técnicas multivariadas: (COELHO et al., 2007; ELAMEEN et al., 2010; MATTOS et al., 2010; MAJI & SHAIBU, 2012; MOULIN et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2012; LAURIE et al., 2013; MAQUIA et al., 2013 e MENGESHA et al., 2013).

Para quantificar a diversidade genética, alguns métodos de análise multivariada podem ser utilizados, a exemplo da técnica de componentes principais, análise de correspondência múltipla, variáveis canônicas, análises das coordenadas principais, escalonamento multidimensional e, por sua vez, os métodos aglomerativos (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003; CRUZ et al., 2012; OLIVEIRA et al., 2014).

1.1.4.1 Métodos de estudo da diversidade genética em acessos de mandioca

Dentre as técnicas de análises multivariadas mais utilizadas na quantificação da diversidade genética em germoplasma de mandioca estão os métodos aglomerativos, os quais têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, do modo que haja homogeneidade no interior dos grupos e heterogeneidade entre eles (FILHO et al., 2008; CRUZ et al., 2012). Segundo Fávero et al., (2009) a técnica de análise de conglomerados é uma técnica estatística de interdependência e exploratória, pois possibilita verificar a dimensionalidade dos dados e, principalmente, estudar a associação entre os objetos (acessos), levantando hipóteses e verificando pontos 'outliers'. O processo envolve basicamente duas etapas, a primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os acessos, e a segunda com a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (CRUZ et al., 2012).

Em trabalhos com acessos de mandioca, as distâncias mais utilizadas com base no uso de variáveis quantitativas são a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, principalmente em estudos sobre a divergência genética entre os acessos (SHIMOYA et al., 2002; CRUZ, 2006). Ambas têm sido aplicadas por vários autores, como Cardoso e Farias-Neto (2003), Zuin et al., (2009); Elias et al., (2001) e Vieira et al., (2011b), respectivamente.

A distância generalizada de Mahalanobis é a preferida pelos pesquisadores e considera as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas,

portanto, possível de ser quantificada quando os acessos são avaliados em experimentos conduzidos em delineamento experimentais (CRUZ et al., 2012).

Por conseguinte, as medidas de similaridades entre pares de acessos, quanto à quantificação da diversidade genética utilizando variáveis qualitativas, podem ser estimadas por meio do índice de Jaccard, de simples coincidência e de Nei e Li, além de outras, e as medidas de dissimilaridades por meio da distância binária de Sokal e da classe de variáveis multicategóricas. Estas medidas têm à vantagem de serem aplicadas quando as características avaliadas não apresentam uma única classe fenotípica (CRUZ, 2006; VENDRAMINI et al., 2011). Há vários trabalhos que utilizam desses procedimentos, a exemplo de Vieira et al., (2011b) e Vieira et al., (2013), simples coincidência; Vieira et al., (2011a), índice de Jaccard, e Vendramini et al., (2011), variáveis multicategóricas. É importante assinalar que a distância genética entre os acessos pode ser estimada utilizando variáveis quantitativas e qualitativas de maneira simultânea por meio do método de Gower, metodológica proposta por Gower (1975).

Entre os métodos de agrupamento mais utilizados destacam-se os métodos hierárquicos e os métodos não hierárquicos de otimização (FILHO et al., 2008). De acordo com Cruz et al., (2012) nos métodos hierárquicos os acessos são aglomerados por um processo que se repete em vários níveis, sendo gerado o dendrograma sem a preocupação com o número ótimo de grupos, enquanto que nos métodos de otimização realiza-se a partição do conjunto de acessos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de alguma medida estabelecida. Os métodos mais utilizados em trabalhos com acessos de mandioca envolvem o método não hierárquico de otimização de Tocher, utilizado por Vieira et al., (2008), Kvitschal et al., (2009) e Rimoldi et al., (2010), e o método hierárquico de ligação média entre grupos, também conhecido como UPGMA, usado em trabalhos desenvolvidos por Asare et al., (2011), Ribeiro et al., (2011) e Vieira et al., (2011a).

Outra técnica de análise multivariada bastante utilizada na estimação do nível de variabilidade genética entre acessos de mandioca é a análise por meio da técnica de componentes principais, descrita por Pearson (1901). A técnica permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações originalmente contidas em um grupo de v variáveis (CRUZ, 2006), em outro conjunto de dimensões equivalentes, sendo cada componente principal uma combinação linear das variáveis originais e independentes entre si, estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da variabilidade presente nos dados iniciais (CRUZ et al., 2012). É aplicada no melhoramento de plantas quando os dados são obtidos de experimentos sem repetição (BERTINI et al., 2010; CRUZ et

al., 2012). Vários estudos têm utilizado desta análise, a exemplo de Elias et al., (2001) e Montero-Rojas et al., (2011). A técnica também permite dispor o grupo de acessos por meio de uma dispersão gráfica, a fim de verificar o grau de similaridade entre os acessos.

Além disso, a técnica de componentes principais avalia a importância dos descritores mensurados para a diversidade genética, em que as variáveis de maiores pesos nos últimos autovalores são consideradas de menor importância, enquanto que as variáveis de maiores pesos nos primeiros autovalores são consideradas de maior contribuição para a variação (CRUZ, 2006). Cabe salientar que os primeiros componentes principais em estudo têm sido utilizados quando estes envolvem pelos menos 80% da variação total (CRUZ et al., 2012).

Adicionalmente, a técnica de análise de correspondência múltipla vem sendo aplicada em menor frequência, porém, com sucesso, em estudos de diversidade genética em acessos de mandioca, a exemplos de trabalhos desenvolvidos por García et al., (2014) e Oliveira et al., (2014). A técnica é muito similar à técnica de componentes principais, entretanto, é adequada para variáveis categóricas (FÁVERO et al., 2009).

1.1.5 Parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no estudo da diversidade genética

O conhecimento sobre a natureza e a intensidade das variações de origem genética e ambiental é primordial para que a adoção de acurados procedimentos de seleção seja realizada de forma eficiente. Deste modo, a estruturação de procedimentos estratégicos e a melhoria de determinadas características agrônômicas baseiam-se na estimação de componentes de variância e na predição de valores genéticos (RESENDE, 2002; DIAS et al., 2011).

Os componentes de variância são as variâncias associadas aos efeitos aleatórios de um determinado modelo estatístico e o interesse por sua informação gerada é imediato, uma vez que tem grande utilidade para o conhecimento dos parâmetros genéticos, entre eles os populacionais, herdabilidade, repetibilidade individuais e correlação genética entre caracteres, e para a predição de ganhos genéticos (DUARTE et al., 2001; RESENDE, 2002; RAMALHO et al., 2012). Laviola et al., (2010) reverberam que o conhecimento dos parâmetros genéticos, de modo geral, é essencial para a elucidação da estrutura genética da população, para a inferência da variabilidade genética e para a predição dos valores genéticos.

A herdabilidade diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica dos descritores e indica, pois, o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinado caráter (RESENDE, 2002). Característica com

herdabilidade baixa evidencia grande efeito do ambiente e, certamente, demanda estratégias mais elaboradas para a seleção de plantas em populações segregantes (OLIVEIRA et al., 2013). O conceito de herdabilidade no sentido restrito foi definido por Lush (1936) em termos de ação aditiva dos genes e apresenta algumas definições, as quais são similares quando se aplica a herdabilidade no sentido amplo, bastando substituir a variação aditiva pela variação genética no numerador das expressões (RESENDE, 2002). Vale enfatizar que são raras as estimativas de herdabilidade dos descritores quantitativos para a mandioca em condições brasileiras (BARRETO & RESENDE, 2010). O cenário denota mais esforços dos programas de melhoramento, uma vez que há demanda, principalmente, por acessos com alto potencial produtivo e alta qualidade de amido (OLIVEIRA et al., 2013).

Outro parâmetro extremamente importante para o melhoramento é o coeficiente de repetibilidade conceituado por Lush (1937). Em espécies perenes, a exemplo da mandioca, existem aspectos biológicos peculiares, como ciclo reprodutivo mais longo, oscilação de produção, no caso da mandioca maior flexibilidade de colheita, sobreposição de gerações e a expressão de determinadas características ao longo dos anos (RESENDE et al., 2001). Assim, ao escolher um acesso, espera-se que sua superioridade pendure por muitos anos e que o bom desempenho de certas estruturas reflita o potencial do acesso como um todo. A veracidade dessa expectativa pode ser comprovada pelo coeficiente de repetibilidade, que se refere às correlações fenotípicas entre medições repetidas em uma determinada característica num mesmo indivíduo e expressa à proporção da variação total que é explicada pelas variações genotípicas e pelas alterações do ambiente. Logo, o coeficiente de repetibilidade varia com a natureza do descritor, com as propriedades genéticas da população e com as condições do ambiente. Existem alguns métodos para a estimação do coeficiente de repetibilidade, entre eles: o método da análise de variância, de componentes principais e o método da análise estrutural (RESENDE, 2002; CRUZ et al., 2012).

O parâmetro correlação genética entre caracteres denota o grau de associação genética entre os descritores avaliados, isto é, quantifica as influências que determinadas características exercem sobre outras (RESENDE, 2002). Tal conhecimento é de grande importância para o melhoramento, substancialmente quando há dificuldade de seleção para uma característica, por exemplo ao apresentar baixa herdabilidade (CRUZ et al., 2012). Segundo estes autores, se duas características apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para uma delas com a seleção indireta na outra associada. Contudo, se uma característica correlacionar-se negativamente com algumas e positivamente com outras, deve-se tomar cuidado para não provocar mudanças indesejáveis com a seleção. Além dos métodos mais

simples de correlação entre os caracteres, como a correlação genética e fenotípica, existem outros métodos: o coeficiente de correlação parcial, a análise de trilha e a correlação canônica.

1.1.5.1 Procedimento REML/BLUP

Em termos de melhoramento genético, de acordo com Resende et al., (2001), as espécies perenes apresentam alguns fatores fisiológicos que são peculiares e que propiciam algumas consequências, entre elas: a utilização do material genético selecionado para a produção comercial por vários anos, a utilização de avaliações repetidas ao longo dos anos e a redução na taxa de sobrevivência dos experimentos durante sua vida útil. Estes fatores acabam gerando dados desbalanceados para uso na estimação de parâmetros genéticos e na predição dos valores genotípicos individuais em grande parte dos experimentos (PAIVA et al., 2002). Segundo Moreto et al., (2013), no caso da mandioca, as avaliações nas fases iniciais tornam-se difíceis, uma vez que nem sempre é possível implantar um experimento completo devido à limitação de área e, ou, de materiais propagativos, além das características inerentes à espécie.

Deste modo, tem-se a necessidade do uso de métodos especiais, não somente na implantação do experimento por meio do uso de delineamentos experimentais específicos, mas também quanto à avaliação dos dados levantados. Os métodos tradicionais de estimação com base em análise de variância não são os mais recomendados em culturas perenes (RESENDE, et al., 2001). Atualmente, segundo estes autores, o procedimento analítico recomendado para o estudo em genética quantitativa e para a prática da seleção em plantas perenes é o da máxima verossimilhança restrita - REML e da predição linear não viciada - BLUP, isto é, a estimação de componentes de variância com base no procedimento REML e os valores genotípicos por meio do modelo BLUP.

O procedimento BLUP recebeu esta denominação por Handerson (1973), mas passou a ser usado, formalmente, em 1980, com os avanços da tecnologia computadorizada. Tal procedimento ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis, como efeitos de blocos, do ano de medição e do local de plantio e, simultaneamente, prediz os valores genéticos dos indivíduos, a exemplo das médias genotípicas. É usado tanto em situação de dados desbalanceados quanto de dados balanceados (RESENDE, 2002), principalmente devido à importância de se fazer inferências práticas para a seleção por meio das médias genotípicas e não das médias fenotípicas (BARRETO & RESENDE, 2010; BORGES et al., 2010). Vale mencionar que para a aplicação do BLUP se faz necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância (RESENDE, 2007).

O método REML foi desenvolvido por Patterson e Thompson (1971), que apresentaram uma correção quanto ao método da máxima verossimilhança (ML). No método REML, segundo Resende (2002), somente a porção da verossimilhança, que é invariante aos efeitos fixo, é maximizada. Desta forma, o método mantém as demais propriedades do ML ao mesmo tempo em que não é viciado e permite a imposição de restrições de não negatividade, sendo, portanto, o procedimento ideal de estimação de componentes de variância com dados desbalanceados, contudo, também pode ser utilizado com dados balanceados (RESENDE, 2007).

Vários trabalhos têm usado da metodologia de modelos mistos procedimento REML/BLUP, em várias culturas: acerola (PAIVA et al., 2002), batata-doce (BORGES et al., 2010), café (RESENDE et al., 2001), pinhão-manso (LAVIOLA et al., 2010), seringueira (ARANTES et al., 2010), com destaque para mandioca (BARRETO & RESENDE, 2010; FARIAS-NETO et al., 2013). Há também trabalhos com espécies anuais, conforme menciona Resende (2007).

1.1.6 Delineamento experimental em blocos aumentados

O delineamento em blocos aumentados foi estabelecido por Federer (1956) com a finalidade de possibilitar avaliação de acessos, famílias ou linhagens, sem a necessidade da utilização de repetições desses materiais (RESENDE, 2007; RAMALHO et al., 2012), isto é, ausência de repetições dos tratamentos principais (regulares), mas com a presença dos tratamentos comuns (testemunhas) repetidos dentro dos blocos. Este tipo de delineamento tem sido uma alternativa para os melhoristas quando se tem baixa disponibilidade de materiais para serem replicados e existem limitações de áreas experimentais (FEDERER et al., 2001; SANTOS et al., 2002; RAMALHO et al., 2012). Por sua vez, tem sido utilizado principalmente nas etapas de pré-melhoramento das espécies, quando a variabilidade dentro das famílias ainda é expressiva para realizar a seleção com a necessidade de que seja avaliado um número maior de acessos.

No caso da mandioca que apresenta uma ampla diversidade genética (MCKEY et al., 2010), a utilização deste tipo de delineamento torna-se uma alternativa viável nas etapas iniciais do melhoramento, uma vez que a disponibilidade de acessos para a implantação de experimentos balanceados pode ser um entrave para o desenvolvimento e o andamento dos programas genéticos. Trabalhos com essa classe de delineamento têm sido realizados com a espécie, a exemplos dos estudos realizados por Barretos e Resende (2010) e Oliveira et al.,

(2013), além de outras culturas: soja (COSTA et al., 2004), cana-de-açúcar (PEDROZO et al., 2009), mamão (DIAS et al., 2011) e maracujá (FREITAS et al., 2011).

Alguns trabalhos quanto aos métodos de análises têm sido inferidos para serem empregados em blocos aumentados, e a comparação com outros delineamentos de uso potencial (FEDERER et al., 2001; SANTOS et al., 2002; SOUZA et al., 2006b; PETERNELLI et al., 2009). Os principais resultados se resumem no uso de modelos mistos e na escolha do método de estimação dos componentes de variância, o qual deve ser apropriado para cada situação (PETERNELLI et al., 2009). Deste modo, as testemunhas podem ser consideradas de efeitos fixos ou de efeitos aleatórios. Na terminologia de modelos mistos, se as testemunhas são avaliadas em muitas repetições pode-se considerá-las de efeitos aleatórios, o que para Resende (2007) conduz praticamente aos mesmos resultados. Até então, os delineamentos aumentados vinham recebendo tratamento estatístico simplificado, com base na análise intrablocos, modelos fixos (DUARTE et al., 2001) concepção original de Federer (1956).

Na avaliação da real eficiência da seleção em decorrência dos diferentes delineamentos de uso potencial, tem-se evidenciado boas perspectivas com a utilização do delineamento de blocos aumentados quando, de fato, ocorrem restrições no uso de repetições por conta da limitação de recursos genéticos (PETERNELLI et al., 2009). Para Souza et al., (2006b) a utilização deste delineamento é uma alternativa viável para a seleção de acessos superiores nas etapas iniciais dos programas de melhoramento.

REFERÊNCIAS

- AFONSO, S. D.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C.; SILVA, S. O.; LEAL, V. D. J.; CONCEIÇÃO, A. L. S. Selection of Descriptors in a Morphological Characteristics Considered In Cassava Accessions By Means Of Multivariate Techniques. **Journal of Agriculture and Veterinary Science**, v. 7, n. 1, p. 13-20, fev. 2014.
- ALBUQUERQUE, J. A. A.; SEDIYAMA, T.; SILVA, A. A.; SEDIYAMA, C. S.; ALVES, J. M. A.; NETO, F. A. Caracterização morfológica e agrônômica de clones de mandioca cultivados no Estado de Roraima. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 4, n. 4, p. 388-394, out-dez. 2009.
- ALBUQUERQUE A. N.; BARELLI, M. A. A.; NEVES, L.G.; ARANTES, V. R.; SILVA, K.L.M. Evaluation of common bean accessions with multi-category variables. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 4, p. 627-632, out-dez. 2011.
- ALLEM, A. C. The origin of *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae). **Genetic Resource and Crop Evolution**, Netherlands, v. 41, p. 133-150, set. 1994.
- ALMEIDA, C. O.; LEDO, C. A. Perspectivas de crescimento da demanda. In: SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2006. p. 72-90.
- AMORIM, E. P.; NILZA, P. R.; UNGARO, M. R. G.; KIIHL, T. A. M. Divergência genética em genótipos de Girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 31, n. 6, p. 1637-1644, nov-dez. 2007.
- ARANTES, F. C.; GONÇALVES, P. S.; JUNIOR-SCALPPI, E. J.; MORAES, M. L. T.; RESENDE, M. D. V. Ganho genético com base no tamanho efetivo populacional de progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 12, p. 1419-1424, dez. 2010.
- ASARE, P. A.; GALYUON, J. K.; SARFO, J. K.; TETTEH, J. P. Morphological and molecular based diversity studies of some cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germoplasm in Ghana. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 63, p. 13900-13908, out. 2011.
- BARRETO, J. F.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genotípica de acessos de mandioca no Amazonas e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 2, n. 53, p. 131-136, jul-dez. 2010.
- BENESI, R. M.; LABUSCHAGNE, M. T.; HERSELMAN, L.; MAHUNGU, N. Ethnobotany, Morphology and Genotyping of Cassava Germplasm from Malawi. **Journal of Biological Sciences**, v. 10, n. 7, p. 616-623, 2010.
- BERTINI, C. H. C. M.; ALMEIDA, W. S.; SILVA, A. P. M.; SILVA, J. W. L.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada de índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.
- BHATTACHARJEE, R.; DUMET, D.; LLONA, P.; FOLARIN, S.; FRANCO, J. Establishment of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) core collection based on agromorphological descriptors. **Plant Genetic Resource: characterization and utilization**, Hyderabad, v. 10, n. 2, p. 119-127, jul. 2012.

- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- BURNS, A. E.; GLEADOW, R. M.; ZACARIAS, A. M.; CUAMBE, C.E.; MILLER, R. E.; CAVAGNARO, T. R. Variations in the chemical composition of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) leaves and roots as affected by genotypic and environmental variation. **Journal Agricultural and Food Chemistry**, v. 60, p. 4946-4956, Abr. 2012.
- BUSTAMANTE, P. G.; FERREIRA, F. R. Acessibility and exchange of plant germplasm by Embrapa. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 1, p. 95-98, jun. 2011.
- CAMPOS, A. L.; ZACARIAS, A. J.; COSTA, D. L.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A.; SOBRINHO, S.P.; LUZ, P.B. Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres, Mato Grosso. **Revista Trópica - Ciências Agrárias e Biológicas**, v. 4, n. 2, p. 44-54, ago. 2010.
- CARDOSO, E. M. R.; FARIAS-NETO, J. T. Diversidade genética entre acessos de mandioca avaliados a partir de caracteres morfoagronômicos. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, n. 39, p. 109-121, 2003.
- CASTRO, J. A.; NEVES, C. G.; JESUS, O. N.; OLIVEIRA, E. J. Definition of morfo-agronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 145, n. 20, p. 17-22, jul. 2012.
- CEBALLOS, H, IGLESIAS, C. A.; PÉREZ, J. C.; DIXON, A. G. O. Cassava breeding: oportunities and challenges. **Plant Molecular Biology**, v. 56, n. 4, p. 503-516, mar. 2004.
- CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, C.; FILHO, P. S. V.; KVITSCHAL, M. V.; GONELA, A.; SCAPIM, C. A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group Carioca using morfo-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, v. 144, p. 1-9, 2007.
- CHACÓN, J.; MADRIÑÁ, S.; DEBOUCK, D.; RODRIGUEZ, F.; TOHME, J. Phylogenetic patterns in the genus *Manihot* (Euphorbiaceae) inferred from analyses of nuclear and chloroplast DNA regions. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 49, p. 260-267, jul. 2008.
- COELHO, M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 5, p. 1241-1247, set-out. 2007.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Perspectivas para a agropecuária: safra 2014 e 2015. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 2, p. 1-155, 2014, ISSN 2318-3241 (Versão eletrônica). Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 25 fev. 2015.
- COSTA, M. M.; DI-MAURO, A. O.; UNÊDEA-TREVISOL, S. H.; ORIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, nov. 2004.

COSTA, T. R.; FILHO, P. S. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C. G.; GALVÁN, M. Z.; LACANALLO, G. F.; SILVA, L. I.; KVITSCHAL, M. V. Genetic diversity and population structure of sweet cassava using simple sequence repeat (SSR) molecular markers. **African Journal of Biochemistry**, v. 12, n. 10, p. 1040-1048, mar. 2013.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. 175 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.

DIAS, N. L. P. D.; OLIVEIRA, E. J.; DANTAS, J. L. L. Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 11, p. 1471-1479, nov. 2011.

DINIZ, M. F.; FERREIRA, L. T. Bancos Genéticos de Plantas, Animais e Microrganismos. Garantia da Segurança Alimentar do Terceiro Milênio. **Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento**, v. 2, n. 13, p. 34-38, 2000.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R.; DIAS, C. T. S. Estimadores de componentes de variância em delineamento em blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 9, p. 1155-1167, set. 2001.

ELAMEEN, A.; LARSEN, A.; KLEMSDAL, S. S.; FJELLHEIM, S.; SUNDHEIM, L.; MSOLLA, S.; MASUMBA, E.; ROGNLI, O. A. Phenotypic diversity of plant morphological and root descriptor traits within a sweet potato, *Ipomoea batatas* (L.) Lam., germplasm collection from Tanzania. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 58, n. 3, p. 397-407, jun. 2010.

ELIAS, M.; MCKEY, D.; PANAUD, O.; ANSTETT, M. C.; ROBERT, T. Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): Perspectives for on-farm conservation of crop genetic resources. **Euphytica**, v. 120, n. 1, p. 143-157, jun. 2001.

EL-SHARKAWY, M. A. Cassava biology and physiology. **Plant Molecular Biology**, v. 56, p. 481-501, out. 2004.

EMPERAIRE, L.; PERONI, N. Traditional management of agrobiodiversity in Brazil: a case study of manioc. **Ecologia Humana**, v. 35, p. 761-768, jul. 2007.

ETICHA, F.; GRAUSGRUBER, H.; BERGHOFFER, E. Multivariate analysis of agronomic and quality traits of hull-less spring barley (*Hordeum vulgare* L.). **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 2, n. 5, p. 81-95, maio. 2010.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Cassava for food and energy security: investing in cassava research and development could boost yields and industrial uses, 2008a. Disponível em: <<http://www.fao.org/Newsroom/en/news/20008/1000899/index.html>>. Acesso em: 24 out. 2013.

_____. Research and development, 2008b. Disponível em <<http://www.fao.org/ag/agpc/gcde/en/research.html>> Acesso em: 06 nov. 2006.

_____. FAO's website on cassava and the Global Cassava Development Strategy, 2009. Disponível em: <http://www.fao.org/ag/agpc/gcde/index_en.html>. Acesso em: 17 out. 2014.

_____. Save and Grow Cassava: a guide to sustainable production intensification. Rome, 2013. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/018/i3278e/i3278e.pdf>>. Acesso em: 10 dez. 2014.

FARALDO, M. I. F.; SILVA, R.M.; ANDO, A.; MARTINS, P.S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 3, p. 499-505, jul-set. 2000.

FARIAS-NETO, J. T.; MOURA, E. F.; RESENDE, M.D.V.; FILHO, P. C.; AGUSTO, S. G. Genetic parameters and simultaneous selection for root yield, adaptability and stability of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 12, p. 1562-1568, dec. 2013.

FÁVERO, L. P.; BELFIORE, P.; SILVA, F. L.; CHAN, B. L. **Análise de dados: modelagem multivariada para tomada de decisões**. 5. ed. rev. Rio de Janeiro: Elsevier, 2009. 646 p.

FEDERER, W.T. Augmented (or hooniuaku) designs. **Hawaiian Planter's Records**, v. 55, p. 191-208, 1956.

FEDERER, W.T.; REYNOLDS, M.; CROSSA. Combining results from augmented designs over sites. **Agronomy Journal**, v. 93, p. 389-395, ago. 2001.

FERREIRA, C. F.; ALVES, E.; PESTANA, K. N.; JUNGHANS, D. T.; KOBAYASHI, A. K.; SANTOS, V. J.; SILVA, R. P.; SILVA, P. H.; SOARES, E.; FUKUDA, W. Molecular characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) with yellow-orange roots for beta-carotene improvement. **Crop Breeding and Applied Genetics**, Viçosa, v. 8, p. 23-29, nov. 2008.

FILHO, A. G.; RIBEIRO, N. D.; REIS, R. C. P.; SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, nov. 2008.

FILHO, J. A. D.; MELO, L. J. O. T.; RESENDE, L. V.; FILHO, C. J. A.; BASTOS, G.Q. Aplicação de técnicas multivariadas no estudo da divergência genética em cana-de-açúcar. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 185-192, jan-mar. 2011.

FREGENE, M.; BERNAL, A.; DUQUE, M.; DIXON, A.; TOHME, J. AFLP analysis of African cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm resistant to the cassava mosaic disease (CMD). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, n. 5, p. 678-685, jul. 2000.

FREITAS, J. P. X.; OLIVEIRA, E. J.; NETO, A. J. C.; SANTOS, L. R. Avaliação de recursos genéticos de maracujazeiro-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 9, p. 1013-1020, set. 2011.

FUKUDA, W. M. G.; COSTA, I. R. S.; VILARINHOS, A. D.; OLIVEIRA, R. P. **Banco de Germoplasma de Mandioca: manejo, conservação e caracterização**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1996. 103 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 68).

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C.L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1998. 38 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 78).

FUKUDA, W. M. G.; COSTA, I. R. S.; SILVA, S. O. **Manejo e Conservação de Recursos Genéticos de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na Embrapa Mandioca e Fruticultura**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2005. 4 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 74).

FUKUDA, W.M.G.; IGLESIAS, C. Recursos Genéticos. In: SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2006. p. 301-323.

GANNA, A. S.; SHABA, S. Z.; TSADO, E. K. Principal component analysis of morphological traits in thirty-nine accessions of rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 5(x), p. 120-126, jun. 2013.

GARCÍA, Y. B.; JIMÉNEZ, M. D. M.; ARBELO, O. C.; CABRERA, A. R.; PÉREZ, M. B.; PINO, A. S.; TORRES, J. L.; VEGA, V. R. M.; ALFONSO, J. A. C.; DÍAS, E. R.; PÉREZ, D. R. Caracterización morfológica y agronómica de cultivares cubanos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). **Cultivos Tropicales**, v. 35, n. 2, p. 43-50, jun. 2014.

GEPTS, P. Plant genetic resource conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. **Crop Science**, v. 46, p. 2278-2292, set. 2006.

GIACOMETTI, D. C. Recursos genéticos de fruteiras nativas do Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE RECURSOS GENÉTICO DE FRUTEIRAS NATIVAS, 1., 1992, Cruz das Almas. **Anais...** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1992. p. 13-27.

GOMES, C. N.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 8, p. 1121-1130, ago. 2007.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, p. 857-874, 1971.

HEGAY, S.; GELETA, M.; BRYNGELSSON, T.; ASANALIEV, A.; GARKAVAGUSTAVSSON, L.; HOVMALM, H. P.; ORTIZ, R. Genetic diversity analysis in (*Phaseolus vulgaris* L.) using morphological traits. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 61, p. 555-566, out. 2013.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF J. LUSH, 1973. **Anais...** Champaign: American Society of Animal Science, 1973. p. 10-41.

HERNÁNDEZ VILARREAL, A. E. Caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. Artículo de Revisión. **Revista Bio Ciências**, v. 2, n. 3, p. 113-118, jul. 2013.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola (LSPA): pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil, v. 27, n. 11, p. 1-86, nov. 2014.

- KVITSCHAL, M. V.; FILHO, P. S. V.; PEQUENO, M. G.; SAGRILO, E.; BRUMATI, C. C.; MANZOTI, M.; BEVILAQUA, G. Avaliação de clones de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para indústria na Região do Estado do Paraná. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 25, n. 2, p. 299-304, 2003.
- KVITSCHAL, M. V.; VIDIGAL FILHO, P. S.; ZUIN, G. C.; PEQUENO, M. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SILVA, L. I.; COSTA, T. R. Divergência genética em germoplasma de mandioca-de-mesa da região urbana de Maringá por meio de variáveis multicategóricas. In: **XII CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA**, Botucatu, jul. 2009.
- LAURIE, S. M.; CALITZ, F. J.; ADEBOLA, P. O.; LEZAR, A. Characterization and evaluation of South African sweet potato (*Ipomoea batatas* (L) LAM) land races. **South African Journal of Botany**, v. 85, p. 10-16, nov. 2013.
- LAVIOLA, B.G.; ROSADO, T. B.; BHERING, L.L.; KOBAYASHI, A.K.; RESENDE, M. D. V. Genetic parameters and variability in physic nut accessions during early developmental stages. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 10, p. 1117-1123, out. 2010.
- LEOTARD, G.; DUPUTIÉ, A.; KJELLBERG, F.; DOUZERY, E.J.P.; DEBAIN, C.; GRANVILLE, J. J.; MCKEY, D. Phylogeography and the origin of cassava: new insights from northern rim of the Amazonia basin. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 53, p. 329-334, maio. 2009.
- LI, Y.; WU, S.; CAO, Y. Cluster analysis of an international collection of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.). **Euphytica**, v. 83, p. 79-85, mar. 1995.
- LUSH, J. L. Genetics aspects of the Danish system of progeny testing swine. **Iowa Research Bulletin**, n. 204, p. 17, 1936
- LUSH, J. L. **Animal breeding plans**. Ames: Iowa State University Press, 1937. 433 p.
- MCKEY, D.; ELIAS, M.; PUJOL, B.; DUPUTIE, A. The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, v. 186, p. 318-332, dec. 2010.
- MAJI, A. T.; SHAIBU, A.A. Application of principal component analysis for rice germoplasm characterization and evaluation. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 4, n. 6, p. 87-93, mar. 2012.
- MAQUIA, I.; MUOCHA, I.; NAICO, A.; MARTINS, N.; GOUVEIA, M.; ANDRADE, I.; GOULÃO, L. F.; RIBEIRO, A. I. Molecular, morphological and agronomic characterization of the sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) germplasm collection from Mozambique: genotype selection for drought prone regions. **South African Journal of Botany**, v. 88, p. 142-151, set. 2013.
- MATTOS, L. A.; AMORIM, E. P.; AMORIM, V. B. O.; COHEN, K. O.; LEDO, C. A. S.; SILVA, S. O. Agronomical and molecular characterization of banana germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 2, p. 146-154, fev. 2010.
- MENGESHA, W. A.; DEMISSEW, S.; FAY, M. F.; SMITH, R.J.; NORDAL, I.; WILKIN, P. Genetic diversity and species delimitation in the cultivated and wild Guinea yams (*Dioscorea spp*) from Southwest Ethiopia as determined by AFLP (amplified fragment length polymorphism) markers. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 60, p. 1365-1375, out. 2013.

- MEZETTE, T. F. **Seleção de variedade de mandioca de mesa (*Manihot esculenta* Crantz) com altos teores de carotenoides e vitamina A.** 2007. 54 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, 2008.
- MEZETTE, CARVALHO, C. R. L.; MORGANO, M. A.; SILVA, M. G.; PARRA, E. S. B.; GALERA, J. M. S. V.; VALLE, T. L. Seleção de clones-elite de mandioca de mesa visando a características agronômicas, tecnológicas e químicas. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 3, p. 601-609, set. 2009.
- MEZETTE, T. F.; BLUMER, C. G.; VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 5, p. 510-518, maio. 2013.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, p. 1235-1248, 2003.
- MONTAGNAC, J. A.; DAVIS, C. R.; TANUMIHARDJO, S. A. Nutritional value of cassava for use as a staple food and recent advances for improvement. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v. 8, p. 181-194, jun. 2009.
- MONTERO-ROJAS, M.; CORREA, A. M.; SIRITUNGA, D. Molecular differentiation and diversity of cassava (*Manihot esculenta*) taken from 162 locations across Puerto Rico and assessed with microsatellite markers. **AoB Plant**, v. 10, p. 1-13, mar. 2011.
- MORETO, A. L.; NEUBERT, E. O.; POLA, A. C.; ZANELA, M. Estimativas de parâmetros genéticos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) via modelos mistos. In: **XV CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA**, Bahia, out. 2013.
- MOUKOUMBI, Y. D.; VODOUHE, R.; N'DRI, B.; TOULOU, B.; OGUNBAYO, S. A.; AHANCHEDE, A. Assessing phenotypic diversity of interspecific rice varieties using agromorphological characterization. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 3, n. 5, p. 74-86, maio. 2011.
- MOULIN, M. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; SUDRÉ, C. P.; SANTOS, M.H.; SILVA, J. R. P. Collection and morphological characterization of sweet potato landraces in north of Rio de Janeiro state. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 30, n. 2, p. 286-292, abr-jun. 2012.
- MOURA, E.F.; FARIAS - NETO, J.T.; SAMPAIO, J.E.; DA SILVA, D.T.; RAMALHO, G.F. Identification of duplicates of cassava accessions sampled on the North Region of Brazil using microsatellite markers. **Acta Amazonica**, Manaus, v.43, n.4, p.461-468, dec. 2013.
- NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 3, p. 581-587, jul-set. 2000.
- NASS, L. L. Pré-melhoramento vegetal. In: LOPES, M. A.; FÁVERO, A. P.; FERREIRA, M. A. J. F.; FALEIRO, F. G.; FOLLE, S. M.; GUIMARÃES, E. P. **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiência de sucesso.** Brasília: Embrapa informação Tecnológica, 2011. p. 25-38.
- NASS, L. L.; SIGRIST, M. S.; RIBEIRO, C. S. C.; REIFSCHNEIDER, J. B. Genetic resources: the basis for sustainable and competitive plant. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, p. 75-86, dec. 2012.

- NASSAR, N. M. A. Cassava genetic resources: extinct everywhere in Brazil. **Genetic Resource and Crop Evolution**, v. 53, p. 975-983, 2006.
- NASSAR, N. M. A. Cassava genetic resources and their utilization for breeding of the crop. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 4, p. 1151-1168, dec. 2007.
- NASSAR, N. M. A.; ORTIZ, R. Cassava improvement: challenges and impacts. **Journal of Agricultural Science**, v. 145, p. 163-171, abr. 2007.
- NASSAR, N. M. A.; BARBOSA, I. S.; HARIDASSAN, M.; ORTIZ, R.; GOMES, P. T. C. Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genetic resources: a case of high iron and zinc. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 57, p. 287-291, ago. 2010.
- NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; RODRIGUES, W. F.; CORRÊA, I. V.; CARVALHO, F. I. F. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 28, n. 1, p. 47-56, jan. 2010.
- NICK, C.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 2, p. 289-298, mar. 2010.
- OLIVEIRA, E. J.; OLIVEIRA, G. A. F.; COSTA, J. L.; OLIVEIRA, V. J. S.; DANTAS, A. C. V. L.; DANTAS, J. L. L.; PÁDUA, J. G. Genetic diversity and marker-assisted inbreeding in papaya. **Scientia Horticulturae**, v. 147, n. 12, p. 20-28, set. 2012.
- OLIVEIRA, E. J.; AUD, F.; MORALES, F. G.; SANTOS, V. S. S.; KOTWISKI, F.; NEVES, R. J. Uso de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância em germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). In: **XV CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA**, Bahia, out. 2013.
- OLIVEIRA, E. J.; FILHO, O. S. O.; SANTOS, V. S. Selection of the most informative morphoagronomic descriptors for cassava germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 891-900, nov. 2014.
- OLSEN, K. M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. **Plant Molecular Biology**, v. 56, p. 517-526, abr. 2004.
- PAIVA, J. R.; RESENDE, M. D. V.; CORDEIRO, E. R. Índice multiefeito e estimativas de parâmetros genéticos em aceloreira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 6, p. 799-807, jun. 2002.
- PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.
- PEARSON, K. On line and planes of closest fit to systems of points in space. **Philos. Mag.**, v. 2, p. 559-572, 1901.
- PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F.L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento de cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 31-036, jul. 2009.
- PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M., BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, dez. 2009.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. rev. Lavras: UFLA, 2012. 328 p.

REIM, S.; PROFT, A.; HEINZ, S.; HOFER, M. Diversity of the European indigenous wild apple *Malus sylvestris* (L.) Mill. in the East Ore Mountains (Osterzgebirge), Germany: I. Morphological characterization. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 59, p. 1101-1114, ago. 2012.

RESENDE, M. D. V. de.; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORÂES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML / BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, set. 2001.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RIBEIRO, M. N. O.; CARVALHO, S. P.; SANTOS, J. B.; ANTONIO, R. P. Genetic variability among cassava accessions based on SRR markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, Viçosa, v. 11, p. 263-269, set. 2011.

RIJSSEN, F. W. J. V.; MORRIS, E. J.; ELOFF, J. N. Food safety: importance of composition for assessing genetically modified cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Journal Agricultura and Food chemistry**, v. 61, p. 8333-8339, 2013.

RIMOLDI, F.; FILHO, P. S. V.; KVITSCHAL, M. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; PRIOLI, A. J.; PRIOLI, S. M. A. P.; COSTA, T. R. Genetic Divergence in Sweet Cassava Cultivars Using Morphological Agronomic Traits and RAPD Molecular Markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 53, n. 6, p. 1477-1486, dec. 2010.

RITSCHELOS.; HUÁMANS. Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa Centro Nacional de Pesquisas de Hortaliças. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, p. 485-492, abr. 2002.

ROGERS, D. J.; APPAN, S. G. *Manihot* and *Maniholoides* (Euphorbiaceae): a computer assisted study. **Hafner**, New York, 1973.

SANTOS, A. H.; BEARZOTI, E.; FERREIRA, D. F.; FILHO, J. L. Simulation of mixed models in augmented block design. **Scientia Agricola**, Piraçicaba, v. 59, n. 3, p. 483-489, jul-set. 2002.

SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, R. P.; Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 971-980, jul. 2002.

SILVA, R. M.; BANDEL, G.; FARALDO, M. I.; MARTINS, P. S. Biologia Reprodutiva de Etnovarietades de mandioca. **Scientia Agricola**, Piraçicaba, v. 58, n. 1, p. 101-107, jan-mar. 2001.

SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2006a. 817 p.

SOUZA, E. F. M.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P. Designs and model effects definitions in the initial stage of a plant breeding program. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 3, p. 369-375, mar. 2006b.

SOUZA, F. V. D.; FÁVERO, A. P. **Manual de Curadores de Germoplasma – Vegetal**: valoração do germoplasma. Brasília: Embrapa Recursos Genético e Biotecnologia, 2010. 14 p.

SUNDRÉ, C. P.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RIVA-SOUZA, E. M.; BENTO, C. S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp. as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, p. 283-294, fev. 2010.

TERZOPOULOS, P. J.; BEBELI, P. J. Phenotypic diversity in Greek tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. **Scientia Horticulturae**, v. 126, p. 138-144, jul. 2010.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; FERREIRA, A. Estratégia de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 507-514, abr. 2007.

VENDRAMINI, J. M.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A.; ELIAS, J. C. F.; LUZ, P. B. Otimização do uso dos descritores morfoagronômicos de mandioca em análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 4, p. 906-913, out-dec. 2011.

VIERA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G. **Variabilidade Genética do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca do Cerrado acessada por meio de Descritores Morfológicos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 28 p. (Embrapa Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 179).

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S.; FUKUDA, W. M. G.; FALEIRO, F. G. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. **Científica**, Jaboticabal, v. 36, n. 1, p. 56-67, 2008.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; SILVA, M. S. Caracterização molecular de acessos biofortificados com potencial de uso no melhoramento genético. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 457-463, abr-jun. 2011a.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; OLIVEIRA, C. M.; DENKE, M. L. Characterization of sweet cassava accessions based on molecular, quantitative and qualitative data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, p. 232-240, set. 2011b.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S. Recursos genéticos e melhoramento da mandioca. In: FIALHO, J. F.; VIEIRA, E. A. **Mandioca no Cerrado. Orientações técnicas**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2011c. p. 25-35.

VIEIRA, L. J.; SOARES, T. L.; ROSSI, M. L.; ALVES, A. A. C.; SANTOS, F. A. R.; SOUZA, F. V. D. Viability, production and Morphology of pollen grains for different species in the genus *Manihot* (Euphorbiaceae). **Acta Botanica Brasilica**, Belo horizonte, v. 26, n. 2, p. 350-356, abr-jun. 2012.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; SILVA, M. S.; PAULA-MORÃES, S. V.; CARVALHO, C. B. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 2, p. 567-582, mar-abr. 2013.

WANG, X.; DING, G.; CHANG, Y. The value of crop germoplasm and value accounting system. **Journal of Northeast Agricultural University**, v. 14, n.2, p. 168-175, 2007.

ZACHARIAS, A. M.; BOTHA, A. M.; LABUSCHAGNE, M. T.; BENESI, I. R. M. Characterization and genetic distance analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm from Mozambique using RAPD fingerprint. **Euphytica**, v. 138, p. 49-43, maio. 2004.

ZUIN, G. C.; FILHO, P. S. V.; KVITSCHAL, M. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; COIMBRA, G.K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.

CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MANDIOCA DA REGIÃO DO TAPAJÓS, PARÁ POR MEIO DE CARACTERES AGRONÔMICOS

Autor: Rodrigo de Souza Silva

Orientador(a): Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Coorientador: Dr. João Tomé de Farias Neto

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi quantificar a diversidade genética por meio de caracteres agronômicos entre acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, Pará, e conservados no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental. Os 39 acessos foram avaliados durante dois anos consecutivos por meio de seis descritores quantitativos em plantas com 12 meses de idade. Foram realizadas análise estatística descritiva e análises multivariadas. Foi evidenciada variação entre os descritores quantitativos avaliados. A característica que mais contribuiu para o estudo da diversidade genética foi o peso da parte aérea da planta. Correlações médias e significativas foram encontradas entre o descritor peso da parte aérea da planta com peso médio de raízes por planta ($r = 0,43^{**}$) e com número de raízes por planta ($r = 0,50^{**}$). Os seis descritores avaliados foram utilizados na análise de agrupamento e os acessos foram alocados em seis grupos. As técnicas de análises multivariadas foram eficientes na discriminação dos acessos e permitiu a identificação de acessos divergentes entre si e potencialmente promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético. O acesso Olho roxo-13 mostrou-se promissor para ser usado como genitor na geração de híbridos heteróticos.

Palavras-chave: análises multivariadas, divergentes, híbridos heteróticos, melhoramento genético

CHAPTER 2

GENETIC DIVERSITY AMONG ACCESS CASSAVA TAPAJÓS REGION, PARA USING AGRONOMIC CHARACTERS

Author: Rodrigo de Souza Silva

Adviser: Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Co adviser: Dr. João Tomé de Farias Neto

ABSTRACT

The objective of this work was quantify the diversity of agronomic traits between accessions of collected in the region of the Tapajos, Para, and preserved in the Regional Germoplasm of Bank of the Eastern Amazon. Accessions were evaluated two consecutive years using six quantitative descriptors in plant with 12 month. It was used statistics and multivariate analyses. It was evidenced variation between the quantitative descriptors evaluated. The character that most contributed to the study of genetic diversity was the weight of the aerial part of the plant. Significant and medium correlations were found between the weight of the aerial part of the plant with the average weight of roots per plant ($r = 0.43^{**}$) and with number of roots per plant ($r = 0.50^{**}$). The six descriptors evaluated were used in the cluster analysis and accessions were allocated in six groups. The techniques of multivariate analysis were efficient in the discrimination of accessions and allowed the identification of divergent accessions and potentially promising ones for use in the program of genetic breeding. The access 'Olho roxo-13' proved promising to be used as parent in generation hybrid heterotic.

Keywords: multivariate analysis, divergent, heterotic group genetic, genetic breeding.

2.1 INTRODUÇÃO

A etapa de caracterização dos recursos genéticos pode ser realizada por meio de abordagens convencionais, como o uso de manuais de descritores morfológicos e agronômicos, como também por meio de técnicas mais modernas, através do uso de marcadores moleculares (KROURY et al., 2010). No caso da mandioca (*M. esculenta* Crantz subsp. *esculenta*) que apresenta ampla variabilidade genética e tem o Brasil como seu centro de domesticação, mas especificamente a região Amazônica (LÉOTARD et al., 2009), torna-se imprescindível que parte dessa diversidade seja conservada, avaliada e explorada pelos programas de melhoramento, com o objetivo de desenvolver diferentes variedades com distintos níveis de adaptações e usos (FUKUDA, 1996; FUKUDA & GUEVARA, 1998; VIEIRA et al., 2011). Entretanto, muito pouco tem sido feito para o desenvolvimento de variedades mais produtivas e com melhor qualidade de amido para a região Norte, o que pode ter influência no baixo nível de produtividade das raízes na região, por volta de 14900 kg ha⁻¹ (IBGE, 2014).

Assim sendo, o estudo da diversidade genética por meio do uso de descritores morfoagronômicos torna-se extremamente importante no processo de melhoramento da mandioca, principalmente nas fases iniciais e vem sendo realizado com sucesso, a exemplos de trabalhos desenvolvidos por Vieira et al., (2008a, 2008b), Zuin et al., (2009) e Benesi et al., (2010). Quanto ao uso de descritores quantitativos, os mesmos refletem o real potencial produtivo da cultura (VIEIRA et al., 2008a), o que possibilita o direcionamento dos acessos de forma direta ou para uso em programas de melhoramento genético mais elaborados, mesmo com a desvantagem desses descritores apresentarem elevada influência do ambiente (RESENDE, 2002).

É importante mencionar que para a realização de estudos de diversidade genética torna-se primordial a utilização de técnicas de análises multivariadas, que segundo Hair Jr et al., (2009) referem-se a todas as técnicas estatísticas que simultaneamente analisam múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos avaliados. Este tipo de análise permite indicações sobre o conjunto de dados avaliados, permeando a detecção dos acessos e dos descritores mais promissores (COELHO et al., 2007).

Desta forma, o objetivo deste estudo foi quantificar a diversidade genética entre acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, Pará e conservados no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental por meio de descritores agronômicos.

2.2 MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1 Descrição do local de avaliação e do material

Foram utilizados dados obtidos de avaliações de 39 acessos de mandioca coletados nos municípios de Santarém e Belterra, Pará, classificados em mandioca-brava e mansa e conservados no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental (Tabela 1). O banco está localizado na sede da Embrapa Amazônia Oriental, na cidade de Belém, capital do estado do Pará (01° 27' de latitude Sul e 48° 30' de longitude Oeste). A temperatura média anual da região é de 28 °C, umidade relativa do ar média de 80% e precipitação média anual de 2.800 mm (Instituto Nacional de Meteorologia - INMET, 2009).

Os acessos estão dispostos em fileiras simples de nove plantas, com espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 1,0 m entre plantas, sendo renovados quando atingem a idade de 12 a 14 meses. As práticas culturais são realizadas de acordo com as recomendações de Souza et al., (2006). As caracterizações foram realizadas por meio de seis descritores agronômicos quantitativos durante dois anos em todas as plantas de cada acesso, eliminando as bordaduras, com a idade de 12 meses. Foram mensuradas características tanto da parte aérea quanto das raízes. Os acessos não obedeceram a nenhum delineamento experimental.

Tabela 1. Identificação dos 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA, conservados no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental e avaliados por meio de seis descritores quantitativos. Os acessos foram classificados se mandioca-brava ou mansa, conforme os teores de glicosídeos cianogênicos presentes na polpa da raiz.

Nº	Acessos	Município/UF	Nº	Acessos	Município/UF
1	Abacatinha - 3	Santarém, PA	21	M. Manteiga - 57	Santarém, PA
2	Acari - 25	Santarém, PA	22	M. Boliviana - 34	Belterra, PA
3	Achada preta - 50	Santarém, PA	23	M. Siolina - 1	Santarém, PA
4	Amarelinha - 36	Belterra, PA	24	Olho roxo - 13	Santarém, PA
5	Amarelinha - 47	Santarém, PA	25	Olho verde - 12	Santarém, PA
6	Belterra - 53	Santarém, PA	26	Ouricuri - 37	Belterra, PA
7	Bentivi - 17	Santarém, PA	27	Passarinhão grande - 51	Santarém, PA
8	Bentivi - 71	Santarém, PA	28	Pretinha - 54	Santarém, PA
9	Boi branco - 54	Santarém, PA	29	Petuca - 26	Santarém, PA
10	Boião - 16	Santarém, PA	30	Pinagé - 30	Santarém, PA
11	Capoeira - 68	Santarém, PA	31	Roxinha - 58	Santarém, PA
12	Caratiga - 161	Santarém, PA	32	Milagrosa - 20	Santarém, PA
13	Caratiga-161(2)	Santarém, PA	33	Saracurinha - 69	Santarém, PA
14	Guia Roxa - 33	Santarém, PA	34	Seis meses - 70	Santarém, PA
15	Inambuzinho - 55	Santarém, PA	35	Surubim - 41	Santarém, PA
16	Inanu - 46	Santarém, PA	36	Tapajós - 38	Belterra, PA
17	Jaboti - 31	Santarém, PA	37	Tapajós - 49	Santarém, PA
18	Jararaca - 59	Santarém, PA	38	Torradinha -23	Santarém, PA
19	M. Água Morna - 10 ⁽¹⁾	Santarém, PA	39	Zolhuda - 40	Santarém, PA
20	M. Manteiga - 22	Santarém, PA			

⁽¹⁾Acessos com a nomenclatura M. pertencem à classe de mandioca-mansa.

2.2.2 Descritores quantitativos avaliados

Os seguintes descritores agronômicos foram avaliados, conforme proposta sugerida por Fukuda e Guevara (1998): peso da parte aérea da planta (PPAP): foram pesadas folhas e ramos, bem como o caule sem as cepas da parcela experimental útil no momento da colheita, com o auxílio de um dinamômetro e o valor foi expresso em quilogramas; peso médio de raízes por planta (PMRP): foram pesadas as raízes não podres por parcela experimental útil no momento da colheita, com o auxílio de um dinamômetro e o valor expresso em quilogramas; número de raízes por planta (NRP): foi contabilizado no momento da colheita o número de raízes não podres da parcela experimental útil; número de raízes podres por planta (NRPP): foi contabilizado no momento da colheita o número de raízes podres por parcela experimental útil; índice de colheita (IC): refere-se ao valor obtido na relação peso de raízes por peso total da planta e foi determinado de acordo com metodologia proposta por Kawano (1990) e os resultados expressos em porcentagem; porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR): foi pesada uma amostra de 3 kg de raízes não podres por parcela experimental, depois de lavadas e secas à sombra, e determinou-se o seu peso em água, em gramas, com o uso de uma balança hidrostática por meio da metodologia proposta por Grossman e Freitas (1950).

Os valores obtidos para os descritores peso da parte aérea da planta, peso médio de raízes por planta, número de raízes por planta e número de raízes podres por planta foram estimados por meio da média por parcela experimental útil para cada ano de avaliação.

2.2.3 Análise estatística

Os dados obtidos para cada acesso, durante os dois anos de avaliações, foram submetidos à análise de estatística descritiva, em que os valores mínimo, máximo, média, amplitude de variação, coeficiente de variação experimental e de teste de normalidade foram estimados para descrever a variabilidade dos descritores quantitativos. Utilizou o software Minitab 16 (MINITAB INC, 2008). Para o cálculo do teste de normalidade de Shapiro-Wilk a 5% de significância utilizou-se o software SPSS Statistics 20.0 (FÁVERO et al., 2009).

Os dados obtidos por meio da média dos dois anos consecutivos de avaliações quanto aos seis descritores quantitativos avaliados em 39 acessos de mandioca foram usados para a análise de correlação fenotípica, aplicação da técnica de componentes principais e de agrupamento.

A correlação fenotípica entre os descritores avaliados foi estimada por meio do coeficiente de correlação de Spearman a 1% de significância, usando as variáveis originais por meio do software SPSS Statistics 20.0 (FÁVERO et al., 2009). Para a técnica de componentes principais e análise de agrupamento, em virtude das diferentes unidades de mensuração dos descritores, os dados das respectivas médias foram padronizados, em que, a média original X_{ij} obtida no i -ésimo acesso ($i = 1, 2, \dots, p$) em referência ao j -ésimo descritor ($j = 1, 2, \dots, n$) foi dividida pelo desvio padrão do j -ésimo descritor ($j = 1, 2, \dots, n$), gerando a média reduzida Z_{ij} de variância unitária.

A técnica de componentes principais foi aplicada com os seguintes objetivos: examinar a relação fenotípica entre os acessos por tipo de mandioca, se mandioca-brava ou mansa por meio do gráfico de dispersão, mensurar o número de descritores quantitativos que explicam uma alta proporção da variabilidade total e indicar os descritores mais importantes para o estudo da diversidade genética. Utilizou-se software Minitab 16 (MINITAB INC, 2008). A análise de agrupamento foi realizada aplicando-se a distância euclidiana média e para o estabelecimento de grupos aplicou-se o método não hierárquico de otimização de Tocher. As análises foram efetuadas com o software GENES 5.1 (CRUZ, 2006).

2.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores de amplitude de média foram mais elevados do que os valores das médias de todos os descritores, exceto porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR), o que evidencia a existência de ampla variabilidade genética entre os acessos (Tabela 2). Resultado semelhante foi evidenciado por Vieira et al., (2013) quando avaliaram 16 acessos de mandioca para a condição de cerrado brasileiro. Os maiores intervalos de variações observados foram entre os descritores índice de colheita (IC) (20,95% a 78,29%) seguido por número de raízes por planta (NRP) (2,60 a 26,00), já número de raízes podres por planta (NRPP) apresentou o menor intervalo de variação (0,00 a 4,40).

Tabela 2. Mínimo (Mín.), máximo (Máx.) e valores de média (Média), amplitude de média (Amplitude), coeficiente de variação experimental (CV%) e teste de normalidade de seis descritores quantitativos avaliados em 39 acessos de mandiocas coletados na região do Tapajós, PA.

Descritores ⁽¹⁾	Mín.	Máx.	Média	Amplitude	Desvio Padrão	CV(%)	Teste de Normalidade
PPAP	0,25	11,80	3,16	11,60	2,71	86,09	0,86*
PMRP	0,52	12,00	3,30	11,48	2,20	66,68	0,90*
NRP	2,60	26,00	7,80	23,40	4,56	58,44	0,88*
NRPP	0,00	4,40	0,19	4,40	0,57	292,87	0,37*
IC	20,95	78,29	55,64	57,34	12,79	22,98	0,98 ^{ns}
PMSR	24,21	38,31	33,32	14,10	2,60	7,81	0,96 ^{ns}

⁽¹⁾Peso da parte aérea da planta (PPAP); peso médio de raízes por planta (PMRP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); índice de colheita (IC) e porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR). * = significativo e ^{ns} = não significativo pelo teste de Shapiro-Wilk a 5% de significância.

Os coeficientes de variação experimental variaram de 7,81% para porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR) a 292,87% para número de raízes podres por planta (NRPP). Os valores foram altos para peso da parte aérea da planta (PPAP), peso médio de raízes por planta (PMRP), número de raízes por planta (NRP) e número de raízes podres por planta (NRPP). Estes descritores apresentam elevada plasticidade fenotípica e, além disso, não foi utilizado delineamento experimental o que ocasiona aumento do erro experimental, segundo Elameen et al., (2010). O descritor número de raízes podres por planta (NRPP) apresentou o maior coeficiente de variação, o que pode ser justificado por parte dos acessos avaliados nos dois anos consecutivos terem apresentados valores de média nulos de raízes podres dentro da parcela experimental. Na tabela 1 do anexo estão presentes os valores médios dos dois anos

de avaliações para os seis descritores utilizados. Desta forma, a baixa frequência de raízes podres entre alguns acessos levanta a possibilidade de que sejam encontrados genes promissores quanto à resistência e, ou, tolerância à podridão radicular. Afonso et al., (2014) ao avaliar 200 acessos de mandioca sem o uso de delineamento experimental, encontraram intervalo de coeficiente de variação mais baixo da ordem de 5,57% a 42,37% para 16 descritores quantitativos. Por outro lado, Elameen et al., (2010) ao avaliar acessos de batata-doce também sem delineamento experimental específico, encontraram valores de coeficiente de variação experimental semelhantes ao deste estudo, a exemplo do descritor coloração secundária da película da raiz (225,1%).

Todos os descritores, exceto índice de colheita (IC) e porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR) não apresentaram distribuição normal, uma vez que foram significativos a 5% de significância pelo teste de Shapiro-Wilk.

Os resultados indicam que existe variabilidade fenotípica entre os acessos e que deve ser conservada e utilizada nos programas de melhoramento genético da mandioca. A existência de ampla diversidade genética já era esperada, uma vez que os acessos foram coletados em uma área tradicional de cultivo no estado do Pará. Segundo Leotárd et al., (2009), possivelmente a domesticação da espécie ocorreu na região Amazônica, o que explica parte da variabilidade encontrada na região.

Na Tabela 3 estão presentes os valores relacionados à correlação de Spearman entre os seis descritores quantitativos. O descritor peso da parte aérea da planta (PPAP) apresentou correlações médias, significativas e positivas com o peso médio de raízes por planta (PMRP) ($r = 0,43^{**}$) e com o número de raízes por planta (NRP) ($r = 0,50^{**}$). Vale enfatizar que Alves (2006) observou correlação positiva entre a área foliar ou a duração da área foliar e o rendimento das raízes de reservas de mandioca. Correlação média, significativa e positiva entre os descritores peso médio de raízes por planta (PMRP) e número de raízes por planta (NRP) foi evidenciada ($r = 0,52^{**}$). Resultados semelhantes foram encontrados por Chaib et al., (2008) e Afonso et al., (2014).

Essas correlações significativas e positivas eram esperadas, uma vez que o aumento do rendimento das raízes é acompanhado do aumento da parte aérea da planta e do aumento do número de raízes (ELIAS et al., 2001). Desta maneira, peso da parte aérea da planta (PPAP) e número de raízes por planta (NRP) são características que podem ser utilizadas como critério de seleção indireta para produtividade de raízes (GOMES et al., 2007; NICK et al., 2010). Por sua vez, peso da parte aérea da planta (PPAP) apresentou correlação média e significativa, porém, negativa com índice de colheita (IC) ($r = -0,53^{**}$).

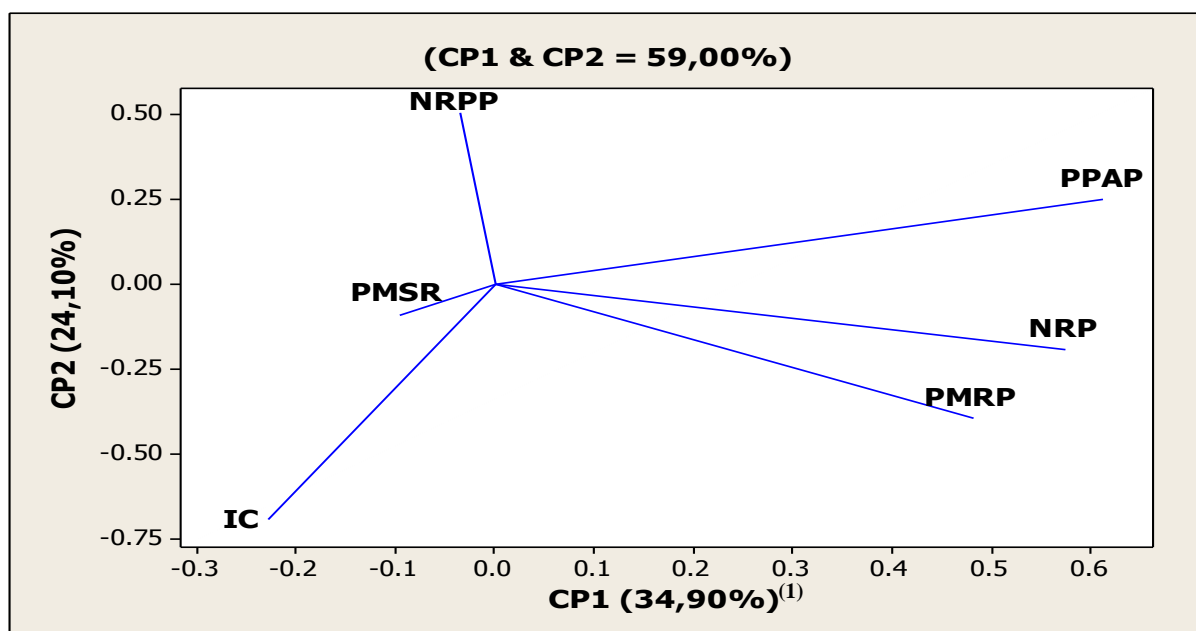
Os resultados da análise de componentes principais dos 39 acessos caracterizados por meio de seis descritores quantitativos estão presentes nas Figuras 1 e 2 e na Tabela 4. A contribuição dos seis descritores quantitativos para a variação total nos dois primeiros componentes principais (Figura 1) corrobora com as correlações fenotípicas encontradas na Tabela 3 e indicam a associação dos acessos com valores de média altos para peso da parte aérea da planta (PPAP), peso médio de raízes por planta (PMRP) e número de raízes por planta (NRP) com o primeiro componente principal (Tabela 4), além de evidenciar a falta de correlação do descritor porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR) com os descritores diretamente relacionados à produção de raízes. Este resultado pode ser um indicativo de que a seleção praticada pelos produtores na região do Tapajós, Pará foi priorizada para a parte aérea da planta e a produção de raízes em relação ao conteúdo de matéria seca nas raízes. Por outro lado, Lebot et al., (2015) ao avaliar 168 acessos de mandioca do Centro de Formação e Pesquisa Agrícola do arquipélago de Vanuatu, Oceania, evidenciaram a seleção humana para o conteúdo de matéria seca e o teor de amido nas raízes.

Tabela 3. Coeficiente de correlação de Spearman entre os seis descritores quantitativos⁽¹⁾ mensurados em 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA.

	PPAP	PMRP	NRP	NRPP	IC
PMRP	0,43**				
NRP	0,50**	0,52**			
NRPP	-0,02 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,16 ^{ns}		
IC	-0,53**	0,27 ^{ns}	-0,17 ^{ns}	0,04 ^{ns}	
PMSR	-0,15 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,13 ^{ns}

⁽¹⁾Peso da parte aérea da planta (PPAP); peso médio de raízes por planta (PMRP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); índice de colheita (IC) e porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR). ** = correlação significativa a 1%.

Figura 1. Contribuição dos seis descritores quantitativos avaliados: peso da parte aérea da planta (PPAP); peso médio de raízes por planta (PMRP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); índice de colheita (IC) e porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR), obtida por meio da técnica de componentes principais. ⁽¹⁾Componente principal um.



Tal cenário possibilita a realização de trabalhos futuros de melhoramento genético para a mandioca na região visando o aumento da produtividade das raízes por meio da seleção de acessos com maior peso da parte aérea da planta e com maior número e peso de raízes por planta. Para Chaib et al., (2008) o descritor peso da parte aérea da planta (PPAP) é de extrema importância para o melhoramento genético, pois está diretamente relacionado com a capacidade da planta de produzir manivas-sementes e com a possibilidade de utilização da matéria verde produzida, principalmente para a alimentação animal. Afonso et al., (2014) reverberam, que os descritores peso da parte aérea da planta (PPAP) e peso médio de raízes

por planta (PMRP) estão ligados à arquitetura da planta e são características que facilitam os tratamentos culturais da espécie, mesmo não havendo relatos de qual seria o ideal para isto.

Tabela 4. Conjunto dos autovetores e autovalores associados aos componentes principais e os valores de variâncias percentuais e acumulados dos autovalores de seis descritores quantitativos de 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA.

Descritores ⁽¹⁾	CP1 ⁽²⁾	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6
PPAP	0,61	0,25	0,17	0,03	-0,33	-0,65
PMRP	0,48	-0,40	0,23	-0,41	-0,35	0,52
NRP	0,57	-0,19	-0,24	0,14	0,75	0,03
NRPP	-0,03	0,50	0,11	-0,78	0,34	-0,01
IC	-0,23	-0,70	-0,04	-0,40	0,09	-0,55
PMSR	-0,10	-0,09	0,92	0,21	0,29	-0,02
Autovalores:	2,09	1,44	1,05	0,94	0,32	0,14
(%) Variância:	34,90	24,10	17,60	15,70	5,40	2,40
(%) Acum. ⁽³⁾ :	34,90	59,00	76,50	92,20	97,60	100,0

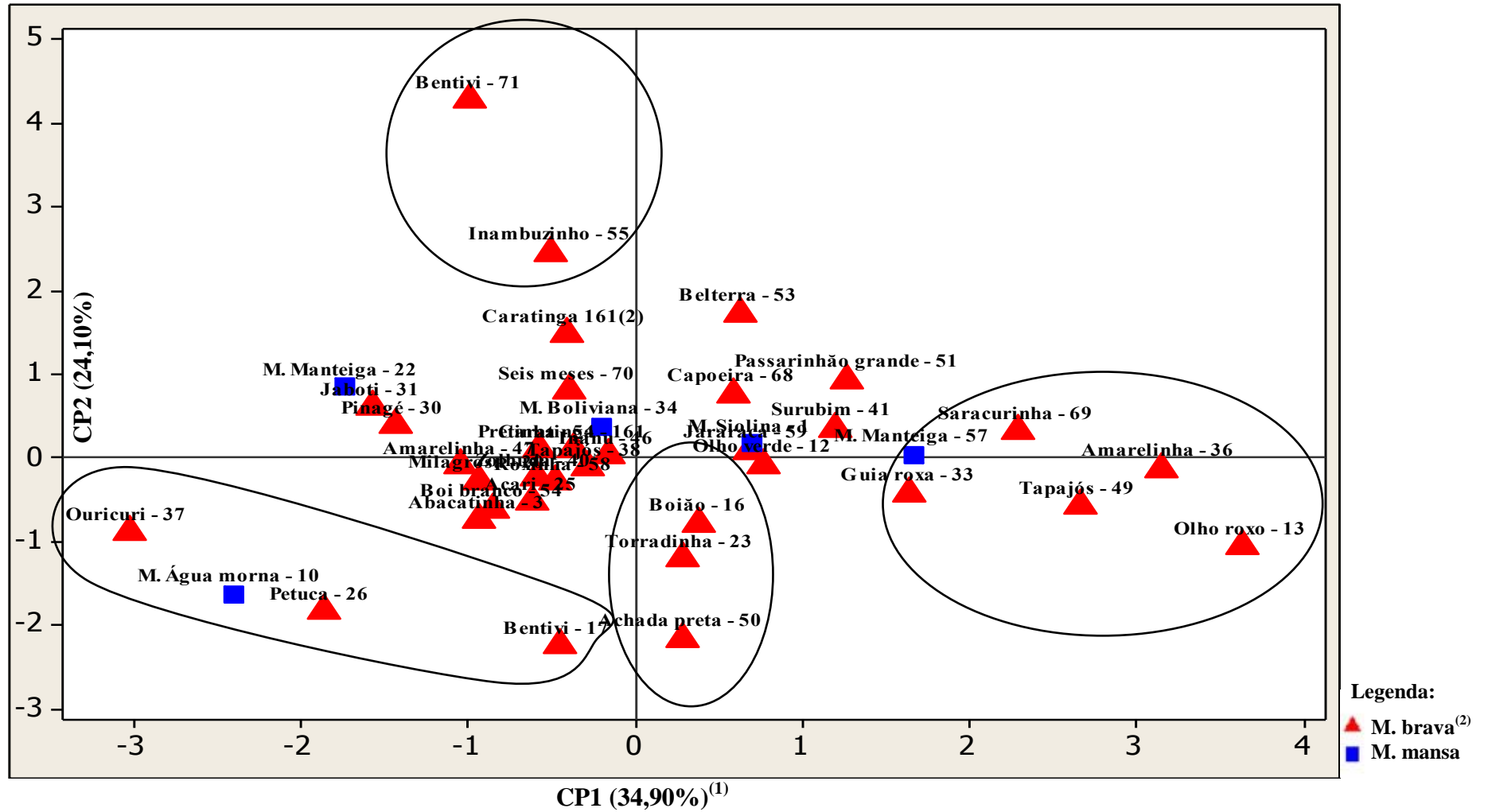
⁽¹⁾Peso da parte aérea da planta (PPAP); peso médio de raízes por planta (PMRP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); índice de colheita (IC) e porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR). ⁽²⁾Componente principal um; ⁽³⁾(%) acumulada.

O primeiro componente principal contribuiu com 34,90% da variação fenotípica, o segundo componente principal foi responsável por 24,10% da variação e o terceiro componente por 17,60%. A variação acumulada nos três primeiros componentes principais correspondeu a aproximadamente 80,0% da variação total, e a análise de componentes principais permitiu discriminar os descritores que mais contribuíram para o estudo da diversidade genética, sendo o peso da parte aérea da planta (PPAP) o descritor de maior contribuição, uma vez que apresentou o maior coeficiente de ponderação, autovetor (0,61) associado ao maior autovalor no primeiro componente (2,09), seguido de número de raízes por planta e peso médio de raízes por planta (PMRP) (Tabela 4).

A maior distância genética foi entre os acessos Bentivi-71 e Olho roxo-13, mostrando-se satisfatório quanto ao estudo da diversidade genética, uma vez que possibilitou a visualização dos acessos mais divergentes. Nick et al., (2008) quanto à dispersão gráfica de 15 acessos de mandioca por meio do uso de sete descritores morfoagronômicos quantitativos, encontraram alta divergência genética. Os acessos com médias altas para peso da parte aérea

da planta (PPAP), peso médio de raízes por planta (PMRP) e número de raízes por planta (NRP) foram: Saracurinha-69, Amarelinha-36, Tapajós-49, Olho roxo-13, Guia roxa-33, Boião-16, Torradinha-23 e Achada preta-50, já os acessos Oricuri-37, M. Água Morna-10, Petuca-26 e Bentivi-17, apresentaram valores de média baixos para peso da parte aérea da parte (PPAP) e médias altas, acima de 70,0%, para índice de colheita (IC). Por sua vez, Bentivi-71 e Inambuzinho-55 apresentaram médias altas para número de raízes podres por planta (NRPP) (Figura 2).

Figura 2. Dispersão gráfica dos 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA, com base nos dois primeiros componentes principais. ⁽¹⁾Componente principal um. ⁽²⁾Acessos por tipos brava e mansa.



O agrupamento por meio do método de otimização de Tocher revelou a formação de seis grupos entre os 39 acessos avaliados (Tabela 5). A distância fenotípica estimada por meio dos descritores avaliados evidenciou que os acessos geneticamente mais próximos foram Inanu-46 e M. Boliviana-34 ($d_{ij} = 0,19$) ficando no mesmo grupo. Já a maior distância foi observada entre os acessos Bentivi-71 e Olho roxo-13 ($d_{ij} = 3,27$). O acesso Bentivi-71 apresentou a maior média para número de raízes podres por planta (NRPP) (2,20) e a menor média para número de raízes por planta (NRP) (4,40), seguida da terceira menor média para índice de colheita (IC) (40,09). O acesso Olho roxo-13 apresentou a maior média para número de raízes por planta (NRP) (15,00) e a maior média para peso médio de raízes por planta (PMRP) (5,03), além da segunda maior média (5,39) para peso da parte aérea da planta (PPAP) e média nula para número de raízes podres por planta (NRPP)

Tabela 5. Identificação de 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, PA, agrupados por meio do método de otimização de Tocher aplicado à matriz de distância euclidiana média padronizada, com base em seis descritores quantitativos.

Agr ⁽¹⁾	Acessos	%
I	Inanu-46, M. Boliviana-34, Caratinga-161, Tapajós-38, Milagrosa-20, Roxinha-58, Amarelinha-47, Acari-25, Abacatinha-3, Zolhuda-40, Boi-branco-54, Boião-16, Jararaca-59, Olho verde-12, M. Siolina-1, Pretinha-54, Caratinga-161(2), Surubim-41, Seis meses-70, Torradinha-23, Guia-roxa-33, Passarinhão grande-51, Belterra-53, Capoeira-68, Pinagé-30, M. Manteiga-22, Inambuzinho-55, Saracurinha-69, Petuca-26, Achada preta-50, M. Água morna-10 e Bentivi-17.	82,0
II	Tapajós-49 e Olho roxo-13.	5,1
III	Amarelinha-36 e M. Manteiga-57.	5,1
IV	Bentivi-71.	2,5
V	Ouricuri-37.	2,5
VI	Jaboti-31	2,5

⁽¹⁾Agrupamento.

O grupo I alocou o maior número de acessos (32), correspondendo a 82,0% dos acessos. A maioria dos acessos alocados no grupo I apresentou médias acima de 50,0% para índice de colheita (IC), considerado satisfatório segundo Peixoto et al., (2005), com destaque para o acesso Bentivi-17 que apresentou a maior média entre os 39 acessos (76,22). Entretanto, acessos com valores menores de 50,0% de índice de colheita (IC) também foram

alocados no grupo I, com destaque para o acesso Belterra-53 que apresentou a menor média (36,93) entre os acessos avaliados. Ademais, todos os acessos apresentaram valores médios próximos ou acima de 30,0% para porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR). Vale salientar que há grande interesse da indústria por acessos com alto conteúdo de matéria seca, uma vez que existe uma correlação direta com o teor de fécula. Por sua vez, os acessos apresentaram valores médios baixos para números de raízes podres por planta (NRPP), muitos com valores nulos.

O grupo II foi formado pelos acessos Tapajós-49 e Olho roxo-13, os quais apresentaram as maiores médias, respectivamente, para número de raízes por planta (NRP) entre os 39 acessos estudados e valores nulos para número de raízes podres por planta (NRPP). O grupo III também foi formado somente por dois acessos, Amarelinha-36 e M. Manteiga-57.

Agrupamentos mais divergentes foram formados, os grupos quatro, cinco e seis alocaram apenas um acesso cada, Bentivi-71, Ouricuri-37 e Jaboti-31, respectivamente. O acesso Ouricuri-37 apresentou média acima de 70,0% para índice de colheita (IC), acompanhado de média acima de 30,0% para porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR), entretanto, esses valores de média foram acompanhados de valores de média baixos para peso da parte aérea da planta (PPAP) (0,65) e peso médio de raízes por planta (PMRP) (1,48), com a menor média para número de raízes por planta (4,63) entre os 39 acessos avaliados. Acessos com valores mais baixos de peso da parte aérea da planta (PPAP) seguindo de valores baixos de peso médio de raízes por planta (PMRP) tendem apresentarem valores mais elevados de índice de colheita (IC). Gomes et al., (2007) ao avaliar 100 acessos de mandioca por meio de descritores quantitativos, encontraram acessos com índice de colheita (IC) elevados acompanhados de valores baixos de produção de raízes. Todavia, é de se esperar que um aumento na produção de raízes leve a um aumento no índice de colheita (IC).

Deste modo, é importante salientar que apesar de não ser considerado um índice de produção, o índice de colheita (IC) mede a eficiência da produção de raízes de mandioca, sendo um indicativo da distribuição de matéria seca pela planta (KAWANO, 1990; ALVES, 2006) e, portanto, um descritor importante para ser avaliado em conjunto com o peso de raízes.

Observa-se que o método de agrupamento empregado foi eficiente em discriminar os acessos quanto à diversidade genética. Cardoso e Farias-Neto (2003) ao agrupar 45 acessos de mandioca da coleção de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, também por meio do método de otimização de Tocher, encontraram elevada variabilidade genética entre os

acessos, discriminando àqueles mais divergentes. Entre os acessos com a maior distância genética, o acesso Olho roxo-13 mostrou-se promissor para ser usado como genitor na geração de híbridos heteróticos, com indicação de potencial cruzamento com o acesso M. Água Morna-10 ($d_{ij} = 2,56$). Segundo Nick et al., (2008) e Granja et al., (2009) os acessos com maior grau de divergência genética podem ser utilizados em programas de hibridizações. Todavia, para uma interpretação mais fidedigna da dissimilaridade genética quanto à seleção dos acessos para futuros programas de hibridizações, devem-se considerar conjuntamente as análises *per se* dos acessos, uma vez que podem ser divergentes, mas não complementares (CARDOSO & FARIAS-NETO, 2003; NICK et al., 2010; CRUZ et al., 2012).

Os acessos coletados na região do Tapajós, PA e caracterizados por meio de seis descritores quantitativos são potencialmente promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético, visando principalmente à melhoria da produtividade e a incorporação de materiais com bons rendimentos de amido, uma vez que foram encontrados valores médios altos para número de raízes por planta (NRP) e valores altos, acima de 50,0% para índice de colheita (IC) e acima de 30,0% para porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR), além de valores médios baixos para número de raízes podres por planta, o que assinala para materiais com possível tolerância à podridão radicular.

Portanto, os resultados deste estudo representam a amplitude da diversidade genética e fenotípica encontrada na mandioca (FERREIRA et al., 2008; MICKEY et al., 2010) e conservada principalmente nas roças tradicionais de cultivo em decorrência do modo de reprodução da espécie, do fluxo gênico por meio do intercâmbio de materiais entre os agricultores (FARALDO et al., 2000), e pelo plantio recorrente dos mesmos materiais por longos períodos por meio da seleção *per se*; haja vista que ocorre inclinação, por parte dos produtores, em manter o plantio dos acessos (variedades) mais promissores, àqueles com as melhores características agrônômicas, principalmente em relação ao rendimento das raízes (GARCÍA et al., 2014).

2.4 CONCLUSÃO

A divergência genética observada entre os 39 acessos do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, com relação aos seis descritores quantitativos, permite a identificação de acessos diferentes entre si e potencialmente promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético.

REFERÊNCIAS

- AFONSO, S. D.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C.; SILVA, S. O.; LEAL, V. D. J.; CONCEIÇÃO, A. L. S. Selection of Descriptors in a Morphological Characteristics Considered In Cassava Accessions By Means Of Multivariate Techniques. **Journal of Agriculture and Veterinay Science**, v. 7, n. 1, p. 13-20, fev. 2014.
- ALVES, A. A. C. Fisiologia da mandioca. In: SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2006. p. 138-169.
- BENESI, R.M.; LABUSCHAGNE, M.T.;HERSELMAN, L.; MAHUNGU,N. Ethnobotny, Morphology and Genotyping of Cassava Germplasm from Malawi. **Journal of Biological Sciences**, v. 10, n. 7, p. 616-623, 2010.
- CHAIB, A. M. M. C.; FIALHO, J. F.; VIEIRA, E. A.; SILVA, M. S.; PAULA-MORÃES, S. V.; MALOVANY, J. B.; PAULA, G. F.; SOUZA, F. R. O. Correlação entre sete caracteres agrônômicos aferidos em acessos do Banco de Germoplasma de Mandioca do Cerrado. In: SIMPÓSIO NACIONAL DO CERRADO, 9, 2008. Brasília. **Anais...** Brasília: desafios e estratégias para o equilíbrio entre sociedade, agronegócio e recursos naturais, 2008.
- CARDOSO, E. M. R.; FARIAS-NETO, J. T. Diversidade genética entre acessos de mandioca avaliados a partir de caracteres morfoagronômicos. **Revista Ciências Agrárias**, Belém, v. 39, p. 109-121, 2003.
- COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris L.*). **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 5, p. 1241-1247, set-out. 2007.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. 175 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p.
- ELAMEEN, A.; LARSEN, A.; KLEMSDAL, S. S.; FJELLHEIM, S.; SUNDHEIM,L.; MSOLLA, S.; MASUMBA, E.; ROGNLI, O. A. Phenotypic diversity of plant morphological and root descriptor traits within a sweet potato, *Ipomoea batatas (L.) Lam.*, germplasm collection from Tanzania. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 58, n. 3, p. 397-407, jun. 2010.
- ELIAS, M.; MCKEY, D.; PANAUD, O.; ANSTETT, M. C.; ROBERT, T. Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): Perspectives for on-farm conservation of crop genetic resources. **Euphytica**, v. 120, p. 143-157, jun. 2001.
- FÁVERO, L. P.; BELFIORE, P.; SILVA, F. L.; CHAN, B. L. **Análise de dados: modelagem multivariada para tomada de decisões**. 5. ed. rev. Rio de Janeiro: Elsevier, 2009. 646 p.
- FARALDO, M. I. F.; SILVA, R. M.; ANDO, A.; MARTINS, P. S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agrícola**, Piraçicaba, v. 57, n. 3, p. 499-505, jul-set. 2000.

FERREIRA, C. F.; ALVES, E.; PESTANA, K. N.; JUNGHANS, D. T.; KOBAYASHI, A. K.; SANTOS, V. J.; SILVA, R. P.; SILVA, P. H.; SOARES, E.; FUKUDA, W. Molecular characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) with yellow-orange roots for beta-carotene improvement. **Crop Breeding and Applied Genetics**, Viçosa, v. 8, p. 23-29, nov. 2008.

FUKUDA, W. M. G. **Banco de germoplasma de mandioca: manejo, conservação e caracterização**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1996. 103 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 68).

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1998. 38 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 78).

GARCÍA, Y. B.; JIMÉNEZ, M. D. M.; ARBELO, O. C.; CABRERA, A. R.; PÉREZ, M. B.; PINO, A. S.; TORRES, J. L.; VEGA, V. R. M.; ALFONSO, J. A. C.; DÍAS, E. R.; PÉREZ, D.R. Caracterización morfológica y agronómica de cultivares cubanos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). **Cultivos Tropicales**, v. 35, n. 2, p. 43-50, jun. 2014.

GOMES, C. N.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N. Caracterização morfoagronômica e coeficiente de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 8, p. 1121-1130, ago. 2007.

GRANJA, M. M. C.; MELO-FILHO, P. A.; SANTOS, R. C. Análise genética em uma população intraespecífica de amendoim baseada em descritores fenotípicos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 4, n. 3, p. 257-260, jul-set. 2009.

GROSSMANN, J.; FREITAS, A. C. Determinação do teor de matéria seca pelo peso específico em raízes de mandioca. **Revista Agrônômica**, p. 160-162, 1950.

HAIR JR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAN, R. L. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. São Paulo: Artmed S.A, 2009. 688 p.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Normas climatológicas do Brasil, 2009. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=clima/normaisClimatologicas>> Acesso em: 19 março 2014.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola (LSPA): pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil, v. 27 n. 11, p. 1-86, 2014.

KAWANO, K. Harvest index and evolution of major food crops cultivars in the tropics. In: FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L.; KAWUKI, R.; FERGUSON, M. E. **Selected morphological and agronomic descriptors for the characterization of cassava**. Ibadan: International Institute of tropical Agriculture, 1990. 12 - 13 p.

KHOURY, C.; LALIBERTÉ, B.; GUARINO, L. Trends in ex situ conservation of plant genetic resources: a review of global crop and regional conservation strategies. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 57, p. 625-639, fev. 2010.

LÉOTARD, G.; DUPUTIÉ, KJELLBERG, F.; DOUZERY, E.J.P.; DEBAIN, C.; GRANVILLE, J.J.; MCKEY, D. Phylogeography and the origin of cassava: New insights from northern rim of the Amazonia basin. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 53, p. 329-334, maio. 2009.

LEBOT, V.; MALAPA, R.; SARDOS, J. Farmers' selection of quality traits in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) landraces from Vanuatu. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 62, n. 7, p. 1055-1068, out. 2015.

MCKEY, D.; ELIAS, M.; PUJOL, B.; DUPUTE, A. The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, v. 186, p. 318-332, dec. 2010.

MINITAB. **Minitab Inc**, State College, PA, 2008.

NICK, C.; CARVALHO, M.; ASSIS, L. H. B.; CARVALHO, P. S. Genetic dissimilarity in cassava clones determined by multivariate techniques. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, p. 104-110, fev. 2008.

NICK, C.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 2, p. 289-298, mar. 2010.

PEIXOTO, J. R.; BERNARDES, S. R.; SANTOS, C. M.; BONNAS, D. S.; FIALHO, J. F.; OLVEIRA, J. A. Desempenho agrônômico de variedades de mandioca mansa em Uberlândia, MG. **Revista Brasileira de Mandioca**, v. 18, p. 19-24, out. 2005.

RESENDE, M. D. V. de **Genética biométrica e estatística**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; SANTOS-FILHO, M. O. S.; SILVA, K. N. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1707-1715, dec. 2008a.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S.; FUKUDA, W. M. G.; FALEIRO, F. G. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. **Científica**, Joticabal, v. 36, n. 1, p. 56-67, 2008b.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; OLIVEIRA, C. M.; DENKE, M. L. Characterization of sweet cassava accessions based on molecular, quantitative and qualitative data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, p. 232-240, set. 2011.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; SILVA, M. S.; PAULA-MORÃES, S.V.; CARVALHO, L. J. C. B. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 2, p. 567-582, mar-abr. 2013.

ZUIN, G. C.; FILHO, P. S. V.; KVITSCHAL, M. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; COIMBRA, G. K. Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, n. 1, p. 21-30, 2009.

CAPÍTULO 3

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA EM ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL

Autor: Rodrigo de Souza Silva

Orientador(a): Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Coorientador: Dr. João Tomé de Farias Neto

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética entre acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental. Foram caracterizados 262 acessos de mandioca por meio de 21 descritores qualitativos. Realizou-se o cálculo de frequência percentual e aplicou-se a técnica de análise de correspondência múltipla. A medida de dissimilaridade foi estimada pelo método de variáveis multicategóricas, sendo os dados qualitativos convertidos em dados binários (presente = 1 e ausente = 0) para cada classe fenotípica dos 21 descritores qualitativos e o dendrograma foi gerado pelo método UPGMA. Houve variação fenotípica para a maioria dos descritores avaliados, sendo todas as classes fenotípicas observadas. Foram formados 33 grupos, evidenciando divergência genética entre os acessos, com os acessos 40 quilos e Inambuzinho-55 sendo os mais divergentes. O descritor cor da epiderme do caule foi o que mais contribuiu com a diversidade genética. Correlações médias e positivas foram encontradas entre textura externa da raiz com cor da epiderme do caule ($r = 0,60$) e com cor externa da raiz ($r = 0,50$), e entre destaque do córtex da raiz e destaque da película da raiz ($r = 0,50$). Os acessos de mandioca caracterizados neste estudo apresentam diversidade fenotípica possível ser utilizada em programas de melhoramento e na conservação da espécie.

Palavras-chave: dendrograma, descritores qualitativos, divergência genética, variáveis multicategóricas

CHAPTER 3

MORPHOAGRONOMIC CHARACTERIZATION IN CASSAVA ACCESSIONS OF THE REGIONAL GERMPLAM BANK IN EASTERN AMAZONIA

Author: Rodrigo de Souza Silva

Adviser: Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Co adviser: Dr. João Tomé de Farias Neto

ABSTRACT

The aim of this study was to gauge the genetic diversity among the cassava accessions of the Regional Germplam Bank in Eastern Amazonia. The characterization using 21 qualitative descriptors was conducted in 262 accessions. The percentage frequency was calculated and the multiple correspondence analysis technique was used. The dissimilarity measure was estimated by the method of multicategoric variables and the data was converted into binary data (present = 1 and absent = 0) for the phenotypic classes of 21 qualitative descriptors, and the dendrogram was obtained with the UPGMA method. There was phenotypic variation among most part of the descriptors evaluated, which means that the phenotypic classes were observed. It was formed 33 groups with the accessions of 40 kilograms and Inambuzinho-55, which ones were the most divergent, and it was observed genetic dissimilarity among these accessions. The descriptor of the color of the stem epidermis specially contributed to the genetic diversity. It was verified moderated and positive correlation between the external texture of the root with the color of the stem epidermis ($r = 0.60$), and with the external color of the root ($r = 0.50$), and emphasis has been given to the root cortex and to the root peel ($r = 0.50$). These cassava accessions, which ones were featured in this study, demonstrated that phenotypic diversity might be used in breeding programs and conservation of the species.

Keywords: dendrogram, qualitative descriptors, genetic dissimilarity, multicategoric variables

3.1 INTRODUÇÃO

A mandioca (*M. esculenta* Crantz) é cultivada por pequenos produtores em mais de 100 países de climas tropicais e subtropicais, principalmente devido a sua tolerância a solos mais pobres em nutrientes e a condições de déficits hídricos. Além disso, a cultura apresenta flexibilidade quanto à época de colheita e sua raiz é considerada uma fonte rica em carboidratos. Tais fatores colocam a espécie como uma das mais importantes culturas agrícolas plantadas nas regiões mais carentes, e serve de base alimentar para aproximadamente um bilhão de pessoas (FAO, 2009, 2013).

No Brasil, possível centro de origem e de diversidade da espécie (OLSEN, 2004; LEORTÁRD et al., 2009), a mandioca é cultivada em todas as regiões e apresenta ampla variabilidade genética. Devido a sua importância para o país foram criados bancos ativos de germoplasma em todas as regiões com o intuito de reduzir a erosão genética da espécie e disponibilizar a diversidade genética para trabalhos de melhoramento (FUKUDA et al., 2005, VIEIRA et al., 2008b). Deste modo, para que parte dessa variabilidade seja conservada e utilizada, faz-se necessário caracterizar e avaliar os acessos no campo por meio do uso de descritores morfológicos ou agronômicos sejam quantitativos ou qualitativos, os quais foram estabelecidos para a cultura (FUKUDA & GUEVARA, 1998; FUKUDA et al., 2010), ou através de marcadores moleculares (SILVA et al., 2011). Os descritores qualitativos têm sua importância na caracterização do germoplasma por ocasião de sua relativa fácil aferição, seu menor custo e por algumas características apresentarem alta herdabilidade, sendo menos influenciadas pelo ambiente (VIEIRA et al., 2008a; FUKUDA et al., 2010). Ademais, os descritores qualitativos, principalmente os morfológicos, têm potencial uso na identificação de acessos clonais e para a estimação da distância genética entre os acessos (ELAMEEN et al., 2010).

Portanto, a caracterização e a avaliação dos acessos pertencentes aos bancos ativos de germoplasma não somente produzem valiosos dados agronômicos e morfológicos, mas também são úteis para a identificação de duplicatas dentro e entre as coleções (KHOURY et al., 2010), o que vem a corroborar, de acordo com Moura et al., (2013) com a redução do tamanho da área, com a facilidade de manejo dos acessos e com a otimização dos programas de melhoramento.

O presente estudo teve como objetivo avaliar a variabilidade genética entre acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental por meio de descritores

morfoagronômicos qualitativos, a fim de fornecer informações úteis para os programas de melhoramento genético e conservação da espécie.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram caracterizados, por meio de 21 descritores morfoagronômicos qualitativos estabelecidos por Fukuda e Guevara (1998) (Tabela 6), 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, em que 220 acessos pertencem ao grupo de mandioca-brava e 42 de mandioca-mansa ou macaxeira (Tabela 2 do anexo). O BAG está localizado no município de Belém, Pará, na sede da Embrapa Amazônia Oriental. A temperatura média anual da região é de 28 °C, a umidade relativa do ar de 80% e a precipitação média anual de 2.800 mm (Instituto Nacional de Meteorologia - INMET, 2009). Os acessos estão dispostos em fileiras simples, formadas de nove plantas por acesso, com espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 1,0 m entre plantas e são renovados quando atingem a idade de 12 a 14 meses. As avaliações foram realizadas em anos distintos e tomadas nas plantas úteis de cada parcela experimental, evitando-se as bordaduras.

Os 21 descritores morfoagronômicos utilizados foram: cor da folha apical (CFA): observado a partir do terceiro mês de idade após o plantio; pubescência do broto apical (PBA): avaliado a partir do terceiro mês de idade, a partir da presença ou ausência de pelos no broto apical; cor do pecíolo (CP): avaliado a partir do sexto mês de idade após o plantio, e tomado a partir do terço médio; floração (F): avaliado a partir do sexto mês de idade após o plantio. Considerou-se presença de floração se houve pelo menos a presença de uma flor por planta; cor da folha desenvolvida (CFD): observado a partir do sexto mês de idade após o plantio e tomado nas folhas localizadas no terço médio; número de lóbulos (NL): inferido nas folhas localizadas no terço médio a partir do sexto mês de idade após o plantio e acessado em cinco folhas por planta; cor do córtex do caule (CCC): avaliado a partir do nono mês de idade após o plantio e observado no terço médio da planta por meio de um corte raso e pequeno e, por conseguinte, o descascamento da epiderme; cor externa do caule (CEC): observado no terço médio da planta a partir do nono mês de idade após o plantio; cor da epiderme do caule (CEPC): avaliado a partir do nono mês de idade após o plantio, realizado a partir do descascamento da epiderme por meio da observação da parte inferior do tecido; cor dos ramos terminais na planta adulta (CRT): referente à observação dos 20 centímetros superiores dos ramos terminais da planta, realizado a partir do nono mês de idade após o plantio; hábito de ramificação (HR): observado na menor ou primeira ramificação no momento da colheita; tipo de planta (TP): refere-se à forma da planta, avaliado no momento da colheita; presença de pedúnculo das raízes (PPR): avaliado no momento da colheita, verificado somente nas raízes principais; cor externa da raiz (CER): observado no momento da colheita; cor do córtex da

raiz (CCR): verificado no momento da colheita por meio do descascamento da película da raiz para a análise; cor da polpa da raiz (CPR): observado no momento da colheita a cor do tecido do parênquima da raiz, por meio de um corte transversal; textura da epiderme da raiz (TER): avaliado no momento da colheita com o toque das raízes; constrição da raiz (CONSR): observado no momento da colheita os níveis de presença de constrição nas raízes maduras; formas das raízes (FOR): avaliado no momento da colheita; destaque da película da raiz (DPR): observado, no momento da colheita, com o auxílio de um terçado, o grau de dificuldade no destaque da película; destaque do córtex da raiz (DCR): verificado, no momento da colheita, com o auxílio de um terçado, o grau de dificuldade da remoção do córtex da raiz.

Os valores obtidos foram mensurados por meio da moda dentro da parcela experimental útil para cada descritor. As frequências percentuais e a análise de correspondência múltipla foram realizadas para os 21 descritores qualitativos avaliados nos 262 acessos. A técnica de análise de correspondência múltipla foi aplicada com o objetivo de indicar os descritores mais importantes para o estudo da diversidade genética e obter as correlações fenotípicas entre os descritores. A técnica é similar ao método de componentes principais, porém é adequada para dados categóricos (FÁVERO et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2014). Utilizou-se o software SPSS Statistics 20.0 (FÁVERO et al., 2009).

Para estimar a medida de dissimilaridade entre os 262 acessos, os dados qualitativos foram convertidos em dados binários (presente = 1 e ausente = 0) para cada classe fenotípica dos 21 descritores qualitativos. A metodologia utilizada se fundamenta na proposta estabelecida por Cole-Rodger et al., (1997). O agrupamento hierárquico a partir da matriz da distância genética foi obtido pelo método UPGMA – ‘Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean’ (SNEATH & SOKAL, 1973). Para a formação dos grupos considerou-se a média da matriz de agrupamento, conforme critério estabelecido por Cruz (2006). O coeficiente de correlação cofenética foi determinado de acordo com critério estabelecido por Sokal e Rohlf (1962). Utilizou-se o software GENES 5.1 (CRUZ, 2006).

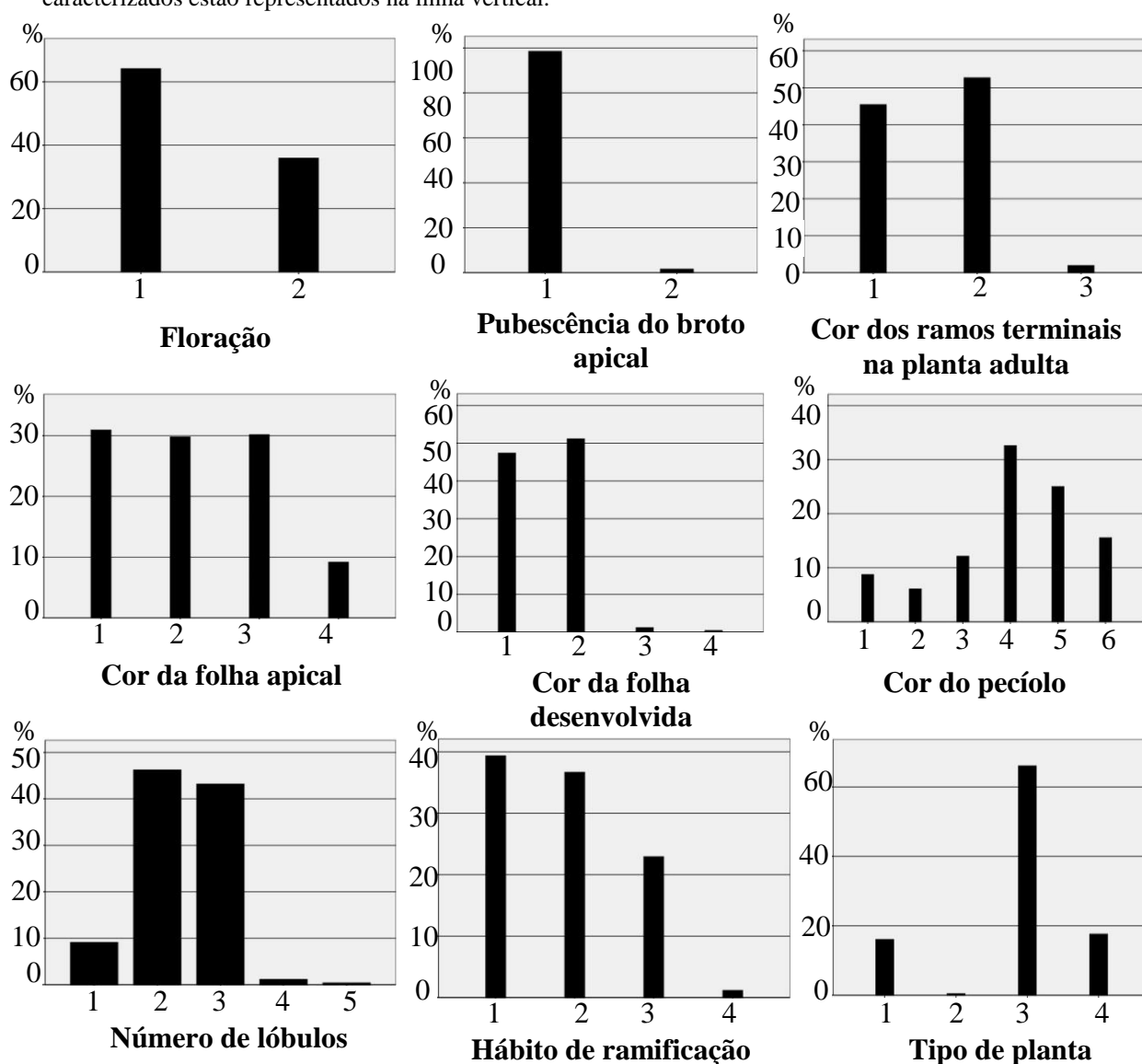
Tabela 6. Identificação dos 21 descritores qualitativos usados na caracterização de 262 acessos de mandiocas (*M. esculenta* Crantz subsp. *esculenta*) do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental e suas classes fenotípicas.

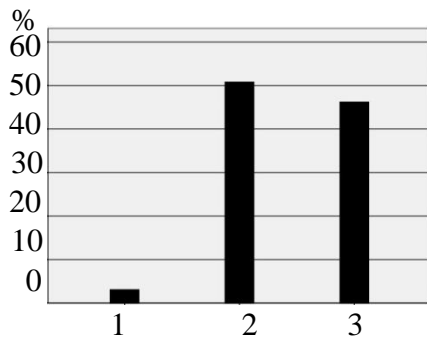
Descritores - códigos	Classes fenotípicas
Descritores mínimos	
1. Cor da folha apical (CFA)	1. Verde claro, 2. verde escuro, 3. verde arroxeadado e 4. roxo.
2. Pubescência do broto apical (PBA)	1. Presente ou 2. ausente.
3. Cor do pecíolo (CP)	1. Verde amarelado, 2. verde, 3. verde avermelhado, 4. vermelho esverdeado, 5. vermelho e 6. roxo.
4. Floração (F)	1. Presente ou 2. ausente
5. Cor do córtex do caule (CCC)	1. Amarelo, 2. verde claro e 3. verde escuro.
6. Cor externa do caule (CEC)	1. Laranja, 2. verde amarelado, 3. marrom claro, 4. prateado, 5. cinza, 6. marrom escuro e 7. dourado
7. Presença de Pedúnculo nas raízes (PPR)	1. Séssil, 2. pedunculada e 3. misto.
8. Cor externa da raiz (CER)	1. Branco ou creme, 2. amarelo, 3. marrom claro e 4. marrom escuro.
9. Cor do córtex da raiz (CCR)	1. Branca ou creme, 2. amarela, 3. róseo e 4. roxo
10. Cor da polpa da raiz (CPR)	1. Branca, 2. creme, 3. amarela e 4. rosada.
11. Textura da epiderme da raiz (TER)	1. Lisa ou 2. rugosa.
Descritores principais	
12. Cor da folha desenvolvida (CFD)	1. Verde claro, 2. verde escuro, 3. verde arroxeadado e 4. roxo.
13. Número de lóbulos (NL)	1. Três lóbulos, 2. cinco lóbulos, 3. sete lóbulos, 4. nove lóbulos e 5. onze lóbulos.
14. Cor da epiderme do caule (CEPC)	1. Creme, 2. marrom claro, 3. marrom escuro e 4. laranja.
15. Cor dos ramos terminais na planta adulta (CRT)	1. Verde, 2. verde arroxeadado e 3. roxo.
Descritores secundários	
16. Hábito de ramificação (HR)	1. Ereto, 2. dicotômico, 3. tricotômico e 4. tetracotômico.
17. Forma da raiz (FOR)	1. Cônica, 2. cônica-cilíndrica, 3. cilíndrica e 4. irregular.
18. Constricção da raiz (CONSR)	1. Poucas ou nenhuma, 2. médias e 3. muitas.
19. Tipo de planta (TP)	1. Compacta, 2. aberta, 3. guarda sol e 4. cilíndrica.
Descritores agronômicos preliminares	
20. Destaque da película da raiz (DPR)	1. Fácil e 2. difícil.
21. Destaque do córtex da raiz (DCR)	1. Fácil e 2. difícil.

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

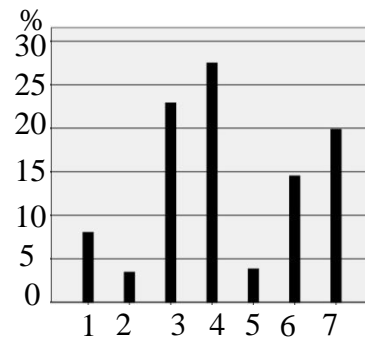
Na Figura 3 encontram-se os gráficos das frequências percentuais dos descritores qualitativos avaliados em 262 acessos de mandioca. Tais descritores mostraram que há variação fenotípica entre os acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental e corroboram com a ampla diversidade genética da espécie encontrada na região Amazônica (CEBALLOS & CRUZ, 2002), uma vez que parte dos acessos foi coletada em roças tradicionais da região. Todas as classes fenotípicas descritas por Fukuda e Guevara (1998) foram encontradas. Há possibilidade de trabalhos eficientes com o uso desses descritores na estimativa da dissimilaridade genética em mandioca, como reportado por Elias et al., (2001a) e Vieira et al., (2013).

Figura 3. Análise percentual dos 21 descritores qualitativos usados na caracterização de 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental. Para cada característica, os números na linha horizontal referem-se às classes fenotípicas detalhadas na Tabela 5. Os valores percentuais entre os acessos caracterizados estão representados na linha vertical.

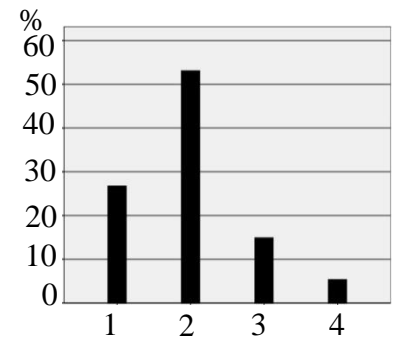




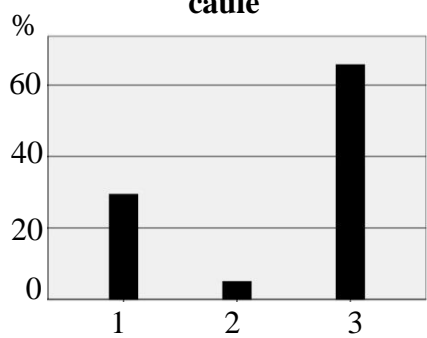
Cor do córtex do caule



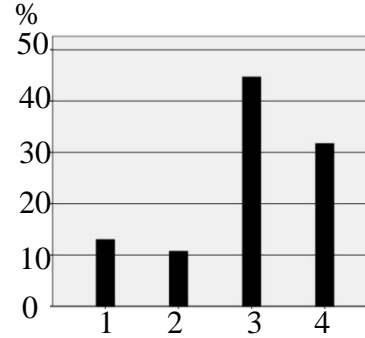
Cor externa do caule



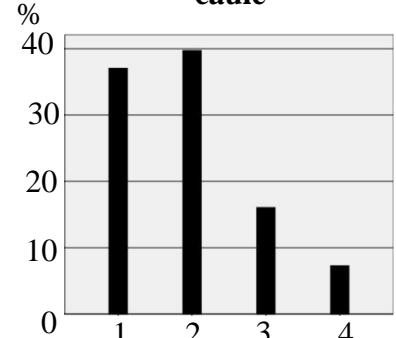
Cor da epiderme do caule



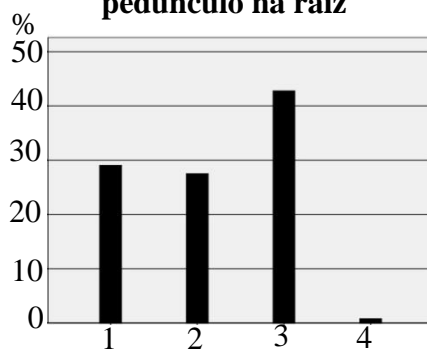
Presença de pedúnculo na raiz



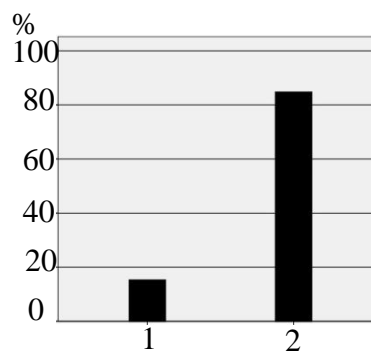
Cor externa da raiz



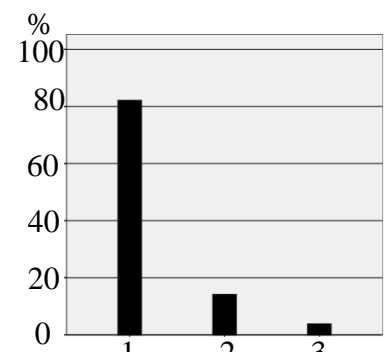
Cor do córtex da raiz



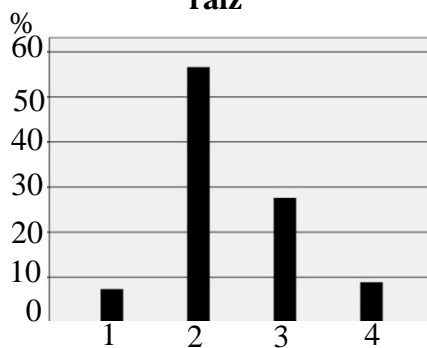
Cor da polpa da raiz



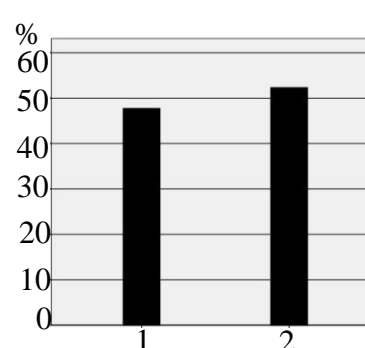
Textura externa da raiz



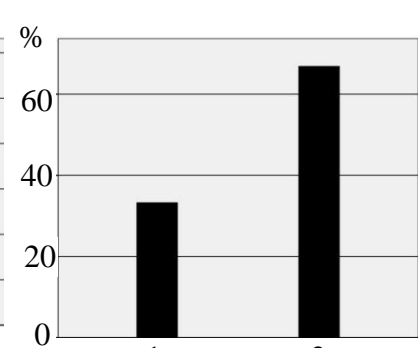
Constricção da raiz



Forma da raiz



Destaque do córtex da raiz



Destaque da película da raiz

Mezette et al., (2013), ao avaliar 419 acessos de mandioca de diferentes regiões do Brasil por meio de variáveis qualitativas, encontraram ampla variabilidade genética entre os acessos, porém, esses autores evidenciaram ausência de classe fenotípica nos descritores número de lóbulos foliares, cor do pecíolo, cor da folha desenvolvida e cor da folha apical. Resultado semelhante foi encontrado por Lebot et al., (2015) ao avaliar 145 acessos de mandioca da coleção do Centro de Formação e Pesquisa Agrícola do arquipélago de Vanuatu, Oceania.

O descritor pubescência do broto apical, apesar de não ser uma característica de destaque quanto à seleção praticada pelos produtores, teve a quase totalidade dos acessos avaliados, 97,7% com presença de pubescência no broto apical. A presença da característica está associada, frequentemente, com a fertilidade e a possibilidade de polinização das flores, além de funcionar como um mecanismo de defesa contra ataques de inseto-pragas (CEBALLOS & CRUZ, 2002; GARCÍA et al., 2014).

Dentre os descritores avaliados, alguns são extremamente importantes para o melhoramento genético. Quanto à floração, 64,1% dos acessos apresentaram flores e 36,0% apresentaram ausência de floração. Para Elias et al., (2001b) a presença de floração na maioria dos acessos assinala para a importância da manutenção da reprodução sexual por meio de cruzamentos naturais ou artificiais, uma vez que estes processos geram recombinantes entre os acessos e contribuem para o aumento da variabilidade genética e para o processo evolutivo da espécie.

O descritor cor da polpa da raiz tem grande importância para a economia dos produtores de mandioca da região Norte e com variações de preferências por regiões. No presente estudo 43,0% dos acessos apresentaram cor amarela, enquanto 29,0% apresentaram cor branca. Os resultados evidenciaram a preferências dos produtores do estado do Pará em manter sob cultivo os acessos de mandioca com cor da polpa amarela. As raízes amarelas possuem altas concentrações de carotenoides e podem apresentar altas concentrações de β -caroteno, precursor da vitamina A (NASSAR et al., 2007, 2009), representando um importante recurso genético para programas de biofortificação (VIEIRA et al., 2011a). Segundo Nassar et al., (2007, 2009) a domesticação da mandioca na região Amazônica, por povos nativos, ajudou a selecionar variedades com altas concentrações de carotenoides. Tais fatores podem justificar a maior proporção de raízes com cor da polpa amarela neste estudo.

Há, também, a seleção para o cultivo de mandioca de cor da polpa branca da raiz, principalmente para as macaxeiras, muito devido ao consumo *in natura*. Nas avaliações realizadas por Lebot et al., (2015) para cor da polpa da raiz, os autores encontraram cerca de

83,0% dos acessos de polpa branca e da ordem de 21,0% de cor amarela. Já Afonso et al., (2014), ao avaliar 200 acessos de mandioca pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, encontraram 89,5% dos acessos com cor da polpa da raiz branca e apenas 2,0% com coloração da polpa amarela.

Quanto à cor do córtex da raiz, no presente estudo, 37,0% dos acessos apresentaram cor branca ou creme e 39,7% coloração amarela. Mezette et al., (2013) encontraram 71,0% dos acessos com coloração do córtex da raiz branca ou creme. O ideal para a indústria, de acordo com Vieira et al., (2008b) é a cor branca ou creme, muito devido a relação com a facilidade de descascamento das raízes (VIEIRA et al., 2011c). Quanto à cor externa da raiz 44,7% dos acessos avaliados apresentaram cor marrom claro e 32,0% cor marrom escuro. Os resultados evidenciaram a preferência dos produtores por raízes de colorações externas marrom claro ou marrom escuro, como relatado por Vieira et al., (2008b) e Albuquerque et al., (2009). Segundo Vieira et al., (2011c), a coloração da película da raiz marrom está relacionada a maior conservação pós-colheita. As características morfológicas de coloração, principalmente de raízes, são frequentemente utilizadas na seleção e identificação dos acessos pelos produtores (ELIAS et al., 2001a; LEBOT et al., 2015).

Quanto à constrição da raiz 82,1% dos acessos apresentaram poucas ou nenhuma constrição da raiz, (14,0%) médias e apenas 4,0% apresentaram muitas constrições. Os resultados são promissores para o melhoramento genético. Quanto ao destaque do córtex da raiz e da película da raiz foram encontrados os seguintes valores entre os acessos: 48,0% apresentaram facilidade para o destaque do córtex da raiz e 52,3% apresentaram dificuldade. Já 33,2% dos acessos avaliados apresentaram facilidade do destaque da película da raiz e 67,0% dificuldade. Afonso et al., (2014) encontraram os seguintes resultados para destaque da película da raiz: 60,5% dos acessos apresentaram dificuldade e 39,5% facilidade. O destaque do córtex e da película das raízes são descritores importantes quando se busca o mercado *in natura*.

Para a presença de pedúnculo nas raízes verificou-se que 66,0% dos acessos estudados apresentaram raízes mistas, (30,0%) raízes sésseis, isto é, sem pedúnculos e apenas 5,0% raízes pedunculadas. É importante salientar que a ausência de pedúnculos nas raízes é uma característica que tem relação direta com a facilidade de colheita, sendo de grande importância econômica, além de ser um caráter de utilidade na identificação dos acessos pelos produtores (ALBUQUERQUE et al., 2009).

Os resultados mostraram-se substancialmente importantes quanto à seleção de acessos com características morfoagronômicas desejáveis para serem utilizados nos programas de

melhoramento genético da mandioca na região, principalmente quando se busca a diversificação dos programas.

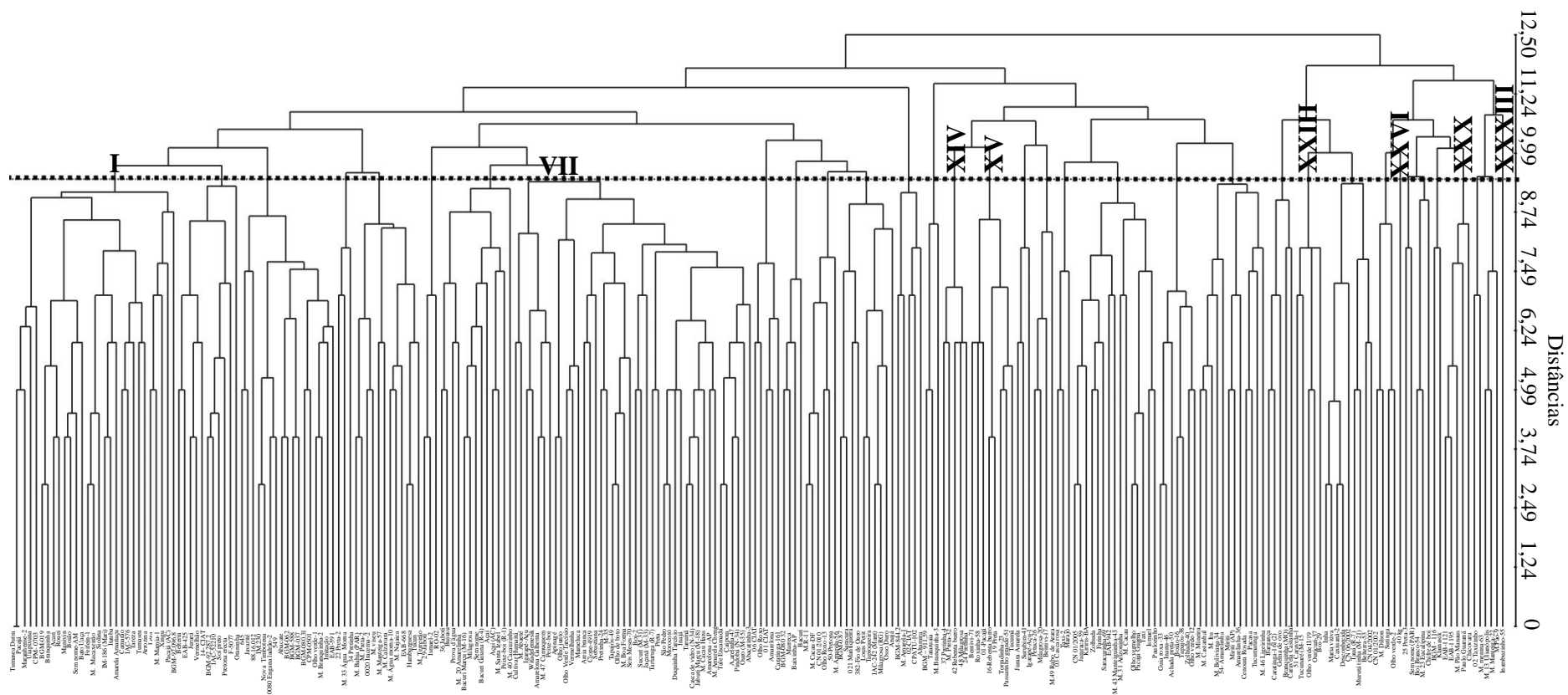
A Figura 4 mostra o dendrograma formado pelo método UPGMA, representativo da matriz da distância genética com base em 21 descritores qualitativos avaliados em 262 acessos de mandioca. Os grupos foram formados em determinação ao ponto de corte definido pela média da matriz de agrupamento de 9,45. De acordo com Albuquerque et al., (2011), neste método de estimativa da distância de dissimilaridade ocorrem maiores restrições de divergência genética dentro dos grupos.

Os 262 acessos foram alocados em 33 grupos. A maior similaridade genética foi entre os acessos Tumasea Dutra e Pacajá, pertencentes ao grupo I e podem vir a serem duplicatas. O grupo I foi formado por 29 acessos, onde apresentaram poucas ou nenhuma constrição da raiz. Além disso, todos os acessos apresentaram textura externa da raiz rugosa, exceto o acesso Bato Uaça e dificuldade no destaque da película da raiz, exceto os acessos Boião e Camarão. Já o grupo VII foi formado por 55 acessos, o maior grupo. Todos os acessos apresentaram textura externa da raiz rugosa. Os acessos Sucuri (M-31) e Jaçanã (M-33) ambos coletados no município de Melgaço, Pará, constituem-se em possíveis duplicatas, assim como os acessos Duquinha Tarcísio, coletado no município de Castanhal, Pará e Inajá, sem dados de procedência.

Por conseguinte, o grupo XIV foi formado por cinco acessos, em que os acessos 42 Rebenta burro e 48 Milagrosa, coletados no município de Rondon do Pará, Pará, constituem-se em possíveis duplicatas. No grupo XV, formado por oito acessos, Bentivi-71 e Roxinha-58 podem também se constituírem em possíveis duplicatas. Os dois acessos foram coletados no município de Santarém, Pará.

O grupo XXIII foi formado por cinco acessos, dos quais Olho Verde II/19 coletado no município de Alenquer, Pará, Ouricuri-37 e Boi-29, coletados no município de Belterra, Pará, podem vir a serem possíveis duplicatas. Por sua vez, o grupo XXX também foi formado por cinco acessos, em que EAB-1121 e EAB-1195, sem dados de procedência, são possíveis duplicatas. Para Ribeiro et al., (2011) e Moura et al., (2013) a identificação de duplicatas em bancos ativos de germoplasma pode estar relacionada ao fato das trocas de propágulos entre os agricultores de diferentes regiões ser comum, principalmente quando a planta tem importância econômica. Ainda de acordo com os autores, em um novo local, os acessos recebem, em muitos casos, uma nova denominação, causando confusões nas coletas e armazenamentos nos bancos.

Figura 4. Dendrograma representativo do agrupamento de 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, estimado pelo método hierárquico UPGMA, com base em 21 descritores qualitativos. Coeficiente de correlação cofenética ($r = 0,51$).



Quanto aos grupos mais divergentes, os grupos XXVII, XXIX e XXXI foram formados apenas por dois acessos em cada grupo, enquanto que o grupo XXVI foi formado somente pelo acesso 40 quilos, coletado no estado do Paraná e o grupo XXXIII alocou apenas o acesso Inambuzinho-55, coletado no município de Santarém, Pará, evidenciando que estes dois acessos são os mais divergentes. A informação completa do agrupamento dos 262 acessos encontra-se na Tabela 4 do anexo.

Os resultados evidenciaram elevada variabilidade genética entre os acessos estudados e alocados nos 33 grupos. É importante mencionar, em consonância com Oliveira (2011), que a estratégia de análise individual é, muitas vezes, questionada em razão de as distâncias genéticas entre os acessos serem calculadas em função do tipo de descritor utilizado, se quantitativo ou qualitativo. Contudo, segundo a autora, as caracterizações e avaliações realizadas com base em características quantitativas e, ou, qualitativas servem de suporte para trabalhos de melhoramento mais eficientes. Asare et al., (2011) e Benesi et al., (2010) ressaltam a importância da caracterização de acessos de mandioca por meio de descritores qualitativos no estudo da diversidade genética da espécie, bem como na determinação da divergência genética entre os acessos (RIMOLDI et al., 2010).

Por conseguinte, não foi observado, de maneira geral, o agrupamento dos acessos em função do seu local de coleta, em grupos isolados. Fato este que ocorre possivelmente, por ocasião da troca de manivas entre os agricultores de diferentes regiões. Essa troca de materiais por meio da seleção humana tende a aumentar a diversidade genética dos acessos de forma canalizada (DUPUTIÉ et al., 2009). Além da propagação vegetativa, a mandioca apresenta sistema reprodutivo sexual, com fácil polinização e deiscência dos frutos, o que possibilita a recombinação sexual entre diferentes variedades de forma espontânea no campo (MCKEY et al., 2010; MEZETTE et al., 2013; LEBOT et al., 2015).

A manutenção de variedades mais antigas no campo, àquelas com características usualmente mais apreciadas pelos produtores, levam a um fluxo gênico maior desses materiais entre regiões e a sua manutenção por longos períodos com base na seleção. García et al., (2014) citam a seleção artificial realizada por meio de aspectos da planta como forma das folhas, quantidade e tamanho das raízes, bem como coloração da polpa. Estes fatos ajudam a explicar a diversidade genética encontrada neste estudo.

A análise de agrupamento apresentou valor de correlação cofenética de $r = 0,51$. O coeficiente de correlação cofenética é uma técnica muito usada para comparar as representações hierárquicas, e quando utilizado associado à análise de agrupamento, pode ser empregado para aumentar a confiabilidade das conclusões frente à interpretação dos

dendrogramas (CORMACK, 1971; KOPP et al, 2007). Valores de 0,70 a 0,90 são comumente encontrados, principalmente em estudos com delineamentos experimentais e, ou, com a distância genética entre os acessos estimada por meio de variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente. Vieira et al., (2011b) e Neitzke et al., (2010) encontraram valores dentro deste intervalo, o que é mais adequado. Portanto, o valor de coeficiente de correlação cofenética, neste trabalho, mostra-se pouco eficiente para a validação do agrupamento.

É importante destacar que vários fatores podem influenciar nos valores de coeficiente de correlação cofenética, entre eles, a quantidade de descritores utilizados, o número de acessos estudados e a qualidade das informações aferidas (ROHLF & FISHER, 1968). Desta forma, estudos de diversidade genética entre os acessos do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental por meio do uso de marcadores moleculares e de descritores morfoagronômicos de forma conjunta e complementar, bem como a realização de caracterizações em intervalos mais uniformes, podem propiciar valores mais elevados de correlação cofenética, assegurando assim, maior validação dos agrupamentos gerados, conforme trabalho realizado por Vieira et al., (2013).

Na Tabela 7 constam os resultados da contribuição dos 21 descritores avaliados associados a cada dimensão (componentes) por meio da análise de correspondência múltipla. O descritor com a maior associação ou contribuição nos últimos componentes são os de menor importância para a caracterização (JOLLIFFE, 1973). O descritor tipo de planta apresentou a maior associação, autovetor (0,22), com o último componente, que tem o menor valor de autovalor (1,0), além de contribuições baixas nos três primeiros componentes principais, autovetores (0,08), (0,03) e 0,01, respectivamente. Os três primeiros componentes explicam uma fração maior da variação e apresentam os valores mais elevados de autovalores, neste caso: (3,0), (2,5) e 2,2, respectivamente. Sendo, portanto, tipo de planta menos importante para a caracterização, ou seja, apresentou menor contribuição para o estudo da diversidade genética. Segundo Silva et al., (2013) e Oliveira et al., (2014), os descritores menos importantes para a caracterização são passíveis de descartes e a técnica de análise de correspondência múltipla pode ser usada para a seleção de descritores. Contudo, é aconselhável a utilização de métodos e, ou, critérios estabelecidos por meio dos resultados da análise de correspondência múltipla para uma conclusão mais fidedigna quanto ao descarte.

Tabela 7. Contribuições de 21 descritores qualitativos⁽¹⁾ avaliados em 262 acessos de mandioca associadas às dimensões e seus respectivos autovalores e porcentagem de variação. Os dados foram obtidos por meio da técnica de análise de correspondência múltipla⁽²⁾

	Dimensões (componentes)													
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
CFA	0,09	0,12	0,20	0,03	0,08	0,03	0,09	0,15	0,06	0,02	0,19	0,14	0,01	0,09
PBA	0,02	0,00	0,01	0,00	0,09	0,02	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02	0,10	0,01	0,00
CP	0,05	0,17	0,23	0,11	0,30	0,04	0,11	0,10	0,16	0,11	0,15	0,34	0,17	0,06
F	0,00	0,06	0,06	0,03	0,06	0,04	0,12	0,03	0,03	0,01	0,00	0,01	0,01	0,00
CFD	0,06	0,09	0,16	0,04	0,09	0,07	0,06	0,09	0,06	0,06	0,18	0,21	0,24	0,19
NL	0,01	0,02	0,04	0,01	0,16	0,22	0,30	0,17	0,03	0,07	0,19	0,02	0,09	0,09
CEC	0,41	0,17	0,23	0,24	0,17	0,18	0,28	0,09	0,28	0,14	0,11	0,11	0,10	0,01
CEPC	0,53	0,48	0,02	0,11	0,08	0,04	0,09	0,05	0,03	0,04	0,04	0,05	0,11	0,01
CRT	0,04	0,24	0,18	0,04	0,10	0,23	0,00	0,13	0,07	0,00	0,02	0,04	0,00	0,05
HR	0,20	0,29	0,24	0,02	0,21	0,10	0,00	0,03	0,02	0,02	0,09	0,01	0,11	0,18
TP	0,08	0,03	0,01	0,08	0,17	0,11	0,03	0,12	0,08	0,05	0,03	0,00	0,03	0,13
PPR	0,06	0,02	0,05	0,07	0,03	0,09	0,06	0,00	0,09	0,17	0,05	0,10	0,11	0,00
CER	0,47	0,23	0,08	0,18	0,03	0,05	0,04	0,04	0,08	0,05	0,07	0,03	0,03	0,12
CCR	0,09	0,19	0,15	0,21	0,03	0,11	0,06	0,20	0,13	0,11	0,07	0,03	0,03	0,06
CPR	0,05	0,00	0,23	0,21	0,05	0,19	0,19	0,20	0,08	0,33	0,05	0,05	0,04	0,01
TER	0,38	0,11	0,00	0,02	0,00	0,03	0,00	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,02
CONS	0,12	0,05	0,09	0,01	0,00	0,02	0,11	0,07	0,14	0,07	0,01	0,02	0,01	0,00
FOR	0,11	0,10	0,15	0,06	0,03	0,11	0,03	0,02	0,04	0,02	0,08	0,03	0,12	0,13
DCR	0,07	0,01	0,03	0,25	0,02	0,01	0,00	0,00	0,04	0,06	0,00	0,00	0,00	0,06
DPR	0,21	0,02	0,00	0,20	0,00	0,00	0,03	0,00	0,05	0,00	0,03	0,00	0,01	0,02
CCC	0,00	0,15	0,00	0,10	0,15	0,00	0,05	0,11	0,06	0,09	0,01	0,07	0,05	0,01
AVL	3,0	2,5	2,2	2,1	1,9	1,7	1,7	1,6	1,6	1,5	1,4	1,4	1,3	1,3
%V	14,7	12,2	10,8	10,0	9,2	8,4	8,3	8,0	7,7	7,1	6,9	6,8	6,6	6,3

Tabela 7. Continuação...

	Dimensões (componentes)						
	15	16	17	18	19	20	21
CFA	0,03	0,17	0,01	0,06	0,04	0,08	0,11
PBA	0,00	0,06	0,02	0,00	0,04	0,02	0,00
CP	0,06	0,01	0,63	0,05	0,13	0,05	0,11
F	0,00	0,08	0,01	0,00	0,00	0,04	0,01
CFD	0,00	0,02	0,03	0,01	0,02	0,02	0,04
NL	0,09	0,02	0,05	0,06	0,30	0,23	0,07
CEC	0,14	0,14	0,08	0,30	0,11	0,12	0,08
CEPC	0,13	0,01	0,05	0,01	0,05	0,01	0,03
CRT	0,01	0,03	0,01	0,01	0,02	0,05	0,06
HR	0,09	0,11	0,02	0,06	0,08	0,02	0,01
TP	0,01	0,14	0,00	0,13	0,20	0,00	0,22
PPR	0,22	0,01	0,01	0,08	0,00	0,01	0,06
CER	0,01	0,05	0,06	0,02	0,04	0,02	0,02
CCR	0,04	0,06	0,10	0,03	0,05	0,04	0,05
CPR	0,01	0,00	0,03	0,12	0,00	0,01	0,04
TER	0,00	0,01	0,00	0,00	0,00	0,00	0,02
CONSR	0,06	0,12	0,00	0,00	0,00	0,02	0,10
FOR	0,14	0,02	0,07	0,12	0,01	0,24	0,05
DCR	0,06	0,01	0,00	0,00	0,00	0,03	0,03
DPR	0,04	0,0	0,00	0,03	0,00	0,01	0,04
CCC	0,07	0,14	0,02	0,01	0,01	0,03	0,02
AVL ⁽³⁾	1,3	1,2	1,2	1,1	1,1	1,1	1,0
%V ⁽⁴⁾	6,2	6,0	5,8	5,6	5,5	5,4	5,3

⁽¹⁾Cor da folha apical (CFA); pubescência do broto apical (PBA); cor do pecíolo (CP); Floração (F); cor da folha desenvolvida (CFD); número de lóbulos (NL); cor externa do caule (CEC); cor da epiderme do caule (CEPC); cor dos ramos terminais na planta adulta (CRT); hábito de ramificação (HR); tipo de planta (TP); presença de pedúnculo na raiz (PPR); cor externa da raiz (CER); cor do córtex da raiz (CCR); cor da polpa da raiz (CPR); textura externa da raiz (TER); constrição da raiz (CONSR); forma da raiz (FOR); destaque do córtex da raiz (DCR); destaque da película da raiz (DPR) e cor do córtex do caule (CCC). ⁽²⁾Técnica similar à técnica de componentes principais, porém para dados categóricos. ⁽³⁾Autovalores; ⁽⁴⁾variação percentual.

Os acessos mais importantes para o estudo da diversidade genética são àqueles que apresentam as maiores associações nos primeiros componentes principais. Neste caso, cor da epiderme do caule, cor externa da raiz e cor externa do caule apresentaram as maiores associações, autovetores (0,53), (0,47) e 0,41 no primeiro componente principal, respectivamente. Cor da epiderme do caule apresentou contribuições altas nos dois primeiros componentes, além de contribuições baixas nos três últimos componentes principais, o que evidencia a sua importância para a variabilidade do estudo. Cor externa da raiz e cor externa do caule também apresentaram contribuições baixas nos três últimos componentes. García et al., (2014) ao caracterizar 50 acessos de mandioca por meio de 22 descritores qualitativos, evidenciaram que os descritores cor do pecíolo, cor externa do caule e cor externa da raiz foram os que mais contribuíram com a variabilidade genética.

Foram encontradas correlações médias e positivas entre o descritor textura externa da raiz com cor da epiderme do caule ($r = 0,60$) e com cor externa da raiz ($r = 0,50$), e entre destaque do córtex da raiz e destaque da película da raiz ($r = 0,50$) (Tabela 8). García et al., (2014) também encontraram correlações positivas, todavia, de magnitude alta e média, respectivamente, entre textura externa da raiz com cor externa da raiz ($r = 0,81$) e com cor da epiderme do caule ($r = 0,71$), além da correlação média entre cor da epiderme do caule e cor externa da raiz ($r = 0,74$). As correlações envolvendo características de coloração tem um papel crucial na identificação e diferenciação dos acessos, principalmente pelos produtores no campo. O fato das caracterizações terem sido realizadas em anos distintos pode ter influenciado nos valores mais baixos de correlação encontrados neste estudo.

Tabela 8. Correlações fenotípicas entre os 21 descritores qualitativos ⁽¹⁾ avaliados em 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental.

	CFA	PBA	CP	F	CFD	NL	CEC	CEPC	CRT	HR	TP
CFA											
PBA	-0,05										
CP	0,10	0,01									
F	-0,08	-0,02	0,07								
CFD	-0,01	-0,11	-0,05	0,02							
NL	-0,01	0,05	-0,03	-0,07	0,04						
CEC	0,00	-0,04	0,07	-0,04	0,02	-0,01					
CEPC	-0,14	0,06	0,00	0,00	0,03	0,05	-0,13				
CRT	-0,09	0,00	0,05	0,01	-0,03	0,00	0,00	-0,04			
HR	-0,02	-0,15	0,00	0,05	0,00	-0,01	0,02	0,02	0,01		
TP	0,03	-0,04	-0,03	0,12	0,02	0,08	0,00	-0,01	-0,07	0,14	
PPR	0,10	0,01	-0,03	0,03	0,02	0,04	-0,03	0,05	0,03	0,04	-0,01
CER	-0,13	0,03	0,02	-0,03	-0,01	0,02	-0,13	0,60	0,04	0,11	0,02
CCR	-0,22	0,09	-0,05	0,03	-0,08	-0,01	0,02	0,06	0,05	-0,06	0,08
CPR	0,03	-0,09	0,01	0,01	0,01	0,01	0,02	-0,01	0,09	-0,07	-0,10
TER	0,00	0,03	0,08	0,01	-0,04	0,08	-0,25	0,40	0,00	0,04	-0,02
CONSR	-0,09	-0,05	-0,07	0,07	-0,06	0,00	-0,09	0,07	0,05	-0,07	-0,01
FOR	-0,02	0,02	-0,03	-0,14	-0,01	-0,01	0,07	-0,08	0,00	0,05	0,00
DCR	0,09	-0,13	-0,04	-0,05	0,00	-0,06	0,11	-0,11	0,05	0,04	0,05
DPR	0,08	-0,04	0,03	-0,06	0,00	-0,05	0,15	-0,13	-0,01	-0,03	0,05
CCC	-0,04	-0,01	-0,14	0,02	-0,1	0,00	0,13	0,03	0,07	0,10	0,00

Tabela 8. Continuação...

	PPR	CER	CCR	CPR	TER	CONSR	FOR	DCR	DPR
CFA									
PBA									
CP									
F									
CFD									
NL									
CEC									
CEPC									
CRT									
HR									
TP									
PPR									
CER	0,09								
CCR	0,02	0,17							
CPR	0,03	0,01	0,18						
TER	-0,02	0,50	0,00	-0,08					
CONSR	0,04	0,11	0,11	0,08	0,06				
FOR	-0,06	-0,12	-0,01	-0,09	-0,00	-0,06			
DCR	0,04	0,04	0,09	0,15	-0,10	-0,01	-0,05		
DPR	0,12	-0,11	-0,01	0,15	-0,24	-0,11	-0,06	0,50	
CCC	-0,01	0,02	-0,12	0,00	-0,13	0,05	-0,02	0,13	0,07

⁽¹⁾Cor da folha apical (CFA); pubescência do broto apical (PBA); cor do pecíolo (CP); Floração (F); cor da folha desenvolvida (CFD); número de lóbulos (NL); cor externa do caule (CEC); cor da epiderme do caule (CEPC); cor dos ramos terminais na planta adulta (CRT); hábito de ramificação (HR); tipo de planta (TP); presença de pedúnculo na raiz (PPR); cor externa da raiz (CER); cor do córtex da raiz (CCR); cor da polpa da raiz (CPR); textura externa da raiz (TER); constrição da raiz (CONSR); forma da raiz (FOR); destaque do córtex da raiz (DCR); destaque da película da raiz (DPR) e cor do córtex do caule (CCC).

As informações geradas neste estudo são de extrema importância para o melhoramento genético da mandioca no estado do Pará e reforça o empenho para que seja preservada a biodiversidade dos materiais mantidos no Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental. Tais esforços visam o aumento da eficiência dos programas de melhoramento, mediante o conhecimento daqueles acessos com maior potencial genético. Além disso, novos trabalhos de caracterizações e avaliações devem ser realizados, de forma conjunta e completar, com o objetivo de aprofundar o conhecimento de natureza genética para que novos materiais com maiores rendimentos de raízes e amido, com maior grau de tolerância a doenças e com maiores capacidades de hibridizações sejam incorporados nos futuros programas.

3.4 CONCLUSÃO

Os acessos do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia caracterizados por descritores morfoagronômicos qualitativos apresentam alta variabilidade fenotípica, distribuída em 33 grupos distintos. Tais descritores evidenciam a existência de possíveis duplicatas na população de mandioca-brava, que devem ser analisadas molecularmente antes da exclusão.

REFERÊNCIAS

- ABUQUERQUE, J. A. A.; SEDIYAMA, T.; SILVA, A. A.; SEDIYAMA, S. C.; ALVES, J. M. A.; NETO, F. A. Caracterização morfológica e agrônômica de mandioca cultivados no Estado de Roraima. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 4, n. 4, p. 388-394, out-dec. 2009.
- ALBUQUERQUE, A.N.; BARELLI, M.A.A.; NEVES, L.G.; SILVA, K.L.M. Evaluation of common bean accesses with multi-category variables. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 4, p. 627-632, out-dez. 2011.
- AFONSO, S. D.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C.; SILVA, S. O.; LEAL, V. D. J.; CONCEIÇÃO, A.L.S. Selection of Descriptors in a Morphological Characteristics Considered In Cassava Acessions By Means Of Multivariate Techniques. **Journal of Agriculture and Veterinay Science**, v. 7, n. 1, p.13-20, fev. 2014.
- ASARE, P. A.; GALYUON, J. K.; SARFO, J. K.; TETTEH, J. P. Morphological and molecular based diversity studies of some cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germoplasm in Ghana. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 63, p. 13900-13908, out. 2011.
- BENESI, R. M.; LABUSCHAGNE, M. T.; HERSELMAN, L.; MAHUNGU,N. Ethnobotny, Morphology and Genotyping of Cassava Germplasm from Malawi. **Journal of Biological Sciences**, v. 10, n. 7, p. 616-623, 2010.
- CEBALLOS, H.; CRUZ, A. Taxonomia de la yuca. In: OSPINA, B.I.A.; CEBALLOS, H. **La yuca en el tercer milênio: sistemas modernos de producción, procesamiento, utilización y comercialización**. Cali, 2002. 386 p. (Publicación CIAT, 327).
- COLER-RODGERS, P.; SMITH, D.W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using capsicum as an example. **Crop Science**, v.37, p.1000-1002, 1997.
- CORMACK, R. A review of classification. **Journal of the Royal Statistical Society**, v.134, p.321-367, 1971.
- CRUZ, C. D. **Programa Genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. 175 p.
- DUPUTIE, A.; MASSOL, F.; DAVID, P.; HAXAIRE, C.; MCKEY, D. Traditional Amerindian cultivators combine directional and ideotypic selection for sustainable management of cassava genetic diversity. **Journal Evolutionary Biology**, v. 22, p. 1317-1325, jun. 2009.
- ELAMEEN, A.; LARSEN, A.; KLEMSDAL, S. S.; FJELLHEIM,S.; SUNDHEIM,L.; MSOLLA, S.; MASUMBA, E.; ROGNLI, O.A. Phenotypic diversity of plant morphological and root descriptor traits within a sweet potato, *Ipomoea batatas* (L.) Lam., germplasm collection from Tanzania. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 58, n. 3, p. 397-407, jun. 2010.
- ELIAS, M.; MCKEY, D.; PANAUD, O.; ANSTETT, M. C.; ROBERT, T. Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): Perspectives for on-farm conservation of crop genetic resources. **Euphytica**, v. 120, p. 143-157, jun. 2001a.

ELIAS, M.; PENET, L.; VINDRY, P.; McKEY, D.; PANAUD, O.; ROBERT, T. Unmanaged sexual reproduction and the dynamics of genetic diversity of a vegetatively propagated crop plant, cassava (*Manihot esculenta* Crantz), in a traditional farming system. **Molecular Ecology**, v. 10, n. 8, p. 1895-1907, ago. 2001b.

FÁVERO, L. P.; BELFIORE, P.; SILVA, F.cL.; CHAN, B.cL. **Análise de dados: modelagem multivariada para tomada de decisões**. 5. ed. Rio de Janeiro: Elsevier, 2009. 646 p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. FAO's website on cassava and the Global Cassava Development Strategy, 2009. Disponível em: <http://www.fao.org/ag/agpc/gcds/index_en.html>. Acesso em: 17 outubro 2014.

_____. Save and Grow Cassava: a guide to sustainable production intensification. Rome, 2013. 129 p. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/018/i3278e/i3278e.pdf>>. Acesso em: 10 dezembro 2014.

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1998. 38 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 78).

FUKUDA, W.M.G.; COSTA, I.R.S.; SILVA, S.O. **Manejo e Conservação de Recursos Genéticos de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na Embrapa Mandioca e Fruticultura**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2005. 4 p. (Embrapa e Mandioca e Fruticultura. Documento, 74).

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L.; KAWUKI, R.; FREGUSON, M. E. **Selected morphological and agronomic descriptors for the characterization of cassava**. International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, 2010, 19 p.

GARCÍA, Y. B.; JIMÉNEZ, M. D. M.; ARBELO, O. C.; CABRERA, A. R.; PÉREZ, M. B.; PINO, A. S.; TORRES, J.L.; VEGA, V. R. M.; ALFONSO, J. A. C.; DÍAS, E. R.; PÉREZ, D. R. Caracterización morfológica y agronómica de cultivares cubanos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). **Cultivos Tropicales**, v. 35, n. 2, p. 43-50, jun. 2014.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Normas climatológicas, 2009. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=clima/normaisClimatologicas>> Acesso em: 13 outubro. 2014.

JOLLIFFER, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. **Journal of the Royal Statistical Society. Applied Statistics**, v. 22, n. 1, p. 21-31, 1973.

KHOURY, C.; LALIBERTÉ, B.; GUARINO, L. Trends in ex situ conservation of plant genetic resources: a review of global crop and regional conservation strategies. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 57, p. 625-639, fev. 2010.

KOPP, M. M.; DE SOUZA, V. Q.; COIMBRA, J. L. M.; LUZ, V. K.; MARINI, N.; OLIVEIRA, A.C. Melhoria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendrogramas. **Revista da FZVA**, Uruguaiana, v. 14, n. 2, p. 46-53, 2007.

LEBOT, V.; MALAPA, R.; SARDOS, J. Farmers' selection of quality traits in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) landraces from Vanuatu. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 62, n. 7, p. 1055-1068, out. 2015.

- LEOTARD, G.; DUPUTIÉ, KJELLBERG, F.; DOUZERY, E.J.P.; DEBAIN, C.; GRANVILLE, J.J.; MCKEY, D. Phylogeography and the origin of cassava: New insights from northern rim of the Amazonia basin. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 53, p. 329-334, maio. 2009.
- MCKEY, D.; ELIAS, M.; PUJOL, B.; DUPUTE, A. The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, v. 186, p. 318-332, dec. 2010.
- MEZETTE, T. F.; BLUMER, C. G.; VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 5, p. 510-518, maio. 2013.
- MOURA, E. F.; FARIAS – NETO, J. T.; SAMPAIO, J. E.; DA SILVA, D.T.; RAMALHO, G. F. Identification of duplicatas of cassava accessions sampled on the North Region of Brazil using microsatellite markers. **Acta Amazonica**, Manaus, v. 43, n. 4, p. 461-468, dec. 2013.
- NASSAR, N.; VIZZOTTO, C. S.; SCHWARTZ, C. A.; JUNOR-PIRES, O. R. Cassava diversity in Brazil: the case of carotenoid-rich landraces. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 1, p. 116-121, mar. 2007.
- NASSAR, N.; MELANI, R. D.; PIRES-JÚNIOR, O. R. Amarelinha do Amapá: carotenoid-rich cassava cultivar. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 3, p. 1051-1055, mar. 2009.
- NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R.L.; RODRIGUES, W. F.; CORRÊA, I. V.; CARVALHO, F.IF. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 28, n. 1, p. 47-56, jan. 2010.
- OLIVEIRA, M. M. **Diversidade genética em espécies silvestres e híbridos interespecíficos de *manihot* (euphorbiaceae - magnoliophyta)**. 2011, 76 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2012.
- OLIVEIRA, E. J.; FILHO, O. S. O.; SANTOS, V. S. Selection of the most informative morphoagronomic descriptors for cassava germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasileira, v. 49, n. 11, p. 891-900, nov. 2014.
- OLSEN, K. M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. **Plant Molecular Biology**, v. 56, p. 517 – 526, abr. 2004.
- RIBEIRO, M. N. O.; CARVALHO, S. P.; SANTOS, J. B.; ANTONIO, R. P. Genetic variability among cassava accessions based on SRR markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, Viçosa, v. 11, p. 263-269, set. 2011.
- RIMOLDI, F.; FILHO, P. S. V.; KVITSCHAL, M. V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; PRIOLI, A. J.; PRIOLI, S. M. A. P.; COSTA, T. R. Genetic Divergence in Sweet Cassava Cultivars Using Morphological Agronomic Traits and RAPD Molecular Markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 53, n. 6, p. 1477-1486, dec. 2010.
- ROHLF, F. J.; FISHER D. L. Test for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**, v. 17, p. 407-412. 1968.

SILVA, K. V. P.; ALVES, A. A. C.; MARTINS, M. S. G.; MELO, C. A. F.; CARVALHO, R. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasileira v. 46, n. 9, p. 1082-1088, set. 2011.

SILVA, W. C. J.; CARVALHO, S. I. C.; DUARTE, J. B. Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum* spp. germoplasm. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 31, n. 2, p. 190-202, abr-jun. 2013.

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: the principles and practice of numerical classification. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573 p.

SOKAL, R. R. and ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11 p. 33-40. 1962.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; SANTOS-FILHO, M.O.S.; SILVA, K.N. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1707-1715, dec. 2008a.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S.; FUKUDA, W. M. G.; FALEIRO, F. G. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. **Científica**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 56-67, 2008b.

VIEIRA, E.A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; SANTOS, M. Caracterização molecular de acessos de mandioca biofortificados com potencial de uso no melhoramento genético. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 457-463, abr-jun. 2011a.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K.G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; OLIVEIRA, C. M.; DENKE, M.L. Characterization of sweet cassava accessions based on molecular, quantitative and qualitative data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, p. 232-240, set. 2011b.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S. Recursos genéticos e melhoramento da mandioca. In: FIALHO, J. F.; VIEIRA, E. A. **Mandioca no Cerrado. Orientações técnicas**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2011c. p. 25-35.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; SILVA, M.S.; PAULA-MORÃES, S. V.; CARVALHO, L. J. C. B. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 2, p. 567-582, mar-abr. 2013.

CAPÍTULO 4

PARÂMETROS GENÉTICOS EM ACESSOS DE MANDIOCA DO BANCO REGIONAL DE GERMOPLASMA DA AMAZÔNIA ORIENTAL

Autor: Rodrigo de Souza Silva

Orientador(a): Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Coorientador: Dr. João Tomé de Farias Neto

RESUMO

Objetivou-se caracterizar acessos de mandioca com base em seis caracteres agronômicos e estimar parâmetros genéticos que permitam inferir sobre a variabilidade genética, bem como realizar a predição dos valores genéticos dos melhores acessos a ser selecionados. O experimento foi conduzido nos anos de 2012 e 2013 no município de Igarapé-Açu, Pará, com 56 acessos pertencentes ao Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental. Os acessos foram avaliados aos 12 meses de idade no delineamento em blocos aumentados, com as cultivares BRS Poti e BRS Kiriris utilizadas como testemunhas (tratamentos comuns). Foi empregada a metodologia de modelos lineares mistos procedimento da máxima verossimilhança restrita - REML e da melhor predição linear não viciada - BLUP. Os acessos avaliados apresentaram variabilidade genética possível de ser utilizada nos programas de melhoramento genético da espécie. O caráter produtividade de raízes tuberosas apresentou correlações baixas e significativas por meio do teste *t* com o peso da parte aérea da planta ($r = 0,35^*$), com o número de raízes por planta ($r = 0,30^*$), e negativa com o número de raízes podres por planta ($r = -0,30^*$), além de correlação média e significativa com o índice de colheita ($r = 0,43^*$). O procedimento REML/BLUP apresentou-se altamente eficiente na classificação dos acessos e nos seus ordenamentos. Foi encontrado intervalo de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo de 4,0% para número de raízes podres por planta a 46,0% para número de raízes por planta. O melhoramento genético por meio dos caracteres quantitativos mensurados neste estudo é viável, e pode ser realizado com sucesso adotando-se de duas a dez repetições nos experimentos.

Palavras-chave: blocos aumentados, caracteres agronômicos, *Manihot esculenta*, variabilidade genética.

CHAPTER 4

GENETIC PARAMETERS IN CASSAVA ACCESSIONS OF THE REGIONAL GERMPLAM BANK IN EASTERN AMAZONIA

Author: Rodrigo de Souza Silva

Advisor: Dra. Elisa Ferreira Moura Cunha

Co advisor: João Tomé de Farias Neto

ABSTRACT

The aim of this study was to characterize the cassava accession based on six agronomic traits and estimate the genetic parameters that enable one to infer about the genetic variability, as well as, to predict the genetic values from the best accessions to be selected. There were 56 accessions from the Regional Germplam Bank in Easter Amazonia in this experiment, and it was carried out in 2012 and 2013 in the city of Igarape-Açu, in the state of Para. The accessions were carried out 12 months after planting in an augmented block design with the cultivars BRS Poti and BRS Kiriris, which ones were used as test plants. It was used the REML procedure - restricted maximum likelihood and BLUP procedure - best linear unbiased prediction. The accessions evaluated indicated genetic variability in the breeding program. The performance of the root productivity demonstrated low correlation and significant by the test t with the aerial part of the plant ($r = 0.35^*$), with the number of roots per plant ($r = 0.30^*$), and negative with the number of rotten roots per plant ($r = -0.30^*$), as well as the mean values with the harvest index ($r = 0.43^*$). The method REML/BLUP was very efficient to classify the accessions and their systems. It was found out the interval for broad-sense heritability of individual plots 4.0% for the number of rotten roots per plant to 46.0% for the number of roots per plant. Therefore, the genetic improvement program the evaluated quantitative and evaluated traits proves to be viable, and it can be successfully performed by taking a two to ten repetitions in the experiments.

Keywords: augmented block design, agronomic traits, *Manihot esculenta*, genetic variability

4.1 INTRODUÇÃO

A mandioca é cultivada, principalmente, por pequenos produtores dos países tropicais e subtropicais, suas raízes são ricas em carboidratos, o que a torna uma fonte importante de energia, sendo utilizada na alimentação humana e animal, bem como numa gama de produtos indústrias (FAO, 2013). A espécie é originária da América do Sul, tendo o Brasil como seu possível centro de origem e de domesticação (OLSEN & SCHAAL, 2001; OLSEN, 2004; LEOTÁRD et al., 2009), sendo a Amazônia um reservatório de seus recursos genéticos, representando uma grande porção da variabilidade genética, especialmente devido à diversidade de produtos que os agricultores locais geram a partir das raízes tuberosas (MOURA et al., 2013).

No Brasil, os recursos genéticos da mandioca encontram-se mantidos em bancos ativos de germoplasma regionais distribuídos em todo o país. Os materiais são representativos em sua maioria de variedades crioulas, selecionadas naturalmente ou por agricultores. A conservação do germoplasma é essencial para reduzir a erosão genética da espécie e disponibilizar a diversidade genética para os trabalhos de melhoramento (FUKUDA et al., 2005).

Uma ação de fundamental importância no processo do melhoramento genético para a mandioca é a predição dos valores genéticos dos melhores acessos a serem selecionados, a qual depende do conhecimento dos parâmetros genéticos herdabilidade e repetibilidade individuais, além das correlações entre as características sob seleção (RESENDE et al., 2001). Os principais caracteres de interesse do melhoramento da mandioca para a região Norte do Brasil são: a produtividade de raízes tuberosas, o teor de amido nas raízes, a resistência à podridão radicular, o número de raízes por planta, além do comprimento e diâmetro das raízes (BARRETO & RESENDE, 2010). Vale enfatizar que trabalhos de estimativas individuais de parâmetros genéticos como herdabilidade em acessos de mandioca, envolvendo características quantitativas e de herança poligênica (RESENDE, 2002; OJULONG et al., 2008) ainda são raros nas condições brasileiras (BARRETO & RESENDE, 2010; FARIAS-NETO et al., 2013).

Inferências sobre os materiais genéticos em experimentos de campo, a fim de se classificar os melhores acessos à seleção, não é tarefa fácil (BORGES et al., 2010). No caso da mandioca, as avaliações nas fases iniciais de um programa de melhoramento genético tornam-se difíceis, apesar de haver variabilidade para realizar a seleção, o melhorista nem sempre dispõe de um número suficiente de propágulos por acesso para implantar um

experimento balanceado (RESENDE, 2007; MORETO et al., 2013). Uma das alternativas encontradas, nesta situação, é a utilização do delineamento em blocos aumentados, que é caracterizado pela ausência de repetições dos tratamentos principais e pela presença de testemunhas repetidas em todos os blocos (RESENDE, 2007).

Diante do exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos (herdabilidade e correlações entre caracteres), bem como realizar a predição dos valores genotípicos, que permitam inferir sobre a diversidade genética em acessos de mandioca pertencentes ao Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1 Local do experimento/avaliações

Foram avaliados 56 acessos de mandioca pertencentes ao Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental (Tabela 3 do anexo). O experimento foi conduzido no município de Igarapé-Açu, Pará (a 1° 7' 40" S e 47° 36' 56" W). O clima da região é tropical chuvoso, com precipitações médias anuais de 2.650 mm e temperaturas médias anuais acima de 25 °C, com média máxima entorno dos 31 °C e mínima perto dos 22 °C (FREITAS, 2005; Instituto Nacional de Meteorologia - INMET, 2009).

O experimento foi conduzido nos anos de 2012 e 2013, em condições de terra firme, em solo pertencente à classe dos latossolos, textura média. Foram realizadas roçagens e gradagens das áreas e os plantios foram efetuados de forma manual por meio de manivas cortadas com cerca de 20 cm e dispostas em covas com 10 cm de profundidade. Aos 30 dias após cada plantio foi realizada uma capina manual para o controle das ervas daninhas. Adicionalmente, foram realizadas três pulverizações em cada ano, de forma manual, por meio de uma bomba costal. Utilizou-se a mistura entre os herbicidas pré-ermergentes (Glifosato e Gamit na dosagem de 100 ml de cada produto para 20 litros de água). As adubações de coberturas com N-P₂O₅-K₂O foram realizadas aos 90 dias após cada plantio, na formulação 10-28-20. Foram distribuídas 30 gramas em faixas ao lado (entorno de 15 cm) por planta.

O experimento foi implantado usando o delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1958; RAMALHO et al., 2012) com duas testemunhas (tratamentos comuns) que permitem conectar todos os blocos. Foram usadas como testemunhas as cultivares BRS Poti e BRS kiriris, ambas tolerantes à podridão radicular. Os tratamentos regulares foram constituídos por 54 acessos de mandioca, repetidos uma única vez em parcelas com nove plantas, com o espaçamento de 1,0 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras.

As avaliações foram efetuadas no campo em plantas com 12 meses de idade. Os dados foram obtidos nas plantas dentro de cada fileira, eliminando as bordaduras. Os caracteres avaliados foram: produtividade de raízes tuberosas (PRT), por parcela em quilogramas; teor de amido nas raízes (TAR), em porcentagem; número de raízes por plantas (NRP); número de raízes podres por plantas (NRPP); peso da parte aérea da planta (PPAP), em quilogramas; e índice de colheita (IC), em porcentagem, de acordo com propostas estabelecidas por Fukuda e Guevara (1998), com algumas modificações.

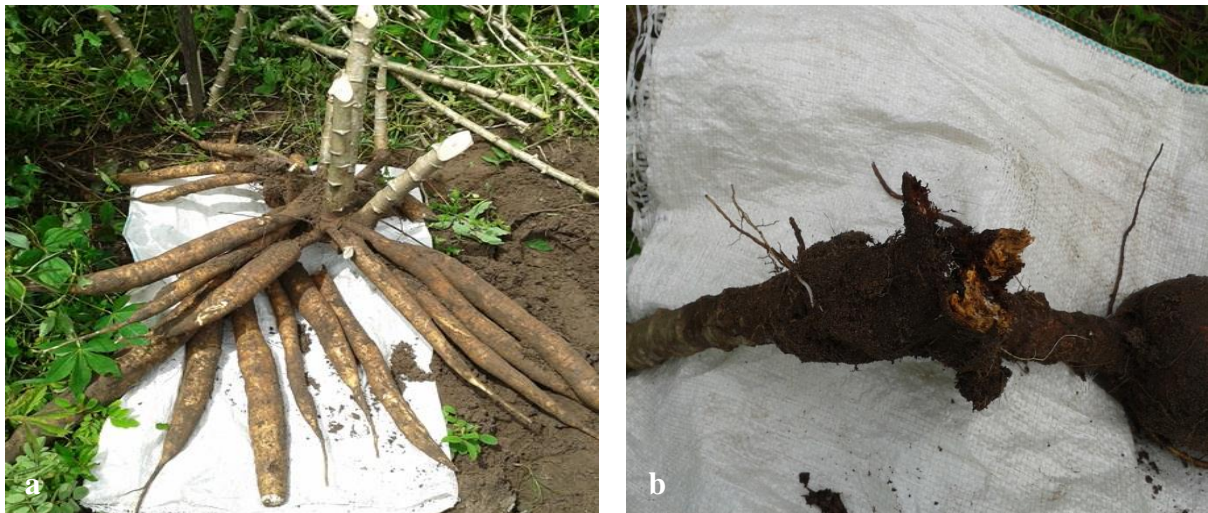
Pesaram-se folhas e ramos, bem como o caule sem cepas com o auxílio de um dinamômetro para a determinação do peso da parte aérea da planta (PPAP) (Figura 5).

Figura 5. Pesagem de folhas e ramos (a) e de caules sem cepas (b) da parcela experimental



Contabilizou-se o número de raízes não podres por planta (NRP), bem como o número de raízes podres por planta (NRPP) (Figura 6).

Figura 6. Contabilização do número de raízes não podres (a) e do número de raízes podres (b) da parcela experimental



Pesaram-se as raízes não podres de todas as plantas da parcela experimental, com o auxílio de um dinamômetro para a determinação da produtividade de raízes tuberosas (PRT) (Figura 7).

Figura 7. Separação das raízes não podres (a) e pesagem das raízes não podres (b) da parcela experimental



O teor de amido nas raízes (TAR) foi mensurado por meio do método da balança hidrostática. Pesou-se uma amostra de 3 kg de raízes para cada parcela experimental, depois de lavadas e secas à sombra, e determinou-se o peso em água, em gramas, através de uma balança hidrostática (Figura 8). Determinou-se a porcentagem de matéria seca nas raízes pela fórmula: Y (Matéria seca) = $15,75 + 0,0564.X$, em que X é o peso de 3 kg de raízes na balança hidrostática. Para determinar o teor de amido, diminui-se o valor de porcentagem de matéria seca pela constante 4,65 por meio da fórmula: % de amido = % matéria seca – 4,65 (GROSSMAN & FREITAS, 1950).

Figura 8. Amostras de raízes de mandioca lavadas (a), determinação da amostra de três quilos (b) e do peso em água das raízes de mandioca (c) da parcela experimental.



O índice de colheita (IC), referente ao valor obtido na relação peso de raízes por peso total da planta foi determinado de acordo com a metodologia proposta por Kawano (1990). Os valores obtidos para peso da parte aérea da planta (PPAP), número de raízes por planta (NRP), número de raízes podres por planta (NRPP) e produtividade de raízes tuberosas (PRT) foram corrigidos por meio do método de regra de três (Cruz, 2006), para sete plantas da parcela experimental útil.

4.2.2 Análise estatística: procedimento REML/BLUP

Os blocos foram analisados simultaneamente, via metodologia de modelos lineares mistos procedimento da máxima verossimilhança restrita - REML e da melhor predição linear não viciada - BLUP (BARRETO & RESENDE, 2010). Os efeitos ambientais de blocos e os

efeitos genotípicos foram assumidos como aleatórios, assim como os efeitos das testemunhas. Na concepção de modelos mistos, se as testemunhas são avaliadas em muitas repetições, pode-se considerá-las como de efeitos aleatórios (RESENDE, 2007). Os parâmetros genéticos foram estimados via REML e os valores genotípicos via procedimento BLUP. Foram estimados os valores das médias genotípicas e os ganhos genéticos, bem como apresentadas as médias fenotípicas dos cinco melhores acessos ordenados, além dos valores de coeficiente de variação genotípica, de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo e os respectivos, desvio padrão da herdabilidade, média geral e os valores de acurácia da seleção dos acessos.

O modelo estatístico considerado para cada parcela experimental foi:

$y = Xf + Zg + Wb + \varepsilon$, em que y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (ajustou-se o efeito de medições na coluna de medição-repetição, a qual foi preenchida com os códigos de medições) testemunha de efeito aleatório, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de experimentos ou blocos (aleatórios), ε é o vetor de erro ou resíduos (aleatório). X , Z e W = matrizes de incidência para f , g e b , respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E = \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xf \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_b^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_\varepsilon^2 \end{bmatrix}$$

Equações dos modelos mistos:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + I\lambda \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_\varepsilon^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - b^2}{h_g^2}; \lambda_2 = \frac{\sigma_\varepsilon^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h_g^2 - b^2}{b^2};$$

Herdabilidade no sentido amplo:

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_\varepsilon^2}$$

Coefficiente de determinação dos efeitos dos blocos:

$$b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_\varepsilon^2}$$

σ_g^2 = variância genotípicas entre clones;

σ_b^2 = variância entre blocos ou experimentos;

σ_ε^2 = variância residual entre parcelas.

Estimadores dos componentes de variância via REML:

$$\hat{\sigma}_\varepsilon^2 = [y'y - \hat{f}'X'y - \hat{g}'Z'y - \hat{b}'W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_\varepsilon^2 \text{tr} C^{22}] / q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_\varepsilon^2 \text{tr} C^{33}] / s$$

em que:

C^{22} e C^{33} advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}$$

C = Matriz dos coeficientes das equações de modelo misto; tr = operador traço matricial; $r(x)$ = posto da matriz X e N , q , s = número total de dados, número de clones e número de blocos ou experimentos, respectivamente.

Por se tratar de experimento desbalanceado, realizou-se a análise de deviance (ANADEV), a qual substitui o teste F de uma ANOVA nos casos de análises de modelos mistos com dados desbalanceados (RESENDE, 2007). As deviances foram obtidas rodando-se o modelo com e sem os valores do coeficiente de herdabilidade (h^2g) para cada variável e, em seguida, subtraindo-se e confrontando-os com o valor do Qui-quadrado com um grau de liberdade a 5% de significância (BORGES et al., 2010). A estatística descritiva, bem como as correlações entre os caracteres foram estimadas e o teste de significância realizado por meio do teste t a 5% de significância. Utilizou-se o software SELEGEN – REML/BLUP (RESENDE, 2007).

O número adequado de repetições para os próximos experimentos foi calculado por meio da fórmula: $A_c = [rh^2 / 1 + (r-1)h^2]^{1/2}$, onde, r é o número de repetições, h^2 o coeficiente de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo e A_c a acurácia da seleção em porcentagem (RESENDE & BARBOSA, 2005).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de deviance (ANADEV) para os seis caracteres avaliados consta na Tabela 9. Observa-se que os efeitos de acessos foram significativos pelo teste de Qui-quadrado a 5% de significância para os caracteres peso da parte aérea da planta (PPAP), número de raízes por planta (NRP), índice de colheita (IC) e teor de amido nas raízes (TAR). Por outro lado, para os caracteres número de raízes podres por planta (NRPP) e produtividade de raízes tuberosas (PRT) não se verificaram diferenças significativas entre os acessos.

Tabela 9. Análise de deviance de seis caracteres quantitativos⁽¹⁾ avaliados em 56 acessos de mandioca no município de Igarapé-Açu, PA.

	PPAP		NRP		NRPP	
Efeito	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Acesso	737,27	8,85*	873,80	4,94*	624,96	0,32 ^{ns}
Modelo completo	728,42		868,86		624,64	
	PRT		IC		TAR	
Efeito	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Acesso	804,59	3,83 ^{ns}	880,59	24,32*	478,70	5,41*
Modelo completo	800,76		856,27		473,29	

⁽¹⁾Peso da parte aérea da planta (PPAP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); produtividade de raízes tuberosas (PRT); índice de colheita (IC) e teor de amido nas raízes (TAR). LRT = teste de razão de verossimilhança. * = significativo e ^{ns} = não significativo pelo valor tabelado do Qui-quadrado com um grau de liberdade a 5% de significância.

O caráter número de raízes por planta (NRP) é extremamente importante para a seleção em programas de melhoramento genético, podendo ser um componente importante na determinação do rendimento total das raízes. O caráter peso da parte aérea da planta (PPAP) é outra característica que está diretamente ligada à produção de raízes, uma vez que uma maior produção da parte aérea leva a um maior rendimento das raízes pela alta produção de fotoassimilados e envio dos mesmos para as raízes, principalmente no segundo ciclo da planta (SAGRILO et al., 2002, 2006; OLIVEIRA et al., 2010), embora algumas vezes essa correlação não seja observada. No caso do caráter índice de colheita (IC), apesar de não medir a eficiência da produção de raízes, é uma característica importante para ser avaliada conjuntamente com o peso de raízes (KAWANO, 1990). Deste modo, espera-se que um aumento no peso das raízes leve a um aumento no índice de colheita (IC) (GOMES et al., 2007). O caráter teor de amido nas raízes (TAR) tem correlação direta com a porcentagem de

matéria seca nas raízes, sendo, portanto, uma característica de grande importância para a indústria e qualitativamente apreciada pela maioria dos consumidores (LEBOT et al., 2015).

Foram encontradas correlações significativas ao teste *t* a 5% de significância (Tabela 10). O caráter peso da parte aérea da planta (PPAP) apresentou correlações baixas, significativas e positivas com o número de raízes por planta (NRP) ($r = 0,31^*$) e com a produtividade de raízes tuberosas (PRT) ($r = 0,35^*$). Verificaram-se também correlações baixa e média, respectivamente, significativas e positivas entre o caráter produtividade de raízes tuberosas (PRT) com o número de raízes por planta (NRP) ($r = 0,30^*$) e com o índice de colheita (IC) ($r = 0,43^*$). Por outro lado, índice de colheita (IC) apresentou correlação média e significativa, porém, negativa, com o peso da parte aérea da planta (PPAP) ($r = -0,55^*$) o que já era esperado, uma vez que o índice de colheita (IC) representa a relação entre o peso de raízes e o peso total da planta, e com o número de raízes podres por planta (NRPP) ($r = -0,52^*$). Adicionalmente, correlação baixa, significativa e negativa também foi verificada entre os caracteres produtividade de raízes tuberosas (PRT) e o número de raízes podres por planta (NRPP) ($r = -0,30^*$). Barreto e Resende (2010), ao avaliar 250 acessos de mandioca no estado do Amazonas, encontraram resultado semelhante quanto à magnitude das correlações entre os descritores quantitativos.

Tabela 10. Coeficiente de correlação entre os seis caracteres quantitativos⁽¹⁾ avaliados em 56 acessos de mandioca no município de Igarapé-Açu, PA.

	PPAP	NRP	NRPP	PRT	IC
NRP	0,31 [*]				
NRPP	0,02 ^{ns}	0,17 ^{ns}			
PRT	0,35 [*]	0,30 [*]	-0,30 [*]		
IC	-0,55 [*]	-0,20 ^{ns}	-0,52 [*]	0,43 [*]	
TAR	-0,16 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,08 ^{ns}

⁽¹⁾Peso da parte aérea da planta (PPAP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); produtividade de raízes tuberosas (PRT); índice de colheita (IC) e teor de amido nas raízes (TAR). * = significativo a 5% e ^{ns} = não significativo pelo teste *t*.

Como pôde ser observado, produtividade de raízes tuberosas (PRT) não apresentou efeito significativo entre os acessos por meio da análise de ANADEV (Tabela 9). No entanto, os caracteres peso da parte aérea da planta (PPAP), número de raízes por planta (NRP) e índice de colheita (IC) podem ser considerados bons critérios de seleção para produtividade de raízes (FUKUDA & CALDAS, 1987; FUKUDA & IGLESIAS, 2006), uma vez que

apresentaram correlações positivas e significativas com o caráter produtividade de raízes tuberosas (PRT) (Tabela 10), adotando-se, neste estudo, o índice de colheita (IC) para a seleção indireta quanto ao caráter produtividade de raízes tuberosas (PRT), já que apresentou a maior magnitude de correlação.

Vale destacar, em consonância com Fukuda e Iglesias (2006), que a seleção para a produtividade de raízes por meio do índice de colheita (IC) deve ser realizada com ressalva, uma vez que plantas com altos índices de colheita e pouca produção de parte aérea são indesejáveis por produzirem pouco material de propagação. Assim sendo, um alto índice de colheita pode não corresponder uma alta de produtividade de raízes, mas um baixo rendimento de parte aérea. Vale frisar que o índice de colheita (IC) correlaciona-se negativamente com o peso da parte aérea da planta (PPAP) (Tabela 10), indicando, portanto, que a seleção para produtividade de raízes tuberosas, adotando-se o índice de colheita (IC), deve-se evitar acessos com desenvolvimento vegetativo exagerado.

Como se atenta, o acesso Galhadinha apareceu sendo o segundo melhor para os caracteres peso da parte aérea da planta (PPA) e número de raízes por planta (NRP). E entre os acessos com maior porcentagem de índice de colheita (IC), o acesso Maria Viúva apareceu também no ordenamento dos cinco melhores acessos para teor de amido nas raízes (TAR), sendo o primeiro (Tabela 11), mesmo não havendo correlação significativa entre índice de colheita (IC) e teor de amido das raízes (TAR) (Tabela 10).

Tabela 11. Ordenamento (O), acesso, média fenotípica (F), média genotípica (u+g) e ganho genético (G%) dos cinco melhores acessos de mandioca avaliados no município de Igarapé-Açu, PA.

PPAP ⁽¹⁾					NRP				
O	Acesso	F	(u + g)	G (%)	O	Acesso	F	(u + g)	G (%)
1	Prova d'água	39,7	22,7	11,1	1	Javarité	80,0	62,4	27,1
2	Galhudinha	29,7	19,6	9,5	2	Galhudinha	63,3	53,0	22,3
3	CN-06/2002	24,5	16,0	7,7	3	Ouricuri-37	60,0	50,4	20,0
4	Paulo guaraná	23,5	15,5	6,7	4	*N.Timboteua	51,0	45,2	17,4
5	Branquinha	17,5	14,5	6,0	5	CIAT-14	50,5	45,0	16,0
IC					TAR				
O	Acesso	F	(u + g)	G (%)	O	Acesso	F	(u + g)	G (%)
1	Siolina	72,0	67,0	11,4	1	Maria Viúva	34,9	31,8	2,2
2	Jurará	71,0	66,0	10,4	2	*SN Abaeté	34,6	31,7	2,1
3	Amarelinha-47	66,0	64,0	9,8	3	Brandão	34,4	31,6	2,0
4	Zolhuda	69,5	63,7	9,4	4	Mirim	34,0	31,3	2,0
5	Maria Viúva	68,5	63,1	9,0	5	*J. Amarela	33,4	31,1	1,9

⁽¹⁾Caracteres significativos a 5% de significância pelo teste de Qui-quadrado com um grau de liberdade com base na análise de deviance, Tabela 9: peso da parte aérea da planta (PPAP); número de raízes por planta (NRP); índice de colheita (IC) e teor de amido nas raízes (TAR). *N. Timboteua = Nova Timboteua, SN Abaeté = Sem nome Abaeté e J. Amarela = Jurara Amarela.

As estimativas dos coeficientes de variação genotípica, de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, desvio padrão da herdabilidade, de média geral e valor de acurácia da seleção entre os 56 acessos avaliados para os caracteres peso da parte aérea da planta (PPAP), número de raízes por planta (NRP), índice de colheita (IC) e teor de amido nas raízes (TAR) constam na Tabela 12.

O caráter peso da parte aérea da planta (PPAP) apresentou coeficiente de variação genotípica alto (34,0%), com a herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo de 0,27. Oliveira et al., (2013), ao avaliar 629 acessos de mandioca também no delineamento em blocos aumentos, encontraram valor de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo de 0,26 para o caráter peso da parte aérea da planta (PPAP). Tais valores propiciam ganhos genéticos variando de 11,0% a 6,0% (Tabela 11), com a seleção dos cinco melhores acessos e são de extrema importância, principalmente quando se visa à seleção de variedades para a alimentação animal e para a produção de manivas-sementes. Além disso, o peso da parte aérea é um dos componentes diretos da produção de raízes.

Os resultados mostraram-se promissores quanto à seleção, com valor de acurácia da seleção dos acessos de 0,70. Borges et al., (2010) mencionam que valores de acurácia da seleção acima de 0,90 são considerados altos, valores entre 0,70 a 0,89 são considerados intermediários e valores entorno de 0,60, moderados. De acordo com Resende (2002), a acurácia da seleção tem a propriedade de informar sobre o correto posicionamento dos acessos para a seleção e, também, sobre a eficácia da inferência dos valores genotípicos dos acessos. Valores dentro da faixa intermediária indicam classes de precisão alta e seletividade mediana (BORGES et al., 2010).

Tabela 12. Coeficiente de variação genotípica (CVgi %), herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h^2g), desvio padrão da herdabilidade ($\pm s h^2g$), média geral e acurácia da seleção (Acclon) de 56 acessos de mandioca.

Caracteres ⁽¹⁾	h^2g	$\pm s h^2g$	CVgi(%)	Média geral	Acclon
PPAP	0,27	$\pm 0,12$	34,0	11,7	0,70
NRP	0,46	$\pm 0,16$	25,6	35,3	0,81
IC	0,43	$\pm 0,15$	14,4	56,4	0,80
TAR	0,26	$\pm 0,12$	5,5	29,6	0,65

⁽¹⁾Caracteres significativos a 5% de significância pelo teste de Qui-quadrado com um grau de liberdade com base na análise de deviance, Tabela 9: peso da parte aérea da planta (PPAP); número de raízes por planta (NRP); índice de colheita (IC) e teor de amido nas raízes (TAR).

Valores menores que um para herdabilidade no sentido amplo ressalta a importância de estimar a média genotípica pelo procedimento BLUP e fazer inferências baseadas nas médias genotípicas e não fenotípicas (CEBALLOS et al., 2004; BARRETO & RESENDE, 2010). Para Borges et al., (2010) os valores genotípicos devem ser os preferíveis pelos pesquisadores, uma vez que são estes os verdadeiros valores a serem preditos.

Quanto ao caráter número de raízes por planta (NRP), o valor do coeficiente de variação genotípica foi de 25,6%. A herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo foi de 0,46, valor considerado alto pela natureza quantitativa e poligênica da característica que sofre grande influência do ambiente (RESENDE, 2002). Esses valores são responsáveis por propiciarem ganhos genéticos variando de 27,1% a 16,0%, quanto à seleção dos cinco melhores acessos. Barreto e Resende (2010) encontraram valores menores de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (0,18), coeficiente de variação genética equivalente a 19,3% e intervalo de ganhos genéticos de 32,8% a 26,4%, com a seleção dos cinco melhores acessos para o número de raízes por planta (NRP). Com o resultado de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo mais elevado acompanhado de valor de acurácia da

seleção dos acessos de 0,81, existem boas perspectivas de seleção dos materiais avaliados nesta fase inicial do programa quanto ao número de raízes por planta (NRP), visando novos trabalhos de seleções mais acurados e rigorosos.

Para o caráter índice de colheita (IC) foi evidenciado coeficiente de variação genotípica de 14,4% e valor de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo de 0,43. Oliveira et al., (2013) encontraram coeficiente de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo de 0,34, resultado semelhante também foi encontrado por Ojulong et al., (2008). Os valores de coeficiente de variação genética e de herdabilidade são responsáveis por ganhos genéticos variando de 11,4 % a 9,0%, com a seleção dos cinco melhores acessos.

Verifica-se que o terceiro melhor acesso Amarelinha-47 apresentou média fenotípica menor (66,0) que o quarto e o quinto acessos, Zolhuda (69,5) e Maria Viúva (68,5), respectivamente. A seleção com base nas médias fenotípicas levaria ao erro quanto ao ordenamento dos melhores acessos. Tal fato pode ser justificado pela melhor posição de bloco do acesso Amarelinha-47 em relação aos acessos Zolhuda e Maria Viúva. Resultado semelhante foi verificado por Barreto e Resende (2010). O procedimento BLUP fornece às médias genotípicas sem os efeitos ambientais.

A média geral encontrada de 56,4% foi alta, considerada satisfatória para o índice de colheita (IC) segundo Peixoto et al., (2005), mostrando que os acessos avaliados neste estudo apresentaram bons resultados de índice de colheita (IC), o que pode ser um indicativo também de materiais com boa produção de raízes, o que corrobora com a seleção indireta para produtividade de raízes tuberosas (PRT) por meio do índice de colheita (IC). Outrossim, mesmo apresentando correlação com produtividade de raízes, o índice de colheita (IC) tende a apresentar valores mais elevados de herdabilidade (KAWANO et al., 1998). Os resultados evidenciam condições propícias para a seleção, uma vez que além da média geral alta e do valor de herdabilidade acima do esperado para variáveis quantitativas, foi encontrado valor intermediário de acurácia da seleção dos acessos (0,80).

O menor valor de coeficiente de variação genotípica entre os caracteres foi evidenciado para o caráter teor de amido nas raízes (TAR), equivalente a 5,5%. Barreto e Resende (2010) também encontraram coeficiente de variação genética baixo (1,8%) para o teor de amido. A média geral encontrada foi alta (29,6%), o que evidencia a existência de materiais com porcentagem de matéria seca nas raízes acima de 30,0%. O valor de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo foi de 0,26, acima do esperado para características quantitativas. Contudo, os autores Kizito et al., (2007); Moreto et al., (2013) e Oliveira et al., (2013) encontraram valores maiores de herdabilidade de parcelas individuais

no sentido amplo (0,42), (0,68) e 0,54, respectivamente. Os resultados evidenciaram intervalos de ganhos genéticos da ordem de 2,2% a 1,9%, com a seleção dos cinco melhores acessos. A acurácia quanto à seleção dos acessos foi de 0,65, valor considerado moderado de acordo com Borges et al., (2010). Apesar do valor baixo de coeficiente de variação genética e dos valores baixos quanto ao ganho de seleção, o cenário é favorável para a seleção de materiais com teores bons de amido nas raízes. Verifica-se que os valores das médias fenotípicas não se mostraram tão distantes dos valores das médias genotípicas, o que torna possível que os valores mais elevados das médias fenotípicas, ou próximo destes, sejam repetidos em novos experimentos no campo.

O conhecimento da variabilidade genética quanto ao estudo dos caracteres quantitativos é primordial para a definição dos métodos de melhoramento, seleção dos acessos, escolha dos locais de condução dos experimentos, definição dos números de repetições e para a predição dos ganhos genéticos (JUNG et al.,2008). Desta maneira, existem boas perspectivas para o melhoramento genético da mandioca na região, mesmo com alguns valores baixos de herdabilidades encontrados, o que é natural quando se avalia características quantitativas. Logo, programas mais elaborados, em vários locais e anos devem ser implementados, com relevância quanto ao número adequado de repetições nos experimentos, visando melhorar a acurácia da seleção. Para o caráter produtividade de raízes tuberosas (PRT) ($h^2g = 0,10$), com uso de 10 repetições, o resultado de acurácia da seleção é de aproximadamente 73,0%. No caso do valor de h^2g de 0,46 encontrado para número de raízes por planta (NRP), se for considerado duas repetição no experimento, o valor de acurácia da seleção é de aproximadamente 80,0%. Os valores estão dentro da faixa de porcentagem para o melhoramento genético.

Nas condições do presente trabalho, os valores de coeficiente de variação experimental (CVe) encontrados para peso da parte aérea da planta (PPAP) (53,6%), número de raízes por planta (NRP) (32,0%), produtividade de raízes tuberosas (PRT) (44,5%), índice de colheita (IC) (18,4) e teor de amido das raízes (TAR) (8,5%) mostraram-se relativamente baixos, quando se considera que há apenas repetições dos tratamentos comuns. A variabilidade genética entre os acessos associada aos valores de coeficiente de variação experimental, proporcionaram valores de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo significativos, acima de 20,0%, dada à natureza quantitativa e poligênica das características, com exceção dos caracteres produtividade de raízes tuberosas (PRT) e número de raízes podres por planta (NRPP) ($h^2g = 4,0\%$). É importante mencionar que o valor mais expressivo de CVe, neste estudo, para o número de raízes podres por planta (NRPP) (120,0%), pode ser

justificado, em parte, devido à ocorrência de muitos acessos avaliados terem apresentados valores nulos de raízes podres dentro da parcela experimental, principalmente no segundo ano do experimento, haja vista ser uma característica que apresenta elevada plasticidade fenotípica. O resultado representa uma situação favorável à seleção.

Nick et al., (2010) ao avaliar 100 acessos de mandioca por meio do delineamento de látice simples 10x10 com duas repetições, encontraram valores de CVe de 37,2% para o rendimento médio de raízes comerciais, (36,4%) para o rendimento médio da biomassa da parte aérea da planta e 31,0% para o número médio de raízes tuberosas por planta. O valor mais baixo encontrado foi de 13,0% para o diâmetro médio das raízes tuberosas. Por sua vez, Vieira et al., (2008) ao avaliar oito acessos de mandioca, encontraram intervalo de coeficiente de variação experimental de 24,9% para incidência de bacteriose a 4,2% para teor de amido nas raízes. Tais valores comparativos mostram que é adequado, quando há restrição de área, avaliar um número maior de acessos por meio do delineamento em blocos aumentos em fase inicial do programa do que reduzir o número de acessos regulares utilizando repetições, conforme destacaram Paternelli et al., (2009). Desta forma, uma seleção mais branda, considerando os 20 primeiros acessos seria recomendável na prática, uma vez que não existem repetições entre os tratamentos regulares (RESENDE, 2007).

4.4 CONCLUSÃO

1. Os acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental apresentam variabilidade genética, possível de ser utilizada pelos programas de melhoramento genético.

2. O procedimento REML/BLUP utilizado apresenta-se altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos acessos, permitindo pelo índice de colheita (IC), carácter correlacionado com produtividade de raízes tuberosas (PRT), indicar os acessos Siolina e Jurará, como os mais promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético.

3. Um número entre duas a dez repetições deve ser adotado nos próximos experimentos de melhoramento genético da mandioca quanto às características quantitativas. Sugere-se em experimentos com delineamentos o uso de duas repetições quanto ao uso do descritor número de raízes por planta (NRP) como carácter de seleção.

REFERÊNCIAS

- BARRETO, J. F.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genotípica de acessos de mandioca no Amazonas e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Ciências Agrárias**, Belém, n. 53, v. 2, p. 131-136, jul-dez. 2010.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.32, n.4, p.643-649, 2010.
- CEBALLOS, H.; IGLESIAS, C.; PEREZ, J. C.; DIXON, A. G. O. Cassava breeding opportunities and challenges. **Plant Molecular Biology**, v. 56, p.506-516, mar. 2004.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes**: estatística experimental e matrizes. Viçosa: UFV, 2006.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Save and Grow Cassava: a guide to sustainable production intensification. Rome, 2013. 129 p. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/018/i3278e/i3278e.pdf>>. Acesso em: 10 dez. 2014.
- FARIAS-NETO, J. T.; MOURA, E. F.; RESENDE, M. D. V.; FILHO, P.C.; AGUSTO, S. G. Genetic parameters and simultaneous selection for root yield, adaptability and stability of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 12, p. 1562-1568, dec. 2013.
- FEDERER, W. T. Augmented designs. **Biometrics**, v. 14, p. 134, 1958.
- FREITAS, A. M. **Memória de Igarapé-Açu**: um livro sobre o município de Igarapé-Açu. Sua história...sua terra...sua gente. Belém: Gráfica SUPERCORES, 2005. 162 p.
- FUKUDA, W. M. G.; CALDAS, R. C. Correlação entre caracteres morfológicos agrônômicos de mandioca. **Revista Brasileira de Mandioca**, v. 6, p. 35-40,1987.
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1998. 38 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 78).
- FUKUDA, W.M.G.; COSTA, I.R.S.; SILVA, S.O. **Manejo e Conservação de Recursos Genéticos de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na Embrapa Mandioca e Fruticultura**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2005. 4 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documento, 74).
- FUKUDA, W. M. G.; IGLESIAS, C. Melhoramento genético. In: SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2006. p. 324-363.
- GOMES, C. N.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N. Caracterização morfoagronômica e coeficiente de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 8, p. 1121-1130, ago. 2007.
- GROSSMANN, J.; FREITAS, A. C. Determinação do teor de matéria seca pelo peso específico em raízes de mandioca. **Revista Agrônômica**, p. 160-162, 1950.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA. Normas climatológicas, 2009. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=clima/normaisClimatologicas>> Acesso em: 13 out. 2014.

JUNG, M. S.; VIEIRA, E. A.; BRANCKER, A.; NODARI, R. O. Herdabilidade e ganho genético em caracteres do fruto do maracujazeiro-doce. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 30, p.209-214, mar. 2008.

KAWANO, K. Harvest index and evolution of major food crops cultivars in the tropics, **Euphytica**, v. 46, p. 195-202, 1990.

KAWANO, E.; NARINTARNAPORN, K.; SARAKARN, S.; LIMSILA, A. Yield improvement in a multistage breeding program for cassava. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 325-332, 1998.

KIZITI, E.; RONNBERG-WASTLJUNG, A. G.; EGWANG, T.; GULLBERG, U.; FREGENE, M.; WESTERBERGH, A. Quantitative trait loci controlling cyanogenic glucoside and dry matter content in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) roots. **Hereditas**, v. 144, n. 4, p.129-136, 2007.

LEBOT, V.; MALAPA, R.; SARDOS, J. Farmers' selection of quality traits in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) landraces from Vanuatu. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 62, n. 7, p. 1055-1068, out. 2015.

LÉOTARD, G.; DUPUTIÉ, KJELLBERG, F.; DOUZERY, E. J. P.; DEBAIN, C.; GRANVILLE, J. J.; MCKEY, D. Phylogeography and the origin of cassava: New insights from northern rim of the Amazonia basin. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 53, p. 329-334, maio. 2009.

MORETO, A. L.; NEUBERT, E. O.; POLA, A. C.; ZANELA, M. Estimativas de parâmetros genéticos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) via modelos mistos. In: **XV CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA**, Bahia, 2013.

MOURA, E. F.; FARIAS - NETO, J. T.; SAMPAIO, J. E.; DA SILVA, D. T.; RAMALHO, G. F. Identification of duplicatas of cassava accessions sampled on the North Region of Brazil using microsatellite markers. **Acta Amazonica**, Manaus, v. 43, n. 4, p. 461-468, dec. 2013.

NICK, C.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L.H.B. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 2, p. 289-298, mar. 2010.

OJULONG, H.; LABUSCHANGNE, M. T.; FREGENE, M. HERSELMAN, L. A cassava clonal evaluation trial based on a new cassava breeding scheme. **Euphytica**, v. 160, n. 1, p. 119-129, mar. 2008.

OLIVEIRA, S. P.; VIANA, E.S.; MATSUMOTO, S. N.; CARDOSO-JÚNIOR, N. S.; SEDIYAMA, T.; SÃO-JOSÉ, A. R. Efeito da poda e de épocas de colheita sobre características agrônômicas da mandioca. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 1, p. 99-108, 2010.

OLIVEIRA, E. J.; AUD, F.; MORALES, F. G.; SANTOS, V. S. S.; KOTWISKI, F.; NEVES, R. J. Uso de modelos mistos (REML / BLUP) na estimação de componentes de variância em germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). In: **XV CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA**, Bahia, 2013.

OLSEN K. M.; SCHAAL, B. A. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculent*, Euphorbiaceae) and its wild relatives: further evidence for a Southern Amazonian origin of domestication. **American Journal of Botany**, v. 88, n. 1, p. 131-142, 2001.

OLSEN, K. M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. **Plant Molecular Biology**, v. 56, p. 517-526, abr. 2004.

PEIXOTO, J. R.; BERNARDES, S. R.; SANTOS, C. M.; BONNAS, D. S.; FIALHO, J. F.; OLVEIRA, J. A. Desempenho agrônômico de variedades de mandioca mansa em Uberlândia, MG. **Revista Brasileira de Mandioca**, v. 18, p. 19-24, out. 2005.

PETERNELLI, L. A.; SOUZA, E. F. M., BARBOSA, M. H. P.; CARVALHO, M. P. Delineamentos aumentados no melhoramento de plantas em condições de restrições. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 9, p. 2425-2430, dez. 2009.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012. 328 p.

RESENDE, M. D. V. de.; FURLANI-JÚNIOR, E.; MORÂES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, Campinas, v. 60, n. 3, p. 185-193, set. 2001.

RESENDE, M.D.V. de. **Genética biométrica e estatística**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. de.; BARBOSA, M.H.P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Florestas, 2005. 165 p.

RESENDE, M. D. V. de. **Software SELEGEM-RELM/BLUP: sistema estatística e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

SAGRILO, E. VIDIGAL-FILHO, P. S.; PEQUENO, M. G.; SCAPIM, C. A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; MAIA, R. R.; KVITSCHAL, M. V. Efeito da época de colheita no crescimento vegetativo, na produção e na qualidade de raízes de três cultivares de mandioca. **Bragantia**, Campinas, v. 61, n. 2, p. 115-125, 2002.

SAGRILO, E. VIDIGAL-FILHO, P. S.; PEQUENO, M. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCAPIM, C. A.; KVITSCHAL, M. V.; MAIA, R. R.; RIMOLDI, F. Effect of harvest period on foliage production and dry matter distribution in five cassava cultivars during the second plant cycle. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.49, n.6, p.1007-1018, nov. 2006.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; SANTOS-FILHO, M. O. S.; SILVA, K. N. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 12, p.1707-1715, dec. 2008.

ANEXOS

ANEXO - 1.**Tabela 1.** Valores médios não padronizados mensurados em 39 acessos de mandioca coletados na região do Tapajós, Pará e avaliados durante os anos de 2003 e 2004 por meio de seis descritores quantitativos.

Nº	Acessos ⁽¹⁾	Descritores ⁽²⁾					
		PPAP (kg)	PMRP (kg)	NRP (unidade)	NRPP (unidade)	IC (%)	PMSR (%)
1	Abacatinha - 3	2,27	3,60	6,00	0,00	60,85	34,36
2	Acari - 25	2,90	3,20	7,00	0,10	60,97	35,49
3	Achada preta - 50	2,26	5,51	8,50	0,00	67,30	36,33
4	Amarelinha - 36	6,13	6,47	10,84	1,00	58,50	35,21
5	Amarelinha - 47	2,78	2,94	5,40	0,00	56,79	34,22
6	Belterra - 53	4,68	2,56	7,10	0,00	36,93	32,11
7	Bentivi - 17	1,62	5,02	8,00	0,30	76,22	33,66
8	Bentivi - 71	3,70	2,24	4,40	2,20	40,09	34,22
9	Boi branco - 54	2,08	3,31	7,00	0,20	63,15	32,17
10	Boião - 16	3,44	4,16	8,10	0,00	58,24	35,49
11	Capoeira - 68	3,54	3,34	8,60	0,50	52,39	28,58
12	Caratinga 161	2,92	2,86	7,40	0,00	52,51	33,94
13	Caratinga 161 (2)	3,70	2,36	5,80	0,10	41,06	34,36
14	Guia Roxa - 33	5,06	4,70	8,60	0,00	56,08	31,54
15	Inambuzinho - 55	3,60	2,20	5,90	0,80	40,17	33,52
16	Inanu - 46	2,68	2,86	8,30	0,00	53,00	31,82
17	Jaboti - 31	1,58	2,42	6,00	0,90	65,52	26,04
18	Jararaca - 59	4,28	3,86	7,40	0,00	51,8	33,09
19	M. Água Morna-10	0,78	2,39	6,10	0,00	74,51	35,38
20	M. Boliviana - 34	2,71	2,70	8,04	0,00	49,03	32,08
21	M. Manteiga - 22	1,33	0,86	7,53	0,00	47,15	34,64
22	M. Manteiga - 57	6,64	4,16	7,80	0,10	55,75	37,33
23	M. Siolina - 1	3,64	3,78	8,47	0,17	51,47	31,83
24	Milagrosa - 20	2,54	2,72	6,60	0,00	58,61	33,66
25	Olho roxo - 13	5,39	5,03	15,00	0,00	56,4	31,26
26	Olho verde - 12	3,78	3,41	9,60	0,10	53,11	34,65

Tabela 1. Continuação...

Nº	Acessos ⁽¹⁾	Descritores ⁽²⁾					
		PPAP (kg)	PMRP (kg)	NRP (unidade)	NRPP (unidade)	IC (%)	PMSR (%)
27	Ouricuri - 37	0,65	1,48	4,63	0,00	71,94	31,68
28	Pass. Grande-51*	5,02	3,00	9,20	0,00	42,44	35,07
29	Petuca - 26	1,01	2,91	6,83	0,00	75,11	34,08
30	Pinagé - 30	1,70	1,05	8,75	0,25	55,85	35,49
31	Pretinha - 54	1,89	3,88	6,80	0,20	47,82	36,90
32	Roxinha - 58	2,60	2,96	8,00	0,20	59,21	34,08
33	Saracurinha - 69	4,84	3,44	12,50	0,00	46,13	31,97
34	Seis meses - 70	2,90	2,28	7,20	0,00	48,00	29,71
35	Surubim - 41	4,06	3,38	9,90	0,10	49,37	30,98
36	Tapajós - 38	2,96	3,28	7,20	0,00	53,47	34,79
37	Tapajós - 49	4,51	4,55	12,90	0,00	53,59	28,86
38	Torradinha - 23	3,04	4,96	7,10	0,10	64,57	31,26
39	Zolhuda - 40	3,00	3,54	6,20	0,20	58,15	35,77

⁽¹⁾Acessos do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental; ⁽²⁾Descritores estabelecidos por Fukuda e Guevara (1998): peso da parte aérea da planta (PPAP); peso médio de raízes por planta (PMRP); número de raízes por planta (NRP); número de raízes podres por planta (NRPP); índice de colheita (IC) e porcentagem de matéria seca nas raízes (PMSR). *Pass. Grande-51 = Passarinhão grande-51.

ANEXO - 2.

Tabela 2. Identificação dos 262 acessos de mandioca do Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, caracterizados por meio de 21 descritores qualitativos. Os acessos foram separados se mandiocas-bravas ou mansas, conforme os teores de glicosídeos cianogênicos presentes na polpa da raiz.

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
1	0020 Iracema – 2	Campinas, SP	18	29 Jaboti	Rondon do Pará, PA
2	0080 Engana Ladrão - 2	Estado do Pernambuco	19	37 Pretinha-4	Abel Figueiredo, PA
3	0211 Mantiqueira - 1	Campinas, SP	20	54 Amarelinha	Mãe do Rio, PA
4	01 CIAT	S.I.*	21	382 Fio de Ouro	Estado do Ceará
5	02 CIAT	S.I.	22	549	Belém, PA
6	06 CIAT	S.I.	23	88.16.012	S.I.
7	14 CIAT	S.I.	24	40 quilos	Loanda, PR
8	01 Pacajá	Paragominas, PA	25	42 Rebenta burro	Rondon do Pará, PA
9	02 Taxizinho	Paragominas, PA	26	48 Milagrosa	Rondon do Pará, PA
10	03 Casca rosa	Paragominas, PA	27	50 Pretona	S.I.
11	16 Rebenta burro	Dom Eliseu, PA	28	51 Caravela-1	Rondon do Pará, PA
12	19 Preta	Dom Eliseu, PA	29	645	S.I.
13	22 Preta-2	Dom Eliseu, PA	30	Abacate	Santo Amaro, BA
14	24 Pretinha	Dom Eliseu, PA	31	Abacatinha-3	Santarém, PA
15	25 Preta-3	Dom Eliseu, PA	32	Açai (AC)	Acará, PA
16	34 Pretinha-4	Abel Figueiredo, PA	33	Açai	Carvoeira, AM
17	36 Jaboti-2	Abel Figueiredo, PA	34	Acarí	S.I.

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
35	Achada preta-50	Santarém, PA	54	BGM-062	Cruz das Almas, BA
36	Altamira	Altamira, PA	55	BGM-080.31	Cruz das Almas, BA
37	Amarelinha-36	Belterra, PA	56	BGM-080.32	S.I.
38	Amarelona	Santarém, PA	57	BGM-087	Estado de Sergipe
39	Amarelona-AP	Estado do Amapá	58	BGM-166	Castro Alves, BA
40	Amarelona Galhenta	Monte Alegre, PA	59	BGM-844.2	S.I.
41	Amarela Amariaçu	Tabatinga, AM	60	BGM-92.096.8	S.I.
42	Amarelinha-47	Santarém, PA	61	BGM-92.287.2	S.I.
43	Anajá	Estado do Amapá	62	BGM-588	Cruz das Almas, BA
44	Apinagé	Santarém, PA	63	Baixinha-AP	Porto grande, AP
45	Areia branca	S.I.	64	Belterra	Belterra, PA
46	Arrozina	Estado de Rondônia	65	Belterra-53	Santarém, PA
47	Bacuri	Portel, BA	66	Bentivi-17	Santarém, PA
48	Bacuri Gaiana (R-4)	S.I.	67	Bentivi-71	Santarém, PA
49	Bacuri Marçu (M-16)	Melgaço, PA	68	Boião	Santarém, PA
50	Bargança	Pedra Branca do Amapari, AP	69	Boi-2	Porto Grande, AP
51	BGM-911.59	S.I.	70	Boião-16	Santarém, PA
52	BGM-019	Bragança, PA	71	Boi-29	Belterra, PA
53	BGM-037	S.I.	72	Boi branco-54	Santarém, PA

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
73	Branquinha	Bragança, PA	92	CN 06/2002	CPATU/ Belém, PA
74	Branquinha (MO)	Moju, PA	93	CPATU-102	CPATU/ Belém, PA
75	Bato Uaçá	Oiapoque, AP	94	CPM - 0703	S.I.
76	Buiusu	Acará, PA	95	CPM - 0501	S.I.
77	Caipora	S.I.	96	Cultivar Humaitá	Humaitá, AM
78	Camarão	S.I.	97	Desconhecida	Paragominas, PA
79	Caratinga-161	Santarém, PA	98	Duquinha Tarcísio	Castanhal, PA
80	Caratinga-161(2)	Santarém, PA	99	EAB-1121	S.I.
81	Caravela Castanhal	Castanhal, PA	100	EAB-1195	S.I.
82	Casca de vidro (N-34)	Melgaço, PA	101	EAB-425	S.I.
83	Caxiuanã-2	Melgaço, PA	102	EAB-591	S.I.
84	Cenoura rosada	S.I.	103	EAB-668	S.I.
85	Chicovara	Nova Timboteua, PA	104	EAB-942	S.I.
86	Chifre de Boi	Estado do Amapá	105	F-5077	Nenscelau Bra, SP
87	Clone-4919	S.I.	106	Farinha	Estado do Amapá
88	CN 01/2002	CPATU/ Belém, PA	107	Feifeim-1	Oiapoque, AP
89	CN 01/2005	CPATU/ Belém, PA	108	Gema de ovo	S.I.
90	CN 01/2010	CPATU/ Belém, PA	109	Guia roxa-33	Belterra, PA
91	CN 04/2002	CPATU/ Belém, PA	110	Hamburguesa	S.I.

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
111	Igarapé-Açu-1	Igarapé-Açu, PA	130	Jurará Amarela	Moju, PA
112	Igarapé-Açu-2	Igarapé-Açu, PA	131	Javarité	Soure, PA
113	IAC -242 (Mant)	Campinas, SP	132	Kiriris-BA	Cruz das Almas, BA
114	IAC - 52210	Campinas, SP	133	Klainasik	Estado do Amazonas
115	IAC – 578.70	Campinas, SP	134	Leza	Macapá, AP
116	IM-186 (Mari)	S.I.	135	Louis Petit	Oiapoque, AP
117	IM -230	Irاندuba, MA	136	M-35	Melgaço, PA
118	Imitação	Estado de Pernambuco	137	M. 13 Ulianópolis	Ulianópolis, PA
119	Inajá	S.I.	138	M. 20 Amarelinha	Dom Eliseu, PA
120	Inanu-46	Santarém, PA	139	M. 23 Eucalipina	Rondon do Pará, PA
121	Inha	Castanhal, PA	140	M. 31 Arizoninha	Rondon do Pará, PA
122	Inambuzinho-55	Santarém, PA	141	M. 33 Água morna	Rondon do Pará, PA
123	Ismael	Moju, PA	142	M. 40 Cacauzinho	Estado do Pará
124	Ismael-2	Moju, PA	143	M. 43 Manteiguinha-43	Rondon do Pará, PA
125	Itauba	Portel, PA	144	M. 46 ligeirinha	Rondon do Pará, PA
126	Jabuti Marçu (M-18)	Melgaço, PA	145	M. 47 Camuquem	Rondon do Pará, PA
127	Jaçanã (M-33)	Melgaço, PA	146	M. 49 Rabo de Arara	Rondon do Pará, PA
128	Jararaca-59	Santarém, PA	147	M. Abaeté	Abaetetuba, PA
129	Jurará	Belém, PA	148	M. Água morna -10	Santarém, PA

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
149	M. Amarela -1	Estado do Pará	167	M. Manteiga-22	Santarém, PA
150	M. Amarela-56	Santarém, PA	168	M. Manteiga-57	Santarém, PA
151	M. Amarela Cheng	Estado do Pará	169	M. Menina-63	Santatém, PA
152	M. Bahia (PAR)	Paragominas, PA	170	M. Mineira	Estado do Amapá
153	M. Boa forma	Estado de Rondônia	171	M. Najaica	Belém PA
154	M. Boliviana -34	Belterra, PA	172	M. Pão - 9	Santarém, PA
155	M. Branquinha-2	CPATU/Belém, PA	173	M. Pão Manaus	Manacajuru, AM
156	M. Branquinha-3	CPATU/Belém, PA	174	M. Preta -2	S.I.
157	M. Cacau (DF)	Brasília, DF	175	M. Preta-32	Belterra, PA
158	M. Cacau	Paragominas, PA	176	M. Santa Izabel	Estado do Pará
159	M. Cacau Hans	S.I.	177	M. Terreirão	Igarapé-Açu, PA
160	M. Calzavara	Marabá, PA	178	M. Viseu	Viseu, PA
161	M. Castanhal	Castanhal, PA	179	Mameluca	Cametá, PA
162	M. Dilson	Belém, PA	180	Manivin	Castanhal, PA
163	M. Itu	S.I.	181	Marajó	Moju, PA
164	M. Macaxeirão	Estado do Pará	182	Maranhense-2	Bragança, PA
165	M. (R-11)	Melgaço, PA	183	Maria Viuvá	Paragominas, PA
166	M. Mamiá-1	Lago Mamiá, AM	184	Marreca	Estado do Amapá

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
185	Milagrosa	S.I.	203	Oraninha	Calama, RO
186	Milagrosa (RG)	S.I.	204	Osso Duro	Lagoa Seca, PB
187	Milagrosa - 20	Santarém, PA	205	Ouricuri-37	Belterra, PA
188	Miriti	Moju, PA	206	Ouro (M-25)	Belterra, PA
189	Miriti (AP)	Estado do Amapá	207	Pacasa	Paragominas, PA
190	Morototó (M-17)	Melgaço, PA	208	Pacajá	S.I.
191	Murutá Tinga (M-21)	Melgaço, PA	209	Pacajá (AC)	Acará, PA
192	Nova Timboteua	Nova Timboteua, PA	210	Pacajá Guamá	Moju, PA
193	Olho de boto	Estado do Amazonas	211	Passarinho Grande-51	Santarém, PA
194	Olho Junto, PR	Loanda, PR	212	Paulo Guaraná	S.I.
195	Olho Roxo, AP	Porto Grande, AP	213	Paulozinho	Moju, PA
196	Olho Verde -1	Bragança, PA	214	Peixe-boi	S.I.
197	Olho Verde-2	Alenquer, PA	215	Peixe - boi (R-1)	Melgaço, PA
198	Olho Verde-12	Santarém, PA	216	Pindobá (N-34)	Melgaço, PA
199	Olho Verde-13	Santarém, PA	217	Petuca-26	Santarém, PA
200	Olho Verde II/19	Alenquer, PA	218	Preta	Estado do Amapá
201	Olho Vermelho	S.I.	219	Pretona Erecta	Tabatinga, AM
202	Olho Verde Tarcísio	Castanhal, PA	220	Pretinha-24	Santarém, PA

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
221	Prova d'água	Acará, PA	239	Tapajós-38	Belterra, PA
222	RO – 02	S.I.	240	Tapajós-49	Santarém, PA
223	Roxinha - 58	Santarém, PA	241	Tapioqueira	Belém, PA
224	Rouei	Oiapoque, AP	242	Tareza	Castanhal, PA
225	Saracura - AP	Ferreira Gomes, AP	243	Tarumã	Igarapé Açu, PA
226	Saracurinha - 69	Santarém, PA	244	Tartaruga (R - 10)	Melgaço, PA
227	São Pedro	Igarapé Açu, PA	245	Tataruaia	Belém, PA
228	Sebastiana	Estado do Pará	246	Tauá (R – 7)	Melgaço, PA
229	Seis Meses - 70	Santarém, PA	247	Taxi	Moju, PA
230	Sem Nome	S.I.	248	Taxi - 2	Moju, PA
231	S/Nome (Paragonorte)	Paragominas, PA	249	Torradinha – 23	Santarém, PA
232	Sem Nome (AM)	Tabatinga, AM	250	Tucumã	S.I.
233	Siolina	S.I.	251	Tucumantinga	S.I.
234	Soí preto	S.I.	252	Tucunaré (M-15)	Melgaço, PA
235	Surubim - 41	Santarém, PA	253	Tumase Dutra	Bragança, PA
236	Sururi (M – 31)	Melgaço, PA	254	Tumasea	S.I.
237	Sutinga	S.I.	255	Tucun	S.I.
238	Tala Encamada	Panacarica, AM	256	Witadelemesik	Estado do Amazonas

Tabela 2. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
257	Uiapixuna	Alto Rio Negro, AM	260	Xingu	S.I.
258	Vermelhão	Cametá, PA	261	Zolhuda	Moju, PA
259	Vermelhinha	S.I.	262	Zolhuda - 40	Santarém, PA

*S.I. = Sem identificação.

ANEXO - 3.**Tabela 3.** Identificação dos 56 acessos de mandioca pertencentes ao Banco Regional de Germoplasma da Amazônia Oriental, caracterizados por meio de seis descritores agronômicos no município de Igarapé-Açu, PA. Os acessos pertencem à classe de mandioca-brava, conforme os teores de glicosídeos cianogênicos presentes na polpa da raiz.

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
1	06 CIAT	S.I.*	20	Caravela Castanhal	Castanhal, PA
2	14 CIAT	S.I.	21	CN 04/2002	CPATU / Belém, PA
3	Acarí	S.I.	22	CN 03/2000	CPATU / Belém, PA
4	Altamira	Altamira, PA	23	CN 06/2002	CPATU / Belém, PA
5	Amarelona galhenta	Monte Alegre, PA	24	CPM-2438	S.I.
6	Amarela Amariaçu	Tabatinga, AM	25	CPM - 0501	S.I.
7	Amarelinha - 47	Santarém - PA	26	Feifim - 1	Oiapoque, AP
8	BRS Kiriris	Cruz das Almas, BA	27	Galhudinha	Igarapé-Açu, PA
9	BRS Poti	Cruz das Almas, BA	28	Gavião	S.I.
10	Bargança	Pedra Branca do Amaparí, AP	29	IM - 186	S.I.
11	BGM - 080.31	Cruz das Almas, BA	30	Itauba	Portel, PA
12	Belterra – 53	Santarém, PA	31	Javarité	Soure, PA
13	Boião-16	Santarém, PA	32	Jurará	Belém, PA
14	Boi - 29	Belterra, PA	33	Jurará amarela	Moju, PA
15	Brandão	Moju, PA	34	Manaza	Paragominas, PA
16	Branquinha	Moju, PA	18	Marajó	Moju, PA
17	Carauaçu-1	S.I.	19	Maria viúva	Paragominas, PA

Tabela 3. Continuação...

Nº	Acessos	Procedência	Nº	Acessos	Procedência
35	Milagrosa-48	Santarém, PA	46	Roxinha - 58	Santarém, PA
36	Mirim	Tracuateua, PA	47	São Pedro	Igarapé Açu, PA
37	Nova Timboteua	Nova Timboteua, PA	48	Saracura-AP	Ferreira Gomes, AP
38	Olho Verde - 1	Bragança, PA	49	Seis meses - AP	S.I.
39	Ouricuri - 37	Belterra, PA	50	Seis meses - AC	Acará, PA
40	Pacajá Guamá	Moju, PA	51	Sem Nome - Abaeté	Abaeté, PA
41	Paulo Guaraná	S.I.	52	Siolina	S.I.
42	Pingo de Ouro	Medicilândia, PA	53	Sutinga	S.I.
43	Pratinha	S.I.	54	Tataruaia	Belém, PA
44	Prova d'água	Acará, PA	55	Vovô	Castanhal, PA
45	Roxinha-EQ	Marará, AM	56	Zolhuda	Moju, PA

*S.I. = sem identificação.

ANEXO - 4.**Tabela 4.** Identificação dos 262 acessos alocados em 33 grupos por meio do método UPGMA⁽¹⁾, com base em 21 descritores qualitativos.

Agrupamentos	Acessos
Grupo I	Tumasea Dutra, Pacajá, Maranhense-2, Uiapixuna, CPM-0703, BGM-019, Branquinha, Acari, Rouei, Manivin, Boião, Sem nome - AM, Bato Uaça, Feifein-1, M. Macaxeirão, Siolina, IM-186(Mari), Itauba, Amarela Amariaçu, Camarão, IAC-576.70, Tareza, Tumasea, Arrozina, Leza, M. Mamia-1, Xingu, Pacajá (AC) e BGM-92.096.8.
Grupo II	Belterra, EAB-425, Jurará, Vermelhão, 14-CIAT, BGM-92.287.2, IAC-52210, Soí preto, Pretona erecta, F-5077 e Oraninha.
Grupo III	645, Javarité, 88.16.012, IM-230, Nova Timboteua, 0080 Engana Ladrão-2, 549, Abacate, BGM-062, BGM-588, BGM-037, BGM-080.31, CPM- 0501, Olho verde-1, M. Branquinha-2, Imitação e EAB-591.
Grupo IV	22 preta-2, M. 33 Água Morna e 34 Pretinha.
Grupo V	M. Bahia (PAR), M. Preta-2, 0020 Iracema-2, M. Viseu, M. Manteiga-57, M. Calzavara, M. Água Morna-10, M. Najaica, EAB-668, Hamburguesa, Tucun e M. Terreirão.
Grupo VI	Jaboti, Ismael-2 e RO-02
Grupo VII	36 Jaboti, Buiusu, Prova d'água, M. 20 Amarelinha, Bacuri Marçu (M-16), Milagrosa, Sem nome, Bacuri Gaiana (R-4), Açai, Açai (AC), M. Santa Izabel, Peixei-boi (R-1), M. 40 Cacauzinho, Cultivar Humaitá, M. Abaeté, Igarapé-Açu, Witadelemesik, Amarelona Galhenta, M. 47 Camuquem, Peixe-boi, Apinagé, Olho junto, Olho verde Tarcísio, Vermelhinha, Mameluca, Areia branca, Clone-4919, Sebastiana, Pretinha-24, M-35, Tapajós-49, Olho de boto, M. Boa forma, Seis meses-70, Boi-2, Sucuri (M-31), Jaçanã (M-33), Tartaruga (R-1), Preta, São Pedro, Morocotó, Duquinha Tarcísio, Inajá, Tarumã, Casca de vidro (N-36), Jabuti Marçu (M-18), M. Cacau Hans, Amarelona-AP, M. Amarela Cheng, Tale Encamada, Caipora, Amarelinha-47, Pindobá (M-34), Ouro (M-35) e Abacatinha-3.
Grupo VIII	06 CIAT, Olho roxo, 01 CIAT e Amarelona.
Grupo IX	Caratinga-161, BGM-080, Marreca, Baixinha-AP, Bacuri.
Grupo X	M. R-11, M. Cacau-DF, CN-01/2010, Olho roxo-13, 50 Pretona e M. Amarela-56.

Tabela 4. Continuação...

Agrupamentos	Acessos
Grupo XI	BGM-087, Saracura, 0211-Mantiqueira-1, 382 Fio de Ouro, Louis Petit, Tapioqueira, IAC-242 (Mantiqueira), Milagrosa-RG, Osso duro e Anajá.
Grupo XII	BGM-844.2, M. Amarela-1, 02 CIAT, CPATU-102 e Altamira.
Grupo XIII	BGM-911.59, Tataruaia e M. Branquinha-3.
Grupo XIV	37 Pretinha-4, M. Preta-32, 42 Rebenta burro, 48 Milagrosa e 24 Pretinha.
Grupo XV	Bentivi-71, Roxinha-58, 01 Pacajá, 16 Rebenta burro, 19 Preta, Torradinha-23, Passarinho grande-51 e Tarumã.
Grupo XVI	Jurará Amarela, Surubim-41 e Igarapé-Açu-1.
Grupo XVII	Petuca-26, Milagrosa-20, Bentivi-17 e M. 49 Rabo de Arara.
Grupo XVIII	03 Casca Rosa, Taxi-2 e Marajó.
Grupo XIX	CN-01/2005, Jararacá-59, Kiriris, Zolhuda, Farinha, Saracurinha-69, EAB-942, M. 43 Manteiguinha-43, M. 31 Arizoninha, M. Cacau, Olho vermelho, Pacajá Guamá, Taxi e Ismael.
Grupo XX	Guia Roxa-13, Inanu-46, Achada preta-50, Boião-16, Tapajós, 38, Zolhuda-40 e Olho verde-12.
Grupo XXI	M. Mineira, M. Castanhal, M. Itu, M. Boliviana-34, 54 Amarelinha, Miriti, Miriti (AP), Amarelinha-36, Cenoura rosada, Pacasa, Tucumatinga e M. 46 Ligeirinha.
Grupo XXII	Bargança, Caratinga -161 (2), Branquinha (MO) e Caravela Castanhal.
Grupo XXIII	51 Caravela-1, Tucunaré (M-15), Olho verde II/19, Oricuri-37 e Boi-29.
Grupo XXIV	Inha, Maria Viúva, Caxiuanã-2, Desconhecida, CN-06/2002, Tauá (R-7), Murutá Tinga (M-21), Belterra-53 e CN-04/2002.
Grupo XXV	CN-01/2002, M. Dilson, Sutinga e Olho verde-2.
Grupo XXVI	40 quilos.
Grupo XXVII	25 Preta-3 e Sem nome (PAR).
Grupo XXVIII	Boi Branco-54, M. 23 Eucalipina e Chifre de boi.
Grupo XXIX	BGM-116 e Klainasik.
Grupo XXX	EAB-1121, EAB-1195, M. Pão Manaus, Paulo Guaraná e Chicovara.
Grupo XXXI	02 Taxizinho e M. Menina-63.
Grupo XXXII	13 M. Ulianópolis, M. Manteiga-22 e M. Pão-9.
Grupo XXXIII	Inambuzinho-55.

⁽¹⁾UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH & SOKAL, 1973).