

# Eventos Técnicos & Científicos

ISSN XXXX-XXXX  
Agosto, 2024

2

## Resumos



### XIII Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril

30 de agosto de 2024 - Auditório da Embrapa Agrossilvipastoril



30 de Agosto de 2024

Sinop, MT

The logo for Embrapa, featuring the word "Embrapa" in a blue, sans-serif font with a green leaf-like shape integrated into the letter 'a'.

ISSN XXXX-XXXX

Agosto, 2024

***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Agrossilvipastoril  
Ministério da Agricultura e Pecuária***

# **Eventos Técnicos & Científicos 2**

**Resumos do  
XIII Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril**

***Embrapa  
Brasília, DF  
2024***

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Agrossilvipastoril**

Rodovia dos Pioneiros, MT 222, km 2,5

Caixa Postal: 343

78550-970 Sinop, MT

Fone: (66) 3211-4220

Fax: (66) 3211-4221

[www.embrapa.br/](http://www.embrapa.br/)

[www.embrapa.br/fale-conosco/sac](http://www.embrapa.br/fale-conosco/sac)

**Unidade responsável pelo conteúdo e pela edição**

Embrapa Agrossilvipastoril

Comitê de publicações

Presidente

*Flávio Jesus Wruck*

Secretário-executivo

*Dulândula Silva Miguel Wruck*

Membros

*Aisten Baldan, Alexandre Ferreira do Nascimento, Daniel Rabelo Ituassú, Eulalia Soler Sobreira*

*Hoogerheide, Fernanda Satie Ikeda, Jorge Lulu, Rodrigo Chelegão, Vanessa Quitete Ribeiro da Silva*

Normalização bibliográfica

*Aisten Baldan (CRB 1/2757)*

**1ª edição**

Publicação digitalizada (2024)

**Todos os direitos reservados.**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).**

Embrapa Agrossilvipastoril.

---

Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril (13. : 2024 : Sinop, MT)

Resumos ... / XIII Jornada Científica da Embrapa Agrossilvipastoril / Aisten Baldan ... [et al.], editores técnicos – Sinop, MT: Embrapa Agrossilvipastoril, 2024.

PDF (77 p.) : il. color ; 21 cm x 29 cm. – (Eventos Técnicos & Científicos / Embrapa Agrossilvipastoril, ISSN XXX-XXX ; 2).

1. Congresso. 2. Agronomia. 3. Ciências ambientais. 4. Zootecnia. I. Baldan, Aisten. II. Silva, Ana Paula Moura da. III. Silva, Bruno Rafael da. IV. Guedes, Danielle Viveiros. V. Ramos Júnior, Edison Ulisses. VI. Pinto, Joyce Mendes Andrade. VII. Pitta, Rafael Major. VIII. Bicudo, Rogério de Campos. IX. Spera, Silvio Tulio. X. Embrapa Agrossilvipastoril. XI. Título. XII. Série.

CDD 607

---

*Aisten Baldan (CRB 1/2757)*

© Embrapa 2024



## Diversidade genética no melhoramento participativo da mandioca para o norte do Mato Grosso

Danniel Franco de Carvalho<sup>1\*</sup>, Auana Vicente Tiago<sup>2</sup>, Vanessa Quitete Ribeiro da Silva<sup>3</sup> e Eulália Soler Sobreira Hoogerheide<sup>4</sup>

<sup>1\*</sup> Estudante de graduação da Faculdade Unifasipe, Sinop, MT, dannielfranco022@outlook.com.

<sup>2</sup> Bióloga, doutora em Biodiversidade e Biotecnologia, bolsista FAPEMAT / CNPq, Sinop, MT, auana\_bio@hotmail.com;

<sup>3</sup> Engenheira agrônoma, doutora em Produção Vegetal, pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT, vanessa.quitete@embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheira agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, MS, eulalia.hoogerheide@embrapa.br.

### Resumo

O estado de Mato Grosso é considerado um dos centros de origem da mandioca, o que faz com que haja elevada diversidade da espécie no estado. O objetivo deste estudo foi estimar a diversidade genética das variedades de mandioca que compõem a coleção utilizada no experimento sobre melhoramento participativo da mandioca para o norte do Mato Grosso, usando marcadores moleculares ISSR. Folhas jovens de 16 variedades de mandioca foram coletadas. O DNA de cada variedade foi extraído e as amplificações foram realizadas via PCR com 12 *primers* de ISSR. Posteriormente, a estimativa de dissimilaridade genética entre cada par de indivíduos foi calculada. Os dados foram analisados com o auxílio do programa Genes. Um total de 104 fragmentos foi amplificados revelando um total de 100% de polimorfismo. As variedades menos dissimilares foram 08GUA e 09SNP e os mais dissimilares, 01NM e 11SNP. No dendrograma UPGMA foi possível verificar a formação de três grupos. Há diversidade genética entre as variedades de mandioca avaliadas neste estudo, demonstrando que tanto a troca de manivas pelos produtores, quanto o processo reprodutivo da espécie favorecem o aumento e manutenção da variabilidade genética entre as diversas variedades de mandioca cultivadas.

**Palavras-Chave:** *Manihot esculenta*, ISSR, variabilidade, recurso genético.

### Genetic diversity in participatory cassava improvement for northern Mato Grosso

#### Abstract

The state of Mato Grosso is considered one of the centres of origin of cassava, which means that there is a high diversity of the species in the state. The aim of this study was to estimate the genetic diversity of the cassava varieties that make up the collection used in the experiment on participatory cassava improvement for the north of Mato Grosso, using ISSR molecular markers. Young leaves of 16 cassava varieties were collected. DNA from each variety was extracted and amplifications were carried out via PCR with 12 ISSR primers. Subsequently, the estimate of genetic dissimilarity between each pair of individuals was calculated. The data was analysed using the Genes software. A total of 104 fragments were amplified, revealing a total of 100% polymorphism. The least dissimilar varieties were 08GUA and 09SNP and the most dissimilar were 01NM and 11SNP. The UPGMA dendrogram showed the formation of three groups. There is genetic diversity among the cassava varieties evaluated in this study, demonstrating that both the exchange of manioc by producers and the reproductive process of the species favour the increase and maintenance of genetic variability among the various varieties of cassava grown.

**Key-words:** *Manihot esculenta*, ISSR, variability, genetic resource.



## Introdução

A mandioca é amplamente cultivada em todo o território brasileiro, abrangendo regiões desde o norte ao sul do país. No entanto, é importante destacar que seu cultivo é predominantemente realizado por agricultores familiares, em áreas periféricas à agricultura convencional, em razão da sua rusticidade e da capacidade de produzir consideravelmente bem em condições desfavoráveis para outras culturas (Silva, 2016).

De maneira geral, a produção de alimentos no Brasil, são notavelmente asseguradas pelos agricultores familiares, responsável por mais da metade da produção de diversos produtos agropecuários, incluindo a mandioca (69,56%) (IBGE, 2019; Teixeira, 2022). O estado de Mato Grosso, cuja economia é predominantemente agrícola, caracteriza-se pela expansão do agronegócio, que vem crescendo a cada ano. No entanto, esse fato pode trazer impactos significativos para a diversidade de outras culturas, como a mandioca, uma vez que, o estado já vindo perdendo posições na sua produção, ocupando atualmente a 18ª posição (IBGE, 2024).

Como Mato Grosso é considerado um dos centros de origem da mandioca, o que faz com que haja elevada diversidade da espécie no estado (Carrasco *et al.*, 2016) são necessários estudos que visem a caracterização da diversidade da espécie, para dar subsídios aos programas de conservação, e assim contribuir para redução dos impactos da perda da diversidade da mandioca na região. Para tanto, diversas ferramentas podem ser utilizadas para estimar a divergência de um acervo, dentre eles os marcadores moleculares (Tiago *et al.*, 2016; Figueredo *et al.*, 2019; Wolf *et al.*, 2022), os quais tem sido utilizado com frequência em estudos de diversidade, pois permitem a identificação de indivíduos e análise de materiais de interesse (Siqueira, 2008).

Para tanto, objetivou-se neste estudo estimar a diversidade genética das variedades de mandioca que integram o acervo usado no projeto “Melhoramento participativo para o Norte do Mato Grosso”, por meio de marcadores moleculares ISSR.

## Material e métodos

### Coleta do material foliar

Foram coletadas folhas jovens das 16 variedades de mandioca do experimento instalado em Cláudia, MT, no Assentamento 12 de Outubro. As variedades são: Amarelinha (01NM), Cascatinha (02NM), Branca (03LRV), Amarela (04NM), Branca (05SOR), Mandioca de Fritar (06SOR), Mandioca Branca (07PXT), Castelinha (08GUA), Pão (09SNP), Talo Vermelho (10SNP), Cuiabana (11SNP), Cacau Roxa (12AF), Mandioca Pão (13AF), Cacau Amarela (14AF), Amarela (15AF), Cacau (16CLD).

O material foliar foi identificado em campo, com seu respectivo código e acondicionado em saco plástico tipo ziploc contendo sílica gel e levado ao Laboratório de



Microbiologia, Biologia Molecular e Fitoquímica da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT e armazenado em freezer a  $-20^{\circ}\text{C}$ , até a extração do DNA. A pesquisa foi registrada na plataforma SisGen com o número A3DF14E.

### **Extração e quantificação do DNA**

A extração de DNA foi de aproximadamente 100 mg de tecido foliar com base no protocolo de CTAB (Brometo de Cetil Trimetil Amônio) descrito por (Doyle; Doyle, 1990). A concentração do DNA extraído foi estimada por espectrofotometria (NanoDrop 2000 - ThermoScientific) e sua integridade verificada em eletroforese em gel de agarose a 1% corado com GelRed (Biotium, Hayward, EUA). Após a quantificação, o DNA foi diluído à concentração de 20 ng/ $\mu\text{L}$  e estocado a  $-20^{\circ}\text{C}$  para as posteriores amplificações.

### **Reações de Amplificação e Eletroforese**

Foram testados 16 *primers* ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) para a amplificação do DNA. Após testes de amplificação, foram selecionados 12 *primers* que resultaram em maior polimorfismo e número de bandas para caracterização molecular das 16 variedades de mandioca.

As amplificações do DNA via PCR (*Polymerase Chain Reaction*) foram realizadas em um volume 20  $\mu\text{L}$ : 2  $\mu\text{L}$  de DNA ( $\pm 20$  ng), 2  $\mu\text{L}$  de buffer 10x (500 mM KCl; 100 mM Tris-HCL pH 8.3; 15 mM  $\text{MgCl}_2$ ; 0,01% gelatin), 3  $\mu\text{L}$  de primer (2 mM), 2,0  $\mu\text{L}$  dNTP (0,1 mM de cada dNTP), 0,2  $\mu\text{L}$  de Taq polimerase (5U/ $\mu\text{l}$ ) e 10,8  $\mu\text{L}$  de  $\text{H}_2\text{O}$  mili-Q® para completar o volume. As reações de amplificações foram conduzidas em termociclador modelo T100 “Thermal Cycler”, seguindo o programa proposto por Silva *et al.* (2011). Os produtos da amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1,5%, com tampão TAE 0,5X, voltagem constante de 60 V por três horas e visualizados em um transiluminador de luz ultravioleta L-PIX Image (Loccus Biotecnologia), corados com GelRed (Biotium) e fotodocumentados.

### **Fragmentos amplificados e análise dos dados**

Os produtos amplificados foram designados como um único caráter, no qual a presença foi representada por “1” e a ausência por “0”. Os marcadores ISSR foram então convertidos em uma matriz binomial (0/1). A partir da matriz binária foi determinado número total de fragmentos amplificados (NTF), número de fragmentos polimórficos (NFP), porcentagem de polimorfismo (%P) e índice de conteúdo polimórfico (PIC).

A estimativa de dissimilaridade genética entre cada par de indivíduos foi calculada por meio do coeficiente de Jaccard utilizando-se o Índice do complemento aritmético, em seguida os indivíduos foram agrupados pelo método de ligação média entre grupos



(UPGMA) com o ponto de corte do dendrograma estimado por meio de Mojena (1977). As análises foram realizadas com auxílio do programa GENES v. 1990.2022.24 (Cruz, 2016).

## Resultados e discussão

Os resultados da Tabela 1 mostram que todos os *primers* utilizados produziram 100% de fragmentos polimórficos, indicando uma alta variabilidade genética entre as variedades estudadas. O número total de fragmentos amplificados (NTF) foi de 104, variando de 5 a 15, enquanto o número de fragmentos polimórficos (NFP) correspondeu ao número total de fragmentos em cada caso, reforçando o potencial discriminatório dos *primers*.

O índice de conteúdo polimórfico (PIC), que é um indicador da diversidade alélica detectada por cada *primer*, apresentou valores elevados, variando entre 0,83 e 0,97 com média de 0,92. O *primer* UBC 825 destacou-se com o maior valor de PIC (0,97), enquanto o *primer* DIGGA5-CR apresentou o menor valor (0,83), sugerindo uma variação na capacidade de detectar diversidade genética entre os *primers*. Em comparação a estudos anteriores, como o de Figueredo *et al.*, (2019) observaram que o PIC variou de 0,37 a 0,73, com média de 0,52, sendo os *primers* UBC 891, UBC 840 e UBC 807 os mais informativos. Tiago *et al.* (2016) relataram valores de PIC que variaram entre 0,04 e 0,61, com média de 0,39, destacando o alto poder discriminativo da técnica de ISSR-PCR em estudos de variabilidade genética em mandioca. Os resultados apresentados são consideravelmente superiores às médias relatadas nas pesquisas anteriores, demonstram eficiência dos *primers* utilizados e variabilidade nas variedades de mandioca estudadas.

**Tabela 1** - Primer utilizados nas ampliações em 16 variedades de mandioca. Número total de fragmentos amplificados (NTF), número de fragmentos polimórficos (NFP), porcentagem de polimorfismo (%P), índice de conteúdo polimórfico (PIC)

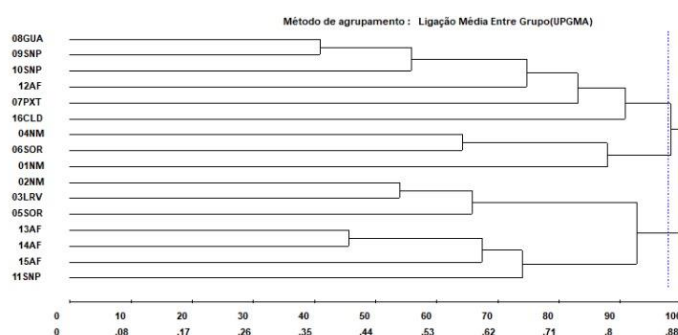
Primer	NTF	NFP	%P	PIC
UBC 809 – DiAG3-G	7	7	100	0.96
UBC 810 – DiGA3-T	5	5	100	0.90
UBC 811- Di(GA)83'C	13	13	100	0.94
UBC 814 – DiCT3-A	8	8	100	0.96
UBC 822 – DiTC3-A	10	10	100	0.94
UBC 825 – DiAC3-T	15	15	100	0.97
UBC 835- Di(AG)83'YC	5	5	100	0.85
UBC 842 – DiGA3-YG	10	10	100	0.93
UBC 861 – TriACC	7	7	100	0.96
UBC 866 # TriCTC	6	6	100	0.91
UBC 890 – DiGT5-VHV	8	8	100	0.87
DIGGA5-CR	10	10	100	0.83

\*Temperatura de Anelamento

Os valores de dissimilaridade genética variaram de 0,3636 a 1,0000. As variedades menos dissimilares geneticamente foram Castelinha (08GUA) e Pão (09SNP). A maior



distância genética foi apresentada para as variedades Amarelinha (01NM) e Cuiabana (11SNP). No dendrograma UPGMA apresentado na Figura 1, é possível verificar o agrupamento entre as diferentes variedades de mandioca avaliadas. Os ramos mais próximos indicam similaridade entre as variedades, já os mais distantes, dissimilaridade. O método de agrupamento hierárquico possibilitou, com um corte realizado na distância de 97,88%, com base no critério de Mojena (1977) a formação de três grupos de dissimilaridade, sendo o grupo I constituído por seis variedades, dentre elas as de maior similaridade. Já os demais grupos (II e III) foram formados por três e sete variedades, respectivamente. Pedri *et al.* (2024) utilizando de marcadores moleculares para avaliação da diversidade genética de variedades locais de mandioca constatou a formação de quatro grupos, sendo os grupos I e III concentrando a maior parte das variedades, assim como também verificado neste estudo. Deste modo verifica-se que a técnica permite agrupar em um mesmo ramo do dendrograma variedades que apresentam uma característica ou conjunto de característica em comum, conforme destacado entre as variedades 08GUA e 09SNP (Silva *et al.*, 2024).



**Figura 1** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e complemento aritmético do índice de Jaccard como medida de dissimilaridade em 16 variedades de mandioca por meio de 12 marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*).

## Conclusão

Há diversidade genética entre as variedades de mandioca avaliadas neste estudo, sendo as variedades Amarelinha (01NM) e Cuiabana (11SNP), as mais divergentes geneticamente, demonstrando que tanto a troca de manivas pelos produtores, quanto o processo reprodutivo da espécie favorecem o aumento e manutenção da variabilidade genética entre as diversas variedades de mandioca cultivadas.

## Agradecimentos

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ pelo apoio financeiro.





## Referências

- CARRASCO, N. F.; OLER, J. R. L.; MARCHETTI, F. F.; CARNIELLO, M. A.; AMOROZO, M. C. M.; VALLE, T. L.; VEASEY, E. A. Growing Cassava (*Manihot esculenta*) in Mato Grosso, Brazil: Genetic Diversity Conservation in Small – Scale Agriculture. **Economic Botany**, v. 70, n. 1, p. 15-28, 2016.
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.12, n. 1, p.13-15, 1990.
- FIGUEREDO, P. E.; TIAGO, A. V.; ZANETTI, G. T.; PINTO, J. M. A.; ROSSI, A. A. B.; HOOGERHEIDE, E. S. S. Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil. **Magistra**, v. 30, p. 143-153, 2019.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo agropecuário 2017**: resultados definitivos. Rio de Janeiro: IBGE, 2019. Disponível em: <<https://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/biblioteca-catalogo?view=detalhes&id=73096>>. Acesso em: 1 jun. 2023.
- IBGE. Sistema IBGE de Recuperação Automática. Banco de Dados. **Tabela 6588**: série histórica da estimativa anual da área plantada, área colhida, produção e rendimento médio dos produtos das lavouras. [Rio de Janeiro, 2024]. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/6588#resultado>>. Acesso em 25 jul. 2024.
- MOJENA R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.
- PEDRI, E. C. M. de; CUCHI, G.; TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B. Utilização de marcadores microssatélites para avaliação da diversidade genética de variedades locais de mandioca. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 19, n. 1, p. 23-29, 2024.
- SILVA, A. R. Manejo e conservação do solo. *In*: MODESTO JUNIOR, M. de S.; ALVES, R. N. B. (ed.). **Cultura da mandioca**: aspectos socioeconômicos, melhoramento genético, sistemas de cultivo, manejo de pragas e doenças e agroindústria. Brasília, DF: Embrapa, 2016. cap. 2, p. 49-66.
- SILVA, C. A. da; SANTOS, D. da S.; CORDEIRO, J. de S. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade de mandioca no sul maranhense. **Revista Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar**, v. 10, n. 32, 2024.
- SILVA, K. V. P. da; ALVES, A. A. da C.; MARTINS, M. I. G.; MELO, C. A. F. de; CARVALHO, R. de. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Pesquisa agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 9, p. 1082-1088, 2011.
- SIQUEIRA, M. V. B. M. **Diversidade genética de etnovariabilidade de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) em áreas de Cerrado no Estado do Mato Grosso do Sul e de variedades comerciais por meio de marcadores microssatélites**. 2008. 88f. Dissertação (Mestrado em Ecologia Aplicada) – Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.
- TEIXEIRA, B. B. **A agricultura familiar entre a ruralidade e a urbanização do campo: entraves e superações (re)produtivas no caso de Piracicaba**. 2022. 113 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.
- TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B.; TIAGO, P. V.; CARPEJANI, A. A.; SILVA, B. M.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; YAMASHITA, O. M. Genetic diversity in cassava landraces grown on farms in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, gmr.15038615, 2016.



WOLF, M. S.; CUCHI, G.; PEDRI, E. C. M. DE; TIAGO, A. V.; SILVA, M. C. M. da; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovarietades de mandioca por meio de marcadores ISSR. **Conjecturas**, v. 22, n. 16, p. 532-546, 2022.