

Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil

¹ Poliana Elias Figueredo, ² Auana Vicente Tiago, ³ Gessica Tais Zanetti, ⁴ Joyce Mendes Andrade Pinto, ³ Ana Aparecida Bandini Rossi, ⁴ Eulalia Soler Sobreira Hoogerheide

¹ Universidade Federal do Mato Grosso, Avenida Alexandre Ferronato, 1200, CEP 78550-728, Sinop, MT, Brasil. E-mail: polianaeliasfigueiredo@hotmail.com

² Bionorte, Rede de Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal, Rodovia Mt 208, Km 133, s/n, Zona Rural, CEP 78580-000, Alta Floresta, MT, Brasil. E-mail: auana_bio@hotmail.com

³ Universidade do Estado de Mato Grosso, Avenida Perimetral Rogério Silva, Norte 2, CEP 78580-000, Alta Floresta, MT, Brasil. E-mails: gessicabiotec@gmail.com, anabanrossi@gmail.com

⁴ Embrapa Agrossilvipastoril, Rodovia MT-222, Km 2,5, s/n, Zona Rural, CEP 78550-970, Sinop, MT, Brasil. E-mails: eulalia.hoogerheide@embrapa.br, joyce.andrade@embrapa.br

Resumo: A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das culturas mais utilizadas na agricultura familiar, principalmente no Estado de Mato Grosso, considerado um dos centros de diversidade da espécie. Este estudo avaliou a origem, tempo de conservação e a diversidade genética de mandiocas coletadas na região periurbana de Sinop-MT. Foram identificadas 17 etnovariedades na Comunidade São Rafael. O tempo de conservação das etnovariedades pelos agricultores variaram de 1,5 a 10 anos. Quanto à procedência, são oriundas do próprio local ou de municípios da região. Os oito *primers* de ISSR utilizados para análise da diversidade genética amplificaram 57 *locus* com 80,7% de polimorfismo e uma média de 7,12 bandas por *primer* ISSR, indicando a existência de alta variabilidade genética entre as etnovariedades avaliadas. O Conteúdo de Informação Polimórfica PIC apresentou a média de 0,52. Os métodos de agrupamento de Tocher revelaram a formação de quatro grupos, e UPGMA a formação de três grupos. Ambos os métodos foram eficientes agrupando as mandiocas em grupos distintos mediante as procedências. O cultivo da mandioca em pequenas propriedades entorno das cidades possuem importante função na manutenção da diversidade da espécie, bem como na ampliação, visto que a troca de propágulos entre agricultores amplia a taxa de fluxo gênico, devido ao florescimento da mandioca na região. O aspecto social e cultural dos agricultores da região periurbana devem ser considerados em ações que venham a complementar a conservação dos recursos genéticos da espécie.

Palavras chave: Agricultura familiar, Conservação *on farm*, Agricultura urbana.

Genetic diversity of cassava landraces in the periurban region of Sinop, Mato Grosso, Brazil

Abstract: Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) crop has a fundamental role in family farming, especially in Mato Grosso State, which is one of the regions known to be a center of diversity the species. This study evaluated the origin, conservation period and genetic diversity of cassava cultivated by farmers around the urban area in Sinop-MT. Were identified 17 landraces farms in São Rafael community. Traditional farmers kept the cultivation of these landraces between 1.5 to 10 years and they received them from local population or from other cities near the rural region of Sinop. Genetic analysis using eight primers ISSR amplified 57 fragments with 80.7% polymorphism and a mean of 7.12 bands per ISSR primer, which revealed high genetic variability between the landraces evaluated. The Polymorphic Information Content PIC had average of 0,52. The Tocher's methods of grouping revealed the formation of four groups, and UPGMA the formation of three groups, both of them were efficient grouping manioc of different origins in distinct groups. The agricultural activity on small farms nearby the cities has an important function in agricultural biodiversity maintenance and increase, by the exchange of propagules between farmers that increment genic flow rate due to the flowering cassava in the region. The social and cultural approaches of the farmers around the urban areas should be introduced in actions to complement the conservation of genetic diversity of species.

Keywords: Traditional agriculture, *on farm* conservation, Urban agriculture.

Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das culturas mais importantes do cenário agrícola brasileiro segundo o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística [IBGE] (2019). A planta possui raízes tuberosas que armazenam carboidratos produzidos na forma de fécula, importante no setor alimentício, principalmente na agricultura familiar, por causa da sua rusticidade e capacidade de produção boa mesmo em condições em que outras culturas sequer sobreviveriam (Afonso et al., 2014 & Fuhrmann et al., 2016).

O centro de origem da mandioca é a América Latina, sendo encontrada na forma nativa em países do continente Americano, Africano e Asiático (Souza, 2017), o que dificulta a indicação da região exata da origem. Além de centro de origem, o Brasil é considerado o centro de diversidade da mandioca, possuindo ampla variabilidade genética da espécie conservada na forma *in situ* (Olsen, 2004). A elevada diferenciação genética é decorrente da facilidade de polinização cruzada, da deiscência dos frutos e da alta heterozigose da espécie (Ramu et al., 2017).

Salomão (2010) afirma que cabe às comunidades indígenas, rurais ou em campos de agricultores a conservação do tipo *on farm* para manutenção de raças locais e variedades tradicionais da planta. Nesse sentido, a agricultura sustentável, baseada nos aspectos econômicos, sociais e agroecológicos, executa e prioriza os diversos aspectos da seleção de plantas com a preservação do ambiente, variabilidade genética e da interação com o homem e suas condições sociais, culturais e econômicas (Silva, 2019).

Agricultura em áreas urbanas e periurbanas propiciam melhor aproveitamento dos espaços, contribuindo para o manejo adequado dos recursos naturais (Mougeot, 2000). Além disso, apresentam diversas vantagens, tais como: diminuir perdas de germoplasma de certas culturas e conservar a agrobiodiversidade *on farm*, colaborando assim na mitigação da erosão genética pelo conhecimento ligado aos produtores (Camargo et al., 2017). A manutenção dessa atividade permite também a diversificação de cultivos, proporcionando uma maior segurança na produção e preservação do sistema gerando autonomia aos agricultores (Oler & Amorozo, 2017).

No Mato Grosso, a mandiocultura é a segunda atividade de maior importância para a agricultura familiar. Pesquisas feitas até o momento indicam elevado número de etnovariedades conservadas por comunidades, apresentando elevada diversidade genética (Oler, 2017, Carrasco et al., 2016 & Zago et al., 2017). Nesse sentido, destaca-se o município de Sinop, situado ao Norte do Mato Grosso, a 500 km de Cuiabá e com 139.935 mil habitantes. O município teve sua colonização fortemente relacionada com a cultura da mandioca. Na década de 70, a Sociedade Imobiliária do Noroeste do Paraná [SINOP], empresa que colonizou a região, atraiu moradores de outras regiões, especialmente do Paraná, mediante a expectativa da implantação da tecnologia da produção de álcool a partir da mandioca. Com isso, muitas etnovariedades foram trazidas pelos primeiros moradores de diversas regiões do Brasil. Entretanto, a usina não obteve bons resultados e a atividade não prosseguiu. Porém, a expectativa econômica com relação à mandioca levou à migração de pessoas de outras regiões, o que contribuiu para ampliar a diversidade genética da espécie no estado.

De modo geral, os estudos sobre diversidade de mandioca são escassos quando comparados com a grande diversidade étnica e territorial das populações de mandiocas (Siqueira et al., 2009). De acordo com Siqueira et al. (2010), a importância da mandioca transcende o âmbito hortícola. O tubérculo pode ser considerado um modelo para o estudo da construção biológica e cultural da agrobiodiversidade gerida por comunidades tradicionais no Brasil (Emperaire & Peroni, 2007).

Neste contexto, objetivou-se no trabalho a avaliação das etnovariedades de mandiocas mantidas por agricultores da região periurbana do município de Sinop, Mato Grosso, utilizando os marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), bem como considerar outros fatores na análise como a origem, anos de conservação e os nomes comuns atribuídos às etnovariedades.

Material e métodos

Amostras foliares retiradas da região apical das 17 etnovariedades de mandiocas foram coletadas de forma manual nas propriedades dos agricultores da Comunidade São Rafael, situada

na estrada da Nanci, região periurbana do município de Sinop, MT. As amostras foram levadas para o Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop-MT e armazenadas a -20 °C para a realização das análises moleculares. Os agricultores foram entrevistados quanto à procedência e tempo de conservação das etnovarietades nas propriedades.

A extração de DNA das folhas foi realizada a partir do método de CTAB proposto por Doyle e Doyle (1990) com modificações. A qualidade do

DNA foi verificada em gel de eletroforese 1% e a concentração determinada por espectrofotometria a 260 nm utilizando Nanodrop 2000 (ThermoScientific).

Foram utilizados oito marcadores ISSR para amplificação das amostras de DNA (Tabela 1). Cada 20 µl de reação de PCR continha 20 ng µL⁻¹ de DNA; 20 mM Tris-HCL pH 8,3; 100 mM KCl; 3 mM MgCl₂; 1 U de TAQ-Polimerase; 2,5 mM de cada dNTP; 0,6 mM de *primer* e água ultrapura Milli-Q para completar o volume final.

Tabela 1 - *Primers* ISSR utilizados na caracterização molecular das etnovarietades de mandioca. Número total de fragmentos amplificados (NTF), número de fragmentos polimórficos (NFP), porcentagem de polimorfismo (%P), índice de conteúdo polimórfico (PIC).

<i>Primer</i>	Sequência	**Tm (°C)	NTF	NFP	%P	PIC
UBC 811	GAGAGAGAGAGAGAC	52,8	6	6	100,00	0,46
UBC 834	AGAGAGAGAGAGAGYT*	49,2	9	7	77,77	0,41
UBC 891	HVHTGTGTGTGTGTGTG	47,0	4	4	100,00	0,73
UBC 844	CTCTCTCTCTCTCTRC	48,6	9	8	88,88	0,45
UBC 808	AGAGAGAGAGAGAGGC	48,8	8	4	50,00	0,37
TRI (GTG)	GTGGTGGTGGTGGTG	58,9	7	5	71,43	0,49
UBC 840	GAGAGAGAGAGAGAYT*	47,4	5	5	100,00	0,70
UBC 807	AGAGAGAGAGAGAGAGT	47,0	9	7	77,77	0,56
	Total		57	46	80,70	-
	Média		7,12	5,75	80,75	0,52

*Y = C ou T; R = A ou G; V = A, C ou G; H = A, C ou T. **Temperatura de anelamento.

As amostras foram amplificadas utilizando termociclador T100 (BioRad), nas seguintes condições: desnaturação a 94 °C por 4 min, 35 ciclos de 30 s para desnaturação a 94 °C; 35 s para anelamento a 47 – 58,9 °C (dependendo do primer utilizado) e 2 min para extensão final a 72 °C (Silva et al. 2011). Os produtos das ampliações foram separados em gel de agarose a 1,5%, com tampão TBE 1x, com voltagem constante de 60 V por aproximadamente quatro horas, corados com GelRed (Biotium) e visualizados em sistema de fotodocumentação em luz ultravioleta LTB/STI (Loccus Biotecnologia).

Os perfis de bandas gerados pelos *primers* foram compilados em matriz de dados binários de acordo com a presença (1) ou ausência (0) de bandas. Como o marcador ISSR é dominante, assumiu-se que cada banda representa o fenótipo em um loco bialélico (Williams et al, 1990). A partir da matriz binária foi determinado número total de fragmentos amplificados (NTF), número de fragmentos polimórficos (NFP), porcentagem de polimorfismo (%P), índice de conteúdo polimórfico (PIC).

Para estimativa dos parâmetros de diversidade foi utilizado o programa POPGENE 1.32 (Yeh et al.,1999), obtendo a diversidade de NEI e índice de diversidade genética de Shannon (I). 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) e método de otimização de Tocher. A partir dessa matriz também foi obtido o coeficiente de correlação cofenética (CCC). Todas essas análises foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2013).

Resultados e discussão

A descrição geral das mandiocas coletadas

na Comunidade São Rafael encontra-se na Tabela 2. Gama et al. (2015) observou que as cultivares recebem diversas denominações vulgares, das mais variadas regiões. Alguns dos parâmetros utilizados pelos agricultores para a identificação local das etnovarietades estão associados com morfologia, usos, origem e características peculiares de cada uma. Neste estudo, notamos que a denominação das etnovarietades estão mais relacionadas às características físicas das mandiocas, como coloração (roxa, amarela, casca branca etc.), e a culinárias (pão, de fritar), do que a forma (como mandioca galha, mandioca urubu, etc). Souza et al. (2016), por exemplo, em estudo na comunidade tradicional Rio dos Couros, Cuiabá, Mato Grosso, observou que as mandiocas foram denominadas pela sua cor e suas características, mas também pela semelhança com animais ou vegetais como: *Abóbora*, *Cacau*, *Urubu*, *Canela de ema*, *Ossos*, *Matrinã* e *Orelha de Onça*, fato não observado neste estudo.

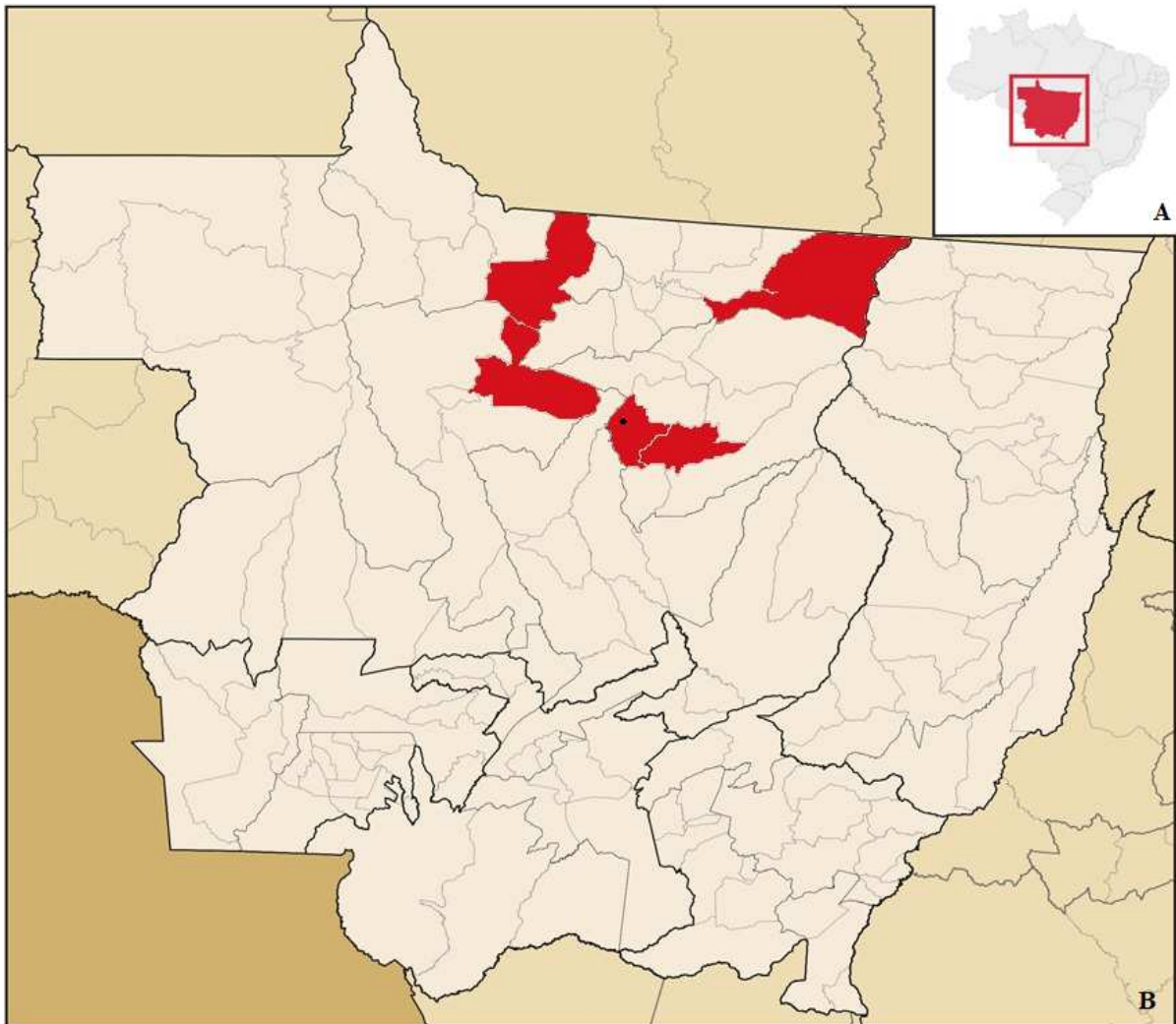
Quanto à procedência, destacamos que a maioria das etnovarietades de mandiocas deste estudo é oriunda do próprio município de Sinop, mas se observou algumas provenientes de outras cidades da região, como Peixoto de Azevedo, Santa Carmen, Alta Floresta e Tabaporã (Figura 1). O propágulo que percorreu a maior distância foi a etnovarietade SP10 (*Amarela de fritar*) oriunda de Alta Floresta (300 km de Sinop). Entretanto, vale ressaltar que a etnovarietade SP17 (*Não Identificada III*), embora proveniente de Tabaporã, foi trazida do estado do Paraná, ou seja, uma maior distância comparada às demais localidades. Conforme mencionado por Oler (2017), a interação entre os agricultores é importante para que o fluxo de propágulos exista e se mantenha. Além de ser importante pelo conhecimento intrínseco, tanto nas propriedades estudadas, quanto em outras propriedades da região, e até mesmo de outros municípios.

Tabela 2 - Código, nome comum, origem e tempo de conservação das etnovarietades de mandioca encontradas na comunidade São Rafael, região periurbana do município de Sinop, MT.

Código	Nome comum	Origem	Tempo (Anos)
SP1	<i>Casca Roxa</i>	Fazenda São Cristóvão, Sinop, MT	5,5
SP2	<i>Mandioca Pão</i>	NI*	2
SP3	<i>Mandioca Amarela I</i>	NI*	2
SP4	<i>Roxa I</i>	Rio Preto, Sinop, MT	4,5
SP5	<i>Branquinha</i>	NI*	2
SP6	<i>Não identificada I</i>	Comunidade BR-80, Peixoto de Azevedo, MT	2,5
SP7	<i>Amarela II</i>	Santa Carmem, MT	8
SP8	<i>Não Identificada II</i>	PP**	-
SP9	<i>Mandioca Amarela II</i>	Gleba Mercedes, Sinop, MT	3
SP10	<i>Amarela de Fritar</i>	Alta Floresta, MT	6,5
SP11	<i>Mandioca Roxa Amarela</i>	Chácara Kaiser, Sinop, MT	1,5
SP12	<i>Roxa II</i>	Alto da Glória, Sinop, MT	2
SP13	<i>Pão legitima</i>	Chácara 84-A, Sinop, MT	4
SP14	<i>Branca (Santa Catarina)</i>	PP**	5
SP15	<i>Mandioca 60 dias</i>	Chácara Verde Vale, Sinop, MT	10
SP16	<i>Amarela (casca branca)</i>	NI*	5
SP17	<i>Não Identificada III</i>	Tabapurã, MT (Procedência anterior PR)	3

*NI - Não informado, **PP - Pertencia à propriedade.

Figura 1 - Localização geográfica da origem das mandiocas encontradas no estudo. A) Localização do estado de Mato Grosso no Brasil; B) Municípios de Sinop, Alta floresta, Peixoto de Azevedo, Santa Carmen, e Tabaporã, MT; o ponto preto representa localização da Comunidade São Rafael (localidade das coletas) no município de Sinop, MT.



O tempo que o produtor mantém as etnovarietades na propriedade variou de 1,5 à 10 anos, sendo a SP15 (*Mandioca de 60 dias*), a SP7 (*Amarela 2*) e a SP10 (*Amarela de fritar*) as mais antigas (Tabela 2). Nota-se que nos últimos dois anos, houve a introdução de novas etnovarietades, o que conseqüentemente aumentou a variabilidade do acervo. Possivelmente os agricultores estejam buscando novas opções para atender suas necessidades, visto que a introdução e a manutenção das variedades estão sempre relacionadas ao uso da espécie. Nesse contexto, Cardoso et al. (2014) pôde observar diferenças morfológicas nas características avaliadas para mandiocas do tipo indústria devido à alta variabilidade genética intraespecífica, ou seja, a ampliação do acervo

por novas introduções que leva a maior disponibilidade de variabilidade para uso.

A Tabela 1 apresenta os resultados das estimativas da diversidade genética. Os oito *primers* de *ISSR* amplificaram 57 *locus*, com uma média 7,12 bandas por *primer*, revelando um total de 80,7% de polimorfismo, com média de 5,75% fragmentos polimórficos. Silva et al. (2011), utilizando marcadores *ISSR*, avaliou a diversidade genética de cinco espécies e duas variedades de *Manihot* de diferentes procedências, os quais apresentaram 89,7% polimorfismo e 155 *locus* amplificados.

O Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) para cada marcador apresentou variação de 0,37 (UBC 808) a 0,73 (UBC 891), com média de 0,52. Os *primers* UBC 891, UBC 840 e UBC 807

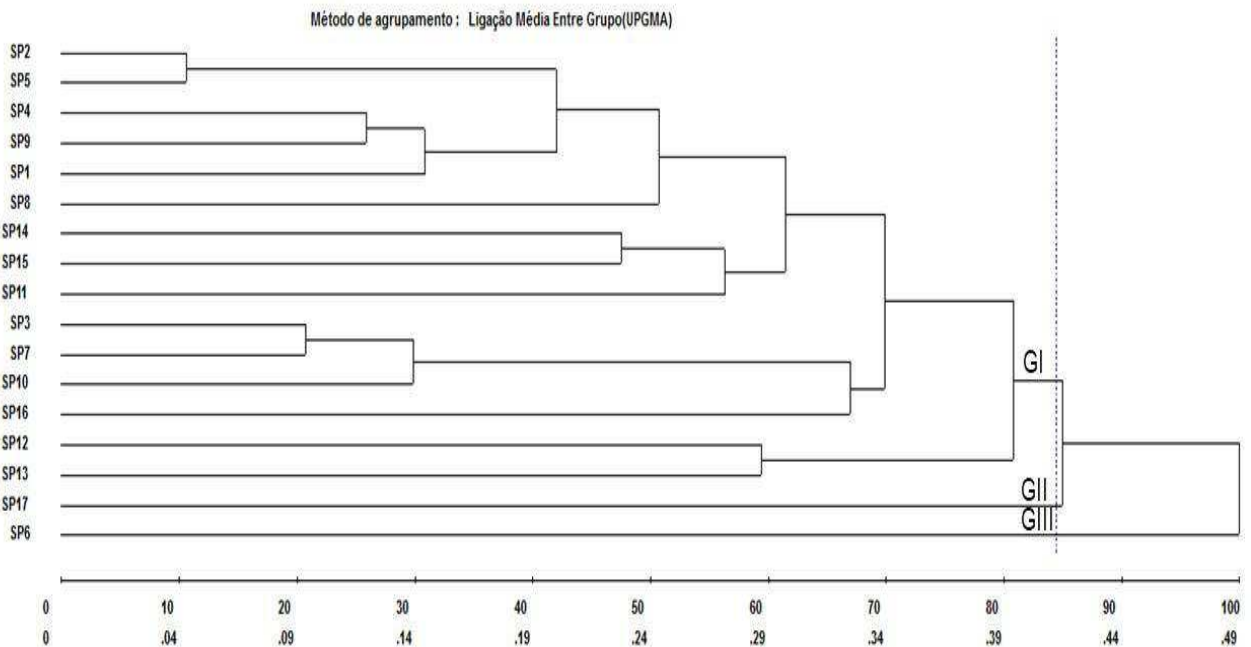
tiveram os maiores valores de PIC, 0,73; 0,70 e 0,56, respectivamente e, apresentaram *locos* mais informativos portanto são indicados para futuras pesquisas com a espécie. Tiago et al. (2016) encontrou valores de PIC que variaram entre 0,04 (UBC 888) a 0,61 (UBC 815), com média de 0,39, sendo que 80% dos *locos* analisados apresentaram PIC superior a 25%, o que revela alto poder discriminativo e a eficiência da técnica de ISSR-PCR em estudos da variabilidade genética em mandioca.

Outros resultados têm indicado a eficiência de ISSR em revelar a diversidade genética entre diferentes acessos de mandioca. Silva et al. (2011) relataram divergências genéticas intra e interespecíficas entre acessos de mandioca utilizando marcadores ISSR. Os marcadores ISSR também se mostraram eficientes para revelar diversidade genética entre etnovarietades de mandioca da região de Alta Floresta, MT

(Tiago et al., 2016). A variabilidade genética de plantas de mandioca micropropagadas também foi estimada utilizando marcadores ISSR (Vidal et al., 2015).

Ainda na Tabela 1, observa-se que os valores diversidade genética de Nei (1973) (HE) variaram de 0,2649 a 0,411 com média de 0,3486. Os índices de diversidade genética de Shannon's (I) variaram de 0,3675 a 0,5924 com média de 0,4870. Os valores de dissimilaridade genética encontrados variaram de 0,05 a 0,61. Os indivíduos menos dissimilares geneticamente foram SP2 (*Mandioca pão*) e SP5 (*Branquinha*), ambos pertencentes a mesma propriedade e com origem não informada (Figura 2). As etnovarietades mais dissimilares, segundo a matriz de dissimilaridade genética, foram SP6 (*Não identificada*) proveniente de Peixoto de Azevedo, e SP13 (*Pão legítima*) com origem de Sinop (Figura 2).

Figura 2 - Dendrograma obtido pelo coeficiente de Jaccard e agrupamento UPGMA, em 17 etnovarietades de mandioca com base em marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). Correlação cofenética (CCC) 0,88



Com relação aos agrupamentos das etnovarietades, o resultado obtido pelo método de agrupamento UPGMA com ponto de corte de 84,43%, de acordo com Mojena (1977), permitiu a formação de três grupos distintos (Figura 2).

Observa-se a partir do ponto de corte, que o grupo I (GI) agrupou praticamente todas as etnovarietades, exceto SP6 (*Não identificada*) e SP13 (*Pão legítima*). Apesar do grupo GI ser o mais numeroso e apresentar maior similaridade

entre os indivíduos, verifica-se que existe variabilidade genética dentro do grupo, uma vez que houve a formação de subgrupos dentro do grupo.

As etnovariedades SP2 (*Mandioca Pão*) e SP5 (*Branquinha*), presentes no GI, são as mais similares, formando um subgrupo, sendo ambas oriundas da Chácara Verde Vale. É possível que as variações tenham sido fruto da fecundação intrapopulacional, ou seja, cruzamentos e seleção dentro da própria roça do agricultor, gerando novos indivíduos. Na região de Sinop é comum o florescimento da mandioca, o que permite o cruzamento da espécie contribuindo como fator de ampliação de variabilidade genética. O florescimento associado à produção de sementes viáveis contribui para geração de variabilidade genética (Albuquerque, 2009). Ainda no G1, nota-se que as etnovariedades mais divergentes foram a SP6 (*Não identificada 1*) e SP13 (*Pão legítima*), tendo sido obtidas pelos agricultores há cerca de 2,5 e 4 anos, respectivamente.

A alta diversidade genética da mandioca pode ser atribuída a fatores como: a inclusão de novo germoplasma por meio da fecundação cruzada e dispersão das sementes, ligado ao manejo dos agricultores tradicionais que irão reconhecer, experimentar, selecionar e dispersar entre os agricultores mais próximos e até a longas distâncias por meio da circulação de propágulos (Emperaire, Peroni, 2007, Martins & Oliveira, 2009). Todos esses fatores são importantes na conservação de germoplasma e esse conhecimento pode ser utilizado em programas de melhoramento de plantas.

As etnovariedades SP17 (*Não identificada III*) e SP6 (*Não identificada I*) destacaram-se dentre as demais, permanecendo em grupos

únicos, grupo II (GII) e grupo III (GIII), respectivamente (Figura 2). Vale ressaltar que a etnovariedade SP17 (*Não identificada III*) encontrada em Tabaporã (197 Km de Sinop) é oriunda do Paraná, enquanto, a SP6 (*Não identificada I*) foi coletada na zona rural de Peixoto de Azevedo (280 Km de Sinop). A diferenciação da procedência foi identificada pelos marcadores, comprovando que os primers ISSR são eficazes em detectar a diferença entre indivíduos.

De acordo Kopp et al. (2007), utilizar a análise de correlação cofenética associada à análise de agrupamento, pode aumentar a confiabilidade das conclusões frente a interpretação dos dendrogramas. A correlação cofenética (CCC) de 0,88 encontrada foi satisfatória, visto que valores superiores a 0,7 representam uma boa relação entre a análise que compara as reais distâncias obtidas entre os acessos com as distâncias representadas graficamente (Cruz & Carneiro, 2003).

O resultado obtido pelo agrupamento de Tocher revelou a formação de quatro grupos (Tabela 3). O GI constituído pelas etnovariedades: SP1 (Casca roxa); SP2 (Mandioca Pão); SP3 (Mandioca Amarela I); SP4 (Roxa I); SP5 (Branquinha); SP7 (Amarela II); SP8 (Não identificada II); SP9 (Mandioca Amarela II); SP10 (Amarela de fritar); SP11 (Mandioca roxa amarela); SP14 (Branca Santa Catarina); SP15 (Mandioca 60 dias); SP16 (Amarela da casca branca). O GII com duas etnovariedades SP12 (Roxa II) e SP13 (Pão legítima), GIII e GIV alocaram apenas uma etnovariedade cada, SP17 (Não identificada III) e SP6 (Não identificada I), respectivamente

Tabela 3 - Agrupamento das 17 etnovariedades de mandioca pelo método Tocher, a partir da análise de divergência genética por meio de marcadores ISSR.

Grupos	Etnovariedades
I	SP1 SP2 SP3 SP4 SP5 SP7 SP8 SP9 SP10 SP11 SP14 SP15 SP16
II	SP12 SP13
III	SP17
IV	SP6

No método de agrupamento de Tocher é normal que o maior número de genótipos esteja no primeiro grupo e indivíduos agrupados isoladamente nos outros grupos, possibilitando a indentificação de indivíduos geneticamente dissimilares. O tipo de análise apresentado tem como base o objetivo de manter homogeneidade interna dos grupos e a heterogeneidade entre estes, ou seja, a maior quantidade de indivíduos em um determinado grupo, demonstra que eles apresentam maior similaridade genética, e os indivíduos dimensionados nos outros grupos revelam maior divergência em comparação àqueles que foram reunidos no primeiro grupo (Elias et al., 2007). Neste contexto, a etnoveriedade SP6 (*Não Identificada I*) foi a mais divergente entre todas avaliadas.

Os métodos de Tocher e UPGMA foram eficientes e corroboraram parcialmente na composição dos grupos. Ambos os métodos foram capazes de agrupar, por exemplo, as etnoveriedades de diferentes localidades em grupos distintos. As etnoveriedades SP17 (*Não Identificada III*) e SP6 (*Não Identificada I*) que se mantiveram em grupos isolados no método de agrupamento UPGMA, também formaram grupos isolados no método de Tocher.

Os resultados indicam que há diversidade genética entre as etnoveriedades de mandiocas mantidas nas propriedades dos agricultores que vivem na região periurbana do município de Sinop. A troca de propágulos é um dos fatores que contribuem para o aumento da variabilidade dos acervos. Segundo Oler (2017), o processo de troca de materiais entre os agricultores, faz com que o intercâmbio de propágulos oriundos de locais mais distantes geograficamente, acarretem também o maior grau de dissimilaridade. Sendo que a inclusão de propagulos seguidas da propagação clonal é importante no aumento da diversidade genética em variedades cultivadas (Alves-Perreira et al., 2017).

O florescimento da mandioca também contribui com o aumento da diversidade. Além do fator migratório, há questões relacionadas à dinâmica evolucionária da mandioca, conforme descrito em vários estudos (Elias et al., 2004), como a germinação espontânea de sementes, cruzamento ou autopolinização, resultando em grande sistema de diversidade genética em culturas de mandioca. É o caso demonstrado na Tabela 2. Duas etnoveriedades são oriundas da própria propriedade (PP), que na realidade podem ser frutos da dinâmica evolucionária da

espécie na própria roça; bem como as etnoveriedades SP2 (*Mandioca Pão*) e SP5 (*Branquinha*), presentes no GI, ambas provenientes da Chácara Verde Vale, demonstrando maior similaridade. Elias et al. (2004) concluíram que a recombinação e o fluxo gênico desempenham um papel importante na dinâmica da diversidade genética da mandioca em sistemas agrícolas tradicionais, o que corrobora com esta pesquisa.

A conservação *on farm* tem sido vista pelos melhoristas e curadores de banco de germoplasma como uma opção viável e factível, tanto pelo baixo custo, bem como por permitir a dinâmica evolucionária da espécie, o que tratando-se da mandioca possui ainda maior importância, pois tal dinâmica é influenciada pelo aspecto social e étnico em que se encontra. O cultivo da mandioca da região periurbana também deve ser considerada como funcional na dinâmica da conservação *on farm* da mandioca.

Conclusões

Há variabilidade genética no acervo das mandiocas mantidas por agricultores em torno da cidade de Sinop. A troca de propágulos entre os agricultores é um dos principais fatores que contribui para o aumento da diversidade genética. O florescimento e a conservação de etnoveriedades por longo tempo colaboram para a sua ampliação e manutenção nas roças. A agricultura periurbana deve ser considerada como espaço que contribui para a conservação dos recursos genéticos sob a influência evolutiva, social e cultural.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Fundo da Amazônia / Banco Nacional de Desenvolvimento Econômico e Social [BNDES], ao senhor Beno Kaiser da Secretaria de Agricultura de Sinop, Mato Grosso e aos agricultores da Comunidade São Rafael.

Referências

Afonso, S. D. J., Ledo, C.A.S., Moreira, R. F. C., Silva, S. O. V. Leal, D. J., & Conceição, A. L. S. (2014). Seleção de descritores em uma

características morfológicas consideradas em acessos de mandioca por meio de técnicas de análise multivariada. *Journal of Agricultura e Veterinária*, Índia 7 (1), 13-20.

Albuquerque, J. A. A., Sedyama, T., Silva, A. A., Sedyama, C.S., Alves, J. M. A., & A. Neto, F. (2009). Caracterização morfológica e agrônômica de clones de mandioca cultivados no Estado de Roraima. *Revista Brasileira Ciências Agrárias*, Pernambuco, 4 (4), 388-394.

Alves-Perreira, A., Cavallari, M., Lemes, M. R., Zucchi, M. I., Peroni, N., & Clement, C. R. (2017). High genetic diversity among and within bitter manioc varieties cultivated in different soil types in Central Amazonia. *Genetics and Molecular Biology*, 40 (2), 468- 479.

Camargo, V. A., Nunes, T. P., Amorozo, M. C. M., & Pizano, M. A. (2017). Caracterização do cultivo e conservação da agrobiodiversidade em lotes urbanos vagos em duas pequenas cidades no Estado de São Paulo. *Ethnoscintia*, (2) 23.

Cardoso, A. D., Viana, A. E. S., Muniz, F. W., Andrade, J.S., Moreira, G. L. P., & Cardoso, N. S. J. (2014). Avaliação de variedades de mandioca tipo indústria. *Magistra*, 26 (4), 456-466.

Carrasco, N. F., Oler, J. R. L., Marchetti, F. F., Carniello, M. A., Amorozo, M. C. M., Valle, T. L., & Veasey, E.A. (2016). Growing Cassava (*Manihot esculenta*) in Mato Grosso, Brazil: Genetic Diversity Conservation in Small-Scale Agriculture. *Economic Botany*, 70 (15), 15-28.

Cruz, C. D., & Carneiro, P. C. S. (2003). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas*. (585) Viçosa: UFV Editora.

Cruz, C. D. (2013). GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, 35 (3), 271-276.

Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12 (1), 13-15.
Emperaire, L., & Peroni, N. (2007). Traditional management of agrobiodiversity in Brazil: a case study of manioc. *Human Ecology*, 35 (6), 761-768.

Elias, M., Mühlen, G. S., Mckey, D., Roa, A. C., & Tohme, J. (2004). Genetic diversity of traditional South American landraces of cassava (*Manihot*

esculenta Crantz): an analysis using microsatellites. *Economic Botany* 58 (2), 242-256.

Elias, H. T., Vidigal, M. C. G., Gonela, A., & Vogt, G. A. (2007). Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão preto em Santa Catarina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42 (10), 1443-1449.

Fuhrmann, E., Vieira, E. A., Gelape, F. F., Fialho, J. F., & Carvalho, L. J. C. B. (2016). Caracterização morfológica de clones elite de mandioca de mesa amarelos biofortificados. *Magistra*, 28 (3), 427-438.

Gama, T. S. S., Lucas, F. C. A., & Lobato, G. J. M. (2015). Morfologia dos grãos de amido de cultivares de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) em Caxiuana, Pará, Brasil. *Scientia Amazonia*, 4 (3), 63-68.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2019). *Levantamento Sistemico de produção agrícola*. Recuperado em 27 maio, 2019, de <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>.

Kopp, M. M., Souza, V. Q., Coimbra, J. L. M., Luz, V. K., Marini, N., & Oliveira, A. C. (2007). Melhoria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendrogramas. *Revista da Faculdade Zootecnia, Veterinária e Agronomia*. Uruguiana, 14 (2), 46-53.

Martins, P. S., & Oliveira, G. C. X. (2009). *Dinâmica evolutiva em roças de caboclos amazônicos*. In: Vieira, I. C. G., Silva, J. M. C., Oren, D. C., & D'ilcao, M. A. *Diversidade Biológica e Cultural da Amazônia* (2 ed.) Belém: Museu Paraense Emílio Goeldi.

Mojena, R. (1977). Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. *The computer Journal*, 20, 359-363.

Mougeot, L. J. A. (2000). *Urban agriculture: definition, presence, potentials and risks*. In: Bakker, N., Dubbeling, M., Gündel, S., Sabel-Koschella, U., & Zeeuw, H. (Ed.). *Growing cities, growing food: urban agriculture on the policy agenda*. (1- 42) Feldafing: Deutsche Stiftung für Internationale Entwicklung.

Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the*

National Academy of Sciences, 70, 12.

Oler, J. R. L. (2017). *Etnobotânica e diversidade genética de mandioca (Manihot esculenta Crantz): a manutenção da agrobiodiversidade em comunidades tradicionais de Jangada, Mato Grosso, Brasil* (149f). Tese Doutorado, Universidade Estadual Paulista, São Paulo, SP, Brasil.

Oler, J. R. L., & Amorozo, M. C. M. (2017). Etnobotânica e conservação *on farm* de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala no estado de Mato Grosso, Brasil. *Revista Interações*, Campo Grande, MS, 18 (4), 137-153.

Olsen, K.M. (2004). SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. *Plant Molecular Biology*, 56, 517-526.

Ramu, P., Esuma, W., Kawuki, R., Rabbi, I. Y., Egesi, C., Bredeson, J. V., Bart, R. S., Verma, J., Buckler, E. S., & Lu, F. (2017). Cassava haplotype map highlights fixation of deleterious mutations during clonal propagation. *Nature Genet*, 49 (6), 959-963.

Salomão, A. N. (2010). *Manual de curadores de germoplasma – vegetal: glossário* (14 p). Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

Silva, K. V. P., Alves, A. A. C., Martins, M. I. G., Melo, C. A. F., & Carvalho, R. (2011). Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR. *Pesquisa agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, 46 (9), 1082-1088.

Silva, J. S. (2019). *Caracterização socioeconômica e estudo da valoração dos quintais rurais no município de Marituba PA* (78f). Dissertação de Mestrado, Universidade Federal de São Carlos, Araras, PB, Brasil.

Siqueira, M. V. B. M., Queiroz-Silva, J. R., Bressan, E.A., Borges, A. K. J. C., Pereira, P. J. G., & Veasey, E. A. (2009). Caracterização de variedades locais de mandioca (*Manihot esculenta*) no Brasil. *Genetics and Molecular Biology*, 32, 104-110.

Siqueira, M. V. B. M., Pinheiro, T. T., Borges, A., Valle, T. L., Zatarí, M., & Veasey, E. A. (2010). Microsatellite Polymorphisms in Cassava

Landraces from the Cerrado Biome, Mato Grosso do Sul, Brazil. *Biochemical Genetics*, 48, 879-895.

Souza, R. C. (2017). *Avaliação do potencial agrônomo de cultivares de mandioca oriundas do nordeste brasileiro* (44f). Dissertação Mestrado, Instituto Federal Goiano, Morrinhos, GO, Brasil.

Souza, G. F., Hoogerheide, E. S. S., Reis, J. C. R., Duarte, G. S. D., & Silva, J. F. V. (2016). Conservação *on farm* da mandioca: etnobotânica e aspectos socioeconômicos na comunidade Rio dos Couros, Cuiabá, MT. *Cadernos de Agroecologia*, 11 (1).

Tiago, A. V., Rossi, A. A. B., Tiago, P. V., Carpejani, A. A., Silva, B. M., Hoogerheide, E. S. S., & Yamashita, O. M. (2016). Genetic diversity in cassava landraces grown *on farms* in Alta Floresta-MT, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 15 (3).

Vidal, A. M., Vieira, L. J., Ferreira, C. F., Souza, F. V. D., Souza, A. S., & Ledo, C. A. S. (2015). Genetic fidelity and variability of micropropagated cassava plants (*Manihot esculenta* Crantz) evaluated using ISSR markers. *Genetics and molecular research*, 14 (3) 7759-7770.

Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., & Livak, K. J. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetics markers. *Nucleic Acids Research*, 18, 6531- 6535.

Yeh, F. C., Yang, R., & Boyle, T. (1999). *POPGENE. Microsoft Windowbased freeware for population genetic analysis: manual* (29p) (Version 1.3) [Software]. Edmonton: University of Alberta.

Zago, B. W., Barelli, M. A. A., Hoogerheide, E. S. S., Corrêa, C. L., Delforno, G. I. S., & Da Silva, C. J. (2017). Morphological diversity of cassava accessions of the south-central mesoregion of the State of Mato Grosso, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 16 (3).

Recebido em: 07/06/2019
Aceito em: 17/06/2019