

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO OESTE DO PARANÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

JONAS FRANCISCO EGEWARTH

Diversidade genética entre cultivares de Mandioca da Região Oeste do Paraná

Marechal Cândido Rondon

2014

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO OESTE DO PARANÁ

CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

JONAS FRANCISCO EGEWARTH

**Diversidade genética entre cultivares de Mandioca da Região Oeste do Paraná**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Estadual do Oeste do Paraná para obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Produção Vegetal

Orientador: Professor Dr. Edmar Soares De Vasconcelos

Co-Orientadora Professora Dr<sup>a</sup> Márcia de Moraes Echer

Marechal Cândido Rondon

2014

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)  
(Biblioteca da UNIOESTE – Campus de Marechal Cândido Rondon – PR.,  
Brasil)

Egwarth, Jonas Francisco
E29d      Diversidade genética entre cultivares de mandioca da Região Oeste do Paraná / Jonas Francisco Egwarth. - Marechal Cândido Rondon, 2014. 42 p.
Orientador: Prof. Dr. Edmar Soares de Vasconcelos Coorientadora: Prof <sup>a</sup> Dr <sup>a</sup> Márcia de Moraes Echer
Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Campus de Marechal Cândido Rondon, 2014.
1. Mandioca. 2. Mandioca - Genética. I. Universidade Estadual do Oeste do Paraná. II. Título.
CDD 21.ed. 633.682 CIP-NBR 12899

Ficha catalográfica elaborado por Marcia Elisa Sbaraini Leitzke CRB-9/539

## **Agradecimentos**

Aos meus familiares pela ajuda, apoio e compreensão. À Universidade Estadual do Oeste do Paraná e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia (PPGA), pela oportunidade de realização do Mestrado. Ao meu Orientador Professor Dr. Edmar Soares de Vasconcelos, e a minha co-orientadora Professora Dr<sup>a</sup>. Márcia de Moraes Echer, pela amizade, orientação, paciência, confiança e credibilidade em mim depositado.

Aos membros componentes da banca examinadora, pela avaliação do trabalho, orientação, sugestões e contribuições fornecidas. Aos colegas de mestrado e doutorado pela convivência e amizade, especialmente a Jeferson Tiago Piano pelo companheirismo, apoio e incentivo.

A todos os professores do Programa de Pós Graduação em Agronomia (PPGA) da UNIOESTE, Campus de Marechal Candido Rondon, pelos ensinamentos transmitidos.

E a todos aqueles que não foram citados, mas que direta ou indiretamente contribuíram na realização desse trabalho.

## Diversidade genética entre cultivares de Mandioca da Região Oeste do Paraná

### Resumo

O presente trabalho foi conduzido para avaliar a diversidade genética através de características morfológicas quantitativas e qualitativas em cultivares de mandioca utilizadas por agricultores da região Oeste do Estado do Paraná. Para tanto foram coletados 24 genótipos de mandioca, sendo os mesmos submetidos a um ensaio experimental conduzido no município de Marechal Cândido Rondon, no ano agrícola 2012/2013. O ensaio de campo foi implantado seguindo o delineamento de blocos ao acaso com três repetições em área situada a 24° 33' de latitude Sul e 54° 31' de longitude Oeste, tendo altitude média de 420 m. A avaliação da diversidade genética foi realizada com os caracteres qualitativos (21 descritores) e depois com os quantitativos (9 descritores). Após a tabulação dos dados realizou-se a obtenção da matriz de distância euclidiana para as características qualitativas e de Mahalanobis para os quantitativos e, em seguida, realizou-se o agrupamento dos genótipos pelos métodos de Tocher, UPGMA e Vizinho mais próximo para cada matriz de distância, com os dados das características qualitativas também empregou-se o método de Otimização de Tocher. Pelas características qualitativas se verificou que os genótipos de Fécula Branca 6, Cascuda 3 e Baianinha 2 foram diferentes dos demais genótipos de suas variedades, existindo variabilidade dentre os exemplares destas variedades ou ainda, estes não correspondem a exemplares de suas respectivas variedades. Os genótipos Vermelha Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para as características qualitativas avaliadas, não sendo pertencentes ao mesmo material genético. Com os dados das características quantitativas se verificou que o genótipo de Fécula Branca 3, foi diferente dos demais genótipos de mesma nomenclatura. Os demais genótipos de fécula branca se apresentaram no mesmo grupo, juntamente aos genótipos de cascuda. Os genótipos Vermelha Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para o conjunto de características avaliadas. O genótipo Baianinha 1 foi diferente dos genótipos Baianinha 2 e 3, evidenciando a existência de variação entre os mesmos para as características avaliadas.

Palavras-Chave: Agrupamento, estatística multivariada, distancia euclidiana média, distancia de MAHALANOBIS, *Manihot esculenta*.

## **Morphological and genetic diversity among cultivars of cassava Western Paraná**

The present study was conducted to evaluate the genetic diversity through quantitative and qualitative morphological characteristics in cassava cultivars used by farmers in western region of Paraná State. For both 24 cassava genotypes were collected, and they are subjected to experimental testing conducted in the municipality of Marechal Cândido Rondon in the agricultural year 2012/2013. The field trial was implemented following the randomized complete block design with three replications in area situated 24° 33' south latitude and 54° 31' west longitude, and altitude of 420 m. The genetic diversity was performed with the qualitative characters (21 descriptors) and then quantitative (9 descriptors). After tabulating the data was performed obtaining the Euclidean distance matrix for the qualitative and quantitative characteristics for the Mahalanobis and then made up the clustering structure by Tocher methods, UPGMA and nearest neighbor for each array away, with the data quality characteristics also employed the method of Tocher optimization. For qualitative characteristics was found that genotypes Fécula Branca, Cascuda 6, Baianinha 2 and 3 were different from other genotypes of their varieties, existing variability among these varieties or specimens, these examples do not correspond to their respective manifolds. Genotypes Vermelha Uma Rama 1 and 2 were split in all methods, demonstrating that they have inter-variability, evaluated for quality characteristics, not being from the same genetic material. With the data of quantitative traits was found that the genotype of Fécula Branca 3 was different from the other genotypes of the same nomenclature. The other genotypes fécula branca presented in the same group, along with the genotypes of husky. Genotypes Vermelha Uma Rama 1 and 2 were split in all methods, demonstrating that they possess variability among themselves, the set of traits. The Baianinha 1 genotype was different from Baianinha genotypes 2 and 3, showing the existence of variation between them for traits.

**Keywords:** Clustering, multivariate statistics, mean Euclidean distance, Mahalanobis distance, *Manihot esculenta*.

## Lista de Figuras

Figura 1. Dendograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do UPGMA, com base na dissimilaridade Euclidiana média estimada a partir de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.....	<u>2423</u>
Figura 2. Dendograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do "Vizinho mais próximo", com base na dissimilaridade Euclidiana média estimada a partir de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.....	<u>2524</u>
Figura 3. Dendograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do UPGMA, com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e estimada a partir de nove características morfo - agronômicas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.....	<u>3736</u>
Figura 4. Dendograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do "Vizinho mais próximo", com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e estimada a partir de nove características morfo - agronômicas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.....	<u>3837</u>

## Lista de tabelas

Tabela 1: Designação dos 24 genótipos de mandioca coletados na Região Oeste do Paraná no ano de 2012, e as finalidades em que os mesmos estavam sendo empregados.....	<u>1918</u>
Tabela 2: Resultado do agrupamento gerado pelo método de Tocher original com base na dissimilaridade euclidiana média entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.....	<u>2120</u>
Tabela 3: Resultado do agrupamento gerado pelo método de Tocher Sequencial com base na dissimilaridade Euclidiana média entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.....	<u>2221</u>
Tabela 4: Designação dos 24 genótipos de mandioca coletados na Região Oeste do Paraná no ano de 2012, e as finalidade em que os mesmos estavam sendo empregados. ....	<u>3332</u>
Tabela 5: Representação do agrupamento gerado pelo método de Tocher original com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e média entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de 9 características morfo - agronômicas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013. ....	<u>3534</u>
Tabela 6: Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de Tocher com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de nove características morfo-agronômicas, Marechal Candido Rondon– PR, 2013. ....	<u>3635</u>

## 1 Sumário

Diversidade genética entre cultivares de Mandioca da Região Oeste do Paraná.....	1
Capitulo 1 .....	<u>109</u>
1.1 Introdução .....	<u>109</u>
1.2 Revisão Bibliográfica. ....	<u>1140</u>
1.2.1 Mandioca .....	<u>1140</u>
1.2.2 Características morfológicas da mandioca para diferenciação de genótipos. ....	<u>1244</u>
1.2.3 Diversidade genética da mandioca. ....	<u>1244</u>
1.3 Referências bibliográficas.....	<u>1342</u>
Capitulo 2 Diversidade genética de características morfológicas qualitativas de cultivares de Mandioca .....	<u>1645</u>
2.1 Introdução .....	<u>1746</u>
2.2 Material e Métodos .....	<u>1847</u>
2.3 Resultados e Discussão.....	<u>2049</u>
2.4 Conclusões .....	<u>2726</u>
2.5 Agradecimento.....	<u>2726</u>
2.6 Referencias.....	<u>2726</u>
Capitulo 3 Diversidade genética de características quantitativas de cultivares de Mandioca da região oeste do Paraná .....	<u>3029</u>
3.1 Introdução .....	<u>3130</u>
3.2 Material e métodos.....	<u>3231</u>
3.3 Resultados e discussões .....	<u>3534</u>
3.4 Conclusão.....	<u>4039</u>
3.5 Agradecimentos .....	<u>4140</u>
3.6 Referencias.....	<u>4140</u>

## Capítulo 1

### 1.1 Introdução

A cultura da mandioca tem grande contribuição social, constituindo uma das mais importantes fontes de carboidratos nas regiões tropicais, sendo a mesma utilizada por cerca de 500 milhões de pessoas (FUKUDA et al., 2005). Marcon et al. (2007) afirma que a grande contribuição da mandioca reside, principalmente, na alimentação das populações de baixa renda, em que mais de 700 milhões de pessoas recebem de 200 a 1.000 calorias diárias fornecidas por esta cultura.

Estima-se que a produção brasileira de raízes de mandioca seja de 21,2 milhões de toneladas para 2013, cerca de 9,4% inferior a de 2012. Também que a área plantada seja 14,3% menor em 2013 em relação a 2012, e assim, que a área colhida tenha sido 11% menor. Um fato que influenciou nestes números é a longa estiagem na região nordeste (IBGE 2013).

Vilpoux (2008) cita que no Brasil os principais estados produtores de fécula com capacidade de comercialização nacional e internacional são os estados do Paraná, São Paulo e Mato Grosso do Sul. Ocorre ainda aumento da demanda, por parte dos agricultores, de variedades para fins industriais, principalmente no Cerrado, onde existe crescente desenvolvimento industrial de fecularias.

Para Lara et al. (2008) a domesticação ocorreu juntamente com os povos antigos, sendo domesticada através de práticas de seleção, com grande variedade de técnicas e considerando variados usos por diferentes povos. Associado a isso ainda convém ressaltar a Alogamia da espécie, gerando e mantendo grande diversidade genética, condição que possibilita a presença inúmeros indivíduos com capacidade de adaptar-se a diversas regiões do mundo (FUKUDA et al. 2002).

Segundo Nick et al. (2010) é de grande importância a diversidade genética, sendo que dela depende o sucesso do programa de melhoramento genético, uma vez que a mesma é baseada na variabilidade para o caráter que se deseja melhorar. O autor também cita a importância do pré-melhoramento, pois neste momento se verifica e quantifica os recursos genéticos disponíveis por meio da expressão fenotípica, interferindo na presença e magnitude da diversidade.

## 1.2 Revisão Bibliográfica.

### 1.2.1 Mandioca

A mandioca, *Manihot esculenta* Crantz, é uma planta eudicotiledônea pertencente à família Euphorbiaceae, sendo a mais antiga planta cultivada no Brasil. A família Euphorbiaceae é composta por mais de 1700 espécies, distribuídas em todas as regiões tropicais e subtropicais do mundo (ALLEM, 2002).

No gênero *Manihot* já foram identificadas cerca de 98 espécies. A *Manihot esculenta* Crantz é a única espécie desse gênero cultivada comercialmente para a produção de raízes comestíveis (FARIAS et al, 2006).

Segundo Vilpoux (2008) a mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem origem no continente americano, mais especificamente na região amazônica, tendo como centro de diversidade o Brasil. O autor também cita que o continente americano é o terceiro produtor de mandioca, sendo a África a maior produtora e a Ásia o segundo maior produtor.

Lara et al. (2008) diz que a propagação da mandioca geralmente ocorre por partes vegetativas, mas também é possível obter sementes botânicas viáveis, sendo estas fontes precursoras da variabilidade genéticas para programas de melhoramento, que geram cultivares adaptadas a diversas condições ambientais, produtivos e com resistência a pragas e doenças.

A mandioca é uma espécie monóica. As flores femininas, do mesmo cacho, sofrem a antese 10 dias antes das masculinas, desta forma, tanto a autofecundação como os cruzamentos ocorrem naturalmente. O fruto da mandioca é trilocado e deiscente. A formação de raízes quando cultivada a partir de sementes ocorre de forma diferenciada dificultando a colheita (MARTIN, 1976).

Lara et al. (2008) afirma que a mandioca é uma espécie tipicamente alógoma, mas, em um programa de melhoramento apresenta uma grande variabilidade reprodutiva, podendo ter 100% de autofecundação até mesmo atingir 100% de fecundação cruzada.

Nassar (2000), estudando a citogenética de grupos taxonômicos da espécie *Manihot* descreveu que a mandioca é uma espécie diplóide ( $2n=36$ ), apresenta meiose regular, os retrocruzamentos possuem alta fertilidade e há divergências sobre o grau/estado de ploidia da espécie.

Para Borém (2005), as características agrônomicas da cultura da mandioca são de natureza complexa e geralmente com efeitos aditivos, sendo maior o tempo para sua fixação. A mandioca possui ampla adaptabilidade a diferentes ambientes, sendo que apresenta alta

interação genótipo ambiente, ou seja, cada cultivar apresenta diferentes respostas aos diferentes ambientes aos quais são submetidas (LARA et al. 2008).

### **1.2.2 Características morfológicas da mandioca para diferenciação de genótipos.**

Existe falta de dados botânicos sobre diversas “variedades” de mandioca brasileira, esta escassez reforça a necessidade de avaliação de dados morfológicos em ensaios experimentais, visando diferenciar genótipos da cultura da mandioca (ALBUQUERQUE, 2009). E também uso agrícola da mandioca no Brasil é de predominantemente de subsistência, é responsável por este fator a sua grande variabilidade genética, sendo assim comum a ocorrência de problemas na sua nomenclatura (ZUIN et al., 2009).

Vendramini et al. (2011) em uso de descritores morfológicos e pelo método de UPGMA conseguiu identificar variabilidade genética. O autor separa os descritores morfológicos em quatro grupos, mínimos, principais, secundários e agronômicos, as análises usando todos os descritores morfo-agronômicos citados apresentou melhores resultados, mas os três últimos grupos foram os mais promissores, passíveis de ser usado em um programa de melhoramento.

A maioria dos caracteres de interesse agronômicos é controlado por vários genes, o que torna o melhoramento muitas vezes complexo e demorado. A mandioca é utilizada sob as mais diferentes formas, assim além do potencial de rendimento de raízes, os objetivos específicos do melhoramento da cultura variam em função de sua finalidade de exploração, que pode ser para indústria, consumo "in natura" e alimentação animal (FARIAS et al., 2006).

Os objetivos de um programa de melhoramento genético com mandioca são estabelecidos em função das demandas de produção, processamento e mercado, sendo específicos para cada país ou região, porém para muitos são comuns principalmente no que se refere ao incremento de produtividade e a resistência a pragas e doenças. Porém os objetivos devem ser dinâmicos e modificados quando necessário, dentro de um contexto que envolve a expansão da área cultivada, diversificação do produto final e as oportunidades de mercados alternativos (FUKUDA, 1994).

### **1.2.3 Diversidade genética da mandioca.**

A grande variabilidade genética encontrada nas roças de etnovarietades, na região amazônica, apresenta características favoráveis para o estudo de diversidade genética (FARALDO et. al. 2000), segundo o autor se faz necessária a conservação deste material para

uso em programas de melhoramento genético. A diversidade genética da mandioca tem sido expressa em termos de variedades, cultivadas em cerca de 7000 acessos espalhados pelo mundo, e em sua maioria mantidas por agricultores tradicionais (HERSHEY, 1994).

A diversidade genética encontrada nos germoplasmas de *Manihot*, para vários caracteres, justifica a busca de genes relacionados com resistência a fatores abióticos e bióticos, os quais podem ser utilizados em programas de melhoramentos de mandioca (BORÉM, A. 2005).

Para Albuquerque et al. (2009) um dos fenômenos que mais contribui para a diversidade genética da mandioca é o florescimento associado à produção de sementes viáveis, sendo cultivados vários tipos segregantes, principalmente por populações indígenas na Amazônia, isso origina variações morfológicas, as quais são selecionadas e multiplicadas para dar origem a novos cultivares.

IITA (2005) relata que altos índices de produtividades foram obtidos no Quênia para quatro genótipos dentre 400 analisados, as quatro genótipos apresentaram produção acima de 100 t/ha, com potencial produtivo de 150 t/ha. Já no Brasil a baixa produtividade de raízes é decorrente do uso de cultivares com baixo potencial produtivo, sendo que em condições de pesquisa a cultura da mandioca possui capacidade produtiva de 90 t/ha (FUKUDA et al., 1996).

Segundo Vieira et al. (2008), as características quantitativas, como produtividade, dentre as fenotípicas utilizadas, são as que mais sofrem efeito ambiental, mas vem sendo empregadas nas técnicas de análises multivariadas de quantificação da diversidade genética. Sendo que estas características são importantes, pois refletem o real potencial produtivo, fundamentais em acessos para melhoramento genético e também na diferenciação das variedades dentro do processo produtivo. Por sua vez os caracteres qualitativos também tem sua importância, sendo de fácil aferição e de menor oscilação ambiental.

### **1.3 Referências bibliográficas.**

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**. v.4, n.4, p.388-394, 2009.

BORÉM, A. 2005. **Melhoramento de Plantas**. Editora UFV. Viçosa. 525p.

FARALDO M. I. F.; SILVAR. M.; ANDOÁ.; MARTINS P. S. Variabilidade genética de etnovariedades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **ScientiaAgricola**, v.57, n.3, p.499-505, 2000.

FARIAS, A. B. N.; SOUZA, L. S.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos Socioeconômicos e Agronômicos da Mandioca**. 1ed. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006.

FUKUDA, W.M.G.; COSTA, I.R.S.; SILVA, A.S. **Manejo e Conservação de Recursos Genéticos de Mandioca** (*Manihotesculenta*Crantz) na Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. Cruz das Almas, Bahia EMBRAPA. 2005.

FUKUDA, W. M. G.; SILVA, S.O.E. **Melhoramento de mandioca no Brasil** 2002. p. 242-257.

FUKUDA, W. M. G. **Prioridades futuras de um programa de melhoramento de mandioca**. In: IGLESIAS, C. Memorias de La Tercera Reunion Panamericana de Fitomejoradores de Yuca. Ciat, Cali, Colombia. 261-269, 1994.

IBGE. Em agosto, IBGE prevê safra 15,7% maior que a de 2012. Disponível em: <http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias?view=noticia&id=1&idnoticia=2465&busca=1&t=agosto-ibge-preve-safra-15-7-maior-que-2012>. Acesso em: 19 setembro 2013.

IITA. **Cassava productivity in the lowland and mid-altitude agroecologies of sub-Saharan Africa**. <http://www.iita.org/research/annrpt/projann14.pdf>. 22 maio. 2012.

HERSHEY, C.H. **Manihot genetic diversity**. In: **International network for cassava genetic resources**. InternationalCrop Network Series (IPGRI), v.10, p.111-134, 1994.

LARA, A. C. C.; BICUDO S. J.; BRACHTVOGEL E. L.; ABREU M. L.; CURCELLI F. Melhoramento genético da cultura da mandioca (*Manihot esculenta Crantz*). **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 4, p.55-65, 2008.

MANTOVANI, A. L. B. **Manejo da Agrobiodiversidade por pequenos agricultores do Agreste da Paraíba: O caso da mandioca (*Manihot esculenta Crantz* – EUPHORBIACEAE)**. 2009. 63p. Dissertação de Mestrado em Desenvolvimento e Meio Ambiente. Universidade Federal da Paraíba. João Pessoa.

MARTIN, F.W. Cytogenetics and plant breeding of cassava. **Plant Breeding Abstracts**. Cambridge, v.46, p. 909-912, 1976.

NASSAR, N. M. A. Cassava: some ecological and physiological aspects related to plant breeding. **Gene Conserve**, Brasília, n. 13, p. 229-245, 2004.

NASSAR, N. M. A. **Cytogenetics and evolution of Cassava (*Manihot esculenta* Crantz).** Genetic and Molecular Biology, U.S.A, v. 23, n. 4, p. 1003-1014, 2000.

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, 2010.

OLIVEIRA, M. M. **Diversidade genética em espécies silvestres e híbridos interespecíficos de *Manihot* (Euphorbiaceae - Magnoliophyta).** 2011. 86p. Dissertação de Mestrado em Ciências Agrárias – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

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

VIEIRA, E. A.; FREITAS FIALHO J.; 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**, v. 43, n. 12, p. 1707-1715, 2008.

VILPOUX, O.F. **Competitividade da mandioca no Brasil, como matéria prima para amido.** Informações Econômicas, v.38, p.27-38, 2008. Disponível em: <<ftp://ftp.sp.gov.br/ftpiea/publicacoes/tec3-1108.pdf>>. Acesso em: 3 de Maio. 2012.

## Capítulo 2

### **Diversidade genética de características morfológicas qualitativas de cultivares de Mandioca**

#### **Resumo**

O trabalho foi conduzido para avaliar a diversidade genética através de características morfológicas qualitativas em cultivares de mandiocas utilizadas por agricultores da região Oeste do Estado do Paraná. Para tanto foram coletados 24 genótipos de mandioca, sendo os mesmos submetidos a um ensaio experimental conduzido no município de Marechal Cândido Rondon, no ano agrícola 2012/2013. O ensaio de campo foi implantado seguindo o delineamento de blocos ao acaso com três repetições em área situada a 24° 33' de latitude Sul e 54° 31' de longitude Oeste, tendo altitude média de 420 m. Para a avaliação da diversidade genética foram quantificados 21 descritores morfológicos qualitativos da parte aérea das plantas. Após a tabulação dos dados realizou-se a obtenção da matriz de distância euclidiana e, em seguida, o agrupamento dos genótipos pelos métodos de Tocher original, Otimização de Tocher, UPGMA e Vizinho mais próximo. Os genótipos de Fécula Branca 6, Cascuda 3 e Baianinha 2 foram diferentes dos demais genótipos de suas variedades, existindo variabilidade dentro os exemplares das mesmas ou ainda, estes não correspondem a exemplares de suas respectivas variedades. Os genótipos Vermelha de Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para as características qualitativas avaliadas, não sendo pertencentes ao mesmo material genético.

Palavras-Chave: Agrupamento, estatística multivariada, distancia euclidiana média, *Manihot esculenta*.

#### **Genetic diversity of qualitative morphological characteristics of Cassava cultivars**

The study was conducted to evaluate the genetic diversity through qualitative morphological characteristics in cassava cultivars used by farmers in western region of Paraná State. For both 24 cassava genotypes were collected, and they are subjected to experimental testing conducted in the municipality of Marechal Cândido Rondon in the agricultural year 2012/2013. The field trial was implemented following the randomized complete block design with three replications in area situated 24 33 ' south latitude and 54 31' west longitude, and altitude of 420 m. For assessing the genetic diversity 21 qualitative morphological descriptors

of the shoots were quantified. After tabulating the data was performed obtaining the Euclidean distance matrix and then the clustering structure by Tocher original methods, optimization Tocher, UPGMA and nearest neighbor. Genotypes Fécula Branca 6, Cascuda 3 and Baianinha 2 were different from the other genotypes of its varieties, existing variability among copies of the same or even these do not correspond to copies of their respective varieties. The genotypes Vermelha de Uma Rama 1 and 2 were split in all methods, demonstrating that they have inter-variability, evaluated for quality characteristics, not being from the same genetic material.

Key words : Clustering, multivariate statistics, Mean Euclidean Distance, *Manihot esculenta*.

## 2.1 Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) pertencente à família Euphorbiaceae, apresenta elevada variabilidade genética possibilitando seu cultivo em diferentes regiões brasileiras, para os fins mais diversos. Esta cultura pode ser considerada tanto de subsistência para muitas comunidades, quanto no cultivo para o processamento industrial, produção de fécula e farinha (FERREIRA, 2008; VIEIRA et al., 2008).

A domesticação da mandioca ocorreu cerca de seis mil anos na região amazônica, sendo utilizada suas raízes tuberosas, ricas em amido, para alimentação por povos pré-colombianos (OLSEN, 2004). Para Lara et al. (2008) a domesticação ocorreu juntamente com os povos antigos, acontecendo através de práticas de seleção, com grande variedade de técnicas e considerando variados usos por diferentes povos. Associado a isso ainda convém ressaltar a alogamia da espécie, gerando e mantendo grande diversidade genética, condição que possibilita a presença inúmeros indivíduos com capacidade de adaptar-se a diversas regiões do mundo (FUKUDA et al., 2002).

Segundo Nick et al. (2010) é de grande importância a diversidade genética, sendo que dela depende o sucesso do programa de melhoramento genético, e ainda que este é baseado na variabilidade para o caráter que se deseja melhorar. Os autores também citam a importância do pré-melhoramento, pois é nesse momento que se verifica e quantifica os recursos genéticos disponíveis, através da expressão fenotípica, a qual interfere na presença e magnitude da diversidade.

Vieira et al. (2008), citam que há elevada associação entre as distâncias genéticas estimadas por meio de marcadores moleculares e caracteres qualitativos, e moderada associação com a divergência estimada por meio de caracteres quantitativos. Também

vale salientar que caracteres qualitativos são de grande importância, pois são de fácil aferição e sofrem pouco efeito ambiental e também representam o real potencial de produção da cultura (VIEIRA et al., 2008).

Mas por outro lado existe falta de dados botânicos sobre diversas “variedades” de mandioca brasileira, esta escassez reforça a necessidade de avaliação de dados morfológicos em ensaios experimentais, visando diferenciar genótipos da cultura da mandioca (ALBUQUERQUE et al., 2009).

Assim o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética através de características morfológicas qualitativas, quantificadas em cultivares de mandioca, utilizadas por agricultores da região Oeste do Estado do Paraná.

## **2.2 Material e Métodos**

O estudo foi desenvolvido em condições de campo no município de Marechal Cândido Rondon, no ano agrícola 2012/2013. O ensaio foi implantado em área situada a 24° 33' de latitude Sul e 54° 31' de longitude Oeste, tendo altitude média de 420 m. Sendo esta área experimental pertencente à Universidade Estadual do Oeste Paraná - *Campus* Marechal Cândido Rondon. O solo do local é classificado como LATOSSOLO VERMELHO EUTROFÉRICO (LVef) (EMBRAPA, 2006). As temperaturas médias do trimestre mais frio variam entre 17 e 18 °C, do trimestre mais quente entre 28 e 29 °C (CAVIGLIONE et al., 2000).

As manivas de 24 clones (Tabela 1), utilizadas para a implantação do experimento foram coletadas na região Oeste do Estado do Paraná, em propriedades rurais. Os clones foram implantados em campo seguindo o delineamento experimental de blocos ao acaso em três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de quatro linhas de 5,0 m de comprimento, tendo 0,9 m entre as linhas e 0,5 m entre plantas. A área útil da parcela foi obtida eliminando uma linha de cada lado e 0,5 m nas extremidades da parcela. A adubação e os tratamentos culturais foram realizados conforme recomendação da EMBRAPA (2003) e no caso de controle de plantas daninhas, o mesmo foi feito por capina manual sempre que necessário.

A metodologia para caracterização morfológica dos genótipos foi realizada conforme Fukuda e Guevara (1998), sendo avaliadas somente as características da parte aérea, correspondendo a 21 descritores morfológicos, todos de características qualitativas e estas foram avaliadas entre oito a dez meses de idade das plantas.

**Tabela 1:** Designação dos 24 genótipos de mandioca coletados na Região Oeste do Paraná no ano de 2012, e as finalidades em que os mesmos estavam sendo empregados.

Coleta	Genótipos	Finalidade	Coleta	Genótipos	Finalidade
1	Cascuda 7	Indústria	13	Fécula Branca 4	Indústria
2	Fécula Branca 5	Indústria	14	Fécula Branca 2	Indústria
3	Baianinha 2	Indústria	15	Consumo 2	Alimentação
4	Cascuda 5	Indústria	16	Consumo 1	Alimentação
5	Cascuda 2	Indústria	17	Cascuda 4	Indústria
6	Cascuda 1	Indústria	18	Cascuda 3	Indústria
7	Santa Catariana	Alimentação	19	Fécula Branca 6	Indústria
8	Fécula Branca 3	Indústria	20	Catofla Manihot	Alimentação
9	Consumo 4	Indústria	21	Cascuda 6	Indústria
10	Consumo 3	Alimentação	22	Vermelha Uma Rama 1	Indústria
11	Fécula Branca 1	Indústria	23	Baianinha 1	Indústria
12	Vermelha Uma Rama 2	Indústria	24	Baianinha 3	Indústria

Para descrever as características qualitativas se utilizou uma escala de notas para cada uma, conforme descrito abaixo:

Caracteres:

- Cor da Folha Apical: 3- verde claro; 5- verde escuro; 7- verde arroxeadado; 9- roxo.
- Pubescência do broto apical: 0- ausente; 1- presente.
- Forma do lóbulo central: 1- ovóide; 2- elíptica – lanceolada; 3- Obovada-lanceolada; 4- Oblongo-lanceolada; 5- lanceolada; 6- reta ou linear; 7- pandurada; 8- linear-piramidal; 9- Linear-pandurada; 10- linear-hostatilobada.
- Cor do pecíolo: 1- verde amarelado; 2- verde; 3- verde avermelhado; 5- vermelho Esverdeado; 7- vermelho; 9- roxo.
- Cor do córtex do caule: 1- amarelo; 2- verde claro; 3- verde escuro.
- Cor externa do caule: 3- laranja; 4- verde amarelado; 5- dourado; 6- marrom claro; 7- prateado; 8- cinza; 9- marrom escuro.
- Forma da filotaxia: 3- curto ( $\leq 8$  cm); 5- médio de (8-15 cm); 7- longo ( $\geq 15$  cm).
- Floração: 0- ausente; 1- presente.
- Cor da folha desenvolvida: 3- verde claro; 5- verde escuro; 7- verde arroxeadado; 9- roxo.

- Número de lóbulos: 1- três lóbulos; 3- cinco lóbulos; 5- sete lóbulos; 7- nove lóbulos; 9- onze lóbulos.
- Cor da epiderme do caule: 1- creme; 2- marrom claro; 3- marrom escuro; 4- laranja.
- Hábito de crescimento de caule: 1- reto; 2- zig-zag.
- Cor dos ramos terminais nas plantas adultas: 3- verde; 5- verde arroxeadado; 7- roxo.
- Cor da nervura: 3- verde; 5- verde com vermelho em menos da metade do lóbulo; 7- verde com vermelho em mais da metade do lóbulo; 9- toda vermelha.
- Posição do pecíolo: 1- inclinado para cima; 3- horizontal; 5- inclinado para baixo; 7- irregular.
- Forma da proeminência das cicatrizes foliares: 3- sem proeminência; 5- proeminente.
- Comprimento das estípulas: 3- curtas; 5- longas.
- Margem das estípulas: 1- laciniada; 2- inteira.
- Hábito de ramificação: 1- ereto; 2- dicotômico; 3- tricotômico; 4- tetracotômico.
- Sinuosidade do lóbulo foliar: 3- liso; 7- sinuoso.
- Tipo de planta: 1- compacta; 2- aberta; 3- guarda sol; 4- cilíndrico.

Após a tabulação dos dados verificou-se a variação das características, eliminando da análise multivariada aquelas que não apresentaram polimorfismo, ou seja, todos os genótipos tiveram mesmo resultado. Em seguida, os dados das características polimórficas foram utilizados para a obtenção da matriz de distância Euclidiana média padronizada, a qual foi utilizada no agrupamento dos genótipos pelos métodos de agrupamento de Tocher original, Tocher seqüencial (VASCONCELOS, 2007), UPGMA e Vizinho mais próximo (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Os procedimentos estatísticos foram realizados com auxílio do aplicativo computacional "GENES" (CRUZ, 2006).

### **2.3 Resultados e Discussão.**

A característica "Hábito de crescimento de caule" teve mesmo resultado para todos os materiais avaliados, sendo consideradas todas "Retas", assim, por não apresentar variabilidade, a mesma foi retirada do processo de obtenção da matriz de distância. Fato diferente do observado por Campos et al. (2010) que em trabalho semelhante com 53 genótipos coletados na região de Rosário Oeste - Mato Grosso, todas as características foram polimórficas.

Observando os resultados do agrupamento pelo método de Tocher original (Tabela 2), verifica-se que apenas os três primeiros grupos possuem mais que dois genótipos, sendo os

demais agrupados individualmente. No primeiro grupo encontraram-se os genótipos Cascuda 1, 2, 5, 7 e 8, evidenciando por este método que a designação empregada pelos produtores, para estes genótipos está correta. No caso de Fécula Branca convém ressaltar que apenas a Fécula branca 1 e 5 foram agrupadas juntas, sendo que a 2 formou o grupo 8, a 3 formou o grupo 10, a 4 esteve no grupo 2 e a 6 formou o grupo 6. Esse resultado evidencia a possibilidade de grande variabilidade genética dentre os genótipos de Fécula Branca, ou ainda, a designação equivocada desse material por parte dos produtores da região.

**Tabela 2:** Resultado do agrupamento gerado pelo método de Tocher original com base na dissimilaridade euclidiana média entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

Grupos	Genótipos
1	Cascuda 5; Cascuda 2; Cascuda 7; Fécula Branca 1; Fécula Branca 5, Cascuda 6; Cascuda 1; Baianinha 2
2	S. Catariana; Fécula Branca 4; consumo 3
3	Consumo 4; consumo 2
4	Baianinha 3
5	vermelha de Uma rama 2
6	Fécula Branca 6
7	Consumo 1
8	Fécula Branca 2
9	Catofla Manihot
10	Fécula Branca 3
11	Cascuda 3
12	Vermelha de Uma rama 1
13	Cascuda 4
14	Baianinha 1

Os genótipos que formaram o segundo grupo foram Santa Catariana; Fécula Branca 4; consumo 3, dentre esses somente Fécula Branca 4 não é destinado preferencialmente ao consumo *in natura*. Em concordância a isso podemos afirmar que o genótipo Fécula Branca 4 possui resultados das características qualitativas avaliadas diferente dos demais genótipos de Fécula Branca.

Para os demais genótipos verificou-se que os mesmos formaram grupos distintos quando submetidos ao agrupamento de Tocher original, portanto cada um tendo suas características particulares (Tabela 2). Dentre estes grupos distintos estão vários genótipos para consumo *in natura* e também vários de fins industriais, tendo cada com características suficientemente diferentes para serem considerados genótipos distintos.

Os genótipos denominados Cascuda agruparam principalmente no primeiro grupo, mas os genótipos de Cascuda 3 e Cascuda 4 formaram os grupos 11 e 12, respectivamente, sendo que pelo método de Tocher original não sejam genótipos iguais.

Os resultados do agrupamento gerado pelo método de Tocher Sequencial encontram-se na Tabela 3, a partir destes resultados verifica-se que ocorreu a formação de seis grupos de genótipos. O primeiro grupo formado se assemelha ao obtido pelo método de Tocher Original, enquanto que os demais grupos foram substancialmente diferentes.

**Tabela 3:** Resultado do agrupamento gerado pelo método de Tocher Sequencial com base na dissimilaridade Euclidiana média entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

Grupos	Genótipos	Maior entre os mínimos
1	Cascuda 5; Cascuda 2; Cascuda 7; Fécula Branca 1; Fécula Branca 5, Cascuda 6; Cascuda 1; Baianinha 2	1,1685
2	Santa Catariana; Fécula Branca 4; consumo 3; consumo 1; Vermelha Uma rama 1	1,3344
3	consumo 4; consumo 2; Baianinha 3; Vermelha Uma rama 2	1,4599
4	Fécula Branca 2; Catofla Manihot; Fécula Branca 3; Baianinha 1; Cascuda 4	1,5313
5	Cascuda 3	
6	Fécula Branca 6	

No segundo grupo formado existem genótipos de finalidades diferentes, para o consumo (Santa Catariana, Consumo 3, Consumo 1) e para fins industriais, (Vermelha Uma Rama 1, "Fécula Branca 4). O Genótipo vermelha de Uma Rama é um cultivar antigo e sendo assim possui ainda características de cultivares de mesa. No caso do genótipo Fécula Branca 4, este método de agrupamento indica haver discordância de seu nome com suas características, uma vez que o mesmo é distinto dos demais genótipos de Fécula Branca

avaliados, sendo este próximo a outros 3 cultivares de mesa presentes no grupo, os quais se assemelham entre si. Outro fato que pode explicar este comportamento é que o cultivar Fécula Branca também tem finalidade de consumo *in natura*, pois possui baixos níveis de ácido cianídrico na polpa crua (VIDIGAL FILHO, 2007).

No terceiro grupo encontram-se os genótipos Consumo 4, Consumo 2, Baianinha 3 e Vermelha Uma Rama 2, como todos possuem nomes de variedades distintas, esperava-se que os mesmos fossem agrupados em grupos diferentes, contudo, vale ressaltar que para esse grupo apenas o genótipo Consumo 2 não possui finalidade industrial.

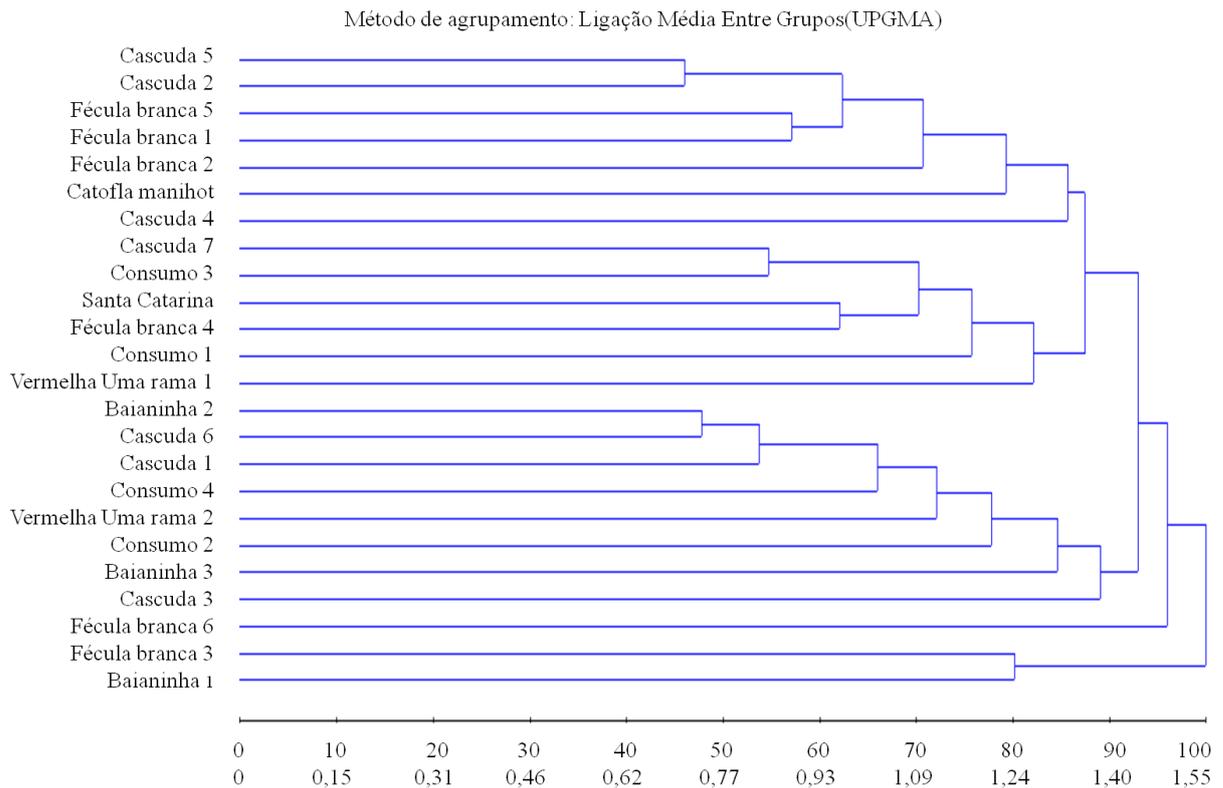
O quarto grupo possui cinco genótipos, sendo que Catofla Manihot é usada para o consumo *in natura* e os demais têm finalidades direcionadas à indústria. Vale ressaltar que no agrupamento gerado por este método, os genótipos de Fécula Branca encontram-se distribuídos entre os grupos 1, 2, 4 e 6.

Os genótipos Cascuda 3 e Fécula Branca 6, foram classificados isoladamente dos demais genótipos, ou seja, os mesmos apresentam características distintas, isso aconteceu no agrupamento de Tocher original (Tabela 2) e também no de Tocher Sequencial (Tabela 3).

O genótipo Baianinha possui exemplares classificados em três grupos distintos, sendo eles os grupos 1 (Baianinha 2), 3 (Baianinha 3) e 4 (Baianinha 1) (Tabela 3), comportamento semelhante ao apresentado no método de Tocher (Tabela 2), novamente indicando se tratar de três genótipos diferentes, ou com grande variabilidade entre esses exemplares.

O resultado gerado pelo método UPGMA está na Figura 1, a linha limítrofe de demarcação dos grupos foi traçada em 80% do total da diversidade, possibilitando a formação de oito grupos com um número de genótipos variáveis entre grupos. Esta linha limítrofe foi diferente no trabalho de Zuin et al. (2009), que adotou 70%, mas por outro lado Campos et al. (2010) estabeleceu este corte em 85%, formando quatro grandes grupos (dois ou mais genótipos) e quatro de genótipos isolados. Vale ressaltar a existência de variação no número de grupos formados, pois Vendramini et al (2011) analisando 40 descritores morfológicos pelo método de UPGMA, obtiveram 3 grupos, dois maiores e um com apenas 2 genótipos.

O primeiro é formado por três genótipos, Fécula Branca 1, 2 e 5, Cascuda 2 e 5 e Catofla Manihot. Vale ressaltar que novamente os genótipos de Cascuda 5, Cascuda 2, Fécula Branca 5 e Fécula Branca 1 aparecem em mesmo grupo (Figura 1).



**Figura 1.** Dendrograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do UPGMA, com base na dissimilaridade Euclidiana média estimada a partir de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

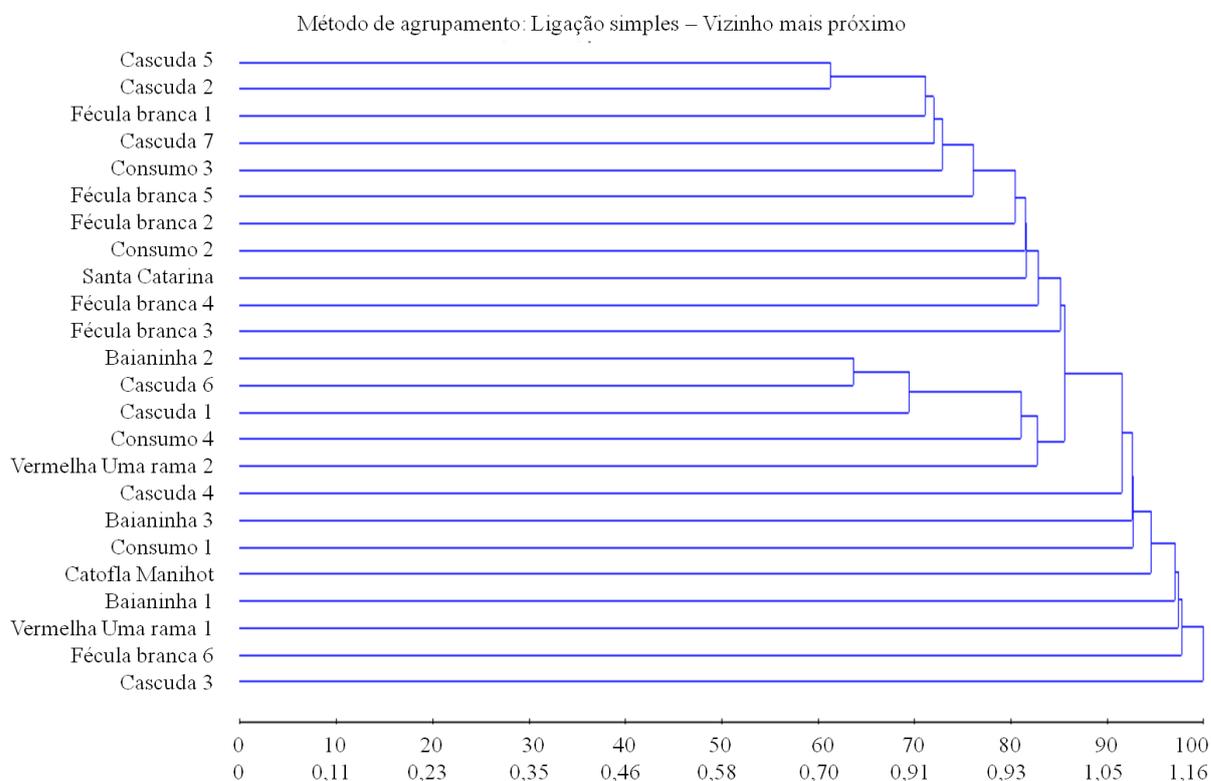
Os genótipos que aparecem em grupos de maneira isolada no método UPGMA foram Vermelha de Uma Rama 1, Baianinha 3, Cascuda 3 e 4 e Fécula Branca 6. Tanto Cascuda 3 quanto Fécula Branca 6 já haviam sido agrupados individualmente pelos métodos de Tocher e Tocher Sequencial o qual possivelmente seja um genótipo distinto dos demais.

No segundo grande grupo formado pelo método UPGMA (Figura 1), estão os genótipos de fins de mesa, e dois de fins industriais, sendo que neste grupo todos possuem nomes diferentes entre si.

O terceiro grupo contém os genótipos, em sua maioria, de fins industriais, sendo apenas um com finalidade de produção para mesa. Neste grupo estão os genótipos Baianinha 2, Cascuda 1 e 7, consumo 4, Vermelha de Uma Rama 2 e Consumo 2. No último grupo estão os genótipos Baianinha 1 e Fécula Branca 3 (Figura 1).

Os resultados gerados pelo agrupamento seguindo a metodologia do "Vizinho mais próximo" encontra-se na Figura 2, assim como no método UPGMA, a linha limítrofe de demarcação do grupo foi traçada em 80% do total da diversidade, formando 16 grupos, dois com mais de um genótipo, e catorze grupos com genótipos individuais. Zuin et al. (2009), em

experimento com 43 acessos e através de 12 descritores morfológicos, por meio da distância euclidiana média, também observaram a formação de mais que dez grupos pelo método do Vizinho mais próximo.



**Figura 2.** Dendrograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do "Vizinho mais próximo", com base na dissimilaridade Euclidiana média estimada a partir de 20 características qualitativas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

No primeiro grupo encontram-se os genótipos Cascuda 2, 5 e 8, Fécula Branca 1 e 5 e Consumo 3, compreendendo 10 genótipos. O segundo maior grupo formado teve três genótipos, sendo eles Cascuda 1, Cascuda 7 e Baianinha 2. Resultado semelhante ao obtido pelos demais métodos empregados, evidenciando que o genótipo designado como Baianinha 2 pode ser um exemplar de cascuda e não de Baianinha, haja visto que os demais genótipos de Baianinha foram agrupados separadamente pelo método do Vizinho mais Próximo (Figura 2).

O genótipo de Fécula Branca 6 foi agrupado separadamente pelo método do Vizinho mais Próximo. Resultado semelhante também foi gerado pelos demais métodos, evidenciando que esse genótipo não segue as características dos demais exemplares de Fécula Branca. Por não apresentar similaridade com nenhum dos demais genótipos avaliados não se consegue afirmar que se trata de uma variedade específica, fica evidente apenas que esse genótipo não possui características de Fécula Branca.

O genótipo Cascuda 3 também foi diferente dos demais genótipos pelos métodos do Vizinho mais Próximo (Figura 2), UPGMA, Tocher Original e Tocher Sequencial, indicando que não se trata de um exemplar da variedade Cascuda.

Os genótipos Vermelha Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para as características avaliadas, não sendo pertencentes ao mesmo material genético.

Houve diferenças nos agrupamentos pelos métodos de Tocher e de Tocher Sequencial (Tabelas 2 e 3), sendo que o método sequencial teve menor número de grupos em relação ao primeiro, mas o primeiro grupo formado em ambos os métodos foi semelhante. Isso ocorre pois no método de Tocher-modificado, adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos, enquanto que em Tocher esta medida é única para todos os grupos (VASCONCELOS et al., 2007).

Também pode se observar que houve comportamento próximo entre os métodos de Tocher com o método do UPGMA. Resultado semelhante encontrado por Kvitschal (2008) que observou semelhanças nos métodos de agrupamentos por Tocher e UPGMA, mas que ambos não foram iguais, sendo que o segundo método complementa o primeiro.

Corroborando Campos et. al (2010), utilizando-se de caracteres morfológicos, coeficientes de Distância Euclidiana e de métodos de agrupamento UPGMA e de Tocher Sequencial, também cita que os métodos apresentaram resultados semelhantes, mas o método de UPGMA apresentou um resultado mais detalhado sendo este um complemento para o Tocher. Também cita que a caracterização e a avaliação das características morfológicas, associados à métodos de agrupamento, serve de suporte para um programa de melhoramento com maior eficiência.

O Método de agrupamento de Tocher (Tabela 2) apresentou para alguns genótipos comportamento próximo ao gerado no dendograma do método do Vizinho mais Próximo (Figura 2), com poucas diferenças. Estudo semelhante feito Zuin et al (2009) concluiu que os Métodos de Tocher e do Vizinho mais próximo possuem tendência de discriminar os grupos de maneira semelhante.

Faraldo et al. (2000) utilizando marcadores RAPD, em um estudo de diversidade genética da região amazônica, obtendo os coeficientes de Distância Euclidiana Simples e agrupando pelo UPGMA, obtiveram sucesso em diferenciar um grupo de etnovariedades, mas

observou reduzida divergência genética entre regiões, em que a distancia genética encontrada foi pequena, cerca de 13%.

Cada cultivar de mandioca pode apresentar comportamento diferenciado cada condição ambiental de cultivo (LARA et al. 2008). Assim, se deduz que em cada ambiente pode existir variação da expressão de algumas características avaliadas neste trabalho, reforçando a necessidade de novos estudos.

## 2.4 Conclusões

O genótipo de Fécula Branca 6 foi agrupado separadamente dos demais genótipos de Fécula Branca, indicando existência de variabilidade entre os mesmos para as características qualitativas ou ainda que este não segue as características dos demais exemplares de Fécula Branca.

O genótipo Cascuda 3 teve resultados para as características qualitativas diferente dos demais genótipos de Cascuda, existindo variabilidade dentre os exemplares desta variedade ou ainda, este não corresponde a um exemplar da variedade Cascuda.

O genótipo Baianinha 2 possui maior similaridade com os genótipos de Cascuda se comparado aos genótipos de Baianinha pelas características qualitativas avaliadas.

Os genótipos Vermelha Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para as características qualitativas avaliadas, não sendo pertencentes ao mesmo material genético.

## 2.5 Agradecimento

A CAPES pela concessão da bolsa de estudo. À UNIOESTE pela possibilidade de desenvolvimento do trabalho de pesquisa e a ATIMOP pelo auxílio na coleta do material genético.

## 2.6 Referencias

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, 2009.

CAMPOS, A. L.; ZACARIAS, A. J. L.; 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 UEMAT Cáceres – Mato Grosso. **Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas**. Chapadinha, v.4, n.2, p.45. 2010.

CAVIGLIONE, J. H.; CARAMORI, P. H.; KIIHL, L. B.; OLIVEIRA, D. **Cartas climáticas do Paraná**. Londrina: Iapar, 2000. CD-ROM.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Biometria**. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.

CRUZ, C.D.; CARNEIROP.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, v.2, 585p. 2003.

EMBRAPA, Cultivo da mandioca na região centro sul do Brasil, (2003). Disponível em: [http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca\\_centrosul/index.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca_centrosul/index.htm). Acessado em 12 de maio de 2012.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília : Embrapa-SPI; Rio de Janeiro: Embrapa - Solos, 2006. 306p.

FERREIRA C. F. Molecular characterization of cassava (*Manihot esculenta* Cranz) with yellow-orange roots for beta-carotene improvement. **Crop Breeding and Applied Genetics**, v. 08, n. 01, p. 23-29, 2008.

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

FUKUDA, W.M.G.; SILVA, S.O.; IGLESIAS, C. **Cassava Breeding. Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Londrina v.2, n.4, p.617-638, 2002.

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**. Piracicaba v.57, n.3, p.499-505, 2000.

IBGE. Em agosto, IBGE prevê safra 15,7% maior que a de 2012. Disponível em: <http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias?view=noticia&id=1&idnoticia=2465&busca=1&t=agosto-ibge-preve-safra-15-7-maior-que-2012>. Acesso em: 19 setembro 2013.

KVITSCHAL, M.V. **Caracterização e divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa da região urbana de Maringá, Paraná**. Maringá. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Estadual de Maringá. 2008.

LARA, A. C. C.; BICUDO S. J.; BRACHTVOGEL E. L.; ABREU M. L.; CURCELLI F. Melhoramento genético da cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, Botucatu, v. 4, p.55-65, 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, 2010.
- OLSEN, K.M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. **Plant Molecular Biology**, v.56, p.517-526, 2004. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/v1j742p484403748/fulltext.pdf>>. Acesso em: 3 de maio de 2012.
- VASCONCELOS, E.S.; CRUZ C. D.; BHERING L. L.; RESENDE JÚNIOR M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1421-1428, out. 2007.
- VENDRAMINI, J. M.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A.; ELIAS, J. C. F.; LUZ, P. B. Otimização do uso dos descritores morfo-agronômicos de mandioca em análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 42, n. 4, p. 906-913, 2011.
- VIDIGAL FILHO P. S.; PEQUENO, M. G.; KVITSCHAL, M.V.; RIMOLDI F.; VIDIGAL, M.C.G.; ZUIN G. C. Estabilidade produtiva de cultivares de mandioca-de-mesa coletadas no Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 4, p. 551-562, 2007.
- VIEIRA, E. A.; FREITAS FIALHO J.; 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, 2008.
- VILPOUX, O.F. Competitividade da mandioca no Brasil, como matéria prima para amido. **Informações Econômicas**, v.38, p.27-38, 2008. Disponível em: <<ftp://ftp.sp.gov.br/ftpiea/publicacoes/tec3-1108.pdf>>. Acesso em: 3 de Maio. 2012.
- ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, O.S.; KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL, M.C.G.; 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 2009.

### Capítulo 3

## Diversidade genética de características quantitativas de cultivares de Mandioca da região oeste do Paraná

### Resumo

O trabalho foi conduzido visando avaliar a diversidade genética por características quantitativas de cultivares de mandioca, utilizadas por agricultores da região Oeste do Estado do Paraná. Para tanto foram coletados 24 genótipos de mandioca, sendo os mesmos submetidos a um ensaio experimental conduzido no município de Marechal Cândido Rondon, no ano agrícola 2012/2013. O ensaio de campo foi implantado seguindo o delineamento de blocos ao acaso com três repetições em área situada a 24° 33' de latitude Sul e 54° 31' de longitude Oeste, tendo altitude média de 420 m. Para a avaliação da diversidade genética foram quantificados 9 descritores morfo-agronômicos das plantas. Após a tabulação dos dados realizou-se a obtenção da matriz de distância Mahalanobis e, em seguida, os agrupamentos pelos métodos de Tocher, UPGMA e Vizinho mais próximo. O genótipo de Fécula Branca 3, teve resultados para as características morfo-agronômicas diferente dos demais genótipos de mesma nomenclatura. Caso não encontrado para os demais genótipos de Fécula Branca que se apresentam no mesmo grupo, junto aos demais genótipos de cascuda. Os genótipos Vermelha Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para as características avaliadas. O genótipo Baianinha 1 foi diferente dos genótipos Baianinha 2 e 3, evidenciando a existência de variação entre os mesmos para as características avaliadas.

Palavras-Chave: Agrupamento, estatística multivariada, distancia de MAHALANOBIS, *Manihot esculenta*.

### Genetic diversity of quantitative characteristics of the cassava cultivars in western Paraná

#### Abstract

The study was conducted to assess the genetic diversity by quantitative characteristics of cassava, used by farmers in western region of Paraná State. For both 24 cassava genotypes were collected, and they are subjected to experimental testing conducted in the municipality of Marechal Candido Rondon in the agricultural year 2012/2013. The field trial was

implemented following the randomized complete block design with three replications in area situated 24 33 ' south latitude and 54 31' west longitude, and altitude of 420 m. For the assessment of genetic diversity were quantified 9 morpho- agronomic traits of plants. After tabulating the data was performed to obtain the Mahalanobis distance matrix and then clusters by Tocher methods, UPGMA and Nearest Neighbor. The genotype Fécula Branca 3, results for the features different from other genotypes of the same morpho- agronomic nomenclature. If not found for the other genotypes Fécula Branca that appear in the same group, along with the other genotypes husky. Genotypes Vermelha Uma Rama 1 and 2 were split in all methods, demonstrating that they have inter-variability for measured characteristics. The Baianinha 1 genotype was different from Baianinha genotypes 2 and 3, showing the existence of variation between them for traits.

**Keywords:** Clustering, multivariate statistics, MAHALANOBIS distance, *Manihot esculenta*.

### 3.1 Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) pertencente à família Euphorbiaceae, apresenta elevada variabilidade genética possibilitando seu cultivo em diferentes regiões brasileiras, para os fins mais diversos (FERREIRA, 2008; VIEIRA et al., 2008).

Segundo a CONAB (2013) a FAO projetou em 2012 um aumento de 6,99% na produção mundial de mandioca, superior ao registrado no ano de 2011. Mesmo diante do aumento de mandioca produzida no mundo, aqui no Brasil foi verificado considerável aumento na remuneração da tonelada produzida isto em consequência da estiagem da região nordeste do país (IBGE2013).

No caso da mandioca, a grande variabilidade genética presente está relacionada ao seu processo de domesticação, envolvendo diferentes práticas de seleção, com grande variedade de técnicas e ainda para variados usos por diferentes povos. Associado a isso ainda convém ressaltar a alogamia da espécie, condição que gera e mantém grande diversidade genética (FUKUDA et al. 2002).

E também uso agrícola da mandioca no Brasil é de predominantemente de subsistência, é responsável por este fator a sua grande variabilidade genética, sendo assim comum a ocorrência de problemas na sua nomenclatura (ZUIN et al., 2009).

Nick et al. (2010) ressaltam a importância da diversidade genética, assim como do pré-melhoramento, pois é nesse momento que se verifica e quantifica os recursos genéticos

disponíveis, através da expressão fenotípica, a qual interfere na presença e magnitude da diversidade.

Vendramini et al (2011) avaliando acessos de um banco de germoplasma cita que os caracteres morfo-agronômicos apresentam bons resultados, e que os mesmo de forma geral são os mais promissores para um possível programa de melhoramento genético. Alguns trabalhos de avaliação do comportamento fenotípico vêm sendo realizados no Paraná, sendo estes mais direcionados para genótipos de finalidade industrial (VIDDIGAL FILHO et al., 2008). Um fato a ser lembrado é que entre os caracteres fenotípicos utilizados, os quantitativos são os que mais sofrem efeito ambiental, mas que também representam o real potencial produtivo da cultura (VIEIRA et al., 2008).

Vale ressaltar ainda a existência de falta de dados botânicos sobre diversas “variedades” de mandioca brasileira, esta escassez reforça a necessidade de avaliação de dados morfológicos em ensaios experimentais, visando diferenciar genótipos da cultura da mandioca (ALBUQUERQUE et al., 2009).

Devido ao grande número de características avaliadas, o uso de métodos multivariados tem sido empregado para estudos de divergência genética, a qual permite melhor visão do conjunto de genótipos que cada variável de maneira independente (CAMPUS et al., 2010). Com esses métodos é possível caracterizar e agrupar de acordo com todas as características agrônomicas estudadas. Também é válido ressaltar que para um programa de melhoramento a utilização de indivíduos mais divergentes fenotipicamente bem como os parentais não garante a obtenção de maior ou menor heterose, pois podem ser divergentes, mas não complementares (NICK et al., 2010).

Assim o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética por meio de características quantitativas de cultivares de mandioca utilizadas por agricultores da região Oeste do Estado do Paraná.

### **3.2 Material e métodos**

O estudo foi desenvolvido em condições de campo no município de Marechal Cândido Rondon, no ano agrícola 2012/2013. O ensaio foi implantado em área situada a 24° 33' de latitude Sul e 54° 31' de longitude Oeste, tendo altitude média de 420 m. Sendo esta área experimental pertencente à Universidade Estadual do Oeste Paraná - *Campus* Marechal Cândido Rondon. O solo do local é classificado como Latossolo Vermelho eutroférico

(LVef) (EMBRAPA, 2006). As temperaturas médias do trimestre mais frio variam entre 17 e 18 °C, do trimestre mais quente entre 28 e 29 °C (CAVIGLIONE et al., 2000).

As manivas utilizadas para a implantação do experimento foram coletadas na região Oeste do Estado do Paraná, em propriedades rurais. Foram coletadas manivas de 24 clones (Tabela 4), os quais foram implantados em condições de campo seguindo o delineamento experimental de blocos ao acaso em três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de quatro linhas de 5,0 m de comprimento, tendo 0,9 m entre as linhas e 0,3 m entre plantas. A área útil da parcela foi obtida eliminando uma linha de cada lado e 0,5 m nas extremidades da parcela. A adubação e os tratos culturais foram realizados conforme recomendação da EMBRAPA (2003) e no caso de controle de plantas daninhas, o mesmo foi feito por capina manual sempre que necessário.

**Tabela 4:** Designação dos 24 genótipos de mandioca coletados na Região Oeste do Paraná no ano de 2012, e as finalidade em que os mesmos estavam sendo empregados.

Coleta	Genótipos	Finalidade	Coleta	Genótipos	Finalidade
1	Cascuda 7	Indústria	13	Fécula Branca 4	Indústria
2	Fécula Branca 5	Indústria	14	Fécula Branca 2	Indústria
3	Baianinha 2	Indústria	15	Consumo 2	Alimentação
4	Cascuda 5	Indústria	16	Consumo 1	Alimentação
5	Cascuda 2	Indústria	17	Cascuda 4	Indústria
6	Cascuda 1	Indústria	18	Cascuda 3	Indústria
7	Santa Catariana	Alimentação	19	Fécula Branca 6	Indústria
8	Fécula Branca 3	Indústria	20	Catofla Manihot	Alimentação
9	Consumo 4	Indústria	21	Cascuda 6	Indústria
10	Consumo 3	Alimentação	22	Vermelha Uma Rama 1	Indústria
11	Fécula Branca 1	Indústria	23	Baianinha 1	Indústria
12	Vermelha Uma Rama 2	Indústria	24	Baianinha 3	Indústria

Parte da metodologia para caracterização morfológica dos genótipos foi realizada conforme Fukuda & Guevara (1998), sendo avaliadas as características da parte aérea, correspondendo a seis descritores morfológicos, todos de características quantitativas e avaliadas entre oito a dez meses de idade das plantas. Também foram avaliadas características agrônômicas coletadas depois dos 10 meses.

As características quantitativas foram descritas conforme citadas abaixo:

Caracteres morfológicos:

- Comprimento médio do lóbulo foliar: expresso em cm, obtido pela medição da distância do ponto de inserção dos lóbulos ao pecíolo até a extremidade longitudinal do lóbulo central das folhas de dez plantas de cada acesso.
- Largura média do lóbulo foliar: expressa em cm, obtida pela medição da largura do lóbulo foliar, na sua porção mediana, em dez plantas de cada genótipo.
- Comprimento médio de pecíolo: expresso em cm, obtido pela medição do comprimento de pecíolos em folhas dispostas no terço médio de dez plantas de cada acesso.
- Distância de entrenós: expressa em cm, obtido pela medição da distância entre as cicatrizes foliares dispostas no mesmo plano vertical da rama de dez plantas de cada acesso.
- Altura média da primeira ramificação: expressa em m, obtida pela medição da distância entre o solo e a primeira ramificação da parte aérea de dez plantas de cada acesso.
- Relação comprimento/largura do lóbulo central: expressa em cm, obtida pela divisão do valor do comprimento do lóbulo central pela largura.

Já para as características agrônômicas avaliadas foram obtidas após a colheita da área útil da parcela e estão descritas abaixo.

- Comprimento de raízes: expressa em cm, obtidas pela medição do comprimento máximo de cada raiz, em dez plantas de cada acesso.
- Diâmetro de raiz: expressa em mm, obtidas pela medição do diâmetro máximo de cada raiz, em dez plantas de cada acesso.
- Produtividade: Expressa em Megagrama  $ha^{-1}$ , obtidas pela colheita e pesagem de plantas da área útil da parcela, ou seja, a linha central.

Após a coleta e tabulação dos dados, os mesmos foram submetidos à análise de variância, e em seguida à análise multivariada, fazendo uso da metodologia de Mahalanobis para obtenção da matriz de distância e os agrupamentos de Tocher, Vizinho Mais Próximo e UPGMA (CRUZ, CARNEIRO, 2003). Os procedimentos estatísticos foram realizados com auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ 2006).

### 3.3 Resultados e discussões

Observando os resultados do agrupamento pelo método de Tocher original (Tabela 5), verifica-se que foram formados cinco grupos, com um número variado de genótipos agrupados. Fato diferente do encontrado por Zuin et al (2009)), avaliando acessos de um banco de germoplasma através de características morfo-agronômicas quantitativas, encontrou por Tocher original a formação de dez grupos, apresentado variabilidade genética.

**Tabela 5:** Representação do agrupamento gerado pelo método de Tocher original com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e média entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de 9 características morfo - agronômicas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

Grupos	Genótipos
1	Cascuda (1), Fécula Branca (4), Fécula Branca (6), Fécula Branca (2), Fécula Branca (5), Fécula Branca (1), Cascuda (7), Cascuda (3), Cascuda (6), Cascuda (5), Cascuda (4), Cascuda (2), Vermelha Uma Rama (1)
2	Catofla Manihot, Baianinha (1), Baianinha (3)
3	Santa Catariana, consumo (3), Fécula Branca (3), Consumo (1), Baianinha (2)
4	Vermelha Uma Rama (2), Consumo (2)
5	Consumo (4)

No primeiro grupo encontrou-se grande número de genótipos, sendo que todos os genótipos de cascuda estão presentes neste grupo, comprovando a similaridade de caracteres entre esses genótipos de cascuda. A maioria dos genótipos designados como Fécula Branca também estão dentro do grupo 1, apenas genótipo de Fécula Branca 3 foi agrupado em outro grupo evidenciando a existência de similaridade entre todos denominados cascudas e entre os genótipos de Fécula Branca, com exceção da Fécula Branca 3.

Os genótipos de Baianinha foram agrupados em dois grupos diferentes, dois acessos no segundo grupo junto à Catofla manihot, outro junto à Santa Catariana, Consumo 3, Fécula Branca 3 e Consumo 1. Os genótipos de Vermelha Uma Rama também foram agrupados em grupos diferentes. Portanto pelo método de Tocher original (Tabela 5) os genótipos de Baianinha e Vermelha Uma Rama não se mostraram estáveis, pois existe variação fenotípica entre os genótipos de mesma nomenclatura.

**Tabela 6:** Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de Tocher com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e entre os 24 genótipos de mandioca, mediante a utilização de nove características morfo-agronômicas, Marechal Candido Rondon– PR, 2013.

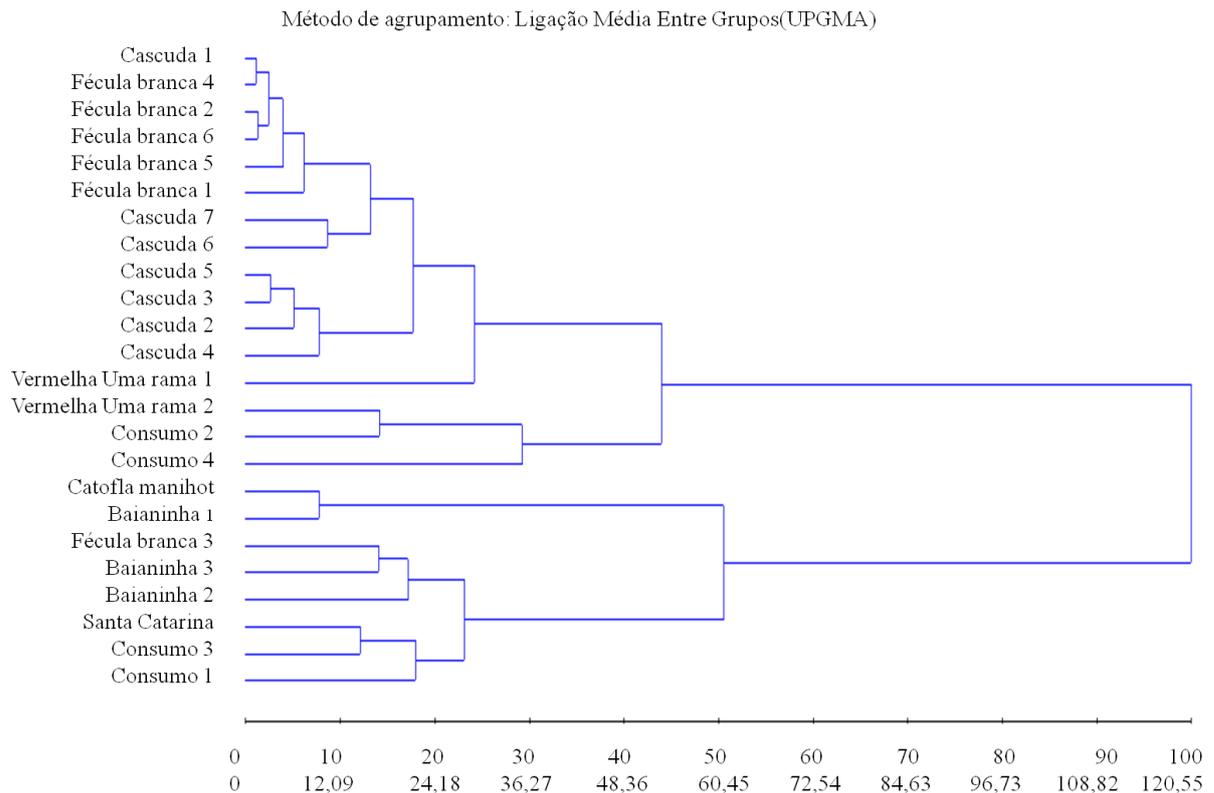
Grupos	1	2	3	4	5
1	17,3530	96,3335	130,4525	49,9096	59,7212
2		20,3829	52,9108	82,8450	110,9082
3			25,5410	163,0158	156,1145
4				17,1623	35,3365
5					0

Verificando os resultados das distancias médias intra e intergrupos, se observa que a maior distancia intragrupos esta no grupo três e também apresentou grande distancias para os outros grupos. O terceiro grupo é constituído de genótipos de ambas as finalidades, tanto destinado para uso indústria como para mesa. Possivelmente isso seja a causa da grande diversidade interna do grupo e da sua semelhança como segundo grupo que tem o mesmo padrão de agrupamento.

A maior distancia intergrupo foi entre o grupo três e quatro, e a menor entre o quarto e o quinto grupo (Tabela 6). Assim observando toda a Tabela 6 se pode afirmar que existe uma proximidade entre os grupos quatro e cinco, o que também distantes do segundo grupo e o terceiro, e esta menor se comparado com o primeiro.

O resultado gerado pelo método UPGMA está na Figura 3, a linha limítrofe de demarcação dos grupos foi traçada em 40% do total da diversidade, possibilitando a formação de quatro grupos com um número de genótipos variáveis entre grupos. Esta linha limítrofe foi diferente no trabalho de Vendramini et al (2011), que delimitou em 95% da total diversidade encontrada, já Zuin et al (2009) adotou 70%, e Campos et al. (2010) estabeleceu este corte em 85%.

Assim observando o resultado na Figura 3, se pode notar que todos os genótipos de cascuda pertencem ao primeiro grupo. Mas por outro lado também houve o agrupamento de grande número de genótipos de Fécula Branca neste grupo com exceção de Fécula Branca 3. Neste grupo também teve-se o genótipo denominado Vermelha Uma Rama, sendo assim o grupo só apresentou genótipos com finalidade industrial.



**Figura 3.** Dendrograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do UPGMA, com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e estimada a partir de nove características morfo - agrônômicas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

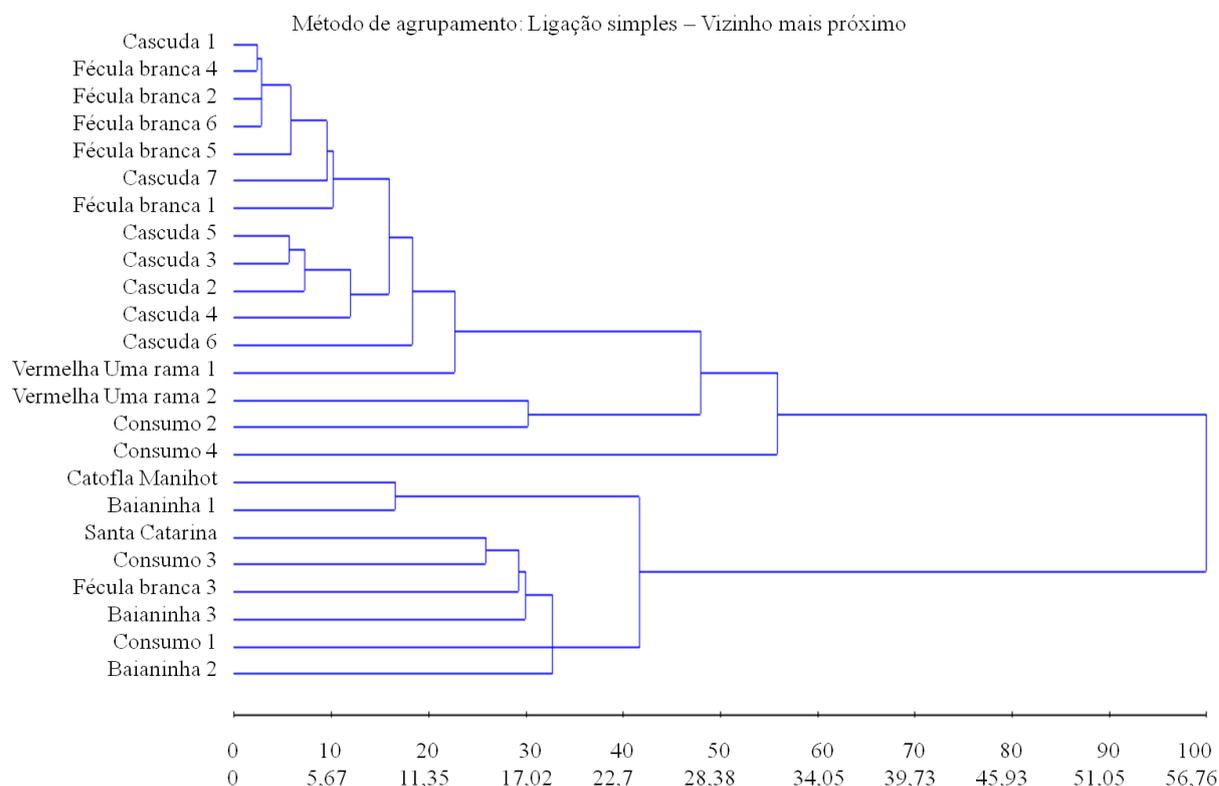
O segundo grupo gerado pelo método UPGMA (Figura 3) foi formado por três genótipos, sendo eles Consumo 2, Consumo 4 e Vermelha Uma Rama 2, e o terceiro grupo no mesmo método, apresentou apenas dois indivíduos, Catofla Manihot e Baianinha 1. Ambos os grupos foram os menores formados, e que ambos agruparam genótipos de finalidades distintas, tanto para mesa como para indústria.

O quarto grupo formado pelo método de UPGMA (Figura 3) agrupou seis genótipos, três com uso para indústria (Baianinha 2, Baianinha 3 e Fécula Branca 3) e três com uso para mesa (Consumo 1, Consumo 3 e Santa Catarina). Entre os genótipos de uso industrial, dois são denominados de Baianinha e um de Fécula Branca, sendo que pelo método citado sejam semelhantes entre si. Um fato a ser lembrado é que o cultivar Fécula Branca também tem finalidade de consumo, pois possui baixos níveis de HCN na polpa crua (VIDIGAL FILHO, 2007). Para ser considerado para mesa, podendo ser consumidas *in natura* se os teores de ácido cianídrico (HCN) nas raízes tuberosas cruas estiverem abaixo de  $100 \text{ mg kg}^{-1}$  (VIEIRA et al., 2008).

Outro fato a ser observado no método de UPGMA e que os grupos um e dois formados são distintos dos grupos três e quatro formados. Sendo assim genótipos com nomenclatura semelhante agrupados no primeiro e segundo grupo são diferentes dos que foram agrupados nos grupos três e quatro, pelo referido método e pelas características morfo-agronômicas.

Observando o método do "Vizinho Mais Próximo" (Figura 4), a linha limítrofe também foi estabelecida em 40% da diversidade total obtida, como apresentado no método UPGMA (Figura 3).

Pelo método do Vizinho Mais Próximo houve a formação de cinco grupos, dois grupos com mais de dois genótipos e três grupos com dois ou menos. Os dois grandes grupos se situam na parte superior e na parte inferior do dendograma, nos grupos com menos de dois indivíduos, um teve apenas um genótipo e dois grupos tiveram dois genótipos.



**Figura 4.** Dendograma resultante do agrupamento dos 24 genótipos de mandioca, pelo Método do "Vizinho mais próximo", com base na dissimilaridade de MAHALANOBIS e estimada a partir de nove características morfo - agronômicas, Marechal Candido Rondon – PR, 2013.

Observando o dendrograma formado pelo método de Vizinho mais próximo (Figura 4) pode se notar que os genótipos denominados de Cascudas se encontram no mesmo grupo, assim junto a outros genótipos de uso para indústria, ou seja, que todos os genótipos

denominados Cascudas por este método sejam semelhantes. Os genótipos de Fécula Branca em sua maioria foram agrupados no primeiro grupo, apenas o denominado Fécula Branca 3 foi agrupado separadamente no segundo maior grupo, o que também foi evidenciado no método UPGMA (Figura 3), ambos os métodos hierárquicos mostraram que este genótipo agrupou de maneira muito próxima com o genótipo de Baianinha 2 e 3, evidenciando que o mesmo possa ser um exemplar de Baianinha e não de Fécula Branca.

Observando o mesmo dendograma (Figura 4) os genótipos denominados Baianinha 2 e Baianinha 3 foram agrupados no último grupo, junto a outros genótipos de consumo e mais um de uso industrial, enquanto que Baianinha 1 foi agrupado separadamente, e somente com outro genótipo de consumo. Assim pode se notar que existe variação entre os genótipos de Baianinha com o emprego do método de Vizinho Mais Próximo e pelas características avaliadas.

Pelo dendograma da Figura 4 pode se notar que os genótipos denominados "Vermelha Uma Rama" também foram agrupados separadamente, o primeiro junto a genótipos de Cascudas e Fécula Branca, e o segundo agrupado junto ao genótipo Consumo 2. Sendo que por "Vizinho mais próximo" os genótipos apresentam variação.

Os genótipos denominados de Consumo foram agrupados em distintos grupos, sendo juntos com outros genótipos de ambos os fins citados ou isolados, assim pode se deduzir que pelo método apresentado na figura 4, estes genótipos apresentam variação fenotípica pelas características apresentadas.

Um fato a ser considerado é que o quarto e o quinto grupo formado em Tocher (Tabela 5) se assemelham com o segundo e o terceiro dos dendogramas de UPGMA (Figura 3) e do Vizinho mais próximo (Figura 4), tendo ainda proximidade nos grupos gerados pelo método de Tocher e UPGMA. Já o primeiro grupo em cada método se assemelhou muito entre si, sendo assim possível dizer que sejam semelhante entre si, e os de mesma denominação fora deste grupo não seja o mesmo genótipo, caso da Fécula Branca 3, desta forma as características se mostraram estáveis para agrupar pelos métodos de Tocher, UPGMA e Vizinho mais próximo.

Em todo caso é válido salientar que sempre o primeiro grupo apresentou os genótipos de Cascudas e Fécula Branca, evidenciando que estes genótipos apresentam características quantitativas semelhantes. Também foi possível verificar que houve variação entre os métodos em relação aos genótipos denominados Baianinha, possibilitando deduzir que possuem variabilidade fenotípica pelas características avaliadas.

O genótipo Consumo 4 foi agrupado separadamente dos demais em todos os métodos empregados, indicando ser um genótipo distinto daqueles empregados dentro do processo de produção de mandioca na região Oeste do Paraná. Os genótipos Catofla Manihot e Baianinha 1 foram agrupados juntamente por todos os métodos, indicando semelhança entre os mesmos para as características avaliadas. Condição semelhante também foi verificada para os genótipos Consumo 2 e Vermelha Uma Rama 1. Outro fato é de que em nenhum dos métodos os genótipos denominados "Vermelha Uma Rama" aparecem agrupados juntos, ou seja que os genótipos pelas características avaliadas não sejam os mesmos, ou ainda possuem variação entre si.

Esta formação de grupos com comportamento similar entre os métodos também foi vista por outros autores, Kvitschal (2008) que observou semelhanças nos métodos de agrupamentos por Tocher e UPGMA, mas cita que ambos não obtiveram o mesmo resultado, sendo que o segundo método complementa o primeiro. Corroborando Zuin et al (2009) concluiu que os Métodos de Tocher e do Vizinho mais próximo possuem tendência de discriminar os grupos de maneira semelhante.

O resultado de UPGMA apresenta os agrupamentos em forma mais complexa do que Tocher original, pois o dendograma permite uma maior visualização dentro dos grupos, permitindo se visualizar quais os genótipos tem maior similaridade (CAMPUS et al. 2010). Já Tocher preconiza a formação dos grupos, de maneira que a distância entre grupos seja maior que a distância dentro dos grupos (BERTAN et al., 2006), este método junto ao UPGMA fornecem um suporte mais eficiente na tomada de decisões.

### **3.4 Conclusão**

O genótipo de Fécula Branca 3 foi agrupado separadamente dos demais genótipos de Fécula Branca, indicando existência de variabilidade entre os mesmos para as características quantitativas ou ainda que este não segue as características dos demais exemplares de Fécula Branca.

Os demais genótipos de Fécula Branca e todos os outros denominados de Cascudas foram semelhantes entre si pelas características avaliadas e por todos os métodos avaliados.

O genótipo Baianinha 1 foi diferente dos genótipos Baianinha 2 e 3, evidenciando a existência de variação entre os mesmos para as características avaliadas.

Os genótipos Vermelha Uma Rama 1 e 2 foram agrupados separadamente em todos os métodos, evidenciando que os mesmos possuem variabilidade entre si, para as características quantitativas avaliadas.

Os genótipos Catofla Manihot e Baianinha 1 foram semelhantes entre si, para as características avaliadas, o mesmo também foi verificado para os genótipos Consumo 2 e Vermelha Uma Rama 1.

### 3.5 Agradecimentos

A CAPES pela concessão da bolsa de estudo. À UNIOESTE pela possibilidade de desenvolvimento do trabalho de pesquisa e a ATIMOP pelo auxílio na coleta do material genético.

### 3.6 Referencias

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, 2009.

BERTAN I.; CARVALHO F.I.F.; OLIVEIRA A.C.; VIEIRA I.; HARTWIG E.A.; SILVA J.A.G.; SHIMIDT, D.A.M; VALÉRIO I.P.; BUSATO C.C.; RIBEIRO G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12: p. 279-286. 2006.

CAMPOS, A. L.; ZACARIAS, A. J. L.; 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 UEMAT Cáceres – Mato Grosso. **Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas**. Chapadinha, v.4, n.2, p.45, 2010.

CAVIGLIONE, J. H.; CARAMORI, P. H.; KIIHL, L. B.; OLIVEIRA, D. **Cartas climáticas do Paraná**. Londrina: Iapar, 2000. CD-ROM.

CONAB. **Perspectivas para a agropecuária** / Companhia Nacional de Abastecimento. Brasília: Conab, 2013. v.1, p. 109-120. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acessado em 2 de fevereiro de 2014.

CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006.

CRUZ, C.D.; CARNEIROP.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, v.2, 585p. 2003.

EMBRAPA (2003). **Cultivo da mandioca na região centro sul do Brasil**. Disponível em: [http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca\\_centrosul/index.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca_centrosul/index.htm). Acessado em 12 de maio de 2012.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa-SPI; Rio de Janeiro: Embrapa - Solos, 2006. 306p.

FERREIRA C. F. Molecular characterization of cassava (*Manihot esculenta* Cranz) with yellow-orange roots for beta-carotene improvement. **Crop Breeding and Applied Genetics**, v. 08, n. 01, p. 23-29, 2008.

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

FUKUDA, W.M.G.; SILVA, S.O.; IGLESIAS, C. Cassava Breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.2, p.617-638, 2002.

IBGE. Em agosto, IBGE prevê safra 15,7% maior que a de 2012. Disponível em: <http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias?view=noticia&id=1&idnoticia=2465&busca=1&t=agosto-ibge-preve-safra-15-7-maior-que-2012>. Acesso em: 19 setembro 2013.

KVITSCHAL, M.V. **Caracterização e divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa da região urbana de Maringá, Paraná. Maringá**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Estadual de Maringá. 2008.

LARA, A. C. C.; BICUDO S. J.; BRACHTVOGEL E. L.; ABREU M. L.; CURCELLI F. Melhoramento genético da cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, Botucatu, v. 4, p.55-65, 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, 2010.

OLSEN, K.M. SNPs, SSRs and inferences on cassava' sorigin. **Plant Molecular Biology**, v.56, n.4 p.517-526, 2004. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/v1j742p484403748/fulltext.pdf>>. Acesso em: 3 de maio de 2012.

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

VIDIGAL FILHO P. S.; PEQUENO, M. G.; KVITSCHAL, M.V.; RIMOLDI F.; VIDIGAL, M.C.G.; ZUIN G. C. Estabilidade produtiva de cultivares de mandioca-de-mesa coletadas no Estado do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 4, p. 551-562, 2007.

VIEIRA, E. A.; FREITAS FIALHO J.; 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, 2008.

VILPOUX, O.F. Competitividade da mandioca no Brasil, como matéria prima para amido. *Informações Econômicas*, v.38, p.27-38, 2008. Disponível em: <<ftp://ftp.sp.gov.br/ftpiea/publicacoes/tec3-1108.pdf>>. Acesso em: 3 de Maio. 2012.

ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, O.S.; KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL, M.C.G.; 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. p. 21-30, n. 1, 2009.