

Diversidade Genética Entre Acessos de Mandioca Por Meio de Caracteres Agronômicos

Genetic Diversity among Cassava Accessions by Agronomic Traits

Pedro Paulo Vilela Barros^a; Jorge González Aguilera^{*a}; Jhonatans Rodrigues Molina Rezende^a; Aline Cordeiro Taveira^a; Werverth Costa Martins^a; Mariele Silva Abreu^a; Alan Mario Zuffo^a; Leandris Argente Martínez^b

^aUniversidade Federal de Mato Grosso do Sul, MS, Brasil.

^bInstituto Tecnológico del Valle del Yaqui e Instituto Tecnológico de Sonora, Sonora, México.

*E-mail: j51173@yahoo.com

Resumo

Neste estudo se estimou a diversidade genética de acessos de mandioca coletados em Chapadão do Sul – MS, por meio de nove descritores qualitativos e quatro quantitativos. Após 60 dias de germinados os acessos, os descritores propostos foram avaliados. Os dados foram submetidos às análises de agrupamento pelo método de Tocher modificado, análises de correlações de *Pearson* e análise das componentes principais (ACPs). As análises revelaram a existência de diversidade genética no germoplasma considerando as duas classes de dados, além de correlações positivas e negativas significativas ($P < 0.001$). Observou-se no agrupamento de Tocher Modificado a formação de seis agrupamentos, e os acessos 1 e 15 como os mais contrastantes. O ACPs confirmou a variabilidade genética dos acessos, explicando 52,14% da variabilidade nos dois primeiros ACPs. De acordo com os resultados obtidos, é possível praticar seleção em estádios iniciais do desenvolvimento da cultura com fins de pré-melhoramento, expressando-se a partir dos descritores testados a diversidade da cultura mantida em condições “*on farm*”. Dos métodos empregados, o de ACPs é o método mais eficiente para estudar a diversidade genética de plantas de mandioca no banco de germoplasma.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*. Descritores Quantitativos e Qualitativos. Agrupamento, Multivariado. *On Farm*.

Abstract

This study estimated the genetic diversity of cassava accessions collected in Chapadão do Sul - MS, through nine qualitative and four quantitative descriptors. After 60 days of the accessions germination, the proposed descriptors were evaluated. Data were submitted to cluster analysis by the Modified Tocher method, Pearson correlation analysis and Principal Coordinate Analysis (PCoA). The analyzes revealed the existence of genetic diversity in the germplasm considering both data classes, as well as significant positive and negative correlations ($P < 0.001$). In the Modified Tocher grouping, six clusters were formed, with the accessions 1 and 15 as the most contrasting ones. The PCoA confirmed the genetic variability of the accessions, explaining 52.14% of the variability in the first two PCoAs. According to the results obtained, it is possible to practice selection in early stages of crop development for pre-breeding purposes, expressing from the tested descriptors the diversity of the culture maintained under *farm* conditions. Of the methods employed, PCoA is the most efficient method for studying the genetic diversity of cassava plants in the germplasm bank.

Keywords: *Manihot Esculenta*. Quantitative and Qualitative Descriptors. Clustering, Multivariate. *On Farm*.

1 Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é cultivada em todos os Continentes, sendo a terceira maior fonte de carboidratos nos trópicos, depois do arroz (*Oryza sativa* L.) e do milho (*Zea mays* L.) (FAO, 2019). A cultura é utilizada em larga escala com ampla distribuição por seu valor nutritivo e pela facilidade de cultivo, rusticidade e adaptabilidade às condições não favoráveis a outras culturas, como a tolerância aos solos ácidos e a seca (SIQUEIRA *et al.*, 2010). Na América Latina, o Brasil é considerado o centro de origem e diversificação da cultura (GULICK *et al.*, 1983), porém há também cultivos de mandioca nativa em países do Continente Americano, Africano e Asiático (FAO, 2019).

Segundo FAO (2019), no Brasil se tem verificado redução na produtividade da mandioca e isso tem contribuído para a queda no *ranking* mundial de produtores, o qual ocupa na atualidade o quarto lugar na produção mundial, cujos principais

países produtores são a Nigéria, a Tailândia e a Indonésia. No Brasil, foram plantadas em 2018 aproximadamente dois milhões de hectares e se obteve uma produtividade de 14 t ha⁻¹, com redução em torno de 11% em relação à safra anterior (IBGE, 2019). O uso de variedades pouco produtivas influencia diretamente na queda na produtividade da mandioca (FUKUDA; GEVARA, 1998).

A procura por genótipos mais produtivos e melhor adaptados tem sido sempre um dos objetivos dos programas de melhoramento voltados para a cultura da mandioca. Estudos de pré-melhoramento têm auxiliado na procura de novos materiais. Estes estudos garantem e auxiliam no conhecimento da diversidade genética da mandioca que é um entrave em função da grande diversidade territorial das populações (SIQUEIRA *et al.*, 2010; TIAGO *et al.*, 2016). A utilização da cultura, nos centros urbanos, propicia além da manutenção de variedades, um melhor uso das áreas livres e contribui para o manejo dos recursos naturais disponíveis

(NG; NG, 2002; TIAGO *et al.*, 2016).

A cultura da mandioca, por sua importância na alimentação humana e animal, tem gerado grande interesse pela sua conservação, a partir da procura de genótipos que representam a maior diversidade da espécie (NG; NG, 2002; TIAGO *et al.*, 2016; ZAGO *et al.*, 2017). No Brasil, a Embrapa é o principal órgão público que mantém vários programas de conservação (VIEIRA *et al.*, 2008a, 2008b; GUIMARÃES *et al.*, 2019) para garantir o germoplasma que será empregado na obtenção de novas cultivares adaptadas às diversas condições do Brasil. Na caracterização do germoplasma conservado, alguns descritores auxiliam na escolha de materiais mais precoces, livres de doenças, resistentes ou tolerantes aos estresses abióticos e mais produtivos (FUKUDA; GUEVARA, 1996; TIAGO *et al.*, 2016). Por ser uma cultura que demanda de seis a doze meses para ser avaliada a sua produção, avaliações mais precoces podem auxiliar na caracterização de acessos mantidos em bancos de germoplasma. Análises multivariadas têm auxiliado na seleção de genótipos quando se têm numerosas características e até dados moleculares (TIAGO *et al.*, 2016; ZAGO *et al.*, 2017).

A diversidade genética como ferramenta para o melhoramento de plantas tem sido acessada para determinar o quão diverso podem ser os diferentes materiais que são conservados em bancos de germoplasmas “*in situ*” ou “*ex situ*” para diferentes espécies (VIEIRA *et al.*, 2008a; TIAGO *et al.*, 2016; ZAGO *et al.*, 2017; AGUILERA *et al.*, 2019). O conhecimento desta diversidade genética garante a quem pratica o melhoramento e a possibilidade de seleção e a determinação de novas populações superiores, geralmente, visando seleção para resistência a estresses bióticos ou abióticos (VIEIRA *et al.*, 2008a).

Portanto, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética entre acessos de Mandioca, por meio de caracteres agronômicos.

2 Material e Métodos

Um total de 28 acessos de mandioca foram coletados na cidade do Chapadão do Sul, no Estado de Mato Grosso do Sul (MS) em abril de 2019. Os acessos foram coletados em diferentes pontos da cidade empregando como critério de coleta a procura e diferenciação de descritores básicos (cor do pecíolo, cor da folha desenvolvida e hábito de crescimento do caule). A conservação do material foi feita nas instalações da área experimental da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campus Chapadão do Sul (CPCS). Segundo classificação de Koppen, o clima da região é do tipo tropical chuvoso (Aw), com inverno seco e verão chuvoso, com precipitação, temperatura média e umidade relativa anual de 1.261 mm, 23,97 °C, 64,23%, respectivamente. Os caules previamente identificados foram mantidos em condições ambientais, na posição vertical e protegidos da chuva até o momento do plantio que ocorreu 15 dias após a colheita das ramas (01/05/2019).

2.1 Material vegetal coletado e condução do experimento

O material vegetal (ramas) dos diferentes acessos coletados, representados inicialmente por ramas de 1 até 1,5 m, deu origem a umas dez manivas por acesso, que foi empregado, posteriormente, como propágulo na implementação do experimento em condições de campo. O plantio foi realizado em linhas duplas com espaçamento de 60 cm entre linhas duplas dentro do mesmo acesso, 50 cm entre parcelas contínuas na mesma fileira dupla e 1 m entre as fileiras duplas. Plantou-se uma parcela por acesso com 6 a 10 manivas por acesso (variou em função do material vegetal) com \pm 15 cm de comprimento e umas três a quatro gemas.

O solo da área experimental foi classificado como Latossolo Vermelho baseado no sistema brasileiro de classificação do solo (SANTOS, 2018). Antes de iniciar o experimento, os solos foram amostrados na camada 0-0,20 m e as principais propriedades químicas são apresentadas no Quadro 1.

Quadro 1 - Principais propriedades químicas dos solos utilizados no experimento

pH	MO	P _{Mehlich-1}	H+Al	Al ³⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	K ⁺	CTC	V
CaCl ₂	g dm ⁻³	mg dm ⁻³	cmol _c dm ⁻³						%
4,8	23,2	8,6	3,5	0,02	3,10	1,80	0,29	8,7	59,8

MO: Matéria orgânica. CTC: Capacidade de troca de cátions a pH 7,0. V: Saturação de bases.

Fonte: Dados da pesquisa

A adubação de base foi constituída de 80 kg ha⁻¹ de P₂O₅, cuja fonte foi o de MAP (11% de N-amoniaco e 52% de P₂O₅). A adubação de cobertura foi 40 kg ha⁻¹ de nitrogênio e, cuja fonte foi a ureia aos 30 dias após a emergência (DAE). A adubação foi de acordo com as recomendações de Souza e Fialho (2013).

Para garantir o desenvolvimento das plantas aos 15 DAG foi acrescentado um sistema de gotejo garantindo a umidade na área útil das fileiras duplas dentro de cada parcela.

Foram empregadas mangueiras de 16 mm, com gotejadores autocompensantes, e realizada a irrigação em uma frequência de três vezes por semana.

2.2 Descritores avaliados

Aos 60 DAG, os acessos foram caracterizados através de nove descritores qualitativos [*cor da folha apical* (notas de 3 - cor verde claro, 5 - verde escuro, 7 - verde arroxeadado e 9 - roxo); *pubescência do broto apical* (notas de 0 - ausente

e 1 – presente); *forma do lóbulo central* (notas de 1 – ovoide, 2 - elíptica-lanceolada, 3 - obovada-lanceolada, 4 - oblongo-lanceolada, /5 – lanceolada, 6 - reta ou linear, 7 – pendurada, 8 - linear-piramidal, 9 - linear-pandurada e 10 - linear-hostatilobada); *cor do pecíolo* (notas de 1 - verde amarelado, 2 – verde, 3 - verde avermelhado, 5 - vermelho esverdeado, 7 – vermelho, 9 - roxo); *cor da folha desenvolvida* (notas de 3 - verde claro, 5 - verde escuro, 7 - verde arroxeadado, 9 - roxo); *número de lóbulos* (notas de 1 - três lóbulos, 3 - cinco lóbulos, 5 - sete lóbulos, 7 - nove lóbulos, 9 - onze lóbulos); *cor da nervura* (notas de 3 – verde, 5 -verde vermelho em menos da metade do lóbulo, 7 - verde com vermelho em mais da metade do lóbulo, 9 - toda vermelha); *posição do pecíolo* (notas de 1 - inclinado para cima, 3 – horizontal, 5 - inclinado para baixo, 7 - irregular); *sinuosidade do lóbulo foliar* (notas de 3 – liso, 7 -sinuoso)] e quatro descritores quantitativos [*comprimento do lóbulo* (expresso em cm, avaliado a partir do ponto de inserção do lóbulo central); *largura do lóbulo* (expresso em cm, avaliado na parte mais larga do lóbulo central); *comprimento do pecíolo* (expresso em cm; mesurado em folhas do terço médio da planta); *conteúdo de clorofila* (empregando um clorofilômetro digital CFL 1030, (Falker, Porto Alegre, RS) segundo as recomendações dos descritores para a cultura de Fukuda e Guevara (1998).

Os descritores qualitativos foram avaliados em uma planta por parcela, garantindo que a planta selecionada se representa a parcela. Já, os descritores quantitativos foram avaliados em três plantas por parcela. Ambos os descritores foram avaliados aos 60 DAG e nas mesmas plantas.

2.3 Análises estatísticas

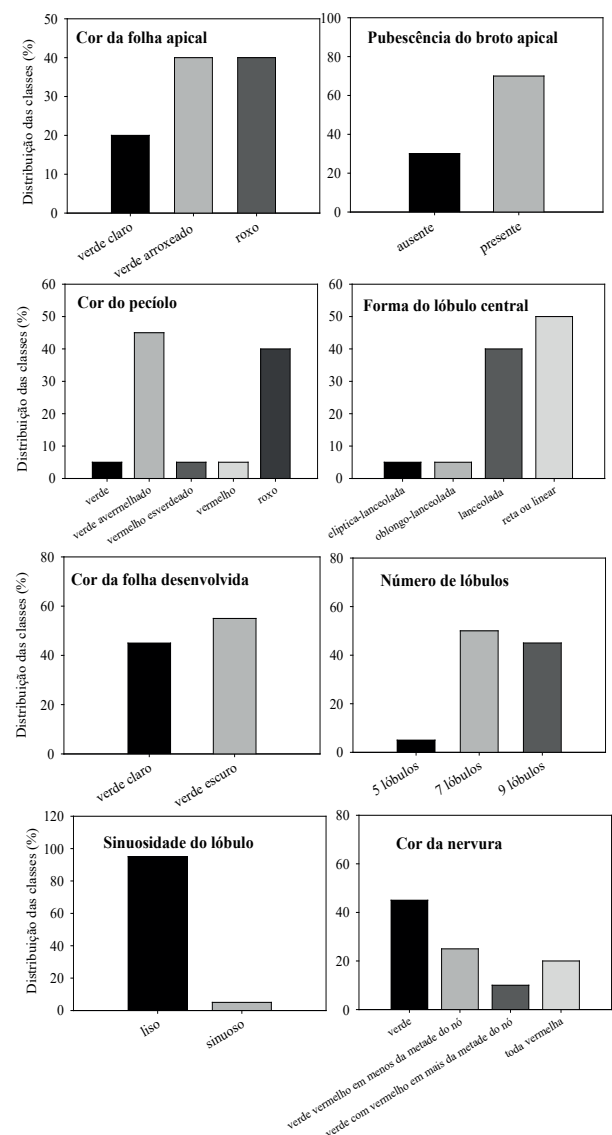
As informações de ambos os tipos de descritores foram tabuladas e empregados em uma análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos, tendo como base o algoritmo de Gower (1971). A partir da matriz de diversidade, gerada pelo método de Gower (1971), foram gerados os agrupamentos dos acessos pelo método de otimização de Tocher modificado (VASCONCELOS *et al.*, 2007) e a análise de componentes principais (ACP). Foram estabelecidos os coeficientes de correlação de *Pearson* entre os descritores avaliados e a significância da associação foi estabelecida pelo teste de Mantel ao 1% de probabilidade. As correlações foram utilizadas para a construção de uma rede de correlações. Na rede de correlações foram empregadas cores diferentes para representar as correlações positivas e negativas, com cores verdes e vermelha, respectivamente, sendo selecionadas para a construção da figura todas as correlações que foram superiores a 0.4.

Os programas estatísticos utilizados foram GENES (CRUZ, 2016) para os métodos de agrupamento e o programa Rbio foi utilizado para a construção de uma rede de correlações e análises de componentes principais (ACPs), conforme recomendação de Bhering (2017).

3 Resultados e Discussão

A caracterização dos genótipos de mandioca pode ser feita por meio do emprego de descritores qualitativos e quantitativos (FUKUDA; GUEVARA, 1998), sendo que ao combinar as técnicas permite acessar a diversidade do material conservado com fins de pré-melhoramento (CAMPOS *et al.*, 2010; FARIA *et al.*, 2012; CARRASCO *et al.*, 2016; AGUILERA *et al.*, 2019). De modo geral, os estudos sobre diversidade local e regional de mandioca são escassos, quando comparados com a grande diversidade das populações de mandiocas (SIQUEIRA *et al.*, 2010; FIGUEREDO *et al.*, 2019). Após a identificação de diferentes sítios de coleta, 28 acessos foram coletados e realizado o estabelecimento da cultura em condições de campo. Desses, apenas 20 acessos sobreviveram na primeira fase do plantio (os primeiros 60 DAG) e nesses se aferiram os descritores, conforme Fukuda e Guevara (1998) (Figura 1).

Figura 1 - Percentagem da distribuição das classes obtidas ao avaliar descritores qualitativos em 20 acessos de mandioca coletados em Chapadão do Sul, MS



Fonte: Dados da pesquisa.

Os resultados reportaram que os acessos de mandioca coletados exibem variabilidade genética, uma vez que, entre os treze descritores avaliados, somente para o descritor posição do pecíolo não foi detectado polimorfismo, sendo todos os acessos coletados com posicionamento inclinado para cima no pecíolo. Resultados semelhantes foram também observados em trabalhos realizados por Campos *et al.* (2010), os quais, ao avaliarem 21 descritores morfológicos qualitativos e sete descritores morfológicos quantitativos em 53 genótipos de mandioca conservados em um banco de germoplasma, evidenciaram a diversidade genética ao avaliar a parte vegetativa da cultura (FUKUDA; GUEVARA, 1998).

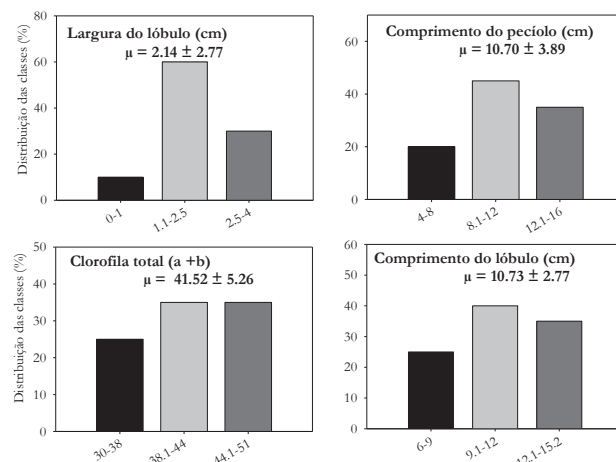
A conservação “*in situ*”, praticada pelos produtores de mandioca, contribui para a manutenção e o ganho de diversidade, muito atribuído ao modo como é incorporado (grande número de materiais) e reproduzido nas propriedades, muitas vezes sendo mantidos até os materiais menos produtivos, o que contribui para a manutenção da diversidade da cultura (VIEIRA *et al.*, 2008b). Estudos de caracterização de materiais conservados “*in situ*” são escassos (VIEIRA *et al.* 2008a; TOMICH *et al.*, 2008; LIMA *et al.*, 2013), o que evidência a importância do estudo.

Nos descritores qualitativos se observou maior variação na cor do pecíolo (cinco cores diferentes: verde, verde avermelhado, vermelho esverdeado, vermelho e roxo) e a menor variação foi constatada na pubescência do broto apical (ausente ou presente) e a cor da folha desenvolvida (verde claro ou verde escuro), sendo que ambos foram agrupados em duas classes (Figura 1). Estas variações foram semelhantes às obtidas por Vieira *et al.* (2008a), os quais, ao avaliarem 356 acessos de mandioca do banco de germoplasma da Embrapa Cerrados em relação a 27 descritores morfológicos, evidenciaram elevada variabilidade genética para a cultura, sendo os descritores: cor do pecíolo, forma do lóbulos central e cor da folha apical os que demonstraram as maiores variações. A ancestralidade de cultivares de mandioca pode ser evidenciada quando se têm genótipos com até três lóbulos por folha (TOMICH *et al.*, 2008), característica que entre os acessos coletados foi de 5 e 9, o que caracteriza que o material coletado já foi melhorado ao se considerarem esses descritores.

Ao considerar os descritores quantitativos, as variações foram estabelecidas em três classes, com médias e desvio padrão para o comprimento do lóbulos de $10,73 \pm 2,77$ cm, largura do lóbulos de $2,14 \pm 2,77$ cm e comprimento do pecíolo de $10,70 \pm 3,89$ cm (Figura 2). O período selecionado (60 DAG) representa a época que, segundo trabalhos de Alves (2006), ocorre o início da maior intensidade de crescimento da cultura da parte área e da raiz, com expansão das folhas verdadeiras, no qual o processo fotossintético das folhas começa a contribuir, positivamente, para o crescimento da planta. Assim, nessa época se avaliou o conteúdo de clorofila total, com valores médios de $41,52 \pm 5,26$ e uma amplitude geral de 30 - 50,10 (Figura 2). Pela sensibilidade deste parâmetro fisiológico, esse tem sido usado para monitorar de modo indireto a nutrição de algumas plantas e até para

diferenciar respostas aos estresses (FERREIRA *et al.*, 2015).

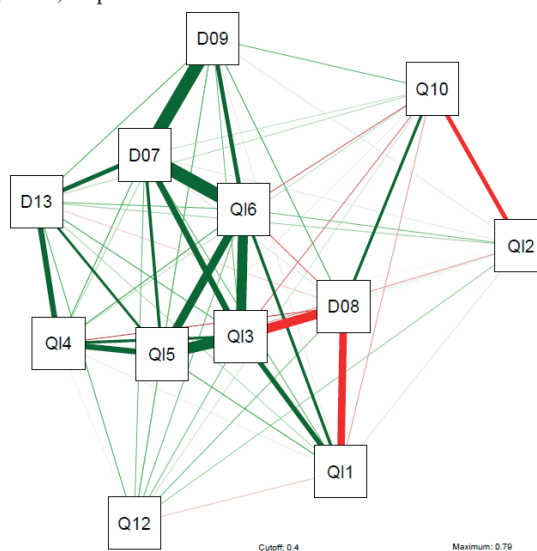
Figura 2 - Percentagem da distribuição das classes obtidas ao avaliar descritores quantitativos em 20 acessos de mandioca coletados em Chapadão do Sul, MS.



Fonte: Dados da pesquisa.

Os coeficientes de correlação de Pearson entre os descritores foram obtidos, em seguida, estabeleceu-se a rede de correlações (Figura 3). Observaram-se correlações de magnitudes significativas pelo teste de Mantel ao 1% de probabilidade entre os descritores D09 (comprimento do pecíolo) e D07 (comprimento do lóbulos) [$r = 0,89$], D07 e Q16 (número de lóbulos) [$r = 0,80$], Q16 e Q13 (forma do lóbulos central) [$r = 0,50$], Q13 e Q15 (cor da folha desenvolvida) [$r = 0,60$].

Figura 3 - Rede de correlações fenotípicas estabelecidas entre os descritores qualitativos (Q1) e quantitativos (D) obtidos em 20 acessos de mandioca. Q11: Cor da folha apical; Q12: Pubescência do broto apical; Q13: Forma do lóbulos central; Q14: Cor do pecíolo; Q15: Cor da folha desenvolvida; Q16: Número de lóbulos; Q10: Cor da nervura; Q12: Sinuosidade do lóbulos foliar; D07: Comprimento do lóbulos; D08: Largura do lóbulos; D09: Comprimento do pecíolo; D13: Conteúdo de clorofila total. As linhas verdes e vermelhas representam correlações positivas e negativas, respectivamente.



Fonte: Dados da pesquisa.

Correlações de magnitude significativa e negativas foram obtidas entre D08 (largura do lóbulo) e os descritores Q13 e Q11 (cor da folha apical) com valores de -0,52 e -0,43 respectivamente, ambas significativas pelo teste de Mantel ao 1% de probabilidade. Correlações negativas indicam que o ambiente favorece uma característica em detrimento da outra, segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2014). Assim, haverá dificuldade na seleção para D08 ao selecionar para Q13 e Q11, ao mesmo tempo, ou vice-versa. De acordo com Carvalho *et al.* (2002), a identificação de possíveis caracteres que permitem a seleção indireta para produção, pode auxiliar na seleção para uma determinada característica da mandioca.

A partir do algoritmo Gower (1971), ambos os tipos de dados (qualitativo e quantitativo) foram combinados em uma única matriz e empregada para obter uma matriz de dissimilaridade a fim de realizar o agrupamento pelo método de Tocher Modificado (Quadro 2) e ACP (Figura 4). Assim, é possível acessar a variabilidade genética dos acessos de mandioca por meio de diferentes métodos.

Quadro 2 - Grupos formados pelo método de Tocher Modificado ao empregar descritores qualitativos e quantitativos em 20 acessos de mandioca

Grupos	Acessos	Nº Acessos
I	12, 13, 16, 18, 7, 8	6
II	14, 20, 19, 6, 2	5
III	3, 17, 5, 4, 11, 10, 9	7
IV	1	1
V	15	1

Fonte: Dados da pesquisa.

O princípio do método de Tocher Modificado adota como critério de seleção dos acessos dentro de cada grupo que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos, o qual mantém a homogeneidade interna dos grupos e a heterogeneidade entre estes. Assim, observaram-se cinco grupos, sendo que os três primeiros grupos formados por 6, 5 e 7 acessos respectivamente; seguidos de dois grupos com apenas um acesso (1 e 15). Sendo acessos que se comparados com o resto têm divergência, diferenciados principalmente em dois dos descritores qualitativos avaliados. O acesso 1 entre todos os acessos coletados é o único que tinha cor do pecíolo (Q14) vermelho esverdeado e o lóbulo foliar sinuoso (Q12), já o acesso 15 tem como característica predominante a cor do pecíolo verde e cinco lóbulos (Q16). Tais características os diferenciam dos demais, sendo que este método é eficiente para a separação dos acessos. No método de agrupamento de Tocher é normal que o maior número de genótipos esteja alocado nos primeiros grupos e os indivíduos agrupados isoladamente nos outros grupos, o que possibilita a identificação de indivíduos geneticamente dissimilares (ELIAS *et al.*, 2004; FIGUEREDO *et al.*, 2019).

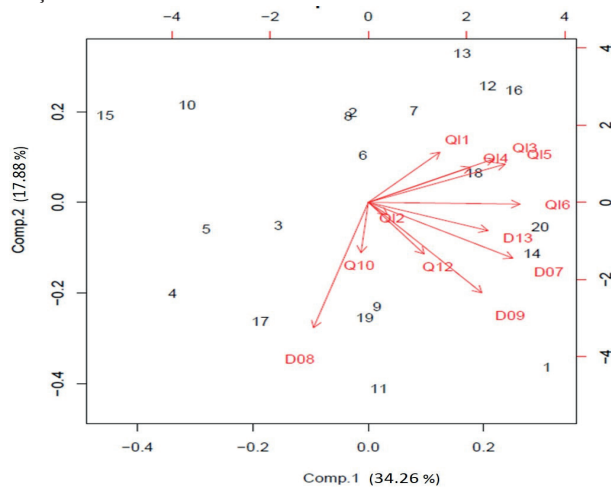
A divergência genética de 356 genótipos de mandioca mantidos na coleção de acessos da Embrapa Cerrado foi

constatada a partir do método de agrupamento de Tocher em trabalho realizado por Vieira *et al.* (2008a). Tais resultados demonstram a adequação do método e a confirmação dos resultados deste estudo. A comparação de métodos é uma estratégia comum há várias pesquisas já relatadas (FARIA *et al.*, 2012, AGUILERA *et al.*, 2019). Aguilera *et al.* (2019) relatam a possibilidade de acessar a diversidade genética de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) ao combinar dados qualitativos, quantitativos e moleculares, indicando a possibilidade de se ter êxito pela combinação desses dados em um programa de pré-melhoramento. Nick *et al.* (2010), ao estimarem a diversidade genética entre 75 clones F₁ e 19 variedades locais, encontraram que há divergência genética entre as subamostras estudadas, podendo assim selecionar subamostras potencialmente úteis a participarem de fases seguintes em um programa de melhoramento pelo potencial e a diversidade encontrada entre essas.

Nas ACPs se verificou dispersão dos genótipos (identificados de 1 até 20, Figura 4) ao considerar os dois primeiros componentes que explicam 52,14% da variabilidade dos acessos coletados. Os descritores representados com setas vermelhas de diversas magnitudes, e a maioria desses com autovetores positivos, com a exceção do D08 que é negativo, manifestam o peso que esses têm nos dois componentes. Pode-se verificar por meio da Figura 4 que os descritores são correlacionados, positivamente e negativamente, entre si (o que corrobora com o resultado apresentado na Figura 3). Esse fato significa que a seleção em relação a um descritor pode culminar em uma seleção positiva ou negativa quando praticada, e a importância de caracterizar coleções que mantêm a diversidade da cultura (ORTIZ *et al.*, 2019).

Se considerar o descritor D08 (largura do lóbulo), é o que mais contribuiu para o segundo componente e, ao mesmo tempo, se correlaciona negativamente com Q11, Q13, Q14, Q15 e Q16. Entretanto, observou-se para o primeiro componente que a variável que mais contribuiu é a Q16 (número de lóbulos). As setas, que são atribuídas a cada descritor, mostram a representatividade dos descritores nos dois componentes, à medida que é maior os descritores são mais representativos e, com isso, contribuem mais a diversidade dos acessos avaliados. O ângulo que é obtido entre os descritores evidencia as correlações entre os descritores, à medida que é menor esse ângulo maior é a correlação. Estes resultados se correspondem com o obtido na rede de correlações, conforme a Figura 3. As ACPs auxiliam na interpretação de resultados de análises de diversidade e foram utilizados por Gonçalves *et al.* (2017) para a determinação de diversidade genética e estrutura de uma população de 51 acessos de mandioca coletados em Minas Gerais, os quais, ao empregarem 20 marcadores microsatélite conseguiram explicar 48,21% da variação genética da população estudada.

Figura 4 - Análises de componentes principais de descritores qualitativos (QI) e quantitativos (D) obtidos em 20 acessos de mandioca avaliados nas condições de Chapadão do Sul - MS. Q11: Cor da folha apical; Q12: Pubescência do broto apical; Q13: Forma do lóbulo central; Q14: Cor do pecíolo; Q15: Cor da folha desenvolvida; Q16: Número de lóbulos; Q10: Cor da nervura; Q12: Sinuosidade do lóbulo foliar; D07: Comprimento do lóbulo; D08: Largura do lóbulo; D09: Comprimento do pecíolo; D13: Conteúdo de clorofila total. Vetores vermelhos representam a relação entre os diferentes descritores



Fonte: Dados da pesquisa

A distribuição demonstrou que os acessos nos quatro quadrantes (formados a partir da origem zero) bem distribuídos e muito relacionados com alguns dos descritores ao se observar a proximidade da localização dos acessos e o sentido das setas que correspondem aos descritores. Entre os acessos se observou que os acessos 15 e 10, que estão bem isolados, em um quadrante e associados com os descritores localizados no quadrante oposto. Esta representação gráfica de acessos e descritores (Figura 4) melhora a interpretação dos resultados obtidos e deixa mais clara a diversidade acessada pelos diferentes descritores neste trabalho. Carrasco *et al.* (2016), ao caracterizarem a diversidade de genótipos de mandioca, em três municípios diferentes do Estado de Mato Grosso, observaram uma ampla distribuição de genótipos únicos para cada município, ao mesmo tempo com grande variabilidade entre esses. Isso mostra o potencial que se tem ao conservar “*in situ*” a diversidade da cultura na região.

4 Conclusão

A diversidade genética dos acessos coletados na região de Chapadão do Sul foi constatada por meio de vários métodos de agrupamento. A combinação de dados qualitativos e quantitativos foi melhor representada, quando combinados os dados em uma análise de componentes principais. Observa-se alta variabilidade genética no conjunto de acessos de mandioca, considerando os dados dos descritores qualitativos e quantitativos para a região de Chapadão do Sul, MS. De acordo com os resultados, é possível confirmar que o uso dos descritores em estádios iniciais (60 DAG) auxiliam a diferenciação de acessos e garantem a seleção em obter um

ganho em um programa de pré-melhoramento para a cultura da mandioca por meio de métodos multivariados.

Referências

- AGUILERA, J.G. *et al.* The combination of data as a strategy to determine the diversity of tomato subsamples. *Amaz. J. Plant. Res.*, v.3, n.1, p.276-289, 2019.
- ALVES, A.A.C. Fisiologia da mandioca. In: SOUZA, L.S. *Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca*. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006. p. 138-169.
- BERHING, L.L. Rbio: a tool for biometric and statistical analysis using the R Platform. *Crop Breed. Appl. Biotechnol.*, v.17, p.187-190, 2017.
- CAMPOS, A.L. *et al.* Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso. *Rev. Tróp. Cienc. Agr. Biol.*, v.4, n.2, p.44-54, 2010.
- CARRASCO, N.F. *et al.* Growing Cassava (*Manihot esculenta*) in Mato Grosso, Brazil: Genetic Diversity Conservation in Small-Scale Agriculture. *Econ. Bot.*, v.70, n.1, p.15-28, 2016.
- CARVALHO, C.G.P. *et al.* Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.37, p.311-320, 2002.
- CRUZ, C.D. Genes software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Sci., Agron.*, v.38, n.4, p.547-552, 2016.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 2014.
- ELIAS, M. *et al.* Genetic diversity of traditional South American landraces of cassava (*Manihot esculenta* Crantz): an analysis using microsatellites. *Econ. Bot.*, v.58, n.2, p.242-256, 2004.
- FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations. Production crops. 2019 Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 20 jan. 2019.
- FARIA, P.N. *et al.* Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. *Hortic. Bras.*, v.30, p.428-432, 2012.
- FERREIRA, E.A. *et al.* Respostas fisiológicas da mandioca à aplicação de herbicidas. *Semina: Ciênc. Agrár.*, v.36, n.2, p.645-655, 2015.
- FIGUEREDO, P.E. *et al.* Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil. *Magistra*, v.30, p.143-153, 2019.
- FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L. *Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (Manihot esculenta Crantz)*. Cruz das Almas: Embrapa-CNPMPF, 1998.
- GONÇALVES, T.M. *et al.* Genetic diversity and population structure of traditional sweet cassava accessions from Southern of Minas Gerais State, Brazil, using microsatellite markers. *Afr. J. Biotechnol.*, v.16, n.8, p.346-358, 2017.
- GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, v.27, n.4, p.857-874, 1971.
- GUIMARÃES, M.J.M. *et al.* Modelos matemáticos para a estimativa da área foliar de mandioca. *Rev. Cienc. Agrár.*, v.62, p.1-5, 2019.
- GULICK, R. *et al.* *Genetic resources of cassava and wild relatives*. Rome: International Board for Plant Genetic Resources. 1983.

- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística Levantamento sistemático da produção agrícola. 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>>. Acesso em: 18 mar. 2019.
- LIMA, P.G.C. et al. Agrobiodiversidade e etnoconhecimento na Gleba Nova Olinda I, Pará: interações sociais e compartilhamento de germoplasma da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz, Euphorbiaceae). *Bol. Mus. Para. Emílio Goeldi. Ciênc. Hum.*, v.8, n.2, p.419-433, 2013.
- NG, N.Q.; NG, S.Y.C. Genetic Resources and Conservation. In: HILLOCKS, R.J.; THRESH, J.M.; BELLOTTI, A.C. (Ed). *Cassava: biology, production and utilization*. CAB International, 2002. p.167-177.
- NICK, C. et al. Divergência genética entre subamostras de mandioca. *Bragantia*, v.69, n.2, p.289-298, 2010.
- ORTIZ, A.H.T. et al. Population structure and genetic diversity of sweet cassava accessions from the midwestern, southeastern and southern regions of Brazil. *Braz. Arch. Biol. Technol.*, v.62, e19180556, p.1-16, 2019.
- SANTOS, H.G. *Sistema brasileiro de classificação de solos*. Rio de Janeiro: Embrapa, 2018.
- SIQUEIRA, M.V.B.M. et al. Microsatellite polymorphisms in cassava local varieties from the Cerrado Biome, Mato Grosso do Sul, Brazil. *Biochem. Genet.*, v.48, n.9/10, p.879-895, 2010.
- SOUZA, L.S.; FIALHO, J.F. Adubação nitrogenada, adubação fosfatada e potássica, conservação do solo. In: Embrapa. *Cultivo da Mandioca para a Região do Cerrado*. Sistemas de Produção. 2013. Disponível em: <https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca_cerrados/adubacao.htm> Acesso em: 10 ago. 2019.
- TIAGO, A.V. et al. Descritores morfológicos na caracterização de etnovarietades de mandioca no município de Alta Floresta, MT. In: IV CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, Curitiba, Parana, 2016.
- TOMICH, R.G.P. et al. Etnovarietades de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) Cultivadas em Assentamentos Rurais de Corumbá, MS. *Bol. Pesq. Desenvol.*, p.27, 2008.
- VASCONCELOS, E.D. et al. Método alternativo para análise de agrupamento. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.42, p.10, 2007.
- VIEIRA, E.A. et al. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. *Pesq. Agropec. Bras.*, v.43, n.12, p.1707-1715, 2008a.
- VIEIRA, E.A. et al. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. *Científica*, v.36, n.1, p.56 - 67, 2008b.
- ZAGO, B.W. et al. Morphological diversity of cassava accessions of the south-central mesoregion of the State of Mato Grosso, Brazil. *Genet. Mol. Res.*, v.16, n.3, p.1-10, 2017.