

Avaliação de acessos de mandioca do banco de germoplasma da UNEMAT Cáceres – Mato Grosso

Adryellison Lemes de Campos¹, Antonio Júnior Zacarias¹, Diego Leonardo Costa¹, Leonarda Grillo Neves¹, Marco Antonio Aparecido Barelli¹, Severino Paiva Sobrinho¹ e Petterson Baptista da Luz¹

Resumo - A quantificação da divergência genética entre acessos de bancos de germoplasma baseada em descritores empregando-se análise multivariada permite a indicação de potenciais genitores. Este trabalho teve como objetivos caracterizar e quantificar a divergência genética entre 53 acessos de mandioca, por meio de 28 descritores morfológicos, submetidos a duas medidas de dissimilaridade e aplicada a dois métodos de agrupamento, o de Otimização Tocher e o Hierárquico UPGMA, comparando seus resultados. A caracterização foi realizada através de 21 descritores morfológicos qualitativos e sete descritores morfológicos quantitativos, ambos da parte aérea da planta. O estudo possibilitou verificar os acessos mais divergentes, e também o comportamento dos dois métodos de agrupamento, que apresentaram formação de grupos semelhantes, tanto para características qualitativas baseado em variáveis multicategóricas, sendo possível a formação de dez grupos pelo método de Otimização Tocher e seis grupos pelo UPGMA, quanto para características quantitativas, que apresentou formação de dez grupos com uso do Tocher e oito com UPGMA, baseado na distancia euclidiana. Em ambos os casos o UPGMA complementa o Tocher. O uso conjunto dos dois métodos associados a análises de caracteres qualitativos e quantitativos possibilitou uma avaliação mais precisa dos genótipos.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz, estatística multivariada, métodos de agrupamento

Evaluation of cassava accessions from the germplasm bank UNEMAT Cáceres - Mato Grosso

Abstract - The quantification of genetic divergence among accessions of germplasm banks, based on descriptors by using multivariate analysis provides an indication of potential parents. This study aimed to characterize and quantify the genetic divergence among 53 accessions of cassava, using 28 morphological descriptors, subject to two measures of dissimilarity and applied the two methods of grouping, the optimization of Tocher and Hierarchical UPGMA, comparing their results. The characterization was performed using 21 morphological descriptors qualitative and seven quantitative morphological descriptors, both the shoot of the plant. The study has verified the most divergent accessions, and also the behavior of two methods of grouping, which showed formation of similar groups, both for quality based on variables multicategoricas, where it was possible to form groups of ten by the Tocher optimization method and six groups by UPGMA, and for quantitative traits, which showed formation of ten groups with use of Tocher and eight with UPGMA based on Euclidean distance. In both cases the UPGMA complements the Tocher. The combined use of two methods associated with analysis of qualitative and quantitative characters has a more accurate assessment of genotypes.

Key words: *Manihot esculenta* Crantz, multivariate statistics, cluster methods.

INTRODUÇÃO

A cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) apresenta elevada importância social, constitui uma das mais importantes fontes de carboidratos nos trópicos, empregada na alimentação humana, animal e na indústria de processamento por cerca de 500 milhões de pessoas em todo o mundo (Silva et al., 2005; Fukuda et al., 2005). No Brasil ela é cultivada em todas as regiões, com uma conseqüente diversidade de variedades adaptadas para cada um desses diferentes biomas, conferindo à espécie uma grande diversidade genética (Galera & Valle, 2007).

Segundo Fukuda & Silva (2002) a grande diversidade genética apresentada pela cultura da mandioca é decorrente da seleção natural, durante a evolução da espécie, na sua domesticação, da facilidade de polinização cruzada da espécie, de sua alta heterozigosidade e da deiscência abrupta dos frutos, o que origina continuamente uma infinidade de novos genótipos.

Recebido em 18 de março de 2010, aceito em 20 de agosto de 2010

¹ Universidade do Estado de Mato Grosso, Av. São João, s/n – Cavalhada 2, Cep 78200-000. Cáceres-MT. Email: adryellison@gmail.com.

Boa parte desta diversidade é mantida em bancos de germoplasma situados no Brasil e no exterior, com finalidade de reduzir a erosão genética e sendo utilizadas diretamente como cultivares comerciais e para programas de melhoramento (Gomes et al., 2007). Essa diversidade se expressa, entre outras maneiras, no grande número de variedades que as espécies cultivadas apresentam (Mühlen et al., 1999). Entretanto, a manutenção da variabilidade genotípica seria pouco útil se os acessos que a compõem não fossem devidamente caracterizados e avaliados (Fukuda et al., 2005).

A caracterização e avaliação do germoplasma de mandioca são fundamentais para a sua utilização mais eficiente nos trabalhos de melhoramento. A caracterização morfológica dos acessos de mandioca visa basicamente a diferenciação fenotípica entre os acessos, contribuindo para reduzir-se as duplicações e selecionar aqueles que atendam às necessidades dos programas de melhoramento da cultura (Almeida et al., 1993; Araújo et al., 2005).

O melhoramento vegetal é um trabalho contínuo, que visa selecionar materiais produtivos, sadios e com boas características para o mercado. A interrelação com o ambiente de cultivo é pronunciada, necessitando-se verificar o comportamento adaptativo local de cada material promissor introduzido (Schwegbert & Messias, 2007).

A introdução de cultivares de mandioca em um determinado ecossistema e a seleção dos mais adaptados é um procedimento simples e de baixo custo, comumente utilizado em vários países, entre os quais o Brasil (Fernandes et al., 2007). A escassez de dados botânicos sobre inúmeros cultivares brasileiros de mandioca reforça a necessidade de reunir todo este material para ser avaliado em ensaios comparativos visando à obtenção de dados morfológicos, capazes de propiciar condições de melhor conhecer as cultivares (Archangelo et al., 2007).

Métodos multivariados têm sido utilizados para estudos de divergência genética tanto intra como interespecífica para diversas espécies cultivadas permitindo uma visão mais abrangente do que a análise de cada variável isoladamente, buscando maior precisão nas estimativas de distâncias, identificando progenitores que poderiam ser utilizados em futuros programas de melhoramento e descrição de características que pouco ou muito contribuem para a discriminação genotípica (Vidigal et al., 1997; Peroni, 1998). Os caracteres qualitativos têm a sua importância na caracterização de germoplasma, por ser relativamente fácil aferir, menor custo e por serem menos influenciados pelo ambiente do que os caracteres quantitativos (Vieira et al., 2008).

Nos últimos anos tem-se procurado identificar novos potenciais da cultura da mandioca capazes de contribuir para a melhoria da situação nutricional das populações com graves problemas de desnutrição, em todo o Brasil, e cultivares para satisfazer a indústria (Ribeiro et al., 2007). Devido à grande variabilidade genética da espécie predominante na agricultura de subsistência (“fundo-de-quintal”), é freqüente a ocorrência de problemas com a nomenclatura das cultivares (Zuin, 2009).

O presente trabalho foi realizado com finalidade de caracterizar e quantificar a divergência genética entre 53 acessos de mandioca do banco germoplasma de mandioca da UNEMAT campus Cáceres, por meio de 28 descritores morfológicos, aplicada a dois métodos de agrupamento, relacionando e comparando seus resultados.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado com 53 acessos fornecidos pelo banco de germoplasma de mandioca da Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT campus Cáceres – MT, instalado na estação experimental da Empresa Mato-grossense de Pesquisa Assistência e Extensão Rural – EMPAER, localizada na BR 070 a 12 KM de Cáceres - MT.

Do total de acessos, 28 foram coletados na região de Rosário Oeste – MT no primeiro semestre de 2008, e 25 coletados na região urbana do município de Cáceres – MT (Quadro 1), no período de agosto a dezembro de 2008.

Caracterização morfológica

A coleta de dados foi realizada nos meses de dezembro de 2008, janeiro e fevereiro de 2009 dos acessos de Rosário Oeste e março, abril e maio de 2009, dos acessos de Cáceres. A caracterização morfológica dos genótipos foi realizada conforme escala proposta por Fukuda & Guevara (1998), tendo sido avaliadas somente características da parte aérea, através de 28 descritores morfológicos, sendo 21 de caracteres qualitativos e sete de caracteres quantitativos, de plantas com idade entre seis e oito meses, idade recomendada por Fukuda & Guevara (1998) para caracterização de folhas e pecíolo, que também recomenda à caracterização de cor externa de caule em plantas próximo a colheita, desta forma foi realizada uma nova coleta em plantas com idade entre 8 a 10 meses, caracterizando somente cor externa do caule.

Quadro 1. Descrição dos acessos de mandioca da coleção da UNEMAT, Cáceres – MT, 2009.

VARIETADE	ACESSO	VARIETADE	ACESSO
PONTES E LACERDA	1	BRANQUINHA 02	26
AIPIM 01	2	SINOP	27
BRANQUINHA 01	3	LIBERATA 01	28
PRETINHA 01	4	ESPETO	29
PRETINAH 02	5	LIBERATÃO	30
CACAU 01	6	BRANQUINHA 03	31
NÃO IDENTIFICADA 1	7	LIBERATA	32
NÃO IDENTIFICADA 2	8	CACAU 02	33
XAVANTINA	9	LIGEIRINHA	34
CACAU VERMELHA	10	VERMELHA 01	35
CACAU 2 ANOS	11	SERINGUEIRA 02	36
JURITI	12	BRANQUINHA 04	37
SERINGUEIRA 01	13	LIBERATA 02	38
CACAU 9 MESES	14	CUIUDA	39
BRANQUINHA 3 MESES 01	15	GUAPORÉ-VERMELHA	40
CACAU 8 MESES	16	AMARELINHA	41
POUPA BRANCA	17	ROCHA	42
BRANQUINHA 3 MESES 02	18	VERMELHA 02	43
GEMADINHA	19	LIBERATA-ROCHA	44
URUBU	20	LIBERATA-BRANCA	45
NÃO IDENTIFICADA 03	21	VASSORINHA	46
NÃO IDENTIFICADA 04	22	FAZ. SÃO PEDRO	47
NÃO IDENTIFICADA 05	23	AIPIM 02	48
NÃO IDENTIFICADA 06	24	CACAU-BRANCA	49
NÃO IDENTIFICADA 07	25	RONDÔNIA	50
		BRANQUINHA 06	51
		NÃO IDENTIFICADA 08	52
		NÃO IDENTIFICADA 09	53

Caracteres qualitativos:

01) Cor da Folha Apical: (3) verde claro, (5) verde escuro, (7) verde arroxeadado, (9) roxo;

02) Pubescência do broto apical: (0) ausente, (1) presente;

- 03) 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;
- 04) Cor do pecíolo:** (1) verde amarelado, (2) verde, (3) verde avermelhado, (5) vermelho esverdeado, (7) vermelho, (9) roxo;
- 05) Cor do córtex do caule:** (1) amarelo, (2) verde claro, (3) verde escuro;
- 06) Cor externa do caule:** (3) laranja, (4) verde amarelado, (5) dourado, (6) marrom claro, (7) prateado, (8) cinza, (9) marrom escuro;
- 07) Forma da filotaxia:** (3) curto (≤ 8 cm), (5) médio (de 8- 15 cm), (7) longo (≥ 15 cm);
- 08) Floração:** (0) ausente, (1) presente;
- 09) Cor da folha desenvolvida:** (3) verde claro, (5) verde escuro, (7) verde arroxeadado, (9) roxo;
- 10) Número de lóbulos:** (1) três lóbulos, (3) cinco lóbulos, (5) sete lóbulos, (7) nove lóbulos, (9) onze lóbulos;
- 11) Cor da epiderme do caule:** (1) creme, (2) marrom claro, (3) marrom escuro, (4) laranja;
- 12) Hábito de crescimento de caule:** (1) reto, (2) zig-zag;
- 13) Cor dos ramos terminais nas plantas adultas:** (3) verde, (5) verde arroxeadado, (7) roxo;
- 14) Cor da nervura:** (3) verde, (5) verde vermelho em menos da metade do lóbulo, (7) verde com vermelho em mais da metade do lóbulo, (9) toda vermelha;
- 15) Posição do pecíolo:** (1) inclinado para cima, (3) horizontal, (5) inclinado para baixo, (7) irregular;
- 16) Forma da proeminência das cicatrizes foliares:** (3) sem proeminência, (5) proeminente, para a forma do comprimento das estípulas foram (3) curtas (5) longas;
- 17) comprimento das estípulas:** (3) curtas; (5) longas;
- 18) Margem das estípulas:** (1) laciniada; (2) inteira;
- 19) Hábito de ramificação:** (1) ereto, (2) dicotômico, (3) tricotômico, (4) tetracotômico;
- 20) sinuosidade do lóbulo foliar:** (3) liso, (7) sinuoso;
- 21) Tipo de planta:** (1) compacta, (2) aberta, (3) guarda sol, (4) cilíndrico.

Caracteres quantitativos:

- 1) 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.
- 2) 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 acesso.
- 3) 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.
- 4) 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.
- 5) Altura média de plantas:** expressa em m, obtida pela medição da distância entre o solo e a extremidade da brotação nova, em dez plantas de cada acesso.
- 6) 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.
- 7) Relação comprimento/largura do lóbulo central:** expressa em cm, obtida pela divisão do valor do comprimento do lóbulo central pela largura.

Análise multivariada

A avaliação das características morfológicas qualitativas foi realizada por meio de variáveis multicategóricas, de acordo com Cruz & Carneiro (2003). Em que, o índice de similaridade (s_{ii}) considerou as concordâncias e discordâncias de informações fenotípicas entre os acessos. Tendo em vista que técnicas de agrupamento são baseadas em medidas de dissimilaridade, foi utilizado o complemento aritmético do índice de similaridade ($d_{ii} = 1 - s_{ii}$), que representa a dissimilaridade entre os acessos (Cruz, 2006). Desta forma:

$$d_{ii} = 1 - s_{ii} = \frac{D}{C = D}$$

As médias fenotípicas dos caracteres morfológicos quantitativos foram utilizadas para estimar a Distância Euclidiana que é dada por:

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (Y_{ij} - Y_{i'j})^2}$$

considerando Y_{ij} a observação no i -ésimo genótipo (clone, cultivar, linhagem etc.) para a j -ésima característica, define-se a distancia euclidiana entre o par de genótipos i e i' .

Desta forma foram geradas duas matrizes de dissimilaridade, sendo uma referente às características morfológicas qualitativas e quantitativas.

Ambas as matrizes de dissimilaridade foram utilizadas para a aplicação dos métodos de agrupamento, hierárquico de ligação media entre grupos (UPGMA) e de Otimização de Tocher, representado por:

i) limite da distancia intergrupo: que é obtida pelo valor do maior elemento do conjunto de menor distância envolvendo cada genótipo estudado.

ii) Estabelecimento dos grupos: a distancia entre o individuo K e os grupos formados pelo grupo ij é dada por:

$$d_{(ij)K} = d_{ij} + d_{jK}$$

iii) Distâncias intragrupo e intergrupo:

- distância média intragrupo:

$$\bar{d}_i = \frac{\sum_{j>}^n \sum_{j'}^n d_{jj'}}{n(n-1)}$$

em que n é o número de acessos dentro do grupo i .

- distância média intergrupo:

$$\bar{d}_i = \frac{\sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n d_{jj'}}{n_1 n_2}$$

em que n_1 e n_2 são os números de acessos dentro dos grupos i e i' , respectivamente.

iv) Média, máxima e mínima encontrados dentro dos grupos em relação as características estudadas.

Os procedimentos estatísticos foram realizados por meio do programa computacional GENES, versão 2009 (Cruz, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de agrupamento pelo método de Tocher observado na Tabela 1 foi verificada a formação de dez grupos distintos, sendo os grupos I e II, os mais numerosos, respectivamente 32,08% e 24,53% dos 53 acessos. O grupo X foi o menos expressivo, formado somente pelo acesso 52 RO, sugerindo que este seja o mais divergente do total analisado, sendo o mais indicado para futuros trabalhos de melhoramento. Os grupos V, VI, VII, VIII e IX, apresentam formação com somente dois acessos cada, caracterizando um bom grau de divergência.

Com análise realizada com o método hierárquico UPGMA (Figura 1), submetido a um corte de cerca de 85 %, apresentou a formação de seis grupos, sendo o primeiro formado por um grande número de acesso, um total de 23 dos 53 analisados. Os três últimos grupos foram os menos representativos, com dois acessos cada, sendo eles, 44 e 50 grupo IV, 20 e 42 grupo V e 1 e 38 grupo VI.

Ambos os métodos demonstraram semelhança no agrupamento dos acessos, porém não idênticos, podendo ser observado nos grupos V, VII e IX do método Tocher, os quais são formados pelos mesmos acessos dos grupos V, VI e IV do método UPGMA. O UPGMA ofereceu uma apresentação mais detalhada, possibilitando uma visualizar as distancias dentro de um determinado grupo, complementando o Tocher, que por sua vez, forneceu grupos distintos. Fato também observado por Kvitschal (2008), estudando a caracterização e divergência genética de germoplasma de Mandioca da região urbana de Maringá – Paraná, e conclui que à combinação dos dois métodos permite uma melhor orientação na condução dos acessos.

Tabela 1. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 53 acessos de mandioca, mediante a utilização de 21 características qualitativas (Cáceres – MT, 2009).

GRUPO	ACESSO							%
I	26	51	37	15	49	28	9	32.08
	2	6	14	12	18	23	22	
	21	29	7					
II	32	33	43	34	39	41	35	24.53
	40	30	24	13	53	10		
III	36	45	47	19	4	31	3	13.21
IV	8	16	5	11	25			9.43
V	20	42						3.77
VI	17	48						3.77
VII	1	38						3.77
VIII	27	46						3.77
IX	44	50						3.77
X	52							1.89

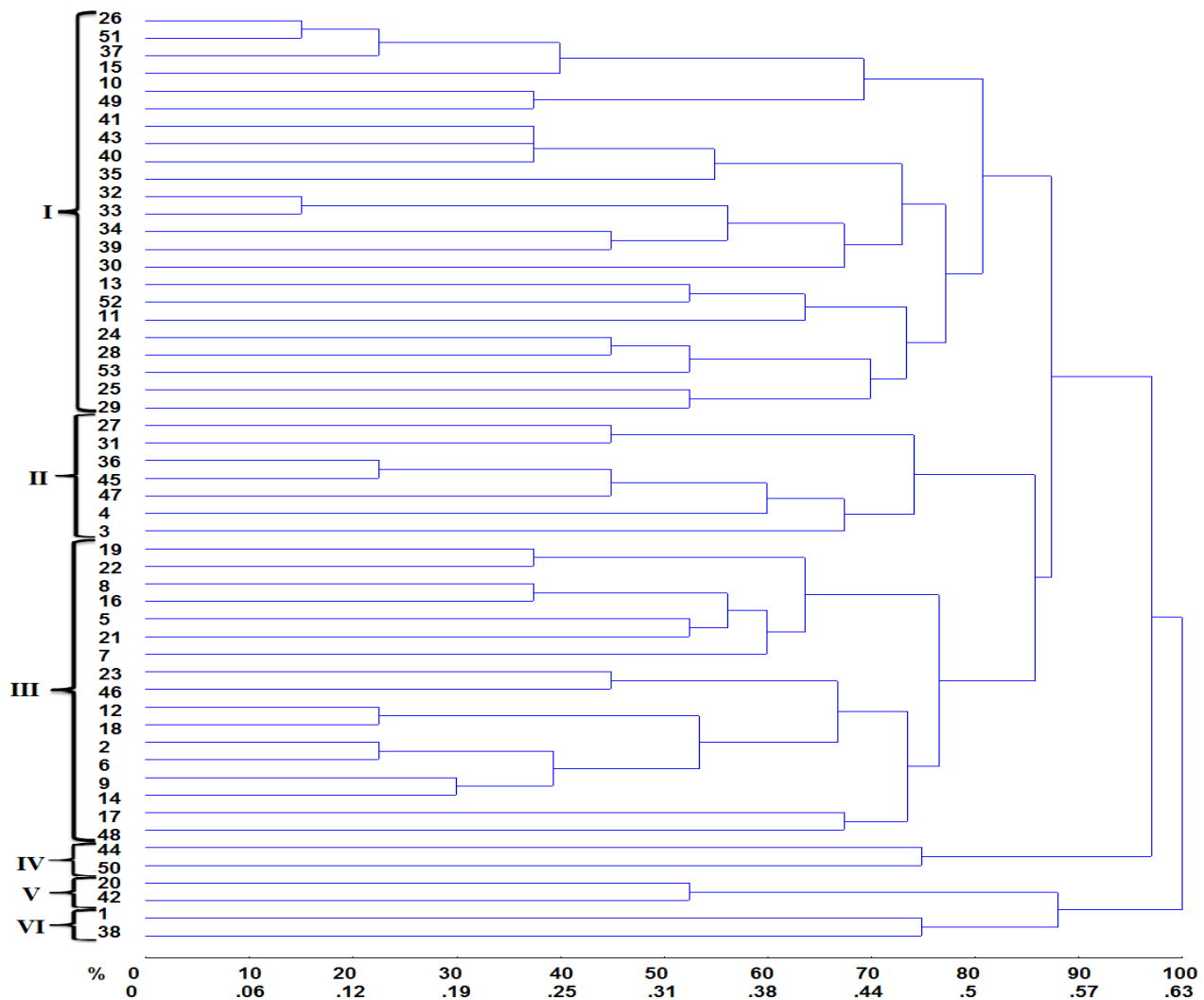


Figura 1. Dendrograma representativo do agrupamento dos 53 acessos de mandioca, pelo Método do UPGMA, com base na dissimilaridade estimada a partir de 21 características qualitativas (Cáceres – MT, 2009).

Resultado semelhante foram também observados em trabalhos realizados por Zuin et al. (2009), estudando divergência genética entre 43 acessos de mandioca no município de Cianorte – PR, utilizando 12 descritores morfoagronômicos, por análise multivariada com os mesmos métodos de agrupamento e Bertan et al. (2006), comparando métodos de agrupamento na representação da distancia morfológica entre genótipos de trigo.

A análise de agrupamento dos 53 acessos pelo método de Otimização de Tocher propiciou a formação de dez grupos distintos (Tabela 2). Os grupos I e II foram os que propiciaram maior número de representantes, uma vez que o primeiro grupo incorporou 58,49% e o segundo 16,98% dos 53 acessos estudados. Já os grupos VI, VII, VIII, IX e X, foram menos expressivos, sendo formado por apenas um acesso cada, sugerindo, que estes são os mais divergentes.

O mesmos acessos analisados pelo UPGMA, com a linha limítrofe de demarcação de grupo traçada cerca de 70%, possibilitou a formação de oito grupos, com o primeiro grupo o mais numeroso, composto por 28 dos 53 acessos (Figura 2). O agrupamento apresentado pelo método UPGMA foi similar ao do método de Tocher. Observando-se o primeiro grupo dos dois métodos ambos apresentam os mesmos acessos, com algumas exceções. Já o segundo grupo apresentado pelo UPGMA é semelhante ao grupo VIII do Tocher, demonstrando concordância na formação de grupo diferindo, algumas vezes, na ordem de apresentação. Também é possível visualizar essa

semelhança nos três últimos grupos formados pelo UPGMA, sendo cada um composto por apenas um integrante, respectivamente os acessos 8, 24 e 47, dos grupos VI, IX e X, apresentados pelo Tocher.

Em relação ao Tocher, o UPGMA apresenta uma formação mais complexa, referindo-se as menores distâncias, permitindo visualização de acessos mais similares dentro dos grupos, por exemplo o grupo III do UPGMA (Figura 2), formado pelos acessos 32, 44 e 1, os quais compõem o grupo IV do Tocher, mas a representação do UPGMA permite visualizar dentro do grupo, demonstrando maior similaridade entre os acessos 32 e 44. Bertan et al. (2006) coloca que esse fato também pode ser explicado pelo fato de que o Tocher preconiza sempre as maiores distâncias entre grupos em relação à distância dentro dos grupos, sendo considerado um método exclusivo na formação dos grupos de genótipos. O UPGMA associado ao Tocher fornece um suporte mais eficiente para a determinação de divergência, em que Tocher discrimina cada grupo e o UPGMA discrimina cada acesso.

Tabela 2. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na Distância Euclidiana média padronizada, estimada a partir de sete características morfológicas quantitativas, envolvendo 53 acessos de mandioca (Cáceres – MT, 2009).

GRUPOS	ACESSOS									%
	19	33	45	18	35	4	48	50	22	
I	40	17	46	6	7	2	38	20	3	58.49
	43	23	27	5	53	41	26	52	37	
	25	21	9	30						
II	10	12	15	11	13	14	28	39	16	16.98
III	34	49	36							5.66
IV	32	44	1							5.66
V	29	31								3.77
VI	8									1.89
VII	51									1.89
VIII	42									1.89
IX	24									1.89
X	47									1.89

O método de Otimização de Tocher alocou os acessos previamente definidos como mais divergentes de forma isolada em grupos distintos, e a análise intergrupos revelou que as maiores divergências ocorrem entre os grupos VIII e IX, VIII e X, e maior similaridade entre os grupos IX e X. A análise intragrupo aponta o grupo II como o que tem a menor média de distâncias intragrupo (Tabela 3).

Tabela 3. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na Distância Euclidiana padronizada, estimada a partir de 7 características morfológicas quantitativas, envolvendo 53 acessos de mandioca (Cáceres – MT, 2009).

GRUPOS	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
I	0.9488	1.5791	1.4016	1.3532	1.4508	1.3875	1.3215	1.3632	1.764	1.7495
II		0.8273	2.1688	2.0053	1.4223	1.4896	1.4296	2.5115	1.4465	1.6871
III			0.871	1.6125	2.3077	2.2132	1.3724	1.6945	1.9315	1.5607
IV				1.1434	1.6111	1.7924	1.5565	1.6395	1.9058	1.8512
V					1.1441	1.5306	1.8481	1.9459	2.0052	2.2118
VI						.	1.5809	2.1344	1.8394	1.9474
VII							.	2.0789	1.4561	1.6009
VIII								.	2.7798	2.6507
IX									.	1.2809
X										.

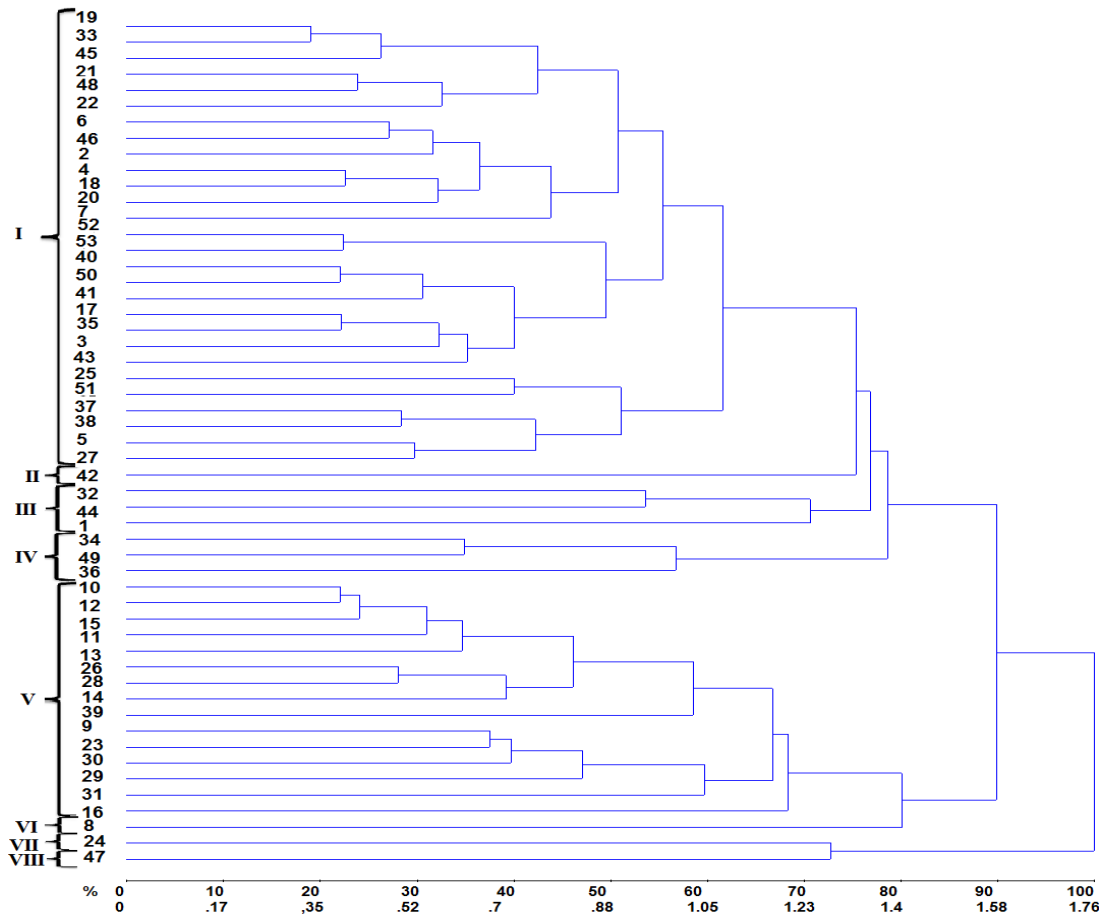


Figura 2. Dendrograma representativo do agrupamento dos 53 acessos de mandioca, pelo método hierárquico UPGMA, com base na Distância Euclidiana Média estimada a partir de sete características quantitativas (Cáceres – MT, 2009).

CONCLUSÕES

1. Os resultados obtidos com a análise de variáveis multicategóricas e distância Euclidiana dos

53 acessos de mandioca do banco germoplasma da UNEMAT campus Cáceres, evidenciam a existência de variabilidade genética.

2. Os métodos de agrupamento de Otimização Tocher e Hierárquico UPGMA, apresentaram semelhança na formação de grupos.

3. A caracterização e avaliação através de características qualitativas e quantitativas, associado ao uso conjunto dos métodos de agrupamento, servem de suporte para trabalhos de melhoramento mais eficientes.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, F.C.G; ALMEIDA, F.A.G; CARVALHO, P.R. Descritores práticos para a caracterização botânica de algumas cultivares de mandioca no estado do Ceará. **Ciências Agrômicas**, 24: 18-21. 1993.

ARCHANGELO, E.R; COIMBRA, R.R; JUCÁ, J.V; KOSY, L.N; FERNANDES, C.S; ALMEIDA, Í.W.; SILVA FILHO, V.R. **Caracterização morfológica de acessos de mandioca nas condições edafoclimáticas de Palmas-TO**. UNITINS, Palmas-TO. 2007.

ARAÚJO, F.S.; OLIVEIRA JÚNIOR, J.O.L.; GOMES, R.L.F; MORAES, J.C.B; SAGRILO; ARAÚJO, A.R. Caracterização morfo-agronômica de acessos de mandioca nas condições edafoclimáticas de Teresina, In: **Resumos... XI Congresso brasileiro de mandioca**, Campo Grande. 2005.

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, 12: 279-286. 2006.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Análise Multivariada e Simulação**. Viçosa: UFV. 2006.

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

FERNANDES, C.S; ARCHANGELO, E.R; COIMBRA, R.R; ALMEIDA, Í.W; NAOE, L.K.C; EXPEDITO, A.; COSTA, J.G.F. Caracterização morfológica e agronômica de cultivares de mandioca cultivadas no centro agrotecnológico de Palmas - TO*. In: **Resumos... Jornada de iniciação científica da UNITINS**, Palmas. Anais. Palmas: Fundação Universidade de Tocantins. 2007.

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

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

FUKUDA, W.M.G.; SILVA, S.O.E. **Melhoramento de mandioca Brasil**. In: **Cereda, M.P. (Org.). Agricultura: Tuberosas amiláceas latino americanas**. 1ª ed. São Paulo, Fundação Cargil, p. 242-257. 2002.

GALERA, J.M.S.V.; VALLE, T.L. Estruturação genética do germoplasma de mandioca através de informações comparativas entre estudos biológicos e antropológicos - resultados preliminares. In: **XII Congresso brasileiro de mandioca, Paranaíba-SP**. Raízes e Amidos Tropicais. 2007.

GOMES, C.N.; ASSIS, H.B.; CARVALHO, M.; CARVALHO, S.P. Divergência genética entre clones de mandioca estimada por meio de caracteres agronômicos.. In: **Resumos...XII CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 2007, Paravaí - PR**. Revista Raízes e Amidos

Tropicais (CERAT - UNESP). 2007.

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. Pós-Graduação em genética e melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. 2008.

MÜHLEN, G.S. **Avaliação da diversidade genética de etnovariedades de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) com marcadores de DNA: RAPD, AFLP e Microsatélites.** Tese Doutorado, Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Piracicaba. 176 p. 1999.

PERONI, N. **Taxonomia folk e diversidade intraespecífica de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) em roças de agricultura tradicional em áreas de Mata Atlântica do sul do Estado de São Paulo.** Dissertação Mestrado Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Piracicaba. 191 p. 1998.

RIBEIRO S.S.; CARVALHO H.W.L.; FUKUDA W.M.G.; OLIVEIRA, I.R.; OLIVEIRA V.D. **Avaliação de cultivares de mandioca para consumo humano na zona centro-sul do estado de Sergipe.** In: 12º Congresso brasileiro da mandioca, Paranavaí, PR. Anais.... Paranavaí : ABAM. 1:1-4. 2007.

SCHWENGBER, D.R.; MESSIAS, O.I. **Caracterização de variedades de mandioca da coleção de trabalho da embrapa Roraima.** Embrapa. Boa Vista, RR. 2007.

SILVA, M.P.; AMARAL JÚNIOR A.T.; PEREIRA M.G.; RODRIGUES R.; DAHER R.F.; POSSE S.C.P. **Diversidade genética e identificação de híbridos por marcadores RAPD em feijão-de-vagem.** *Acta Scientiarum: Agronomy*, Maringá. 27: 531-539. 2005.

VIDIGAL, G.M.C.; VIDIGAL FILHO, O.S.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; BRACCINI, A.L. **Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada.** *Bragantia*, Campinas, 56: 263-271. 1997.

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

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 (Online)*, 30: 21-30. 2009.