

MATOSO FRANCISCO AVIJALA

**DIVERSIDADE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM
MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz), ORIUNDA DE MOÇAMBIQUE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2013

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

A958d
2013 Avijala, Matoso Francisco, 1984-
Diversidade e estimativas de parâmetros genéticos em mandioca
(*Manihot esculenta* Crantz), oriunda de Moçambique / Matoso Francisco
Avijala. - Viçosa, MG, 2013.
x, 79f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Mandioca - Melhoramento genético. 2. Diversidade genética. 3.
Genética. 4. Melhoramento genético. 5. Mandioca. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Biologia Geral. Programa de Pós-
Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed 633.6822

MATOSO FRANCISCO AVIJALA

**DIVERSIDADE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM
MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz), ORIUNDA DE MOÇAMBIQUE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 18 de novembro de 2013

Prof. Felipe Lopes da Silva

Prof. Cosme Damião Cruz
(Coorientador)

Prof. Leonardo Lopes Bhering
(Orientador)

Aos meus pais, Francisco Avijala (*in memorian*) e Rosita Matica, pelo exemplo, pelos ensinamentos e principalmente pela formação do meu caráter e de valores que me orgulho muito em tê-los. Ao meu filho Adney que tanto amo por ser tudo que tenho. A minha esposa, meu amor “Elizeth Raísse” pelo amor, aconchego e compreensão.

A toda família Avijala.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pois sem Ele nada seria possível.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento (PPGGM), pela oportunidade de realizar este curso.

Ao Ministério de Ciência e Tecnologia (MCT) - Moçambique e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) - Brasil, pelo intercâmbio para formação em cursos de pós-graduação, e pela concessão de bolsa de estudos.

Ao professor Leonardo Lopes Bhering, pela orientação, amizade, incentivo e apoio científico que prestou incansavelmente, com muita paciência, sabedoria e, sobretudo, pelos conhecimentos transmitidos. A ele, meu grande reconhecimento e especial agradecimento.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pela co-orientação, pelos ensinamentos transmitidos em suas disciplinas, e pelas enormes contribuições e pelas sugestões que foram essenciais à realização deste trabalho.

Ao professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pela sua co-orientação, dedicação e ensinamento.

Ao professor Felipe Lopes da Silva, pelas contribuições e participação na banca da dissertação.

À Rita Manjonda e João Antônio, pela ajuda durante os trabalhos de coleta de dados no campo.

Ao Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM), em especial aos pesquisadores Dr. Calisto Bias e Dra. Anabela Zacarias, pela disponibilidade e auxílio na recomendação da candidatura à bolsa de estudos.

Aos meus irmãos e sobrinhos, todos os meus familiares e amigos pelo seu incentivo, motivação, compreensão e paciência.

Agradecimento especial vai para meu irmão Custódio Francisco Avijala, por ter confiado e acreditado em mim desde o ensino primário.

Aos amigos e colegas de curso do PPGGM, pela ajuda, amizade, companheirismo e convivência, tornando minha permanência no Brasil uma valiosa experiência profissional e pessoal, em especial Leonardo Peixoto, Tiago

Sousa, Emilly Alkimim, Leonardo Correia, Víctor Sandoval, Haroldo Rodrigues, Lisandra Moura, Antônio Chamuene, Mário Tauzene, Manuel Talacuece, José Chambo, Osvaldo Sande, Nancy Taera, Rabia Canda, Bayissa Bikila, Fekadu Gebretensay, Wogeyahu Tilahun, Hikmat Ullah Jan, Aninha Oliveira, Rufino Infante, Bruno Gomes.

Às secretárias do curso de pós-graduação em genética e melhoramento, Edna Maria de Oliveira e Rita Rosado Cruz, pelo apoio, dedicação, atenção e pelos serviços prestados.

Aos meus colegas do Programa Nacional de Raízes e Tubérculos, Constantino Cuambe, Rita Manjonda, João Antônio e Jamisse Amisse, pelo seu apoio fundamental sempre que fosse necessário.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

Finalmente, a quem estiver valorizando este trabalho através de sua leitura e utilização de alguma forma.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	ix
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	3
CAPITULO I	4
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA, ACESSADA POR MEIO DE CARACTERES FENOTÍPICOS.....	4
RESUMO	5
ABSTRACT.....	6
1. INTRODUÇÃO	7
2. REVISÃO DE LITERATURA	9
2.1. Importância Geral da Mandioca.....	9
2.2. Importância da Mandioca em Moçambique	10
2.3. Medidas Para Estimar Diversidade Genética	11
2.3.1. Análise de Agrupamento	13
2.3.2. Método Hierárquico UPGMA (Ligação Média Entre Grupo).....	14
2.3.3. Análise de Variáveis Canônicas	15
2.4. Divergência Genética da Mandioca	16
2.5. Caracteres Morfológicos no Estudo de Divergência Genética	17
2.6. Importância Relativa dos Caracteres.....	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1. Material Genético e Delineamento Experimental.....	20
3.2. Descrição da Área Experimental	21
3.3. Instalação e Condução do Experimento	22
3.4. Características Avaliadas	23
3.5. Análise Estatística	24
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4.1. Estimativas da Variabilidade Genética	26
4.2. Estudo da Divergência Genética, Através das Análises Multivariadas.....	32
4.3. Importância Relativa das Características na Divergência Genética	40
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
CAPITULO II	51
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM MANDIOCA.....	51

RESUMO	52
ABSTRACT	53
1. INTRODUÇÃO	54
2. REVISÃO DE LITERATURA	56
2.1. Parâmetros Genéticos.....	56
2.2. Correlações Entre os Caracteres	58
3. MATERIAL E MÉTODOS	61
3.1. Local de Realização Do Experimento.....	61
3.2. Delineamento Experimental e Material Genético	61
3.3. Características Avaliadas.....	61
3.4. Análise Estatística	63
3.4.1. Análise de Variância e Estimativas de Parâmetros Genéticos	63
3.4.2. Estimativas de Coeficientes de Correlação e Ganhos Predito de Seleção	64
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	66
4.1. CONCLUSÕES	74
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	75
6. CONCLUSÕES GERAIS.....	79

RESUMO

AVIJALA, Matoso Francisco, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2013. **Diversidade e estimativas de parâmetros genéticos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), oriunda de Moçambique.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

O conhecimento da diversidade genética e a estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de herdabilidade, coeficientes de correlação genética e fenotípica, têm importância grande em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha dos genitores e do método mais apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto. Objetivou-se com este trabalho estudar a divergência genética entre genótipos de mandioca, oriundos de Moçambique, através de técnicas multivariadas, além de estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e correlações genéticas para as características avaliadas nos genótipos, visando assim, gerar conhecimentos que irão dar subsídios de escolha de estratégias para o melhoramento genético da cultura. Conduziu-se o experimento no campo experimental do IIAM, no distrito de Mogincual, Moçambique no ano agrícola 2011/12. Adotou-se o delineamento de blocos casualizados, com os vinte e um genótipos plantados em três repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura da planta (ALTPL); altura da primeira ramificação (ALTPR); peso da biomassa da parte aérea (BIOPA); número médio de raízes por planta (NURPL); produtividade de raízes tuberosas (RENRA); produção de raízes comerciais (PRACO); índice de colheita (INDCO) e teor de matéria seca (MATES). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES. Foram estimados os parâmetros genéticos: variâncias fenotípica (σ^2_f), genotípica (σ^2_g) e ambiental (σ^2_e), herdabilidade (h^2), coeficiente de variância genética (CV_g), razão coeficiente de variação genético/coeficiente da variação experimental (CV_g/CV_e), correlações fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) e ganhos esperados com seleção. A divergência genética foi expressa por meio da estatística multivariada consistindo por meio da distância

generalizada de Mahalanobis, agrupar os genótipos pelos métodos de otimização de Tocher, UPGMA e dispersão gráfica por variáveis canônicas. Após a estimativa da diversidade conclui-se que há divergência genética entre os genótipos estudados, podendo-se selecionar alguns para participarem de fases seguintes de melhoramento, caso dos genótipos MzMg10/096, MzMg10/630, MzMg10/240, MzMg10/314 e MzMg10/162. A razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental foi maior que a unidade para 6 das 8 características avaliadas. Essas mesmas características exibiram valores elevados para a herdabilidade. Foi possível identificar correlação genotípica alta entre os caracteres BIOPA vs. RENRA (0,85) e NURPL vs. RENRA (0,94). Existe maior probabilidade de ganhos para a produtividade de raízes tuberosas pela seleção indireta dos caracteres BIOPA e NURPL. As correlações genotípicas foram maiores do que as correlações fenotípicas em todos os casos, demonstrando que os fatores genéticos contribuíram mais do que os ambientais para as correlações.

ABSTRACT

AVIJALA, Matoso Francisco, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, november, 2013. **Diversity and estimates of genetic parameters in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from Mozambique.** Advisor: Leonardo Lopes Bhering. Co-advisors: Cosme Damião Cruz and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The genetic diversity and estimates of genetic and phenotypic parameters, such as genetic and phenotypic variances, heritability coefficients, genetic and phenotypic correlation coefficients, have great importance in breeding programs, as they allow making decisions related to the choice of the parents and the most appropriate method and the traits should be selected in initial and advanced stages of program and also the weight that should be assigned to each characteristics, separately or in combination. The objective of this work was to study the genetic diversity among cassava genotypes from Mozambique through multivariate techniques, and to estimate genetic and phenotypic parameters and genetic correlations for the traits evaluated in genotypes, thus aiming to generate knowledge that will give grants of choice strategies for genetic crop breeding. An experiment was carried out on the experimental field of IIAM in Mogincual district, in Mozambique, in the 2011/12 agricultural year. A randomized block design with twenty-one genotypes planted in three replications was adopted. The following traits were evaluated: plant height (ALTPL), height of the first branch (ALTPR); biomass weight (BIOPA), roots number per plant (NURPL), fresh root yield (RENRA); commercial root production (PRACO), harvest index (INDCO) and dry matter content (MATES). Statistical analyzes were performed using GENES software. The following genetic parameters were estimated: phenotypic (σ^2_f), genotypic (σ^2_g) and environmental (σ^2_e) variances, heritability (h^2), genetic coefficient variance (CV_g), the ratio between the genetic coefficient variance/experimental coefficient variance (CV_g/CV_e), phenotypic (r_f) and genotypic (r_g) correlations and expected gains from selection. Genetic divergence was expressed through multivariate statistical consisting through Mahalanobis distance grouping the genotypes by Tocher and UPGMA methods. In additional the graphical method for canonical variables was used. After estimating the diversity concludes that there is divergence between the genotypes and some can

be selected to participate in breeding programs such as MzMg10/096, MzMg10/630, MzMg10/240, MzMg10/314 and MzMg10/162. The ratio between the CV_g/CV_e presented estimates above 1 for the all traits, except for INDCO and MATES. These same traits exhibited high values for heritability. It was possible to identify strong genetic correlations between the following traits, BIOPA vs. RENRA (0,85) and NURPL vs. RENRA (0,94). There is a higher probability of gains for fresh root yield through indirect selection of BIOPA and NURPL traits. The genotypic correlations were higher than the phenotypic correlations in all cases, indicating that genetic factors contributed more than the environment for correlations.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é nativa da América tropical. É uma importante fonte de energia para mais de 700 milhões de pessoas nos países tropicais da África, Ásia e Américas (FAO, 2009). A cultura é extensamente disseminada e conhecida mundialmente, apresenta um importante papel econômico e social, principalmente de países em desenvolvimento como o Moçambique. Todas as partes da planta podem ser aproveitadas: as raízes são uma fonte rica em amido, que do seu processamento são obtidos inúmeros produtos, e a parte aérea pode ser usada para a alimentação animal. Assim como outras culturas amiláceas, o amido de mandioca pode ser convertido em álcool e, portanto, ela é uma forte aliada como fonte de energia renovável.

Com a possibilidade cada vez mais eminente de um aumento na temperatura da terra, a busca por combustíveis alternativos ao petróleo tem sido alvo crescente da pesquisa (FAO, 2011). A agroenergia tem sido apontada no âmbito nacional e internacional como uma grande promessa como fonte de combustíveis “mais limpos” e ao mesmo tempo uma oportunidade de negócios para países emergentes e, em desenvolvimento como Moçambique. Neste contexto, a cultura da mandioca pode ter um papel decisivo, tanto em grandes propriedades rurais como na agricultura familiar.

Moçambique se destaca pela expressiva produção agrícola, sendo atualmente o quinto maior produtor na África de mandioca, atrás da Nigéria, Republica Democrática do Congo, Gana e Angola (FAO, 2009; GROXKO, 2011), com rendimento médio estimado em 10,5 t ha⁻¹ (TIA, 2012). A mandioca e o milho são as mais importantes culturas alimentares no país, contudo, a mandioca é a primeira entre as culturas de raiz. Conhecida pela rusticidade e pelo papel social que desempenha junto às populações de baixa renda, a cultura da mandioca possui grande adaptabilidade aos diferentes ecossistemas, o que possibilita seu cultivo em todo o país (ZACARIAS & CUAMBE, 2004; FAO/MIC, 2007). No entanto, pesquisas com a cultura são limitadas e a produtividade de raízes tuberosas alcançada nas diversas regiões do país é baixa.

A obtenção e a caracterização agronômica de clones resistentes a doenças e a pragas com elevada capacidade de produção, portadores de características

agronômicas superiores e aptos a substituírem as cultivares tradicionais, são meios utilizados para aumentar o rendimento da cultura em Moçambique.

Os objetivos de programa de melhoramento de mandioca são estabelecidos de acordo com as necessidades de produção, processamento e mercado, baseando-se na resistência a doenças e a pragas, e principalmente no incremento da produtividade de raízes tuberosas. Contudo, a produtividade é um caráter complexo e resultante da expressão e associação de diferentes componentes (CARVALHO et al., 2002; FUKUDA & SILVA, 2002), o que torna necessário o entendimento e estudo do grau de associação entre esses caracteres, e das estimativas dos coeficientes de correlação.

O sucesso de um programa de melhoramento baseia-se principalmente no conhecimento do germoplasma disponível, especialmente a diversidade genética. A diversidade genética dos genótipos é essencial, e os estudos sobre estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidade, coeficiente de variância genética, razão entre coeficiente de variação genético e ambiental e correlações genéticas e fenotípicas, têm importância muito grande em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método mais apropriado, os caracteres que devem ser selecionada em etapas iniciais e avançada de um programa e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (FALCONER, 1987; CRUZ, 2005). Segundo CRUZ, (2005) a existência de resposta correlacionada permite a seleção indireta para o caráter desejado, muitas vezes com ganhos mais rápidos do que a seleção direta desse caráter.

Apesar da importância dos estudos de divergência genética e de estimativas de parâmetros genéticos, poucos estudos de gênero têm sido realizados em Moçambique, seja na identificação de genótipos que poderiam ser utilizados em futuros programas de melhoramento, seja na estimativa de parâmetros genéticos para auxiliar a seleção dos genótipos.

Assim, objetivou-se com o trabalho estudar a divergência genética entre genótipos de mandioca, oriundos de Moçambique, através de técnicas multivariadas, além de estimar parâmetros genéticos e correlações genéticas para os caracteres avaliados nos genótipos, visando assim, gerar conhecimentos que irão dar subsídios de escolha de estratégias para o melhoramento genético da cultura.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F. de; OLIVEIRA, M.F. de; VELLO, N.A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.311-320, 2002.

CRUZ, D. C. **Princípio de Genética Quantitativa**. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 2005.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Silva, M. A.; Silva, J. L Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1987.

FAO. 2011. (Disponível em <http://www.fao.org>) (Acessado em: 30 de agosto de 2012).

FAO. Food and agriculture organization of the united nations. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. 2009. Acesso em: 30 de junho 2012.

FAO/MIC. **Sub sector Strategy Study on Cassava**: “Cassava Development Strategy for Mozambique” FAO/AGROGES/AUSTRAL (Eds.) Ministério de Indústria e Comércio, Volume I. Maputo, Moçambique, 2007.

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

GROXKO, M. **Análise da conjuntura agropecuária safra 2011/12**, Outubro de 2011.

TIA. Trabalho de Inquérito Agrícola. Ministério da agricultura, departamento de estatística, Moçambique. 2012.

ZACARIAS, A.M.; CUAMBE, C.E. **Assessment Losses caused by Cassava Brown Streak Disease (CBSD) in Mozambique**. Ministry of Agriculture. Agricultural Research Institute of Mozambique. INIA, 2004.

CAPITULO I

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA, ACESSADA POR MEIO DE CARACTERES FENOTÍPICOS

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2013

RESUMO

AVIJALA, Matoso Francisco, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2013. **Divergência genética entre cultivares de mandioca, acessada por meio de caracteres fenotípicos.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Objetivou-se no presente estudo, estimar a diversidade genética entre 21 genótipos de mandioca, oriundos de Moçambique, sugerir com base na dissimilaridade e no desempenho agrônômico, genótipos com potencial para uso em programas de hibridação ou como cultivares e estimar a contribuição relativa de cada característica fenotípica para a diversidade. Os genótipos foram avaliados por meio de oito caracteres quantitativos relacionadas à parte aérea e à produção de raízes em experimento realizado no distrito de Mogincual, Moçambique. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com os 21 genótipos plantados em três repetições. Os dados aferidos foram submetidos à análise de variância e ao teste de comparação de médias de Scott & Knott (1974) modificado por Bhering et al. (2008). A divergência genética foi expressa por meio da distância generalizada de Mahalanobis, com posterior agrupamento dos genótipos pelo método de otimização de Tocher e hierárquico UPGMA. O método com base na técnica de dispersão gráfica por variáveis canônicas também foi utilizado no estudo da diversidade genética entre os genótipos de mandioca, com o propósito de melhor ilustrar essa divergência e verificar a concordância dos resultados obtidos por essas diferentes metodologias de análise, possibilitando interpretação mais fidedigna aos resultados. A contribuição relativa das características para a diversidade baseou-se no método de Singh (1981). Os resultados revelaram que dentre os caracteres aferidos o que revelou o maior número de classes no teste de agrupamento de médias foi o peso de biomassa da parte aérea ao todo cinco classes. Há divergência genética entre os genótipos estudados, sendo os genótipos MzMg10/096, MzMg10/630, MzMg10/240, MzMg10/314 e MzMg10/162 potencialmente úteis a participarem de fases seguintes em um programa de melhoramento. O peso de biomassa da parte aérea (48,10%) e número de raízes tuberosas por planta (18,40%) foram mais importantes para a discriminação dos genótipos.

ABSTRACT

AVIJALA, Matoso Francisco, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, november, 2013. **Genetic divergence among cassava cultivars accessed through phenotypic traits.** Advisor: Leonardo Lopes Bhering. Co-advisors: Cosme Damião Cruz and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The study aimed to estimate the genetic diversity among 21 cassava genotypes coming from Mozambique and to suggest on the basis of dissimilarity and the agronomic performance the genotypes with potential to use as cultivars or for breeding programs. In addition this study aimed at to estimate the relative contribution of phenotypic traits for the diversity. The genotypes were evaluated using eight quantitative traits related to shoot and roots production in experimental trial conducted in Mogincual district, Mozambique. The experimental design was a randomized block with 21 genotypes grown in three replications. The measured data were subjected to variance analysis and means comparison test of Scott and Knott (1974) modified by Bhering et al. (2008). The genetic diversity was expressed by the generalized Mahalanobis distance, with subsequent grouping of the genotypes by Tocher's optimization procedure. The UPGMA method and graphical dispersion for canonical variables were also used to study the genetic diversity among cassava genotypes, in order to better illustrate this divergence and verify the agreement of the results obtained by these different analysis methods, allowing more reliable interpretation the results. The relative contribution of traits to the diversity based method of Singh (1981). The results revealed that among the traits measured which showed the largest number of classes in the clustering means was the biomass weight in total five classes. There are genetic differences between the genotypes studied. The genotypes MzMg10/096, MzMg10/630, MzMg10/240, MzMg10/314 and MzMg10/162 are potentially useful to participate in breeding program. The biomass weight (48,10%) and roots number per plant (18,40%) were more important for genotypes discrimination.

1. INTRODUÇÃO

A cultura da mandioca apresenta elevada importância social e constitui uma das mais importantes fontes de carboidratos nos trópicos, empregada na alimentação humana, animal e na indústria de processamento por cerca de 700 milhões de pessoas em todo o mundo (FAO, 2009). Em Moçambique ela é cultivada em todas as regiões (ZACARIAS & CUAMBE, 2004), com uma consequente diversidade de cultivares adaptadas para cada um desses diferentes biomas, conferindo à espécie grande diversidade genética.

A mandioca é caracterizada por sua ampla diversidade genética que, por sua vez, é geradora de uma infinidade de indivíduos capazes de se adaptar a diferentes regiões ecogeográficas de cultivo. FUKUDA & SILVA (2002) relatam sua grande diversidade genética apresentada pela cultura da mandioca é decorrente da seleção natural, durante a evolução da espécie, da sua domesticação, da facilidade de polinização cruzada da espécie e de sua alta heterozigiosidade, o que origina continuamente uma infinidade de novos genótipos.

A diversidade genética é importante, pois o sucesso de qualquer programa de melhoramento fundamenta-se na presença de variabilidade para a característica que se deseja melhorar. Neste contexto, torna-se indispensável à realização de melhoramento para que se possa avaliar e caracterizar os recursos genéticos disponíveis, pois, é por meio da expressão fenotípica que se infere sobre a presença e magnitude da diversidade genética. Estudos dessa natureza são capazes de identificar diferenças fenotípicas entre indivíduos de uma particular população, de forma que sejam descritas as potencialidades e aptidões de cada um (ARAÚJO, 2002), provendo aos melhoristas, informações úteis à seleção de genótipos que se adaptem às necessidades dos programas de melhoramento da cultura.

A diversidade genética pode ser estimada avaliando-se a dissimilaridade ou similaridade por meio de técnicas biométricas, seja pela quantificação da heterose em estudos envolvendo análises dialélicas seja pelo uso de métodos preditivos que se baseiam em informações fenotípicas e genotípicas, acessadas pela observação de diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares. Após sua quantificação, a diversidade genética pode ser melhor evidenciada por meio

da aplicação de técnicas de estatística multivariada (CRUZ et al., 2011; CRUZ et al., 2012), como a distância generalizada de Mahalanobis, as variáveis canônicas, os componentes principais, entre outros, sendo que a escolha do método é função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma de obtenção dos dados. Esses estudos podem ser complementados pelos métodos de agrupamento de Tocher e da dispersão em eixos cartesianos, que empregam matrizes de distâncias genéticas, previamente estimadas. A vantagem dos métodos multivariados está no fato de estes permitirem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a caracterização dos genótipos com base em um complexo de variáveis (CRUZ et al., 2011).

Características agronômicas para determinar a diversidade entre clones/cultivares de mandioca têm sido utilizadas objetivando selecionar materiais que possam ser fixadas como cultivares ou utilizadas em futuros programas de hibridação. Como exemplos citam-se os trabalhos realizados no Brasil por GONÇALVES-VIDIGAL et al. (1997); NICK et al. (2010). Ambos realizaram estudos de cultivares comerciais e locais de mandioca e constataram elevada diversidade entre as cultivares estudadas. A seleção de genótipos para participação em algum programa de melhoramento é necessária a fenotipagem dos indivíduos sendo o uso de características agronômicas quantitativas indispensáveis, uma vez que a principal pressuposição para predição de cruzamentos com base em estimativas de diversidade, é que, além da diversidade, o desempenho agronômico seja considerado.

Apesar da importância dos estudos de diversidade genética, poucos estudos de gênero envolvendo cultivares locais e melhorados de mandioca têm sido realizados em Moçambique, seja na identificação de cultivares que poderiam ser utilizados em futuros programas de melhoramento, seja na descrição de caracteres que pouco ou muito contribuem para a discriminação genotípica.

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram estimar a divergência genética entre 21 genótipos de mandioca, oriundos de Moçambique, com base em caracteres agronômicos, estimar a contribuição relativa de cada caráter para a diversidade e sugerir com base na dissimilaridade e no desempenho agronômico, genótipos com potencial para uso como cultivares ou em programas de melhoramento genético.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância geral da mandioca

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura semi-perene nativa da América tropical, com o seu centro de origem e de diversidade no Brasil (OLSEN, e SCHAAL, 2004; CARVALHO, 2005). Ela foi extensamente disseminada pelos portugueses durante os séculos XVI e XVII para áreas tropicais e subtropicais da África, Ásia e o Caribe (COCK, 1985). É um alimento básico para mais de 700 milhões de pessoas nos trópicos e sub trópicos (MARCON et al., 2007; FAO, 2009). A raiz da mandioca é o terceiro alimento energético mais importante nos trópicos, após o arroz e o milho (FAO, 2009). Essa cultura ocupa cerca de 17 milhões de hectares no mundo, localizados inteiramente nos países em desenvolvimento com produção de 185 milhões de toneladas de raízes tuberosas (FAO, 2011). Como um alimento básico e de segurança alimentar, a mandioca é a sexta cultura mais importante em todo o mundo (FAO, 2009).

É a base de múltiplos produtos, tais como, a farinha, alimento para animais, alimentos preparados, doces, álcool, amido para colar papéis e tecidos e também produtos biodegradáveis. A cultura é conhecida pela sua rusticidade e capacidade que apresenta de produzir razoavelmente bem em condições em que outras culturas não sobreviveriam. Tal habilidade advém de a espécie ser naturalmente tolerante a solos ácidos, com baixa fertilidade e a regimes pluviométricos diversos com resistência elevada à seca e, ao mesmo, tempo oferecer uma flexibilidade de colheita aos produtores (EL-SHARKAWY et al., 1989; CEBALLOS et al., 2004).

Segundo BENESI (2005), na África Subsaariana a mandioca é cultivada exclusivamente como alimento em 39 países africanos, que se estende através de um largo cinturão desde o sudeste, no Madagascar até ao norte-oeste, no Senegal. Um aumento na produção de mandioca na África tem sido referenciado pelos vários pesquisadores. HILLOCKS (2002) acredita que a maior parte do aumento da produção de mandioca foi devido a um aumento na área de cultivo, em vez de aumentos no rendimento por hectare.

A mandioca tem potencial elevado como uma cultura de rendimento e alternativa para a subsistência das famílias camponesas. Quando há registro de

fome acentuado em regiões onde o milho é a cultura predominante, a situação da fome é muito menos onde a mandioca é cultivada como principal cultura básica para alimentação (BENESI, 2005), além disso, uma característica agrônômica importante da cultura da mandioca refere-se à possibilidade de suas raízes serem armazenadas no próprio solo por um período razoável sem perdas consideráveis de qualidade e rendimento. Em outras palavras, a versatilidade de ser colhida com diferentes idades permite aos produtores melhor aproveitar as oportunidades de mercado e, em função da demanda, fazer ajustes alternativos dentro das unidades de produção faz com que a mandioca seja cultura clássica de segurança alimentar (DEVRIES & TOENNIESSEN, 2001). Todas as partes da planta de mandioca são utilizadas. As raízes são preparadas de uma grande variedade de formas em diferentes partes da África, fresco ou secas e trituradas (NWEKE, 1994; DEVRIES & TOENNIESSEN, 2001). As folhas são uma fonte rica em proteínas, sais minerais e vitaminas (FREGENE et al., 2000; IITA, 2001; BENESI, 2005; BENESI et al., 2010), e as estacas ou manivas como material de plantio comercial (ALVES, 2006).

Mais recentemente, mandioca tem sido utilizada cada vez mais na indústria. Na África, a mandioca está provavelmente no estágio inicial de grande utilização como matéria-prima de produtos têxteis, como agente de ligação, alimentação animal e substituição parcial da farinha de trigo na indústria de alimentos. Com maior demanda, torna-se uma importante fonte de renda em dinheiro para um grande número de pequenos agricultores, conseqüentemente economia de divisas para os nacionais (BENESI, 2005).

2.2. Importância da mandioca em Moçambique

Moçambique se destaca pela expressiva produção agrícola, sendo atualmente o quinto maior produtor na África de mandioca, atrás da Nigéria, República Democrática do Congo, Gana e Angola (FAO, 2009; GROXKO, 2011), com rendimento médio estimado em 10,5 t ha⁻¹ (TIA, 2012). A mandioca e o milho são as mais importantes culturas alimentares no país, contudo, a mandioca é a primeira entre as culturas de raiz (FAO/MIC, 2007). Conhecida pela rusticidade e pelo papel social que desempenha junto às populações de baixa renda, a cultura da mandioca possui grande adaptabilidade aos diferentes ecossistemas, o que

possibilita seu cultivo em todo o país (ZACARIAS & CUAMBE, 2004; FAO/MIC, 2007), porém, concentrada em quatro províncias, nomeadamente, Cabo Delgado, Nampula, Zambézia e Inhambane (ZACARIAS & CUAMBE, 2004; ZACARIAS, 2008). Estas províncias conjuntamente contribuem com cerca de 90% da produção nacional (FAO/MIC, 2007). Nas áreas propensas à secas, inundações e de baixa fertilidade, a mandioca é a cultura principal (IIAM, 2006).

A quantidade de mandioca produzida anualmente supera o milho em termos de oferta total de calorias e em valor de mercado (FAO/MIC, 2007). Estudos recentes indicam que a mandioca produzida pelos pequenos e médios produtores contribui em 50% do valor da produção agrícola nacional, e possui o maior potencial na redução da pobreza 55% ao nível das famílias de baixa renda (WALKER et al., 2006).

2.3. Medidas para estimar diversidade genética

A variabilidade e diversidade genética entre indivíduos e população são de grande importância para geneticistas e melhoristas (PRINCE et al., 1995). O estudo da diversidade visa elucidar relações genéticas, quantificar ou prever o nível de variabilidade total existente e a sua distribuição entre e/ou dentro de unidades taxonômicas, quer elas sejam indivíduos, acessos de bancos de germoplasma, linhagens, cultivares, populações (de sistemas controlados de acasalamento ou naturais) e espécies (PEREIRA et al., 2009; CRUZ et al., 2011). Em programas de melhoramento, estudos de divergência genética são de grande importância, por possibilitar o conhecimento da variabilidade genética das populações e, também, o monitoramento dos bancos de germoplasma, gerando informações úteis para manutenção e o uso de acessos (CRUZ et al., 2004; CRUZ et al., 2011). Além disso, é um instrumento importante para eleger descritores essenciais na caracterização e identificação de amostras duplicadas em bancos de germoplasma (CRUZ et al., 2011).

Para determinar quão distante geneticamente um genótipo é de outro, são utilizados métodos biométricos, os quais são baseados em estatística multivariada permitindo resumir um conjunto de dados extraídos do experimento, oferecendo ao melhorista informações mais objetivas sobre a população em estudo (SUDRÉ et al., 2005; CRUZ et al., 2011). O estudo da diversidade genética através de

análises biométricas tem, dentre seus principais objetivos, o agrupamento de materiais genéticos similares e caracterização da variabilidade de recursos genéticos em bancos de germoplasma *in situ* e *ex situ*. Dentre as ferramentas estatísticas, destaca-se o uso de distância genética (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003). Estas diferenças podem também ser examinadas comparando as distâncias genéticas mediante o uso de marcadores morfológicos ou moleculares (STAUB et al., 1996; CRUZ et al., 2011).

Segundo CRUZ et al. (2004); CRUZ et al. (2011), vários métodos preditivos podem ser utilizados no estudo da divergência genética, dentre eles estão a análise multivariada, por meio das medidas de dissimilaridade envolvendo a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis; métodos de agrupamentos envolvendo os métodos hierárquicos, como UPGMA e do vizinho mais próximo e o método de otimização de Tocher e técnicas de dispersão gráfica envolvendo análise por componentes principais e por variáveis canônicas. Portanto, a escolha do método de análise mais adequado tem sido determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela forma como os dados foram obtidos.

A análise multivariada se destaca nos estudos de classificação e ordenação. A classificação é um problema multivariado que consiste em dividir indivíduos ou objetos em grupos ou classes em base das suas similaridades genéticas. O número de classes não é estabelecido a priori, e os critérios para sua criação e inclusão de cada objeto são quantitativos, baseados em algum índice de similaridade ou dissimilaridade (JONGMAN et al., 1995). O método de classificação mais usado é a análise de agrupamento, no entanto pode-se usar também a análise discriminante. No método de ordenação, pode-se citar a análise de componentes principais, análise de correspondência e análise por variáveis canônicas (SANTOS & BETTENCOURT, 2004; MINGOTI, 2005).

Para CURI (1983), apesar de as técnicas multivariadas serem conhecidas a longo tempo, sua utilização em maior escala só se tornou possível com a disponibilidade dos recursos computacionais, que possibilitaram a avaliação simultânea de várias características e permitiram que inúmeras inferências pudessem ser feitas a partir do conjunto de dados existentes.

O desenvolvimento tecnológico tem impulsionado o próprio desenvolvimento científico, ampliando em várias ordens de grandeza a

capacidade de obter informações de acontecimentos e fenômenos que estão sendo analisados. Para MOITANETO (2004), uma grande massa de informação deve ser processada antes de ser transformada em conhecimento. Portanto, cada vez mais estamos necessitando de ferramentas estatísticas que apresentem uma visão mais global do fenômeno que aquela possível numa abordagem univariada.

2.3.1. Análise de agrupamento

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos. Algumas vezes, seus valores, por si só, são de grande utilidade, principalmente quando há interesse em orientar hibridações, concentrando esforços em cruzamentos em que há diversidade genética entre os genitores, sendo indicativo de sua complementaridade gênica (CRUZ et al., 2011).

A análise de agrupamento, como o próprio nome ressalta, agrupa os indivíduos por algum critério de classificação, fazendo com que haja homogeneidade dentro de um grupo (menor dissimilaridade) e heterogeneidade entre os grupos (maior dissimilaridade). Desta forma, o conhecimento sobre as características (moleculares, morfológicas, fisiológicas, etc) torna-se necessário por disponibilizar informações que permitam a condução do cruzamento, seleção e obtenção de genótipos promissores (CRUZ et al., 2011).

Métodos de agrupamento dependem da estimativa prévia de medidas de dissimilaridade como a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, entre outras. Segundo CRUZ et al. (2011), a distância Euclidiana é mais utilizada para a caracterização de germoplasma mantido em coleções, em que o banco de dados é sem repetições. A utilização da distância generalizada de Mahalanobis é recomendada para dados provenientes de ensaios com delineamento experimental.

Existe um grande número de métodos de agrupamento disponível, dos quais o pesquisador tem que decidir qual o mais adequado ao seu trabalho, uma vez que as variadas técnicas podem levar a diferentes padrões de agrupamentos. Dentre os métodos de agrupamento mais comumente utilizados, citam-se os hierárquicos e os de otimização (CRUZ & REGAZZI, 1997; CRUZ et al., 2011).

Nos procedimentos hierárquicos, o agrupamento dos genótipos é realizado por meio de um processo que se repete em vários níveis até que seja construído o dendrograma, que permitirá estabelecer a relação entre esses genótipos (CRUZ et al., 2004).

Entre os métodos de otimização, o método de Tocher é o mais empregado pelos melhoristas. Esse método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, onde se assume que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos, sobre o qual é identificado o par de genótipos mais similar, que constituirá o grupo inicial. Após a formação desse grupo inicial, é avaliada a possibilidade de inclusão dos outros genótipos, adotando-se o critério anteriormente citado (CRUZ et al., 2004; CRUZ et al., 2011). Neste método, um indivíduo ainda não agrupado só é incluído em determinado grupo em formação se sua distância média em relação a esse grupo não ultrapassar determinado valor pré-estabelecido. Tal valor é geralmente tomado como a maior amplitude do conjunto das menores estimativa de distâncias que envolvem cada um dos indivíduos em agrupamento. A inclusão de um genótipo em um grupo aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. Assim, pode-se desse modo, tomar a decisão de incluir o genótipo em um grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido, que pode ser obtido arbitrariamente, ou adotar o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrada no conjunto das menores distâncias envolvendo cada genótipo (CRUZ et al., 2004).

Quando não se tem informação sobre a relação genética entre a maioria dos genótipos, não se pode determinar que método de agrupamento é mais apurado. Assim, ao se comparar resultados de diferentes métodos podem-se evitar inferências errôneas (CRUZ & REGAZZI, 1997).

2.3.2. Método hierárquico UPGMA (Ligação média entre grupo)

Entre os métodos de agrupamento hierárquicos, o UPGMA apresenta o melhor ajuste para as distâncias originais e estimadas. É o mais adequado por apresentar dendrogramas com coeficiente de correlação cofenético máximo, que é uma medida de concordância entre os valores originais de dissimilaridade e aqueles apresentados no dendrograma (ARRIEL et al., 2006). No melhoramento

genético e em estudos biológicos, o método UPGMA é um dos mais utilizados. Este método é indicado quando os possíveis grupos naturais são de diferentes dimensões e é recomendado quando nos genótipos a serem agrupados, há expectativa de formação de grupos próximos daqueles considerados naturais. O método UPGMA proporciona um agrupamento dos genótipos com muitas propriedades desejáveis, como a alta estabilidade (CRUZ et al., 2011).

Este método agrupa indivíduos de acordo com a similaridade, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados. Neste método, os indivíduos mais similares são agrupados inicialmente e assim, sucessivamente, até os indivíduos ou grupos mais distantes (CRUZ & CARNEIRO, 2006). A utilização conjunta de métodos de agrupamento e de dispersão gráfica tem sido a alternativa mais ideal, sobretudo quando se pretende visualizar as distâncias entre os indivíduos dentro e entre os grupos formados.

2.3.3. Análise de variáveis canônicas

A análise com base em variáveis canônicas trata-se de um processo alternativo para avaliação do grau de similaridade genética entre genótipos que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres aferidos (CRUZ et al., 2011, CRUZ et al., 2012).

Para CRUZ et al. (2011), a técnica de variáveis canônicas é similar à de componentes principais, pois permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de x variáveis (x = número de caracteres considerados no estudo), em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo de variação originalmente disponível e serem independentes entre si. Entretanto, essa técnica baseia-se nas informações entre e dentro de genótipos, ou seja, entre indivíduos de cada genótipo, havendo, portanto, necessidade de dados, em nível de acessos, com repetições. Segundo CRUZ et al. (2004), este procedimento permite destacar e eliminar caracteres que contribuam pouco com a discriminação do genótipo e reduzindo custo com mão-de-obra na caracterização e experimentação.

Considera-se, de forma geral, que a análise de variáveis canônicas constitui-se em um procedimento alternativo à análise de componentes principais nas situações em que se dispõe de dados experimentais com informações de repetições, de modo que seja possível obter as médias e a matriz de dispersão (matriz de variâncias e covariâncias) residual entre os dados.

A análise por variáveis canônicas, quando utilizada em estudos de divergência genética, tem como propósito possibilitar a introdução de genótipos similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais, à semelhança dos componentes principais (CRUZ et al., 2011; CRUZ et al., 2012). Essa técnica apresenta a vantagem adicional de manter o princípio do processo de agrupamentos com base na distância D^2 , de Mahalanobis, o qual leva em conta as correlações residuais existentes entre as médias dos genótipos.

2.4. Divergência genética da mandioca

A mandioca é caracterizada por sua ampla diversidade genética, que por sua vez é geradora de uma infinidade de indivíduos capazes de se adaptar a diferentes regiões ecogeográficas de cultivo. FUKUDA et al. (2002) relatam sua 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.

O conhecimento da variabilidade genética em uma população constitui a base fundamental para o melhoramento da mandioca (HURTADO et al., 2008). As distâncias genéticas dentro da população proporcionam uma melhor compreensão e organização de germoplasma e seleção eficiente de genitores durante a amostragem genotípica (MEREDITH & BRIDGE, 1984; FUKUDA et al., 2002). Ela também tem implicações sobre a escolha de genitores para hibridação e introgressão de genes de germoplasma exótico. O pool genético da mandioca varia entre uma grande variedade de espécies selvagens para numerosas espécies domesticadas com características muito específicas. Os métodos utilizados para investigar a origem e variabilidade de mandioca compreende o conceito de espécie taxonômica, o conceito biológico de espécie, biosistemática e

genética quantitativa e molecular. A diversidade genética pode ser avaliada por uma série de métodos, incluindo dados genealógicos, dados morfológicos e desempenho agronômico (MOHAMMADI & PRASANNA, 2003).

A associação entre informações moleculares com informações fenotípicas quantitativas e qualitativas, também é reportada na literatura. VIEIRA et al. (2008), por meio dessa associação, revelaram haver considerável diversidade entre mandiocas denominadas açucaradas e não açucaradas. Entretanto, vale ressaltar que a quantificação da diversidade genética baseada em marcadores moleculares via genotipagem dos indivíduos, pouco ajuda na seleção de genótipos para participação em algum programa de melhoramento e lançamento de futuras cultivares (VIEIRA et al., 2008; RIMOLDI et al., 2010; SIVIERO & SCHOTT, 2011). Para este fim, é necessária a fenotipagem dos indivíduos sendo o uso de características agronômicas quantitativas indispensáveis, uma vez que a principal pressuposição para predição de cruzamentos com base em estimativas de diversidade, é que, além da diversidade, o desempenho agronômico seja considerado.

2.5. Caracteres morfológicos no estudo de divergência genética

A avaliação da diversidade genética da planta pode se feita pelo fenótipo com caracteres morfológicos e com marcadores genéticos. Os estudos a respeito de divergência genética apresentam grande relevância no melhoramento de plantas, por fornecerem parâmetros para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitam o aparecimento de materiais superiores, além de facilitarem o conhecimento da base genética da população (BERED et al., 1997).

Os primeiros relatos da utilização de marcadores morfológicos ou caracteres fenotípicos estão relacionados à identificação, descrição e classificação dos seres vivos (MUHLENS et al., 2000). Charles Darwin foi um dos primeiros a utilizar a morfologia para obter conclusões importantes sobre a teoria da seleção natural, pela observação de caracteres morfológicos externos dos vegetais, tais como tamanho, disposição, cor, forma e posição dos elementos estruturais da planta, sendo todos eles de fácil identificação visual (AMORIM, 1996). A construção dos primeiros mapas genéticos, as teorias sobre ligações

gênicas e mendelianas, também utilizaram marcadores morfológicos como base de estudo (BERED et al., 1997).

Os caracteres morfológicos são tradicionalmente usados na caracterização de cultivares e têm sua importância reconhecida. Apesar de diferentes caracteres poderem ser utilizados como marcadores morfológicos, o efeito do ambiente, a ação gênica, a pleiotropia e epistasia são fatores que podem complicar a sua avaliação. Mas, quando se usa caracteres quantitativos (os mais influenciados pelo ambiente), o problema pode ser contornado pelo emprego de ensaios comparativos (PERSSON et al., 2001).

Apesar da influência ambiental e os problemas referentes à identificação de cultivares semelhantes fenotipicamente, diversos pesquisadores têm utilizado marcadores morfológicos com êxito em estudos de diversidade para caracterizar agrupamentos de cultivares em diferentes espécies (STAUB et al., 1996; BERED et al., 1997). Estes estudos estão baseados na pressuposição de que similaridade morfológica indicará similaridade genética.

Em estudos com mandioca diversos trabalhos apresentam a caracterização morfológica como forma de determinação da diversidade genética entre genótipos coletados nas diferentes regiões do mundo (KVITSCHAL et al., 2009; RIMOLDI et al., 2010; SIVIERO & SCHOTT, 2011).

Os caracteres morfológicos, por serem simples e práticos, permanecem até hoje como sendo a ferramenta mais utilizada na identificação das plantas, mesmo que na sua maioria estejam ligados a características de plantas adultas como flores, frutos e sementes (HOYT, 1992). Contudo, eles têm papel fundamental na divulgação das características agrônômicas de novos materiais genéticos, influenciando decisivamente a escolha de cultivares. RICK (1978), a avaliação de variabilidade genética em espécies silvestres e cultivadas por muito tempo foi estimada por meio da variabilidade morfológica.

Descritores qualitativos de alta herdabilidade facilmente visíveis e mensuráveis, que a princípio são expressos em todos os ambientes, são imprescindíveis em uma caracterização eficiente (IPGRI, 1996). Os descritores são as características mediante as quais podemos conhecer o germoplasma e determinar a sua utilidade potencial. Segundo SANTOS & BETTENCOURT (2004) deve ser específicos para cada espécie, diferenciar os genótipos e expressar o atributo de maneira precisa e uniforme. Muitos atributos podem

descrever um material, mas os caracteres realmente úteis são aqueles que se podem detectar a olho nu, registrar facilmente, que têm elevada hereditariedade, alto valor taxonômico e agrônômico, que se podem aplicar a amostras pequenas, e permitem diferenciar um acesso de outro.

2.6. Importância relativa dos caracteres

A identificação dos descritores que menos contribuem para a discriminação entre genótipos e, conseqüentemente, na determinação da divergência genética, constitui outra vantagem da análise da técnica de variáveis canônicas.

Identificam-se os caracteres de menor importância para a divergência genética entre os acessos avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são os de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas (CRUZ et al., 2011).

Na aplicação de análises multivariadas, estudos sobre a importância relativa das variáveis são de fundamental interesse dos pesquisadores, possibilitando concluir com segurança a respeito da viabilidade de empregar os descritores utilizados em estudos de divergência genética. Reduzindo-se o número de características, e eliminando aquelas que contribuem pouco para o estudo, fica mais fácil interpretar os dados sem que ocorra perda de informações.

Para CRUZ & CARNEIRO (2003), as características dispensáveis em estudos de divergência genética compreendem as que são relativamente não variantes entre os indivíduos estudados, apresentam instabilidade com a mudança das condições experimentais ou são redundantes, por estarem correlacionadas com outras características. O interesse na avaliação de um menor número de variáveis, que contribuem pouco para a discriminação dos materiais avaliados, possibilita economia de tempo e de mão-de-obra, tanto na tomada de dados quanto na experimentação, além de reduzir o custo em análises futuras. A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos foi feita por meio da partição dos componentes D^2 , relativos a cada caráter, no total da dissimilaridade genética observada, de acordo com a metodologia de SINGH (1981).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material genético e delineamento experimental

O presente estudo foi realizado com vinte e um genótipos de mandioca (*M. esculenta* Crantz), oriundos de Moçambique (Tabela 1). Os genótipos foram selecionados como contrastantes para os caracteres que foram aferidos (altura de planta, altura da primeira ramificação da planta, peso da biomassa da parte aérea, número médio de raízes tuberosas por planta, rendimento médio de raízes, produção de raízes comerciais por planta, índice de colheita e teor de matéria seca nas raízes tuberosas).

O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados, com os vinte e um genótipos plantados em três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de cinco linhas de cinco plantas cada, em espaçamento de 1,0 m entre linhas e 1,0 m entre plantas. A área útil da parcela constituiu-se de três linhas e três plantas centrais, perfazendo uma área de 9,0 m², constituída pelas 9 plantas de cada parcela. As linhas exteriores foram consideradas como bordaduras.

Tabela 1. Lista de identificação e a respectiva genealogia dos 21 genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), utilizados para o estudo.

Genótipo	Genealogia
Mokhalana	PAN 38 (PA)
MzMg10/040	Mulaleia x IMM30025
MzMg10/042	Likonde x Mulaleia
MzMg10/075	Mulaleia (PA)
MzMg10/083	Likonde x Chigoma máfia
MzMg10/096	Likonde x Mulaleia
MzMg10/107	Likonde x Mulaleia
MzMg10/111	Mulaleia (PA)
MzMg10/118	Mulaleia (PA)
MzMg10/129	Mulaleia x Likonde
MzMg10/131	Mulaleia (PA)
MzMg10/162	Mulaleia x Likonde
MzMg10/168	Mulaleia x Chigoma máfia
MzMg10/240	Mulaleia x Chigoma máfia
MzMg10/314	Mulaleia (PA)
MzMg10/354	Mulaleia x Likonde

Tabela 1. Lista de identificação e a respectiva genealogia dos 21 genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), utilizados para o estudo. (continuação)

Genótipo	Genealogia
MzMg10/466	Mulaleia x Likonde
MzMg10/630	Mulaleia x TMS30001
Orera	Likonde (PA)
Tomo	Tomo
Varuiaya	IMM30025 X Chigoma máfia

PA – polinização aberta

3.2. Descrição da área experimental

O experimento foi conduzido no campo experimental do Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM), no distrito de Mogincual, província de Nampula, situada na Região Norte de Moçambique (Figura 1).

Na província de Nampula, o distrito de Mogincual localiza-se na parte Este a 15°34' Latitude Sul, 39°45' de Longitude Oeste e 138 m de altitude. O clima é do Tipo Cwa (clima temperado úmido com inverno seco e verão quente), segundo a classificação de Köppen. O distrito apresenta médias anuais de 80 % de umidade relativa, 26° C de temperatura (variando entre 17° C de média mínima e 30° C de média máxima) e a precipitação pluvial média anual varia entre 800 a 1.000 mm, com 65 a 70 % desse total concentrados no período de dezembro a março.

Nesta região, os solos são predominantemente arenosos, marrom-acinzentados, profundos e com boa capacidade de drenagem, no entanto são moderadamente ácidos com baixa matéria orgânica (MAE, 2005).



Figura 1. Mapa de Moçambique, com destaque o distrito de Mogincual, onde foi conduzido o experimento. Fonte: Adaptado de trabalho de AKIYAMA, 2007.

3.3 Instalação e condução do experimento

O experimento foi conduzido em regime hídrico de sequeiro, no ano agrícola 2011/12. O preparo do solo consistiu de aração e gradagem, conforme as praticas agrícolas mais comuns entre os produtores da região, não foram abertos sulcos tendo-se efetuado o plantio em solo raso.

A seleção das manivas para o plantio foi realizada procurando-se uniformizar ao máximo todo o material utilizado. As manivas, com tamanho médio entre 20 cm e 25 cm de comprimento e aproximadamente dois centímetros de diâmetro com cinco a sete nós, foram retiradas do terço médio de plantas sadias com idade de 12 meses, as quais foram plantadas verticalmente em solo, a uma profundidade de aproximadamente 16 cm de solo. O corte das manivas, feito com facão foi reto em ambas as extremidades.

O plantio foi efetuado no mês de dezembro no início da estação chuvosa, dentro da época de plantio recomendada para o distrito de Mogincual. Esta região é caracterizada por períodos de chuva de curta duração, de dezembro a março.

A condução do experimento e todos os tratamentos culturais foram feitos conforme as recomendações do sistema de produção de mandioca para esta região costeira de norte de Moçambique. No decorrer do experimento, o controle de plantas invasoras foi realizado mediante três capinas manuais, com auxílio de enxada, de forma a impedir que as plantas daninhas exercessem concorrência com a cultura. Não foi feita nenhuma adubação de base ou de cobertura, por forma a permitir que o experimento simulasse as condições similares às aquelas predominantes nos campos dos produtores rurais de mandioca da região.

3.4. Características avaliadas

A avaliação das características consistiu em uma única etapa, aos 12 meses após a emergência das plantas. Neste período, foram coletados dados fenotípicos de oito características quantitativas: altura da planta (ALTPL), em metros; altura da primeira ramificação (ALTRA), em metros; rendimento da biomassa da parte aérea (BIOPA), em $t\ ha^{-1}$; número médio de raízes tuberosas por planta (NURPL); rendimento de raízes tuberosas (RENRA), em $t\ ha^{-1}$; produção de raízes comerciais (PRACO), em $t\ ha^{-1}$; índice de colheita (INDCO), em % e teor de matéria seca (MATES) em %.

- a) **Altura da planta:** obtida através da medição da distância vertical da base até o ponto mais elevado da copa, no momento da colheita, em nove plantas por parcela;
- b) **Altura da primeira ramificação:** obtida pela medição da base até a inserção da primeira ramificação de todas as plantas da área útil da parcela, por ocasião da colheita;
- c) **Peso da biomassa da parte aérea:** obtida pela pesagem da parte aérea de todas as plantas úteis das parcelas experimentais, logo após a colheita de raízes;

- d) **Número médio de raízes tuberosas por planta:** obtido pela razão entre o número de raízes produzidas e o respectivo número de plantas submetidas à avaliação;
- e) **Rendimento de raízes tuberosas:** obtida pela pesagem das raízes tuberosas de todas as plantas úteis das parcelas experimentais;
- f) **Produção de raízes comerciais:** calculada através de pesagem de raízes sem constrições, ou seja, com características fenotípicas ideais para a comercialização colhidas de cada parcela;
- g) **Índice de colheita:** avaliado através da relação entre o peso fresco das raízes tuberosas e o peso fresco total das plantas (raízes + parte aérea), de acordo com a fórmula:

$$\text{INDCO} = \frac{\text{Pesofresco de raízes}}{\text{Pesofresco de raízes} + \text{Pesofrescoda parte aérea}} \times 100$$

- h) **Teor de matéria seca:** para a determinação do teor de matéria seca nas raízes, separaram-se três raízes em cada parcela, que foram cortadas em pequenos cubos. Desse montante, foram retiradas amostras homogêneas de cerca de 200 g de raízes fresca, submetidas à temperatura de 40°C em estufa de ventilação forçada por 48 a 72 horas, até peso constante, método descrito por CARVALHO et al. (1990). A partir da razão entre o peso da massa seca e fresca de raízes, foi obtido o teor de matéria seca.

3.5. Análise estatística

Os dados experimentais das características aferidas foram submetidos à análise de variância segundo modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor observado de uma dada característica, relativo à i -ésimo genótipo, no j -ésimo bloco;

μ : média geral do experimento;

G_i : efeito associado ao i -ésimo genótipo, sendo $i = 1, 2, \dots, g$;

B_j : efeito associado ao j -ésimo bloco, sendo $j = 1, 2, \dots, b$;

ε_{ij} : erro experimental.

Depois de verificado diferença estatística entre os tratamentos (genótipos) foi realizado o teste de agrupamentos de médias de SCOTT & KNOTT, (1974) modificado por BHERING et al. (2008), a 5% de probabilidade.

A diversidade genética entre os genótipos foi avaliada por meio dos métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico UPGMA, tendo como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2), em que a distância entre o par de genótipos i e i' é definida pela expressão (CRUZ, et al., 2011).

$$D_{ii}^2 = \delta' \gamma^{-1} \delta$$

A análise com base na técnica de variáveis canônicas também foi utilizada no estudo da diversidade genética entre os genótipos de mandioca, com o propósito de melhor ilustrar essa divergência e verificar a concordância dos resultados obtidos por essas diferentes metodologias de análise, possibilitando interpretação mais fidedigna aos resultados.

A importância relativa dos caracteres em relação à divergência genética entre os genótipos foi estudada segundo o método proposto por SINGH (1981).

Todos os procedimentos da análise estatística dos dados experimentais foram realizados utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Estimativas da variabilidade genética

Antes da análise de variância (ANOVA), os dados foram submetidos ao teste de normalidade aplicando-se o teste de Lilliefors, e este indicou que é razoável estudar os dados através da distribuição normal ($p > 0,05$). Os dados da ANOVA contidos na Tabela 2 revelaram diferença significativa pelo teste de F ($p < 0,01$) para todas as características fenotípicas avaliadas. Desta forma, o comportamento diferenciado dos genótipos retrata a presença de variabilidade para os caracteres agrônômicos estudados. A presença de ampla variabilidade era esperada, uma vez que foram avaliadas constituições genéticas de diferentes origens e níveis de melhoramento (Tabela 1), como já havia sido relatado sobre a mandioca por BORGES et al. (2002) e NICK et al. (2008). Os coeficientes de variação (CV) variaram de 7,09% para a característica ALTPL e 30,03% para a característica PRACO, o que é esperado para características de natureza quantitativa sendo bastante influenciados pelo ambiente. Na literatura são encontrados coeficientes de variação em porcentagem para as características seguintes: ALTPL (8,86 a 16,01); ALTRA (26,68 a 26,77); BIOPA (16,38 a 31,77); NURPL (26,72 a 31,07); RENRA (16,12 a 37,20); PRACO (20,47 a 35,10); INDCO (11,22 a 21,17) e MATES (2,66 a 12,48) (LOPES et al., 2006; GOMES et al., 2006; RAMOS et al., 2007; NICK et al., 2010). Portanto, os coeficientes obtidos neste trabalho mostram uma boa precisão experimental na avaliação de todas as características consideradas.

Tabela 2. Análise de variância, médias e coeficiente de variação relativa a oito características agrônômicas⁽¹⁾ avaliadas em vinte e um genótipos de mandioca.

FV	GL	Quadrados Médios							
		ALTPL	ALTRA	BIOPA	NURPL	RENRA	PRACO	INDCO	MATES
Blocos	2	0,13	0,20	14,66	11,38	42,79	81,67	23,24	182,20
Genótipos	20	0,22**	0,54**	565,70**	30,52**	524,58**	281,28**	197,15**	105,81**
Resíduo	40	0,02	0,04	16,71	2,71	61,02	37,08	57,10	27,22
Média		2,14	1,18	21,65	6,03	29,61	20,28	58,76	28,83
CV (%)		6,74	17,56	18,88	27,31	26,38	30,03	12,86	18,10

⁽¹⁾ALTPL = altura de planta, em metros; ALTRA = altura da primeira ramificação, em metros; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea, em t ha⁻¹; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas, em t ha⁻¹; PRACO = produção de raízes comerciais, em t ha⁻¹; INDCO = índice de colheita, em % e MATES = teor de matéria seca, em %. ** significativos pelo teste F, a 1 % de probabilidade.

A existência de elevada variabilidade em mandioca, entre genótipos oriundos do melhoramento genético, pode ser explicada pela ampla base genética disponível em bancos de germoplasma em Moçambique, e que é utilizada constantemente no melhoramento da cultura. Por outra parte, a existência dessa ampla variabilidade em mandioca pode ser explicada pelo fato de a espécie ser alógama (FUKUDA et al., 2002; EL-SHARKAWY, 2004), permitindo que constantemente sejam geradas naturalmente novas combinações, as quais são inicialmente propagadas por sementes e posteriormente propagadas vegetativamente, como uma nova cultivar (CEBALLOS et al., 2004). A mandioca combina a reprodução sexual, que permite à espécie uma constante adaptação às mudanças ambientais e à reprodução vegetativa, que permite uma adaptação imediata às condições ambientais por meio da clonagem de genótipos superiores.

Pela análise de agrupamento de médias de SCOTT & KNOTT (1974) modificado por BHERING et al. (2008), a 5% de probabilidade, houve a formação de três grupos para a característica altura de plantas, sendo as médias entre os genótipos variando entre 1,53 a 2,60 m (Tabela 3). KVITSCHAL et al. (2003); HERSHEY, (2005); FUKUDA & IGLESIAS, (2006), relatam altura média de plantas de mandioca varia de 1,0 a 5,0 m, sendo mais comum plantas com 1,0 a 3,0 m. Assim, as alturas de genótipos avaliados encontram-se neste intervalo.

VIDIGAL-FILHO et al. (2000); RIMOLDI et al. (2006) avaliando cultivares de mandioca obtiveram resultados para altura de planta variando de 1,58 a 2,60 m, semelhantes aos obtidos neste trabalho.

De acordo com VALLE (1990) e FUKUDA et al., (2002), essa característica é muito importante, uma vez que está correlacionada positivamente com o rendimento de raízes tuberosas, mas em menor magnitude quando comparada com o peso da parte aérea.

Dentre os genótipos avaliados, o genótipo MzMg10/118, MzMg10/466, MzMg10/314, MzMg10/131, MzMg10/240, Tomo, Orera e Varuiaya produziram plantas de menor altura, ou seja, com 2,07, 1,95, 1,92, 1,83, 1,80, 1,78, 1,67 e 1,53 m de altura, respectivamente (Tabela 3) abaixo da média geral que foi de 2,14 m. Segundo ESPINOSA (1984), a seleção de genótipos de porte reduzido é importante em regiões sujeitas a ventos fortes, principalmente em áreas de solos férteis, visando, com isto, minimizar a ocorrência de acamamento.

Tabela 3. Médias referentes ao agrupamento de Scott & Knott (1974) modificado por BHERING et al. (2008), relativas a oito características agrônômicas avaliadas em vinte e um genótipos de mandioca. Altura de planta (ALTPL), altura da primeira ramificação (ALTRA), biomassa da parte aérea (BIOPA), número médio de raízes tuberosas por planta (NURPL); rendimento de raízes tuberosas (RENRA), produção de raízes comerciais (PRACO), índice de colheita (INDCO) e teor de matéria seca (MATES).

Genótipos	ALTPL -----m-----	ALTRA	BIOPA t ha ⁻¹	NURPL n.º	RENRA -----t ha ⁻¹ -----	PRACO	INDCO -----%-----	MATES
MzMg10/040	2,31 a	1,10 b	17,41 d	7,74 b	34,17 b	21,57 b	65,24 a	36,50 a
MzMg10/042	2,20 a	0,83 c	14,81 d	1,13 c	15,56 c	13,15 c	51,51 b	31,50 a
MzMg10/075	2,20 a	1,23 b	17,59 d	5,89 b	27,96 b	20,00 b	61,11 a	21,85 b
MzMg10/083	2,22 a	1,67 a	25,00 c	6,41 b	34,81 b	26,67 a	58,53 a	34,48 a
MzMg10/096	2,60 a	1,76 a	46,30 a	8,93 a	42,96 a	34,08 a	47,81 b	31,67 a
MzMg10/107	2,25 a	1,74 a	19,26 d	6,89 b	30,56 b	20,37 b	59,38 a	27,23 a
MzMg10/111	2,24 a	1,74 a	14,63 d	9,67 a	37,74 b	21,48 b	69,17 a	33,53 a
MzMg10/118	2,07 a	1,13 b	19,07 d	6,70 b	41,48 a	30,37 a	68,20 a	31,13 a
MzMg10/129	2,40 a	0,98 b	30,93 b	7,11 b	37,74 b	22,59 b	53,89 b	27,81 a
MzMg10/131	1,83 b	1,17 b	7,22 e	1,93 c	10,74 c	5,93 c	59,94 a	16,51 b
MzMg10/162	2,22 a	1,22 b	49,08 a	11,57a	44,63 a	18,89 b	47,19 b	19,17 b
MzMg10/168	2,18 a	1,33 b	26,11 c	7,56 b	43,89 a	37,74 a	63,03 a	22,33 b
MzMg10/240	1,80 b	0,73 c	33,89 b	6,07 b	31,48 b	20,00 b	47,89 b	39,95 a
MzMg10/314	1,92 b	0,40 d	36,30 b	9,87 a	38,52 b	21,85 b	51,19 b	28,60 a
MzMg10/354	2,35 a	1,44 b	6,48 e	1,19 c	10,00 c	8,15 c	57,92 a	29,03 a
MzMg10/466	1,95 b	0,67 c	8,71 e	2,04 c	13,33 c	11,30 c	60,01 a	29,78 a
MzMg10/630	2,33 a	1,20 b	44,81 a	10,41a	52,22 a	41,85 a	53,83 b	28,75 a
Mokhalana	2,32 a	1,32 b	13,52 d	4,63 b	20,37 c	15,93 b	59,98 a	37,37 a
Orera	1,67 c	0,43 d	9,07 e	4,00 c	17,04 c	13,71 c	64,64 a	31,59 a
Tomo	1,98 b	1,78 a	5,74 e	1,24 c	6,04 c	3,70 c	53,41 b	21,67 b
Varuiaya	1,53 c	0,87 c	8,70 e	5,61 b	34,63 b	18,52 b	80,03 a	27,97 a
Média Geral	2,14	1,18	21,65	6,03	29,61	20,28	58,76	28,83
Amplitude ⁽¹⁾	1,07	1,38	43,34	10,44	46,18	38,15	32,84	20,86

*Grupo de médias seguida pela mesma letra, na coluna, não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott & Knott (1974) modificado por Bhering et al. (2008), a 5 % de probabilidade.

⁽¹⁾Diferença entre a maior e a menor média.

Para a altura da primeira ramificação, ocorreu a formação de quatro grupos (Tabela 3). A média dos genótipos foi de 1,18 m. Contudo, é importante destacar que mais de metade dos genótipos, MzMg04/075, MzMg04/083, MzMg10/096, MzMg10/107, MzMg10/111, MzMg10/162, MzMg10/168, MzMg10/354, MzMg10/630, Mokhalana, e Tomo tiveram médias superiores a 1,18 m. De acordo com VIDIGAL-FILHO et al. (2000), esta característica é importante na aplicação de tratamentos culturais e na colheita, tanto manual como mecanizada. As cultivares preferidas pelos produtores são aquelas cuja arquitetura se expressa em maior altura da primeira ramificação, e que conseqüentemente permitem maior

facilidade no que se refere a cultivos consorciados, ao controle de plantas daninhas e principalmente à colheita.

A produtividade da biomassa da parte aérea é uma característica muito importante na cultura de mandioca por representar a quantidade de matéria verde produzida pela planta, podendo ser utilizada na alimentação animal, principalmente na obtenção de manivas visando ao plantio subsequente. Com relação a essa característica, dentre as características fenotípicas avaliadas, foi aquela em que o maior número de grupos foi formado, ao todo cinco, e conseqüentemente aquela com maior variabilidade (Tabela 3). O grupo com as maiores médias foi representado por três genótipos, MzMg10/162 (49,08 t ha⁻¹), MzMg10/096 (46,30 t ha⁻¹) e MzMg10/630 (44,81 t ha⁻¹). À semelhança, o segundo grupo foi representado por três genótipos, com médias entre 30,93 a 36,30 t ha⁻¹. O terceiro e quarto grupo foram formados por dois e sete genótipos respectivamente. O quinto grupo, constituído por seis genótipos, foi o que apresentou as menores médias, 5,74 a 9,07 t ha⁻¹. O rendimento da biomassa da parte aérea, FUKUDA et al. (2002) reportam sua importância quando o objetivo é a seleção indireta para o rendimento de raízes com base nesta característica.

O número de raízes tuberosas por planta é outro importante componente de produção da mandioca. Para os genótipos em estudo ocorreu a formação de três grupos, com médias de 10,09, 6,46 e 3,30 raízes por planta. Os clones MzMg10/040, MzMg10/075, MzMg10/083, MzMg10/096, MzMg10/107, MzMg10/111, MzMg10/118, MzMg10/129, MzMg10/162, MzMg10/168, MzMg10/240, MzMg10/314, e MzMg10/630, produziram em média 8,10 raízes tuberosas por planta, número superior a produzido pelas testemunhas referenciais (Tabela 3). CURY (1998) constatou média de 6,70 raízes tuberosas por planta na avaliação de cultivares antigas de diferentes regiões do Brasil. A pequena variação de resultados dos genótipos aqui encontrados pode ser justificada por se tratar de genótipos que já passaram por rigoroso processo de seleção.

Segundo SILVA et al. (2002); KVITSCHAL et al. (2003), o rendimento de raízes tuberosas é um caráter quantitativo muito influenciado pela época de plantio e condições ambientais, o que dificulta a comparação dos resultados obtidos.

Os genótipos avaliados, para a característica rendimento de raízes tuberosas, três grupos foram formados com rendimentos médios de 45,04 t ha⁻¹,

34,18 t ha⁻¹ e 13,30 t ha⁻¹. Apesar da formação de apenas três grupos, grande amplitude (46,18 t) entre os valores médios de rendimento pode ser observada, com destaque para os clones MzMg10/630, MzMg10/096, MzMg10/168, MzMg10/118, MzMg10/083, MzMg10/129, MzMg10/162, MzMg10/040, MzMg10/240, MzMg10/314, MzMg10/111, MzMg10/075 e varuiaya, que apresentaram rendimentos médios acima da média geral (Tabela 3). Resultados semelhantes foram encontrados por ROCHA et al. (2011), ao estudarem o comportamento produtivo de clones de mandioca em experimento conduzido no município de Cruz das Almas, onde podem observar grande variabilidade entre os dados de 10,93 a 54,24 t ha⁻¹.

Os genótipos MzMg10/168, MzMg10/118, MzMg10/083, MzMg04/630, MzMg10/040, MzMg10/075, MzMg10/107, MzMg10/111, MzMg04/129, MzMg10/314 e Varuiaya são aqueles que se destacaram por apresentarem elevada produtividade de raízes tuberosas e bons índices de colheita acima de 50%. Segundo CURY, (1998) e ALVES (2006), o índice de colheita representa a eficiência de produção de raízes de reserva e é, normalmente, determinado pela razão do peso das raízes de reserva pelo peso total da planta. Para os autores, o índice de colheita tem sido usado como um critério de seleção para maiores rendimentos em mandioca.

À semelhança, para produção de raízes comerciais dos genótipos, ocorreu a formação de apenas três grupos de médias. A média dos genótipos foi de 20,28 t ha⁻¹. Contudo, é preciso destacar que os genótipos MzMg10/083, MzMg10/096, MzMg10/118, MzMg04/168 e MzMg10/630 tiveram médias superior a 25 t ha⁻¹.

Índice de colheita dos genótipos avaliados aos 12 meses após o plantio variou de 47,19 a 80,03% (Tabela 3). Foi possível a distinção de dois grupos, sendo a média do primeiro de 63,63% e a do segundo de 50,84%. Resultados semelhantes foram encontrado por PERESSIN et al., (1998) que afirmam valores de índice de colheita de 49 a 77% são encontrados 10 a 12 meses após o plantio.

Segundo ALVES (2006), o índice de colheita é importante característica porque revela a distribuição da matéria seca para partes economicamente úteis da planta. Sendo as raízes os órgãos de maior interesse no cultivo de mandioca, o índice de colheita pode fornecer um bom balanço entre a produção total de carboidratos pelas plantas e sua distribuição para as raízes. Para PERESSIN et al. (1998); ALVES (2006) existe enorme variação no índice de colheita entre

cultivares e têm sido objetivos dos programas de melhoramento a seleção de genótipos de mandioca com elevados índices de colheita.

Em experimento realizado no Paraná, VIDIGAL-FILHO et al. (2000) observaram valores para essa característica que variaram entre 38 a 79%.

De acordo PEIXOTO et al. (2005), o índice de colheita é considerado satisfatório quando acima de 50%. No presente estudo, tal índice foi alcançado em dezoito genótipos dos vinte e um avaliados. Porém, SILVA et al. (2002) relatam que nem sempre cultivares com melhores índices de colheita apresentam maior produção de raízes tuberosas, já que plantas com baixa produção de raízes tuberosas, mas que também tenham baixa produção de parte aérea, proporcionarão valores de índice de colheita elevados. Contudo, concordando com SILVA et al. (2002), foram encontrados genótipos com baixa produção de raízes e com índice de colheita elevado, uma vez que também apresentaram baixa produção de parte aérea. Como exemplo tem-se o genótipo MzMg10/131, que apresentou produção de raízes tuberosas de 10,74 t ha⁻¹, considerada baixa, e um índice de colheita de 59,94%, considerado elevado. Outro exemplo é da cultivar Orera apresentou produção de raízes tuberosas 17,04 t ha⁻¹, índice de colheita de 64,64% considerado elevado.

O teor de matéria seca nas raízes é a característica que determina o maior ou menor rendimento industrial das raízes, uma vez que está diretamente relacionado aos diversos produtos derivados da mandioca (SARMENTO, 1997). Para esta característica a média entre os genótipos variou 16,51% (MzMg10/131) a 39,95% (MzMg10/240), sendo possível a distinção de dois grupos, a média do primeiro de 31,49% e do segundo de 20,31%. Segundo CORREIA et al. (2005), a raiz de mandioca possui entre 30 a 40% de matéria seca nas raízes tuberosas.

TORO & CAÑAS (1982), em experimento de avaliação do efeito de épocas de colheita na produtividade de mandioca encontraram em média, 30% de matéria seca nas raízes 12 meses após o plantio, concordando que haja registros de até 45% de matéria seca e que depende da variedade, do local de cultivo, da idade e época de colheita e ao clima.

Segundo LEONEL & CEREDA (2002), a matéria seca é de grande importância para a indústria, pois o alto teor desta é vantajoso por proporcionar um maior rendimento de extração de amido.

Portanto, após análise dos resultados de análise de variância e teste de agrupamento de médias de todas variáveis, pode-se constatar que todos os clones/cultivares melhorados apresentaram melhor desempenho em relação a cultivar nativa Tomo.

No que se refere à análise entre os materiais melhorados, pode-se concluir que, no grupo de clones avaliados, existe considerável número de clones que apresentaram melhor desempenho agrônômico para as características analisadas em relação às cultivares comerciais. Com destaque para os clones MzMg10/096 (42,96t ha⁻¹), MzMg10/118 (41,48tha⁻¹), MzMg10/162 (44,63 t ha⁻¹), MzMg10/168 (43,89 t ha⁻¹) e MzMg10/630 (52,22 t ha⁻¹) que apresentaram rendimento de raiz significativamente maior que as cultivares comerciais Mokhalana (20,37 t ha⁻¹), Orera (17,04 t ha⁻¹) e Varuiaya (34,63tha⁻¹).

4.2. Estudo da divergência genética, através das análises multivariadas

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos. Algumas vezes, seus valores, por si só, são de grande utilidade, principalmente quando há interesse em orientar hibridações, concentrando esforços em cruzamentos em que há diversidade genética entre os genitores, sendo indicativo de sua complementaridade gênica.

Os resultados obtidos revelaram a existência de ampla variabilidade genética no grupo de genótipos estudados. Essa elevada variabilidade genética aponta para a possibilidade de também haver variação quanto ao potencial agrônômico no grupo de genótipos avaliados, e que essa variação pode ser utilizada no melhoramento genético de mandioca.

As medidas de dissimilaridade genética em relação às oito características avaliadas, utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), possibilitou identificar os genótipos 11 (MzMg10/162) e 20 (Tomo) como a combinação mais dissimilar, por apresentarem o máximo de distância, em virtude do valor de $D^2_{ii'} = 303,15$. E a menor magnitude de distância, foi apresentada pela combinação entre os genótipos 4 (MzMg10/083) e 6 (MgMz10/107), em virtude do valor de $D^2_{ii'}$ (5,23), comportando-se como os mais similares, demonstrando uma proximidade genética em virtude das características avaliadas (Tabela 4).

Tabela 4. Matriz de dissimilaridade baseado em oito caracteres quantitativos avaliados em 17 clones e quatro cultivares de mandioca (*M. esculenta* Crantz), estimada por meio da distância generalizada de Mahalanobis.

Clones/ Cultivares	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
1	0,00																				
2	32,53	0,00																			
3	18,27	22,29	0,00																		
4	25,61	41,37	11,87	0,00																	
5	72,59	124,78	72,73	41,04	0,00																
6	24,32	39,31	6,59	5,23	60,26	0,00															
7	16,27	62,85	19,76	18,53	70,53	10,99	0,00														
8	14,84	24,23	11,32	12,13	75,84	17,03	25,17	0,00													
9	15,07	43,76	23,35	26,03	37,04	31,62	37,28	25,86	0,00												
10	58,34	36,19	18,28	43,09	144,21	29,42	50,41	39,00	73,34	0,00											
11	132,02	231,56	146,63	131,47	63,70	142,45	129,11	159,39	81,57	214,97	0,00										
12	32,30	37,66	11,15	7,01	53,72	13,15	32,83	9,16	28,06	42,59	146,53	0,00									
13	41,35	91,77	65,79	55,82	60,96	73,17	63,70	49,49	30,29	112,17	69,39	64,74	0,00								
14	63,85	139,44	95,88	99,49	82,80	110,72	89,93	89,58	43,90	153,79	43,65	102,40	17,08	0,00							
15	51,89	16,35	25,61	45,08	146,12	32,20	57,54	42,45	74,47	25,48	273,30	49,50	144,27	200,77	0,00						
16	26,15	11,09	18,62	43,72	134,83	38,90	48,39	21,74	47,27	21,97	212,16	41,66	74,21	112,58	26,39	0,00					
17	56,90	110,84	64,43	41,41	12,53	63,12	67,43	55,33	26,16	135,54	59,06	41,75	33,19	46,18	151,54	111,75	0,00				
18	9,48	17,30	11,24	18,75	83,57	15,21	18,96	15,36	29,19	35,98	176,71	28,19	66,89	106,99	20,96	15,53	79,19	0,00			
19	31,88	46,24	37,29	60,62	141,38	59,45	51,29	33,39	56,17	43,10	178,85	60,16	49,04	74,04	73,86	14,33	104,25	35,37	0,00		
20	86,17	42,26	41,75	63,48	170,70	42,43	76,43	72,62	105,75	32,62	303,15	68,83	193,95	251,33	8,41	56,82	187,91	46,42	115,76	0,00	
21	46,24	72,07	42,06	53,16	137,57	53,27	45,36	31,78	68,79	41,17	162,70	55,27	55,66	88,20	88,94	36,79	104,91	52,58	19,44	124,42	0,00

1 = MzMg10/040; 2 = MzMg10/042; 3 = MzMg10/075; 4 = MzMg10/083; 5 = MzMg10/096; 6 = Mg10/107; 7 = MzMg10/111; 8 = MzMg10/118; 9 = MzMg10/119; 10 = MzMg10/131; 11 = MzMg10/162; 12 = MzMg10/168; 13 = MzMg10/240; 14 = MzMg10/314; 15 = MzMg10/354; 16 = MzMg10/466; 17 = MzMg10/630; 18 = Mokhalana; 19 = Orera; 20 = Tomo; 21 = Varuiaya.

O uso de medidas de divergência para a escolha de genitores tem permitido identificar combinações híbridas superiores aos genitores. Contudo, é importante ressaltar que a utilização de indivíduos mais divergentes como parentais ou genitores não implica necessariamente obtenção de heterose, uma vez que, estes podem ser divergentes, mas não complementares. BORÉM & MIRANDA, (2009) destacam que, além da divergência genética, para a escolha dos genitores destinados a programas de hibridação e posterior seleção de indivíduos superiores nas gerações segregantes, o desempenho *per se* dos genitores bem como a complementaridade alélica entre eles deve ser considerada.

De acordo com este critério, a análise do desempenho agrônômico do clone MzMg10/162, indica ser este o de melhor desempenho daqueles avaliados, uma vez que possui elevado rendimento de biomassa da parte aérea, 49,08 t ha⁻¹, número médio de raízes tuberosas por planta de 11,57 e principalmente um rendimento de raízes tuberosas de 44,63 t ha⁻¹. Entretanto, a “landrace” Tomo não tem desenvolvimento agrônômico satisfatório, principalmente pelo número de 1,24 raízes tuberosas, em média, por planta e rendimento de raízes tuberosas 6,04 t ha⁻¹ (Tabela 3). Assim, apesar desses genótipos em magnitude serem os mais divergentes, o baixo desempenho da “landrace” Tomo resultará progênie com baixo desempenho agrônômico.

Neste contexto, a utilização de técnicas multivariadas que facilitem a interpretação dos dados em conjunto é indispensável, sendo bom exemplo o método de otimização de Tocher. Assim, é possível sugerir cruzamentos entre indivíduos pertencentes a grupos diferentes, mas analisando a média do grupo para as características agrônômicas que se desejam fixar.

A utilização do método de otimização do Tocher, fundamentado na matriz de dissimilaridade, expressa pela distância generalizada de Mahalanobis (D^{2ii}), possibilitou a divisão dos 21 genótipos em seis grupos geneticamente distintos (Tabela 5). No grupo I foram incluídos 13 genótipos geneticamente similares (61,90% do total), o que indica que possíveis cruzamentos entre esses genótipos reduzirá, teoricamente, a obtenção de materiais superiores. O segundo, terceiro e quarto grupo foram formados por 2 genótipos e os demais grupos, foram formados por um genótipo cada, sendo esta análise concordante com os valores de dissimilaridade apresentados por Mahalanobis. De acordo com VIEIRA et al.

(2005), grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais.

Tabela 5. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher, de vinte e um genótipos de mandioca, com base na dissimilaridade expressa pela distância generalizada de Mahalanobis em relação a oito características agronômicas⁽¹⁾.

Grupos	Genótipos/Cultivares	% de genótipos
I	MzMg10/083, MzMg10/107, MzMg10/075, MzMg10/168, MzMg10/118, Mokhalana, MzMg10/040, MzMg10/111, MzMg10/119, MzMg10/466, MzMg10/042, MzMg10/354, MzMg10/131	61,90
II	MzMg10/096, MzMg10/630	9,52
III	MzMg10/240, MzMg10/314	9,52
IV	Orera, Varuiaya	9,52
V	Tomo	4,76
VI	MzMg10/162	4,76
Total	21	100

⁽¹⁾ALTPL = altura de planta; ALTRA = altura da primeira ramificação; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; PRACO = produção de raízes comerciais; INDCO = índice de colheita; MATES = teor de matéria seca e RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas.

Tabela 6. Médias dos grupos de discriminação dos genótipos de mandioca por meio do algoritmo de Tocher, relativas a oito características agronômicas.

Características fenotípicas	Médias dos grupos (*) formados pelo algoritmo de Tocher					
	I (*)	II (*)	III (*)	IV (*)	V (*)	VI (*)
ALTPL	2,19	2,47	1,86	1,60	1,98	2,22
ALTRA	1,26	1,48	0,57	0,68	1,78	1,22
BIOPA	16,98	45,56	35,10	8,89	5,74	49,08
NURPL	5,30	9,67	7,97	4,81	1,24	11,57
RENRA	27,57	47,59	35,00	25,84	6,04	44,63
PRACO	19,63	37,97	20,93	16,12	3,70	18,89
INDCO	60,61	50,82	49,54	72,34	53,41	47,19
MATES	29,16	30,21	34,28	29,78	21,67	19,17

ALTPL = altura de planta; ALTRA = altura da primeira ramificação; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; PRACO = produção de raízes comerciais; INDCO = índice de colheita; MATES = teor de matéria seca e RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas.

No que se refere à análise de agrupamento pelo método UPGMA, na Figura 2 está apresentado o dendrograma representativo da dissimilaridade entre os genótipos avaliados. O valor da correlação cofenética foi de 0,69. Na literatura são encontrados coeficientes de correlação cofenética, com valores a partir de 0,60 (BUSATO et al., 2004; VIEIRA et al., 2005; AMORIM, et al., 2008; BEZERRA NETO et al., 2010). De acordo com VAZ PATTO et al. (2004), valores de $r \geq 0,56$

são considerados ideais, indicando que o dendrograma obtido reproduz de modo satisfatório a informação contida na matriz de correlação e na consequente formação dos grupos.

Quando submetido a um corte vertical a uma distância de cerca de 40% de dissimilaridade, o método de agrupamento UPGMA indicou a formação de seis grupos, em que o grupo I foi formado por um grande número de genótipos, um total de 9 dos 21 analisados. O grupo II foi formado por cinco genótipos e os demais grupos foram constituídos por dois genótipos com a exceção do último grupo V representado por apenas um genótipo.

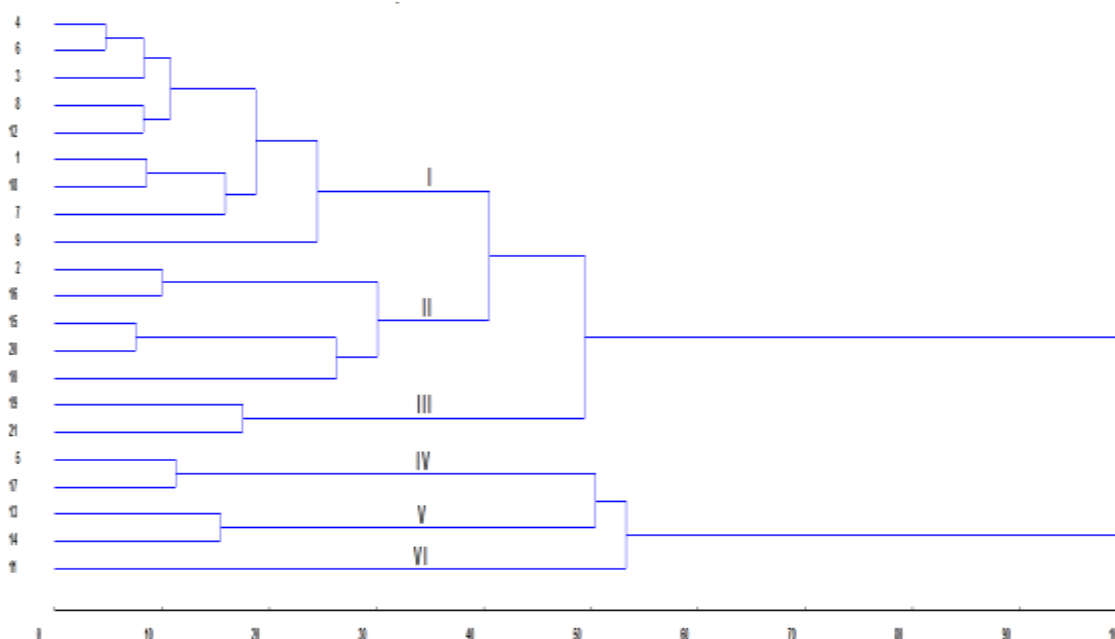


Figura 2. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade, estabelecido pelo método de agrupamento UPGMA, com base em oito características agronômicas entre 21 genótipos de mandioca seguintes: 1 = MzMg10/040; 2 = MzMg10/042; 3 = MzMg10/075; 4 = MzMg10/083; 5 = MzMg10/096; 6 = Mg10/107; 7 = MzMg10/111; 8 = MzMg10/118; 9 = MzMg10/119; 10 = MzMg10/131; 11 = MzMg10/162; 12 = MzMg10/168; 13 = MzMg10/240; 14 = MzMg10/314; 15 = MzMg10/354; 16 = MzMg10/466; 17 = MzMg10/630; 18 = Mokhalana; 19 = Orera; 20 = Tomo; 21 = Varuiaya.

Os métodos de otimização de Tocher (Tabela 5) e UPGMA (Figura 2) mostraram tendência em discriminar os genótipos por grupos de forma semelhante, embora não idêntica. Da mesma forma como foi observado pelo método de otimização de Tocher, o método UPGMA também apresentou a maior porção dos genótipos alocados no grupo I, bem como apresentou a formação de grupo constituído por apenas um genótipo. Podendo ser observado nos grupos II, III e IV do método Tocher, os quais são formados pelos mesmos genótipos dos

grupos IV, V e III do método UPGMA. Sugerindo que os métodos apresentam concordância na formação de grupo diferindo, algumas vezes na ordem de apresentação. Outro ponto a ser considerado é o fato de ambos os métodos colocaram o genótipo MzMg10/162 no último grupo apenas sozinho. O UPGMA ofereceu uma apresentação mais detalhada, possibilitando visualizar as distâncias 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 de Maringá, e conclui que à combinação dos dois métodos permite uma melhor orientação na condução dos acessos.

Esta semelhança na discriminação de genótipos pela divergência genética entre esses dois métodos também é relatada por VIDIGAL et al. (1997) e ZUIN et al. (2009) na cultura da mandioca (*M. esculenta* Crantz), por AMARAL JÚNIOR (1999) em moranga (*Curcubita maxima*), SILVA et al. (2005) em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris*), por BARELLI et al. (2006) e CEOLIN et al. (2007) em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*).

Os genótipos reunidos em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser considerados como promissores em cruzamentos artificiais. Contudo, a escolha de genitores dentro dos programas de melhoramento, apesar da magnitude de suas dissimilaridades, o potencial “per se” dos genitores deve ser considerado (SOUZA et al., 2005; BORÉM & MIRANDA, 2009).

A análise de comparação de médias SCOTT & KNOTT (1974) modificado por BHERING et al. (2008) (Tabela 3), juntamente com o agrupamento estabelecido pelo método de Tocher (Tabelas 5 e 6), permite a identificação de quais serão os cruzamentos promissores, e os que poderão resultar em variabilidade restrita nas gerações segregantes, como aqueles realizados entre genitores de um mesmo grupo. Neste sentido, em função dos objetivos do programa de melhoramento é possível sugerir os seguintes cruzamentos: para a redução do porte da planta de mandioca, sem perda em produtividade, sugere-se o cruzamento entre os indivíduos dos grupos III e IV (Tabelas 5 e 6). Estes grupos obtiveram as menores médias para altura de planta, sem, contudo, comprometer a produtividade. Ao contrário, cruzamentos entre indivíduos dos grupos II e VI poderiam ser promissores, se objetivo do programa for obter plantas com maior

porte e com elevada produtividade. Os cruzamentos entre indivíduos dos grupos II e VI poderão também ser promissores, se objetivo do programa for obter plantas com maior rendimento da biomassa da parte aérea, sem perda em produtividade de raízes.

Para obter genótipos com maior produtividade de raízes tuberosas e de matéria seca, sugere-se o cruzamento entre os indivíduos dos grupos II e III, pois estes grupos obtiveram maiores médias para a produtividade de raízes assim como maior percentual de matéria seca (Tabelas 5 e 6).

Pela seleção inicial de indivíduos com base no desempenho agrônômico das características número médio de raízes tuberosas por planta e rendimento de raízes tuberosas por hectare, sugere-se que cruzamentos entre os indivíduos dos grupos II, III e VI são os mais promissores (Tabelas 5 e 6). O desempenho individual de cada componente dos grupos (Tabela 3) reforça tal expectativa. Analisando as médias dos genótipos MzMg10/096 e MzMg10/630 (Grupo II), os genótipos MzMg10/240 e MzMg10/314 (Grupo III) e o genótipo MzMg10/162 (Grupo VI) é possível concluir que o desempenho *per se* destes genótipos é satisfatório.

Na Tabela 7 são apresentados os autovalores e os coeficientes associados às variáveis analisadas, que expressam as suas importâncias relativas no estudo de diversidade genética. Variáveis com pequena variabilidade ou que estão correlacionadas com outras consideradas no estudo apresentaram coeficientes de grande magnitude nos últimos autovetores. Assim, considerando as últimas variáveis canônicas, que representam menos de 5% de variação total, constata-se que as características em que se recomendaria o descarte, em estudos futuros, seriam índice de colheita (INDCO), produção de raízes comerciais (PRACO), matéria seca nas raízes (MATES) e número médio de raízes por planta (NURPL).

A utilização da metodologia das projeções dos escores no plano cartesiano 2D no estudo da divergência genética tem como propósito a identificação de genótipos mais dissimilares em gráficos de dispersão bidimensionais, buscando simplificação na interpretação dos resultados, em adição aos métodos anteriormente comentados (CRUZ et al. 2011).

Segundo CRUZ et al (2012), os pesquisadores têm optado pela representação gráfica quando as duas primeiras variáveis canônicas apresentam cerca de 80% da variação total. Apenas quando este limite não é atingido, nos

dois primeiros componentes, a análise é complementada pela dispersão gráfica em relação ao terceiro componente. Porém, no presente estudo a análise com base em variáveis canônicas, revelou que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram cerca de 78,02% da variação total (58,27% para a primeira e 19,75% para a segunda) (Tabela 7), sendo satisfatório nesse caso, embora sem ter explicado em cerca de 80% da variação total, a análise da diversidade genética por meio de dispersão gráfica, em relação a eixos representados por estas duas variáveis canônicas com desprezível grau de distorção provocada pelas distâncias entre os genótipos.

Tabela 7. Autovalores acumulados correspondentes às porcentagens de variação, explicadas pelas variáveis canônicas (VC), e coeficientes de ponderação (autovetores) de oito características agrônômicas avaliadas em vinte e um genótipos de mandioca.

VC	Autovetores acumulados	Coeficientes de ponderação associados a:							
		ALTPL	ALTPR	BIOPA	NURPL	RENRA	PRACO	INDCO	MATES
VC ₁	58,27	-0,300	-0,244	1,596	0,956	-0,803	-0,703	1,239	0,342
VC ₂	78,02	0,505	0,703	0,059	-0,390	0,190	0,389	-0,445	-0,345
VC ₃	86,06	-0,621	0,660	0,443	0,525	-0,652	-0,622	0,943	-0,520
VC ₄	92,06	-0,592	0,407	-0,025	-0,359	-0,052	1,058	0,194	0,154
VC ₅	96,55	0,225	0,052	-0,317	0,899	-0,196	-0,307	0,071	0,681
VC ₆	98,21	0,294	-0,335	-0,812	0,188	1,268	-0,078	-1,013	-1,450
VC ₇	99,38	0,073	0,066	-0,186	-0,942	0,307	-1,194	-0,395	0,204
VC ₈	100,00	0,329	-0,132	0,803	-0,235	-0,937	-0,087	1,802	-0,028

ALTPL = altura de planta; ALTRA = altura da primeira ramificação; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; PRACO = produção de raízes comerciais; INDCO = índice de colheita; MATES = teor de matéria seca e RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas.

Como mencionado anteriormente, os resultados das análises de agrupamento são de grande importância no planejamento de programas direcionados a obtenção de híbridos heteróticos e na formação de população-base para futuros programas de melhoramento, pois ajudam na indicação de grupos e, ou, subgrupos distintos a serem incluídos nestes programas de seleção.

A análise da dispersão gráfica baseada nas duas primeiras variáveis canônicas (Figura 3) permite a formação de seis grupos bastante semelhantes àqueles obtidos pelas técnicas de agrupamento (Tabela 5 e Figura 2). Observou-se que os genótipos mais distanciados em relação aos demais foram 20 (Tomo) e 11 (MzMg10/162), enquanto 4 (MzMg10/083) e 6 (MzMg10/107) foram os mais próximos. Estes resultados estão de acordo com aqueles obtidos pela distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 4), portanto, confiáveis na identificação de genitores com alta divergência, no sentido de orientar cruzamentos promissores.

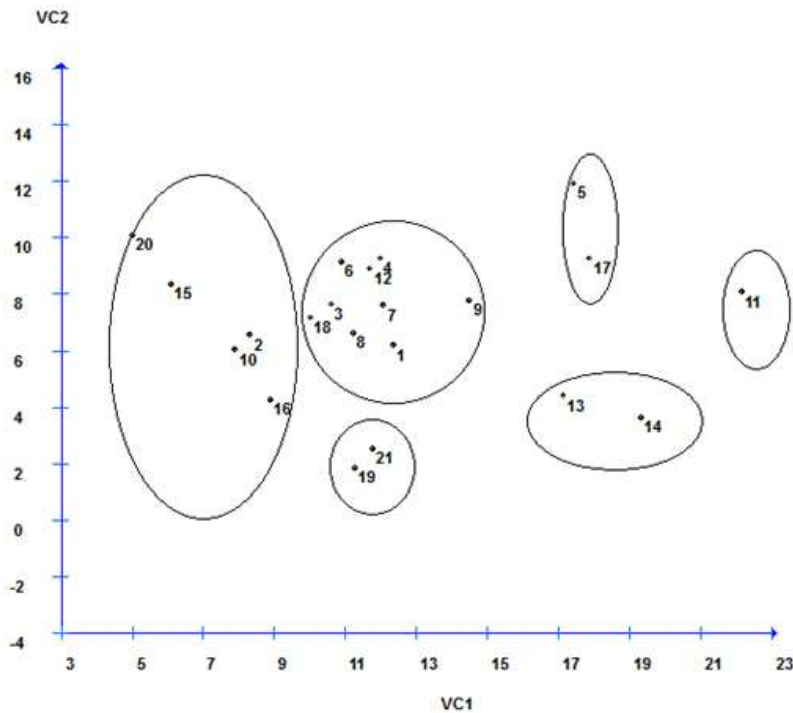


Figura 3. Dispersão gráfica dos escores em relação aos dois eixos representativos das duas primeiras variáveis canônicas (VC_1 e VC_2) relativas a oito características agrônômicas avaliadas em 21 genótipos de mandioca: 1 = MzMg10/040; 2 = MzMg10/042; 3 = MzMg10/075; 4 = MzMg10/083; 5 = MzMg10/096; 6 = Mg10/107; 7 = MzMg10/111; 8 = MzMg10/118; 9 = MzMg10/119; 10 = MzMg10/131; 11 = MzMg10/162; 12 = MzMg10/168; 13 = MzMg10/240; 14 = MzMg10/314; 15 = MzMg10/354; 16 = MzMg10/466; 17 = MzMg10/630; 18 = Mokhalana; 19 = Orera; 20 = Tomo; 21 = Varuiaya.

Estudos recentes têm demonstrado que as características quantitativas são imprescindíveis para a avaliação da divergência genética e, sobretudo, para o melhoramento genético. Portanto, neste estudo foi verificado que as características morfo-agronômicas quantitativas constituem-se em uma opção viável como ferramenta na avaliação da divergência genética entre genótipos de mandioca.

4.3. Importância relativa das características na divergência genética

Identificaram-se as características de menor importância para a divergência genética entre o grupo de genótipos avaliados como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação obtidos com a padronização das variáveis, são as de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas, pois estas são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível (CRUZ et al., 2011).

Na Tabela 8, é apresentada a contribuição relativa de cada característica agronômica para a dissimilaridade genética, segundo o método de SINGH (1981). Os resultados apontam que as duas características com maior contribuição para a diversidade genética foram rendimento da biomassa da parte aérea (48,77%) e número médio de raízes tuberosas por planta (16,93%). Isto sugere que estas características foram eficientes em explicar a dissimilaridade entre os genótipos, podendo ser priorizadas na escolha de materiais para fins de cruzamento.

Resultados semelhantes foram também observados em trabalhos realizados por NICK et al. (2010), estudando a divergência genética entre subamostras de mandioca em Lavras, Minas Gerais, onde dentre as características agronômicas avaliadas, o rendimento da biomassa da parte aérea e o número médio de raízes tuberosas por planta foram as características de maior importância na explicação da diversidade genética.

Tabela 8. Contribuição relativa de oito características agronômicas para a dissimilaridade genética de vinte e um genótipos de mandioca, por meio da metodologia de Singh (1981).

Características agronômicas	Importância relativa (%)
ALTPL	7,23
ALTRA	10,42
BIOPA	48,77
NURPL	16,93
RENRA	8,97
PRACO	0,99
INDCO	2,74
MATES	3,97

ALTPL = altura de planta; ALTRA = altura da primeira ramificação; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; PRACO = produção de raízes comerciais; INDCO = índice de colheita; MATES = teor de matéria seca e RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas.

Para FUKUDA et al. (2002) e GOMES et al. (2007) as características como produtividade da biomassa da parte aérea e número médio de raízes tuberosas por planta são essenciais em programas de melhoramento de mandioca, pois, podem ser utilizadas como critérios de seleção auxiliares para produtividade de raízes tuberosas.

A produção de raízes comerciais, dentre as características avaliadas foi a que menos contribuiu para a diversidade com apenas 0,99%. O índice de colheita (2,74%), teor de matéria seca nas raízes tuberosas (3,97%) e altura de planta (7,23%) também contribuíram pouco para a divergência genética entre os

genótipos estudados. Estudos desenvolvidos por ZUIN et al. (2009), indicaram que as características menos importantes para a divergência entre cultivares de mandioca foram altura de planta, altura da primeira ramificação e teor de matéria seca nas raízes tuberosas.

Pelo método de SINGH (1981), consideram-se de menor importância as características que apresentam menor variabilidade ou que estão representadas por outras. Neste estudo, as características que apresentaram menor variabilidade foram sucessivamente índice de colheita, teor matéria seca nas raízes e produção de raízes comerciais (Tabela 3).

Portanto, após análise dos resultados de importância relativa das características para a divergência genética pela metodologia de SINGH (1981) e pela técnica de variáveis canônicas (Tabela 7), pode-se constatar que ambos os métodos apresentaram concordância na identificação dos caracteres que pouco contribuíram para a divergência, embora não idêntica na ordem de descarte.

4.4. Conclusões

Diante dos resultados observa-se que há divergência genética entre os genótipos estudados e os genótipos MzMg10/096, MzMg10/630, MzMg10/240, MzMg10/314 e MzMg10/162 são potencialmente úteis para participar de fases seguintes em um programa de melhoramento.

As características que mais contribuíram para a explicação da divergência genética foram rendimento de biomassa da parte aérea e número de raízes tuberosas por planta, enquanto que as características que menos contribuíram foram produção de raízes comerciais, índice de colheita, e matéria seca em raízes tuberosas.

As técnicas multivariadas empregadas, métodos de otimização de Tocher, hierárquico UPGMA e com base em dispersão gráfica por variáveis canônicas mostraram uma tendência em discriminar os grupos de genótipos de forma semelhante.

Esses resultados irão direcionar a seleção de genótipos nos programas de melhoramento de mandioca servindo de subsídio no conhecimento do grau de variabilidade genética disponível entre os genótipos avaliados.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES, A. A. C. Fisiologia da mandioca. In: EMBRAPA Mandioca e Fruticultura Tropical. Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca. Cruz das Almas, BA: **EMBRAPA**, Cap.7, p. 138-169, 2006.

AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, Botucatu, v. 17, n. 1, p. 3-6, 1999.

AMORIM, I. L. **Morfologia de frutos, sementes, germinação, plântulas e mudas de espécies florestais da região de Lavras-MG**. Dissertação (Mestrado em Engenharia Florestal) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. 127 p. 1996.

ARAÚJO, D.G. Caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Willd ex Spreng Schum) utilizando descritores de fruto. **Ciência e Agrotecnologia**, v.26, p.13-21, 2002.

ARRIEL, N.H.C.; MAURO, A.O.; Di MAURO, S.M.Z.; BAKKE, O.A.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A.R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 41:801-809, 2006.

BARELLI, M. A. A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; THOMAZELLA, C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; SCAPIM, C. A. Genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions based on RAPD markers. **Annual report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v. 49, n. 1, p. 131-132, 2006.

BENESI, I.R.M. **Characterization of Malawian cassava germplasm for diversity, starch extraction and its native and modified properties**. Ph.D. Thesis. Department of Plant Sciences: Plant Breeding, in the Faculty of Natural and Agricultural Sciences at the University of the Free State, South Africa, 2005.

BENESI, I.R.M.; LABUSCHAGNE, M.T.; HERSELMAN, L.; MAHUNGU, N. Ethnobotany, Morphology and Genotyping of Cassava Germplasm from Malawi. **Journal of Biological Sciences** 10: p. 616-623, 2010.

BERED, F.; BARBOSA-NETO, F.J.; CARVALHO, F.I.F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Revista Brasileira Ciência Rural**, Santa Maria, v.27, n. 3, p. 513-520, 1997.

BEZERRA NETO, F. V. et al. Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Revista Ciência Agrônômica**. v. 41, n. 2, p. 294-299, 2010.

BHERING, L.L.; CRUZ, C.D.; VIANA, J.M.S.; CARNEIRO, P.C.S. **Mapeamento genético em famílias simuladas de irmãos completos**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, MG, 150p. 2008.

BORÉM, A.; MIRANDA, V. G. Melhoramento de plantas. **Editora UFV. Viçosa (MG), 5ª ed. 529 p. 2009.**

BORGES, M.F.; FUKUDA, W.M.G.; ROSSETTI, A.G. Avaliação de variedades de mandioca para consumo humano. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1559-1565, 2002.

BUSATO, G. R. et al. Análise da estrutura e diversidade molecular de populações de *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) associadas às culturas de milho e arroz no Rio Grande do Sul. **Neotropical Entomology**. v. 33, n. 6, p. 709-716, 2004.

CARDOSO JUNIOR, N. dos S.; VIANA, A.E.S.; MATSUMOTO, S.N.; SEDIYAMA, T.; CARVALHO, F.M. de. Efeito do nitrogênio em características agronômicas da mandioca. **Bragantia**, Campinas, v.64, n.4, p.651-659, 2005.

CARVALHO, C.R.L.; MANTOVANI, D.M.B. CARVALHO, P.R.N.; MORAES, R.M. Análises Químicas de Alimentos. Manual Técnico ITAL., Campinas, 121p, 1990.

CARVALHO, L.J.C.B. Biodiversidade e biotecnologia em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, Campo Grande, MS. Resumos. Campo Grande: **Embrapa Agropecuária Oeste**, 2005.

CARVALHO, L.J.C.B.; SCHAAL, B.A. Assessing genetic diversity in the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collection in Brazil using PCR-based markers. **Euphytica**, v.120, p.133-142, 2001.

CEBALLOS, H.; IGLESIAS, C. A.; PÉREZ, J. C.; DIXON, A. G. O. Cassava breeding: opportunities and challenges. **Plant Molecular Biology** 56: p.503-516, 2004.

CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; SCAPIM, C. A.; GONELA, A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group 'Carioca' using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. **Hereditas**, Lund, v. 144, n. 1, p. 1-9, 2007.

COCK, J. H. Cassava: New Potential for a Neglected Crop. Westview Press. Boulder, **Colorado**, 192p. 1985.

CORREIA, A.D.; FARIAS, A.R.N.; MATTOS, P.L.P.de. Utilização da mandioca e de seus produtos na alimentação humana. In: Processamento e utilização da mandioca. editor: Luciano da Silva Souza.[et al.]. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. Cap. 7, p.221-298. 2005.

COSTA, M.R.; CARDOSO, E.R.; OHAZE, M.M.M. Similaridade de cultivares de mandioca por meio de marcadores RAPD. **Ciência e Agrotecnologia**, v.27, p.158-164, 2003.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Vol.1, Viçosa: UFV, cap.5, p.171-201, 2004.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas, Piracicaba: USP/ESALQ, 188p. 1990.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, M.F.; PESSONI, A.L. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética, Vol.1, **Viçosa: UFV**, 620 p. 2011.

CRUZ, C.D.; REGAZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, v.1, 4ª ed. 514p. 2012.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 2ª ed. Viçosa: UFV, 390p. 2001.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ª ed. Vol. 2, Viçosa: UFV, 585p. 2006.

CURI, P.R. Análise de agrupamento: métodos sequenciais, aglomerativos e hierárquicos. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v.35, n.10, p.1416-1429, 1983.

CURY, R. **Distribuição da diversidade genética e correlações de caracteres em etnovarietades de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) provenientes da agricultura tradicional do Brasil**. 163p. Tese Doutorado, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

DEVRIES, J.; TOENNIESSEN, G. Securing the harvest: Biotechnology, Breeding and Seed Systems for African crops. **CABI Publishing**, UK, 2001.

EL-SHARKAWY, A.M.; COCK, H.J.; PORTO, M.C.M. Características fotossintéticas da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v.1, n.2, p.143-154, 1989.

EL-SHARKAWY, M.A. **Cassava biology and physiology**. Plant Molecular Biology, v.56, p.481-501, 2004. Disponível em: <<http://www.springerlink.com/content/h818787333327r78/fulltext.pdf>>. Acesso em: 11 maio 2013.

ESPINOSA, J. A. **Variabilidade e associações genéticas entre caracteres de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) combinando policruzamentos e propagação vegetativa**. Piracicaba: ESALQ, Tese Doutorado. 1984.

FAO. 2011. (Disponível em <http://www.fao.org>) (Acessado em: 30 de agosto de 2012).

FAO/MIC. **Sub sector Strategy Study on Cassava**: “Cassava Development Strategy for Mozambique” FAO/AGROGES/AUSTRAL (Eds.) Ministério de Indústria e Comércio, Volume I. Maputo, Moçambique, 2007.

FAO. Food and agriculture organization of the united nations. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. 2009. Acesso em: 30 de junho 2012.

FRANKEL, O.H.; BRWON, A.H. D.; BURDON, J.J. The conservation of plant biodiversity. **Cambridge Univ Press Cambrigde**, England, 1995.

FREGENE, M.; BERNAL, A.; DOQUE, M.; DIXON, A.; TOHME, J. AFLP analysis of African cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm resistant to cassava mosaic disease (CMD). **Theoretical and Applied Genetics** 100: p. 678-685, 2000.

FUKUDA, W. M. G.; IGLESIAS, C. **Melhoramento Genético**. In: Aspectos Socioeconômicos e Agronômicos da Mandioca. Embrapa, Cruz das Almas, Bahia, 1ed, cap. 13, p. 324-363, 2006.

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

GOMES, C.N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.1121-1130, 2007.

GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL-FILHO, P.S.; AMARAL-JÚNIOR, A.T.; BACCINI, A.L. Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada. **Bragantia**, v.56, p.263-271, 1997.

GROXKO, M. **Análise da conjuntura agropecuária safra 2011/12**, Outubro de 2011.

HENRY, G.; HERSHEY, C. Cassava in South America and the Caribbean. In: Hillocks R. J, Thresh J. M, Bellotti A. C (eds) Cassava: Biology, Production and Utilization. **CABI Publishing Oxon**, UK and New York, USA, p.17-40, 2002.

HERSHEY, C. H. **Cassava Genetic Improvement: Theory and Practice**. CIAT/Rockefeller, 2005.

HILLOCKS, R. J. Cassava in Africa. In: Hillocks RJ, Thresh J. M, Bellotti A. C (eds.) Cassava: Biology, Production and Utilization. **CABI Publishing Oxon**, UK and New York, USA, p. 40-54, 2002.

HURTADO, P.; OLSEN, K. M.; BUITRAGO, C.; OSPINA, C.; MARIN, J.; DUQUE, M.; VICENTE, C.; WONGTIEM, P.; WENZEL, P.; KILLIAN, A.; ADELEKE, M.; FREGENE, M. Comparison of simple sequence repeat (SSR) and diversity array technology (DArT) markers for assessing genetic diversity in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Plant Genetic Resource** 6(3): p. 208-214, 2008.

JONGMAN, R.H.G.; TER BRAAK, C.J.F.; VAN TONGEREN, O.F.R. Data analysis in community and landscape ecology. 2nd ed. Cambridge: **Cambridge Univ. Press**, 299p. 1995.

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.

KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL FILHO P.S.; PEQUENO M.G.; SAGRILO E.; BRUMATI C.C.; MANZOTI M.; BEVILAQUA G. Avaliação de clones de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para indústria na região noroeste do estado do Paraná. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.25, p.299-304, 2003.

KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; SAGRILO, E.; PEQUENO, M.G.; RIMOLDI, F. Comparison of methods for phenotypic stability analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes for yield and storage root dry matter content. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.52, n.1, 2009.

LEONEL, M.; CEREDA, M. P. Caracterização físico-química de algumas tuberosas amiláceas. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v. 22, n. 01, p. 65-69, 2002.

MAE. Perfil dos Distritos de Mogincual, Murrupula e Nacala-Porto Província de Nampula, Série Perdis Distrital, 2005. Disponível em: <http://www.govnet.gov.mz>. Acesso em: 12 junho 2012.

MARCON, M. J. A.; VIEIRA, G. C. N.; SIMAS, K. N. de.; SANTOS, K.; VIEIRA, M. A.; AMBONI, R. M. C.; AMANTE, E. E. Effect of the improved fermentation on physicochemical properties and sensorial acceptability of sour cassava starch, vol.50 no.6 Curitiba Nov. 2007.

MEREDITH, W.R. Jr.; BRIDGE, R.R. Genetic contributions to yield changes in upland cotton. In: W. R. Fehr (Ed.). Genetic contributions to yield changes in five major plants. **CSSA Spec Publ** 7. Madison, p. 75-87, 1984.

MINGOTI, S. A. Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: **UFMG**, 297p. 2005.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Review and Interpretation: Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations. **Crop Science** 43: p. 1235-1248, 2003.

MOITANETO, J.M. Estatística Multivariada. Uma visão didático-metodológica. **Revista de Filosofia e Ensino**, 2004. Disponível em: <http://www.criticanarede.com/cien_estatistica.html> Acesso em: 12 jun. 2012.

MÜHLEN, G.S.; MARTINS, P.S.; ANDO, A. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca, avaliada por marcadores de DNA. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.57, n. 2, p. 319-328, 2000.

NEI, M. **Molecular evolutionary genetic**. Colombia University Press, New York, 1987.

- NICK, C.; CARVALHO, M.; ASSIS, L. H. B.; CARVALHO, S. P. Genetic dissimilarity in cassava clones determined by multivariate techniques. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.8, p.104-110, 2008.
- NICK, C.; DE CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; DE ASSIS, L. H. B. Divergência genética entre subamostras de mandioca. **Bragantia**, Campinas, v.69, n.2, p.289-298, 2010.
- NWEKE, F. I. Farm level practices relevant to cassava plant protection. African Crop Science Journal 2: 563-582. Of European laboratories. **Molecular Breeding** 3, p. 381-390, 1994.
- OLSEN, K.; SCHAAL, B. Evidence on the origin of cassava. Phytogeography of *Manihot esculenta*. **Proceedings of the National Academy of Sciences** 96: p. 5586-5591, 2004.
- PEIXOTO, J.R.; BERNARDES, S.R.; SANTOS, C.M.; BONNAS, D.S.; FIALHO, J.F.; OLIVEIRA, J.A. Desempenho agrônomico de variedades de mandioca mansa em Uberlândia. **Revista Brasileira de Mandioca**, v. 18, n. 1, p. 19-24, 2005.
- PEREIRA, F. M.; CARVALHO, C. A.; NACHTIGAL, J. C. Século XXI: nova cultivar de goiaba de dupla finalidade. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, n.3, p. 498-500, 2009.
- PERESSIN, V. A.; MONTEIRO, D. A.; LORENZIN, J. O.; DURIGAN, J. C.; PITELLI, R.A.; PERECIN, D. Acúmulo de matéria seca na presença e na ausência de plantas infestantes no cultivar de mandioca. SRT 59- Branca de Santa Catarina. **Bragantia**, Campinas, v. 57, p. 135-148, 1998.
- PERONI, N.; MARTINS, P.S.; ANDO, A. Diversidade inter e intra-específica e uso de análise multivariada para morfologia da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz): um estudo de caso. **Scientia Agricola**, v.56, p.2-14, 1999.
- PERSSON, K.; DÍAZ, O.; BOTHMER, R. V. Extent and patterns of RAPD variation in landraces and cultivars of rye (*Secale cereale* L.) from Northern Europe. **Hereditas**, v.134, p. 237-243, 2001.
- RIMOLDI, F.; VIDIGAL FILHO, P.S., VIDIGAL, M.C.G.; CLEMENTE, E.; PEQUENO, M.G.; MIRANDA, L.; KVITSCHAL, M.V. Produtividade, composição química e tempo de cozimento de cultivares de mandioca de mesa coletadas no Estado do Paraná. *Acta Sci. Agron.*, Maringá, v. 28, n. 1, p. 63-69, 2006.
- RIMOLDI, F.; VIDIGAL-FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; PRIOLI, A.J.; PRIOLI, S.M.A.P.; COSTA, T.R. Genetic divergence in sweet cassava cultivars using morphological agronomic traits and RAPD molecular markers. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.53, p.1477-1486, 2010.

ROCHA, J da S.; COELHO FILHO, M. A.; LEDO, C. A. da S.; SANTOS, V. da S.; RIBEIRO, R. N. da S.; JUNIOR, F.de A. G. Avaliação de clones de mandioca mansa sob condições de sequeiro e irrigado. **UFRB, Cruz das Almas-BA**, 2011.

SANTOS, E.; BETTENCOURT, E. Manual de apoio à formação e treino em Conservação ex situ de Recursos Fitogenéticos. Instituto Nacional de Inverstigação Agrária (**INIA**), Lisboa, Portugal e Instituto Internacional para os Recursos Fitogenéticos (**IPGRI-SSA**), Nairóbi, Quênia, 2004.

SARMENTO, B. S. **Caracterização da fécula de mandioca (*Manihot esculenta*, Crantz) no período de colheita de cultivares de uso industrial**. 162 p. Tese (Doutorado) - Faculdade de Ciências Farmacêuticas, Universidade de São Paulo, São Paulo, 1997.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, p.507-512, 1974.

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, v. 27, n. 3, p. 531-539, 2005.

SILVA, R.M. da; FARALDO, M.F.I.; ANDO, A.; VEASEY, E.A. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca. In: CEREDA M.P. (Ed.). Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas. São Paulo: **Fundação Cargill**, p.207-242. 2002.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1982.

SIQUEIRA, M.V.B.M.; QUEIROZ-SILVA, J.R.; BRESSAN, E.A.; BORGES, A.; PEREIRA, K.J.C.; PINTO, J.G.; VEAHEY, E.A. Genetic characterization of cassava (*Manihot esculenta*) landraces in Brazil assessed with simple sequence repeats. **Genetic Molecular Biology**, v.32, p.104-110, 2009.

SIVIERO, A.; SCHOTT, B. Caracterização botânica e agrônômica da coleção de mandioca da Embrapa Acre. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, Botucatu, v.7, p.31-41, 2011.

SOUZA, F.de.F.; QUEIROZ, M.A.de.; DIAS, R.de.C.S. Divergência genética em linhagens de melancia. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.179-183, 2005.

STAUB, J. E.; SERQUEN, F. C.; GUPTA, M. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. **HortScience**, Alexandria, v.31, n.5, p. 729-741, 1996.

SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; KARASAWA, M.; AMARAL-JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Bras.**, v.23, n.1, p. 22-27, 2005.

- TIA. Trabalho de Inquérito Agrícola. Ministério da agricultura, departamento de estatística, Moçambique. 2012.
- TORO, J. C.; CAÑAS, A. Determinacion del contenido de materia seca y almidon en yuca por el sistema de gravedad especifica. In: CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Yuca: **investigacion, producion y utilizacion**. Cali, p. 28-49, 1982.
- VALLE, T. L. **Cruzamentos dialélicos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1990.
- VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, Heidelberg, v. 137, p. 63-72, 2004.
- VIDIGAL, M. C. G; VIDIGAL FILHO, P. S; AMARAL JÚNIOR, A. T; LUCCA E BRACCINI, A. Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada. **Bragantia**, Campinas, vol. 56 n. 2. 1997.
- VIDIGAL-FILHO, P. S.; PEQUENO, M. G.; SCAPIM, C. A.; VIDIGAL, M. C. G.; MAIA, R. R.; SAGRILO, E.; SIMON, G. A.; LIMA, R. S. Avaliação de cultivares de mandioca na região noroeste do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 1, p. 69-75, 2000.
- VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. DE F.; FALEIRO, F. G.; FUKUDA W. M. G.; JUNQUEIRA N. T. V. Variabilidade genética para caracteres morfológicos entre acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, Campo Grande. Anais. Campo Grande, MS, 2005.
- VIEIRA, E. A; FIALHO, J. de F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G. da; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S., PAULA-MORAES, S. V. de, SANTOS FILHO, M. O. S. dos; SILVA, K. N. da. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n. 12, p. 1707-1715, 2008.
- WALKER, T.; PITORO, R.; TOMO, A.; SITEO, I.; SALÊNCIA, C.; MAHANZULE, R.; DONOVAN, C.; MAZUZE, F. Priority Setting for Public-Sector Agricultural Research in Mozambique with the National Agricultural Survey Data. Directorate of Training, **Documentation and Technology Transfer**. IIAM-Mozambique, 2006.
- ZACARIAS, A.M. **Breeding potential of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Mozambique**. PhD Thesis. Department of Plant Breeding, Faculty of Natural and Agricultural Sciences, University of the Free State, South Africa, 169p. 2008.
- ZACARIAS, A.M.; CUAMBE, C.E. Assessment Losses caused by Cassava Brown Streak Disease (CBSD) in Mozambique. Ministry of Agriculture. Agricultural Research Institute of Mozambique. **INIA**, 2004.

CAPITULO II

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS E FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM MANDIOCA

RESUMO

AVIJALA, Matoso Francisco, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, novembro de 2013. **Estimativas de parâmetros genéticos e correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres agrônômicos em mandioca.** Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como: variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de herdabilidade, coeficientes de correlação genética e fenotípica e ganhos esperados com seleção, a fim de contribuir na orientação das estratégias de seleção dos programas de melhoramento genético da cultura. Assim, 21 genótipos foram avaliados em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Avaliaram-se as seguintes características: altura da planta (ALTPL); altura da primeira ramificação (ALTPR); peso da biomassa da parte aérea (BIOPA); número de raízes por planta (NURPL); produtividade de raízes tuberosas (RENRA); produção de raízes comerciais (PRACO); índice de colheita (INDCO) e teor de matéria seca (MATES). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa GENES. Foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos entre os caracteres avaliados. O coeficiente de variação genético variou de 8,86 a 54,74%, tendo sido encontrados os maiores valores de CV_g para peso da biomassa da parte aérea (54,74%) e número médio de raízes por planta (47,71%). A razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental foi maior que a unidade para 6 dos 8 caracteres avaliados. Esses mesmos caracteres exibiram valores elevados para a herdabilidade, indicando que a maior parte da variação observada é de natureza genética. As correlações genotípicas foram maiores do que as correlações fenotípicas em todos os casos, demonstrando que os fatores genéticos contribuíram mais do que os ambientais para as correlações. Foi possível identificar correlação genética positiva e de alta magnitude entre os caracteres BIOPA vs. RENRA ($r_g = 0,85$) e NURPL vs. RENRA ($r_g = 0,94$), relevante informação do ponto de vista prático. A seleção com base no peso da biomassa da parte aérea apresentou ganho indireto para a produtividade de raízes superior ao ganho direto. Portanto, com base nesses resultados, verificou-se que os caracteres peso da biomassa da parte aérea e o número de raízes tuberosas por planta podem ser utilizados como critérios auxiliares na seleção de genótipos de mandioca mais produtivos.

ABSTRACT

AVIJALA, Matoso Francisco, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, november, 2013. **Estimates of genetic parameters and genetic and phenotypic correlations between agronomic traits in cassava.** Advisor: Leonardo Lopes Bhering. Co-advisors: Cosme Damião Cruz and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The study aimed to estimate genetic and phenotypic parameters, such as genetic and phenotypic variances, heritability coefficients, genetic and phenotypic correlation coefficients and expected gains from selection in order to contribute to the orientation of the selection strategies for crop breeding programs. Twenty one genotypes were evaluated in randomized block design with three replicates. The following characteristics were evaluated: plant height (ALTPL), height of the first branch (ALTPR); biomass weight (BIOPA), number of roots per plant (NURPL), fresh root yield (RENRA); commercial root production (PRACO), harvest index (INDCO) and dry matter content (MATES). Analyzes were performed using GENES software. The following genetic parameters were estimated: phenotypic (σ^2_f), genotypic (σ^2_g) and environmental (σ^2_e) variances, heritability (h^2), genetic coefficient variance (CV_g), the ratio between the genetic coefficient variance/experimental coefficient variance (CV_g/CV_e), and phenotypic (r_f) and genotypic (r_g) correlations between traits. The genetic variation coefficient ranged from 8,86 to 54,74 %, with the highest values found to BIOPA (54,74%) and NURPL (47,71%). The ratio between the CV_g/CV_e was greater than unity in 6 of the 8 traits evaluated. These same traits exhibited high values of heritability, indicating that most of the observed variation is genetic nature. The genotypic correlations were higher than the phenotypic correlations in all cases, indicating that genetic factors contributed more than the environment for correlations. It was possible to identify strong genetic correlations between traits BIOPA vs. RENRA ($r_g = 0,85$) and NURPL vs. RENRA ($r_g = 0,94$), relevant information from a practical standpoint. Selection based on the biomass weight showed indirect gain for fresh root yield greater than the direct gain. Therefore, based on the results it can be concluded that the biomass weight and roots number per plant traits can be used as an auxiliary criterion in the cassava genotypes selection of more productive.

1. INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura perene nativa da América tropical, com o seu centro de origem e de diversidade o Brasil (CARVALHO, 2005). Ela foi extensamente disseminada pelos portugueses durante os séculos XVI e XVII para áreas tropicais e subtropicais da África, Ásia e o Caribe (COCK, 1985). É um alimento básico para mais de 700 milhões de pessoas nos trópicos e sub trópicos (MARCON et al., 2007; FAO, 2009). A raiz da mandioca é o terceiro alimento energético mais importante nos trópicos, após o arroz e milho (FAO, 2009). A cultura ocupa cerca de 17 milhões de hectares no mundo, localizados inteiramente nos países em desenvolvimento com produção de 185 milhões de toneladas de raízes tuberosas (FAO, 2011).

Em Moçambique, a mandioca é a cultura de raiz mais importante. É cultivada em todo o país (ZACARIAS & CUAMBE, 2004; FAO/MIC, 2007). A quantidade de mandioca produzida anualmente supera o milho em termos de provisão total de calorias e em valor de mercado. A mandioca produzida pelos pequenos e médios produtores representa 50% do valor da produção agrícola nacional, e contribui 55% do potencial de alívio à pobreza e melhoria da renda no sector familiar (WALKER et al., 2006; FAO/MIC, 2007). No entanto, pesquisas com a cultura são limitadas e a produtividade de raízes tuberosas alcançada nas diversas regiões do país é baixa.

A obtenção e a caracterização agronômica de clones resistentes a doenças e a pragas com elevada capacidade de produção, portadores de características agronômicas superiores e aptos a substituírem as cultivares tradicionais, são meios utilizados para aumentar o rendimento da cultura em Moçambique.

Os objetivos de um programa de melhoramento de mandioca são estabelecidos de acordo com as necessidades de produção, processamento e mercado, baseando-se na resistência a pragas e a doenças, e principalmente no incremento da produtividade de raízes tuberosas (FUKUDA & SILVA, 2002). Contudo, a produtividade é um carácter complexo e resultante da expressão e associação de diferentes componentes (CARVALHO et al., 2002), o que torna necessário o entendimento e estudo do grau de associação entre esses caracteres, e das estimativas dos coeficientes de correlação. A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidade,

correlações genéticas e fenotípicas e ganhos esperados com seleção, têm importância muito grande em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método mais apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (CRUZ, 2005; CRUZ & CARNEIRO, 2006). As correlações medem o grau de associação entre duas variáveis (CRUZ, 2005); uma correlação alta entre dois caracteres permite a seleção para uma característica de interesse, principalmente quando esta possui herança complexa, por meio de outra característica correlacionada e de mais fácil mensuração. Esta estratégia permite obter progressos mais rápidos em relação ao uso de seleção direta, de forma que otimize os ganhos nos programas de melhoramento genético (CARVALHO et al., 2004; CRUZ & CARNEIRO, 2006; CRUZ et al., 2012). Os coeficientes de correlação são apropriados para avaliar a associação entre características porque são adimensionais e permitem a comparação entre diferentes pares de características, diferentemente das covariâncias (GONÇALVES et al., 2008).

O conhecimento da associação entre caracteres agronômicos e morfológicos permite ao melhorista antever as consequências da mudança simultânea das características, podendo resultar em maior eficiência na seleção daquelas a serem melhoradas, bem como na redução do tempo e do uso de recursos físicos, financeiros e humanos, em relação à seleção isolada para um determinado caráter. As correlações fenotípicas possuem causas genéticas e ambientais, porém somente as associações de natureza genética são herdáveis. Assim, a correlação fenotípica tem pouco valor prático, devendo ser desmembrada em causas de origem genética e de ambiente (CRUZ, 2005). Este estudo é importante para o aprimoramento de uma população ou cultivar que é direcionado para um conjunto de caracteres simultaneamente.

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como: variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de herdabilidade, coeficientes de correlação genética e fenotípica e ganhos esperados com seleção relativos aos caracteres avaliados, a fim de contribuir na orientação das estratégias de seleção dos programas de melhoramento genético da cultura.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Parâmetros genéticos

Segundo CRUZ & CARNEIRO (2006), para o melhoramento de plantas é de fundamental importância a obtenção da estimativa de parâmetros genéticos nas populações de estudo para prever o progresso de acordo com a intensidade e o tipo de seleção. Com as informações obtidas é possível avaliar se a população é adequada para o melhoramento, bem como comparar os diferentes tipos de seleção mantendo constante o tamanho efetivo da população selecionada.

Deste modo, estimar os parâmetros genéticos é importante, pois permite conhecer a estrutura genética das populações para fins de seleção, e a determinação da magnitude das estimativas de herdabilidade fornece subsídios para definição das estratégias de seleção bem como auxiliam a predição de ganhos obtidos. Segundo FALCONER (1987), para que seja possível estimar de uma maneira adequada o potencial de seleção, faz-se necessário dimensionar as magnitudes das variâncias de origem genética frente às variâncias devido ao ambiente.

PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1978) destacam que, quando se deseja alterar as frequências gênicas de uma população, deve-se analisar a variabilidade genética presente, que é consequência da frequência gênica na população original, do método de seleção empregado, da técnica e precisão das avaliações dos genótipos, da influência do ambiente, bem como a interação com o ambiente (locais e anos), dos efeitos pleiotrópicos, do tamanho efetivo da população, e das correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, que atuam contra ou a favor da seleção.

Os parâmetros genéticos e fenotípicos estimados mediante as variâncias de origem genética frente às variâncias devido ao ambiente geralmente são: coeficiente de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e), razão coeficiente de variação genético/coeficiente da variação ambiental (CV_g/CV_e), herdabilidade no sentido amplo, ganhos genéticos absolutos e relativos, correlações fenotípica, genética aditiva e ambiental (MIRANDA et al., 1988). A determinação da variabilidade genética pode ser baseada no controle

dos caracteres utilizados na seleção, sendo fundamental para a elaboração de estratégias eficientes de seleção. Um parâmetro importante na seleção e variabilidade de espécies vegetais é o conhecimento das correlações entre os caracteres de interesse agrônomo, pois permite direcionar estratégias a serem adotadas, maximizando os ganhos genéticos por meio dos ciclos de seleção (AGUIAR, 2001).

SILVA (2006), ao efetuar as estimativas de parâmetros genéticos, estes, são válidos apenas para a população da qual o material experimental constitui amostra e para as condições de ambiente em que o experimento foi conduzido. Quando se objetiva estimar parâmetros genéticos, deve-se utilizar material representativo da população, assim como as condições ambientais devem ser semelhantes com as que serão utilizadas para o cultivo comercial.

As diferenças observadas entre as estimativas dos parâmetros genéticos em uma determinada espécie ocorrem em função dos diferentes métodos utilizados na sua determinação, materiais genéticos analisados, das diferentes condições ambientais, época de avaliação e idade do material, entre outras (VENCOVSKY, 1978).

Para os caracteres métricos, as questões primárias da genética são formuladas em termos de variâncias, sendo a base do estudo da variação, a sua partição em componentes de diferentes causas (FALCONER, 1981). Outra vantagem que o estudo da variância pode proporcionar é a obtenção de estimativas de herdabilidade e predições de ganhos esperados com a seleção, o que não é possível com as médias.

Um dos parâmetros genéticos de maior utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade, que indica a confiabilidade do valor fenotípico em expressar o valor genotípico, sendo, portanto, medida da acurácia do processo seletivo (CRUZ & CARNEIRO, 2006). Devido à sua grande importância na predição de ganhos genéticos, é de fundamental importância que ela seja a mais real possível, de modo a reduzir a contribuição da variação ambiental para a variação fenotípica total.

A importância do estudo da herdabilidade (no caso coeficiente de determinação genotípica) está no fato de que a estimativa da herdabilidade evidencia a possibilidade de sucesso com a seleção para determinada característica (BRUZI et al., 2007).

O conhecimento da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e ambientais, é de grande importância para o melhorista na escolha do método de melhoramento, dos locais para condução dos experimentos, do número de repetições, anos que serão feitas as observações e na predição dos ganhos de seleção (BORÉM & MIRANDA, 2005), pois esses fatores podem influenciar significativamente na magnitude das estimativas.

O CV_g , que é o coeficiente de variação genético, se define pela razão entre o desvio padrão genético e a média dos genótipos, sendo expresso em percentagem. Segundo RODRIGUES et al., (1998), indica, de forma relativa, a presença de variabilidade genética e a possibilidade de obtenção de mudanças, por meio de seleção, para uma determinada característica.

O CV_e mede a precisão do experimento, e é um parâmetro estatístico e não genético, é obtido pela razão entre o desvio padrão e a média do experimento, sendo normalmente expresso em percentagem.

O CV_g/CV_e é a relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental. Esta relação avalia a proporção da variância genética em relação à variância ambiental. Segundo VENCOVSKY & BARRIGA, (1992); CRUZ et al. (2012) quando o valor de razão coeficiente de variação genético/coeficiente da variação ambiental atinge valor igual ou superior a unidade na experimentação, indica uma situação mais favorável para a seleção.

2.2. Correlações entre os caracteres

Um dos parâmetros genéticos importantes, além do estudo de herdabilidade e de componentes de variância, de acordo com CRUZ & CARNEIRO (2003), é o estudo das correlações. O estudo de correlações entre caracteres é muito importante do ponto de vista do melhoramento genético, pois, em geral, o aprimoramento de determinada população ou cultivar é direcionada para um conjunto de caracteres simultaneamente (VENCOVSKY, 1978). É, portanto, um parâmetro que permite direcionar as estratégias de melhoramento a serem adotados, maximizando os ganhos genéticos por meio de ciclos de seleção (FARIAS NETO et al, 2005).

Quando um caráter apresenta baixa herdabilidade ou problemas de medição e identificação, a eficiência de sua seleção pode ser aumentada por

meio de sua correlação com outros caracteres detentores de herdabilidade maiores (FALCONER, 1987; CRUZ et al. 2012), podendo-se obter sucesso na seleção de um caráter pela seleção de outros caracteres a ele correlacionados.

Os coeficientes de correlação têm sido determinados em muitas culturas, no sentido de conhecer a natureza e a magnitude das associações entre caracteres para o fornecimento de subsídios aos melhoristas quanto à estratégia a ser adotada durante a seleção (CANDEIA et al., 1986; MIRANDA et al., 1988).

A correlação é uma medida do grau com que duas variáveis variam juntas ou da intensidade de associação entre essas variáveis. O estudo da natureza e magnitude das correlações existentes entre os caracteres é importante, pois, no melhoramento em geral, é necessário aprimorar o material genético não para característica isolada, mas para um conjunto dessas simultaneamente. Além disso, é sempre importante saber como o melhoramento de uma característica poderá causar alterações em outras (BENNIN et al., 2005).

A importância de correlacionar duas características, ou mais podem ser úteis quando determinado caráter de interesse é de difícil avaliação. Nesse caso, facilita-se o processo de seleção, tornando-o mais simples se esse caráter apresentar alta correlação positiva com outra de fácil avaliação, haja vista que nesse caso, aumentos em um caráter tendem a ser acompanhados de aumentos no outro e vice-versa, não necessitando de adoções de restrições na seleção para obtenção de ganhos no sentido desejado (FARIAS NETO et al., 2005).

Nesse contexto, CRUZ & REGAZZI (1994); CRUZ et al. (2012) enfatizam a importância das correlações, afirmando que elas quantificam a possibilidade de ganhos via seleção indireta por seleção em caracteres correlacionados e que caracteres correlacionados de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada sobre caracteres que lhe são correlacionados. A associação entre duas variáveis que pode ser observada diretamente é a correlação fenotípica. Conhecendo não apenas os valores fenotípicos dos indivíduos, mas também seus valores genotípicos das suas características e a correlação entre os desvios, em virtude do ambiente e, então, analisar as causas da correlação genética e ambiental separadamente (CRUZ et al. 2012).

CRUZ & REGAZZI (1994) destacam que as correlações genotípicas estão ligadas às propriedades genéticas das populações analisadas e à natureza genotípica dos fatores que determinam os caracteres que influenciam tanto a

magnitude quanto o sinal das correlações. FALCONER (1987) mostra que a correlação genética é causada principalmente pelos efeitos pleiotrópicos dos genes e pela ligação genética. A correlação do desvio ambiental seja negativa ou positiva, é resultante das diferenças de condições ambientais que influenciam dois caracteres. Pois a relação entre as medidas de duas variáveis pode assumir valores positivo quando há aumento nas duas variáveis e negativo ao ocorrer acréscimo em uma e decréscimo em outras variáveis ou negativos (CHARNAI et al, 2010), ou seja, valores inversamente proporcionais.

Caracteres com baixa herdabilidade tendem a dificultar o processo de seleção, devido à grande influência do ambiente. Portanto, se um caráter auxiliar apresentar alta herdabilidade e estiver correlacionado com o caráter de interesse com baixa herdabilidade, é mais vantajoso realizar seleção de modo indireto através de um caráter auxiliar (CARVALHO et al., 2001; CRUZ et al. 2012). Assim, a seleção indireta em caracteres menos complexos com maior herdabilidade e de fácil mensuração, poderá resultar em maior progresso genético em relação ao uso de seleção direta (HARTWIG et al, 2006). Daí a grande importância de obter correlações entre as características estudadas, a fim de obter melhores respostas significativas em um trabalho de melhoramento.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local de realização do experimento

O experimento foi conduzido no campo experimental do Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM), no distrito de Mogincual, província de Nampula, situada na Região Norte de Moçambique. Na província de Nampula, o distrito de Mogincual localiza-se na parte Este a 15°34' Latitude Sul, 39°45' de Longitude Oeste e 138 m de altitude. O clima é do Tipo Cwa (clima temperado úmido com inverno seco e verão quente), segundo a classificação de Köppen. O distrito apresenta médias anuais de 80 % de umidade relativa, 26° C de temperatura (variando entre 17° C de média mínima e 30° C de média máxima) e a precipitação pluvial média anual varia entre 800 a 1.000 mm, com 65 a 70 % desse total concentrados no período de dezembro a março.

3.2. Delineamento experimental e material genético

Para estabelecimento do experimento adoptou-se o delineamento de blocos casualizados, com os vinte e um genótipos de mandioca plantados em três repetições. Os genótipos utilizados no experimento são os seguintes: MzMg10/040, MzMg10/042, MzMg10/075, MzMg10/083, MzMg10/096, MzMg10/107, MzMg10/111, MzMg10/118, MzMg10/129, MzMg10/131, MzMg10/162, MzMg10/168, MzMg10/240, MzMg10/314, MzMg10/354, MzMg10/466, MzMg10/630, Orera, Varuiay, Mokhalana e Tomo.

As parcelas experimentais foram constituídas de cinco linhas de cinco plantas cada, em espaçamento de 1,0 m entre linhas e 1,0 m entre plantas. A área útil da parcela constituiu-se de três linhas e três plantas centrais, perfazendo uma área de 9,0 m², constituída pelas 9 plantas de cada parcela.

3.3. Características avaliadas

A avaliação das características consistiu em uma única etapa, aos 12 meses após a emergência das plantas. Neste período, foram coletados dados fenotípicos de oito caracteres quantitativos: altura da planta (ALTPL), em metros;

altura da primeira ramificação (ALTRA), em metros; peso da biomassa da parte aérea (BIOPA), em $t\ ha^{-1}$; número médio de raízes por planta (NURPL); rendimento de raízes tuberosas (RENRA), em $t\ ha^{-1}$; produção de raízes comerciais (PRACO), em $t\ ha^{-1}$; índice de colheita (INDCO), em % e matéria seca (MATES) em %.

- a) **Altura da planta:** obtida através da medição da distância vertical da base até o ponto mais elevado da copa, no momento da colheita, em nove plantas por parcela;
- b) **Altura da primeira ramificação:** obtida pela medição da base até a inserção da primeira ramificação de todas as plantas da área útil da parcela, na colheita;
- c) **Peso da biomassa da parte aérea:** obtida pela pesagem da parte aérea de todas as plantas úteis das parcelas experimentais, logo após a colheita de raízes;
- d) **Número médio de raízes tuberosas por planta:** obtido pela razão entre o número de raízes produzidas e o respectivo número de plantas submetidas à avaliação;
- e) **Rendimento de raízes tuberosas:** obtida pela pesagem das raízes tuberosas de todas as plantas úteis das parcelas experimentais;
- f) **Produção de raízes comerciais:** calculada através de pesagem de raízes com características fenotípicas ideais para a comercialização colhidas de cada parcela;
- g) **Índice de colheita:** avaliado através da relação entre o peso fresco das raízes tuberosas e o peso fresco total das plantas (raízes tuberosas mais o peso da parte aérea);
- h) **Teor de matéria seca:** para a determinação do teor de matéria seca nas raízes, separaram-se três raízes em cada parcela, que foram cortadas em pequenos cubos. Desse montante, foram retiradas amostras homogêneas de cerca de 200 g de raízes fresca, submetidas à temperatura de 40°C em estufa de ventilação forçada por 48 a 72 horas, até peso constante, método descrito por CARVALHO et al. (1990). A partir da razão entre o peso da massa seca e fresca de raízes, foi obtido o teor de matéria seca.

3.4. Análise estatística

As análises estatísticas foram realizadas conforme o modelo matemático:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij},$$

onde:

Y_{ij} : valor observado de uma dada característica, relativo à i -ésimo genótipo, no j -ésimo bloco;

μ : média geral do experimento;

G_i : efeito associado ao i -ésimo genótipo, sendo $i = 1, 2, \dots, g$;

B_j : efeito associado ao j -ésimo bloco, sendo $j = 1, 2, \dots, b$;

ε_{ij} : erro experimental.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa estatístico GENES (CRUZ, 2013). Para cada uma das características avaliadas foi realizado a análise de variância, teste F, média e coeficiente de variação experimental. O esquema da análise de variância seguiu o delineamento experimental em blocos casualizados. As esperanças matemáticas dos quadrados médios podem ser observadas na Tabela 1.

Tabela 1. Análise de variância e esperanças matemáticas do quadrado médio para delineamento experimental em blocos casualizados.

FV	GL	SQ	E(QM)	F
Blocos	$b - 1$	SQB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Genótipos	$g - 1$	SQG	$\sigma^2 + b\sigma_g^2$	QMG/QMR
Resíduo	$(b - 1)(g - 1)$	SQR	σ^2	
Total	$gb - 1$	SQT _o		

Em que b = número de repetições e g = número de genótipos

3.4.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos

Os dados experimentais das características avaliadas foram submetidos à análise de variância e covariância utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2013). A partir das análises de variância, foram estimados seus componentes e os parâmetros genéticos conforme CRUZ et al. (2012). Foram estimados os seguintes parâmetros:

a) Variância fenotípica média:

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMG}{b}$$

b) Variância genotípica média:

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMG - QMR}{b}$$

c) Variância ambiental média:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{QMR}{b}$$

d) Herdabilidade no sentido amplo baseado na média dos genótipos:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} \times 100$$

e) Coeficiente de variação genética:

$$CV_g = \left(\frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{X}} \right) \times 100$$

f) Relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental:

$$CV_g / CV_e = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_e^2}}$$

g) Correlação intraclassa:

$$\hat{\rho} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_e^2}$$

3.4.2. Estimativas de coeficientes de correlação e ganhos predito de seleção

Os coeficientes de correlação fenotípica (r_f) e genotípica (r_g) entre as características avaliadas foram estimados pelas seguintes expressões (CRUZ et al., 2012):

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}} \quad \text{e} \quad r_g = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}^2 \hat{\sigma}_{gy}^2}},$$

sendo:

$$\hat{\sigma}_{gxy} = \frac{PMG_{xy} - PMR_{xy}}{b}$$

$$\hat{\sigma}_{gx}^2 = \frac{QMG_x - QMR_x}{b}$$

$$\hat{\sigma}_{gy}^2 = \frac{QMG_y - QMR_y}{b}$$

em que:

PMG_{xy} e PMR_{xy} - produtos médios associados aos efeitos de genótipos e resíduo em relação às características x e y; QMR_x e QMR_y - quadrados médios associados aos efeitos de resíduos das características x e y, respectivamente; QMG_x e QMG_y - quadrados médios associado aos efeitos de genótipos em relação às características x e y, respectivamente; $\hat{\sigma}_{gxy}$ - estimador de covariância genotípica entre as caraterísticas avaliadas x e y; $\hat{\sigma}_{gx}^2$ e $\hat{\sigma}_{gy}^2$ - são estimadores das variâncias genotípicas das caraterísticas x e y, respectivamente.

A estatística t foi utilizada para avaliar os coeficientes de correlação fenotípica (r_f), e o método de bootstrap com 10.000 simulações foi utilizado para avaliar os coeficientes de correlação genotípica (r_g). Para avaliar a magnitude das correlações obtidas optou-se pela classificação descrita por SHIMAKURA e RIBEIRO JUNIOR (2009) com as seguintes classes: 0,0 a 0,19 - muito fraca; de 0,20 a 0,39 - fraca; de 0,40 a 0,69 - moderada; de 0,70 a 0,89 - alta; e de 0,90 a 1,00 - muito alta.

Os ganhos genéticos esperados pela seleção direta foram estimados por meio da expressão: $GS = h^2 \times DS$, em que h^2 é o coeficiente da herdabilidade; DS é o diferencial de seleção, dado por $DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$, em que \bar{X}_s é a média dos genótipos selecionados e \bar{X}_o é a média original dos genótipos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Uma vez satisfeitas às pressuposições básicas de normalidade ($p > 0,05$) pelo teste de Lilliefors, foi feita a análise de variância (ANOVA) das características aferidas. A análise de variância apresentada na Tabela 2 revelou resultados significativos, a 1% de probabilidade pelo teste de "F", entre os genótipos, para todas as características fenotípicas avaliadas. Desta forma, o comportamento diferenciado dos genótipos indica a presença de variabilidade para os caracteres agronômicos estudados. A presença de ampla variabilidade entre os genótipos era esperada, uma vez que foram avaliadas constituições genéticas de diferentes origens e níveis de melhoramento, como já havia sido relatado sobre a mandioca por BORGES et al. (2002) e NICK et al. (2008).

Tabela 2. Análise de variância, médias e coeficiente de variação relativa a nove características agronômicas⁽¹⁾ avaliadas em vinte e um genótipos de mandioca.

FV	GL	Quadrados Médios							
		ALTPL	ALTRA	BIOPA	NURPL	RENRA	PRACO	INDCO	MATES
Blocos	2	0,13	0,20	14,66	11,38	42,79	81,67	23,24	182,20
Genótipos	20	0,22**	0,54**	565,70**	30,52**	524,58**	281,28**	197,15**	105,81**
Resíduo	40	0,02	0,04	16,71	2,71	61,02	37,08	57,10	27,22
Média		2,14	1,18	21,65	6,03	29,61	20,28	58,76	28,83
CV (%)		6,74	17,56	18,88	27,31	26,38	30,03	12,86	18,10

⁽¹⁾ALTPL = altura de planta, em metros; ALTRA = altura da primeira ramificação, em metros; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea, em t ha⁻¹; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas, em t ha⁻¹; PRACO = produção de raízes comerciais, em t ha⁻¹; INDCO = índice de colheita, em % e MATES = teor de matéria seca, em %. ** significativos pelo teste F, a 1 % de probabilidade.

O ganho genético depende da herdabilidade do caráter sob seleção, da intensidade de seleção praticada e do controle das condições ambientais. Quanto maior o nível de expressão da variabilidade genética em relação ao ambiente e, mais ainda, se a proporção desta variabilidade genética for devido na sua maior parte a efeitos aditivos, maiores serão os ganhos estimados para geração seguinte (MIRANDA et al., 1988). Na Tabela 3, estão apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípico de oito características quantitativas avaliadas em 21 genótipos de mandioca. Por meio de teste F da análise de variância observou-se que ocorre variabilidade genética para as características agronômicas analisadas a 1% de probabilidade.

Verifica-se grande variabilidade entre os dados apresentados, através da amplitude dos resultados das características avaliadas altura de planta: 1,50 –

2,85; altura da primeira ramificação: 0,04 – 2,00; rendimento da biomassa da parte aérea: 2,78 – 51,65; número médio de raízes tuberosas por planta: 0,39 – 14,14; rendimento médio de raízes tuberosas: 2,78 – 58,89; produção de raízes comerciais: 0,00 – 48,89; índice de colheita: 39,66 – 81,16; teor de matéria seca: 15,15 – 43,25 com as respectivas médias 2,14 m; 1,18 m; 21,65 t ha⁻¹; 6,03; 29,61 t ha⁻¹; 20,28 t ha⁻¹; 58,78 % e 28,83 %.

Tabela 3. Estimativa de parâmetros genéticos e estatística geral das características: altura de planta (ALTPL), altura da primeira ramificação (ALTRA), biomassa da parte aérea (BIOPA), número médio de raízes tuberosas por planta (NURPL); rendimento de raízes tuberosas (RENRA), produção de raízes comerciais (PRACO), índice de colheita (INDCO), matéria seca nas raízes (MATES) avaliadas em 21 genótipos de mandioca.

Parâmetros*	Características agronômicas							
	ALTPL	ALTRA	BIOPA	NURPL	RENRA	PRACO	INDCO	MATES
Média	2,14	1,18	21,65	6,03	29,61	20,28	58,76	28,83
Mínimo	1,50	0,04	2,78	0,39	2,78	0,00	39,66	15,55
Máximo	2,85	2,00	51,67	14,44	58,89	48,89	81,16	43,25
σ^2_f	0,044	0,158	186,380	10,623	161,043	92,809	47,869	35,762
σ^2_e	0,007	0,014	5,568	0,903	20,341	12,361	19,033	9,073
σ^2_g	0,037	0,144	180,812	9,720	140,702	80,448	28,838	26,689
$h^2(\%)$	84,28	90,97	97,01	91,45	87,37	86,68	60,24	74,63
c_i	64,12	77,06	91,54	78,20	69,75	68,45	33,55	49,51
$CV_g(\%)$	8,86	31,69	54,74	47,71	37,08	40,77	9,35	18,04
CV_g/CV_e	1,34	1,83	3,29	1,89	1,52	1,47	0,71	0,99

* σ^2_f : variância fenotípica média; σ^2_e : variância ambiental média; σ^2_g : variância genotípica média; h^2 : herdabilidade (média dos genótipos); c_i : coeficiente de correlação intraclasse; $CV_g\%$: coeficiente de variação genético; CV_g/CV_e : razão entre coeficiente de variação genético e o ambiental, baseado na média dos genótipos.

Na Tabela 3 percebe-se, inicialmente, que a variância fenotípica (σ^2_f) é devida predominantemente a causas genéticas (σ^2_g) do que ambientais (σ^2_e). Tal fato é comprovado devido as altas magnitudes da herdabilidade apresentada pelas características avaliadas. Em seguida, por meio de componentes de variância, foi possível obter as estimativas de herdabilidade (h^2). Os valores de herdabilidade foram altos para todas as características avaliadas, exceto para INDCO, que foi de 60,24%, considerado médio. Estes valores de herdabilidade estão de acordo com os obtidos por ALVES (2006).

Entre as características relacionadas à produção de raízes há destaque para número médio de raízes por planta e produtividade de raízes que apresentaram as maiores herdabilidade, 91,5% e 87,4%, respectivamente (Tabela 3). Resultados semelhantes foram encontrados por BRAR & SUKHIJA, (1980),

que em estudos de estimativas de parâmetros genéticos em mandioca, detectaram valor alto de herdabilidade para a característica produtividade de raízes de 85%. Já entre as características de parte aérea (BIOPA, ALTPL e ALTPR), a produtividade da biomassa da parte aérea foi a característica que apresentou a maior herdabilidade (97,0%). Assim, quanto maior herdabilidade maior será a contribuição genética para a variabilidade total, o que é desejável em um programa de melhoramento. CARVALHO et al. (2001) argumenta que características com baixa herdabilidade tendem a dificultar o processo de seleção, devido à grande influência do ambiente.

Segundo ALLARD (1971) as estimativas de herdabilidade juntamente com o coeficiente de variação genético (CV_g) oferecem uma melhor visão sobre o avanço genético a ser esperado com a seleção, e de acordo com VENCOVSKY & BARRIGA, (1992), para se ter uma ideia real da situação de cada característica visando o melhoramento, é necessário analisar o CV_g , juntamente com o CV_e , por meio da relação CV_g/CV_e de cada característica que deve ser maior do que a unidade. CRUZ & REGAZZI (1994) reforçam que elevadas estimativas de herdabilidade e a relação CV_g/CV_e , próxima ou superior a unidade, retratam uma situação bastante favorável para a seleção.

Os coeficientes de variação genético (CV_g) em geral indicaram grande variabilidade genética entre as características analisadas, devido em parte serem avaliados genótipos com constituições genéticas de diferentes origens e níveis de melhoramento. Estas estimativas variaram de 8,86 (ALTPL) a 54,74% (BIOPA), sendo as características produtividade da biomassa da parte aérea (54,74%) e número de raízes tuberosas por planta (47,71%) apresentaram os maiores coeficientes de variação genética. Segundo VALOIS & MIRANDA FILHO (1984) e BOOK et al (1995) o conhecimento do coeficiente de variação genética tem muita importância na avaliação da variabilidade genética, por indicar a amplitude de variação genética de um caráter, tendo em vista a avaliação do seu uso potencial. Os valores encontrados neste trabalho mostram uma possível influência ambiental para as condições de realização do experimento.

A razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) foi maior que a unidade para 6 das 8 características avaliadas. Essas mesmas características exibiram valores elevados para a herdabilidade, indicando que a maior parte da variação observada é de natureza genética. Essas constatações

refletem uma situação bastante favorável à seleção de características de importância agrônômica na mandioca como produtividade da parte aérea e número de raízes por planta. YOKOMIZO & FARIAS NETO (2003) e CRUZ & CARNEIRO (2003) enfatizam que a razão CV_g/CV_e pode ser empregado como índice indicativo do grau de facilidade de seleção de progênies para cada característica.

Segundo FALCONER, (1987) e CRUZ et al., (2012), quando os valores da herdabilidade (h^2) são superiores a 80% e a razão CV_g/CV_e é superior a unidade, podem ser obtidos ganhos de seleção satisfatórios. Tal situação foi observada para altura de planta, altura da primeira ramificação, peso da biomassa da parte aérea, número médio de raízes por planta; rendimento de raízes tuberosas e produção de raízes comerciais (Tabela 3), indicando que métodos de melhoramento simples, por exemplo, a seleção massal, pode ser aplicado proporcionando ganhos consideráveis na seleção para essas características.

As características índice de colheita e matéria seca nas raízes tuberosas apresentaram menores estimativas da razão CV_g/CV_e , ou seja menor que 1,0. Segundo VENCOVSKY & BARRIGA (1992) quando os coeficientes da razão CV_g/CV_e são menores que um, indica que o processo de seleção deverá ser realizado de maneira criteriosa, empregando procedimentos genéticos estatísticos com sensibilidade suficiente.

As correlações medem o grau de associação entre duas variáveis e geralmente são utilizadas por permitir a seleção para uma característica de herança complexa, por meio de outra característica correlacionada e de mais fácil mensuração. Esta estratégia permite obter progressos mais rápidos em relação ao uso de seleção direta e aumentar os ganhos na seleção em programas de melhoramento genético (CARVALHO et al., 2004; CRUZ, 2005; CRUZ et al., 2012). Na Tabela 4 estão apresentados os resultados das correlações fenotípica e genotípica entre as características avaliadas em mandioca.

Do total de 28 correlações fenotípicas avaliadas observaram-se nove correlações significativas, com valores variando de 0,44 a 0,93, indicando alto grau de associação. Em quatro das correlações significativas, os valores das estimativas foram superiores a 0,70, indicando alta correlação de acordo com SHIMAKURA & RIBEIRO JUNIOR (2006) (Tabela 4). Independentemente da significância estatística do teste t, 7,1% das correlações fenotípicas foram

consideradas muito altas; 14,3% altas; 10,7% moderadas; 10,7% fracas; e 57,1% muito fracas.

As correlações genóticas foram superiores às correlações fenotípicas em todas as relações avaliadas (Tabela 4), constatando maiores contribuições dos fatores genéticos em relação aos fatores ambientais nas correlações entre as características. O que é favorável ao processo de seleção, uma vez que os efeitos genéticos se sobrepõem aos ambientais na manifestação do fenótipo. CARVALHO et al., (2004) salienta que as correlações de alta magnitude são aspecto positivo para a seleção indireta em programas de melhoramento. Desta forma, na classificação genotípica, 7,1% foram consideradas muito altas; 17,9% altas; 10,7% moderadas; 17,9% fracas; e 46,4% muito fracas. Em razão da similaridade e de seu maior valor prático em trabalhos de melhoramento, somente as correlações genóticas de maior magnitude e interesse serão analisadas com maior detalhe.

Tabela 4. Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica (r_g - diagonal superior) e fenotípica (r_f - diagonal inferior) para as características: altura de planta (ALTPL), altura da primeira ramificação (ALTRA), rendimento da biomassa da parte aérea (BIOPA), número médio de raízes tuberosas por planta (NURPL); rendimento médio de raízes tuberosas (RENRA), produção de raízes comerciais (PRACO), índice de colheita (INDCO) e teor de matéria seca (MATES), avaliadas em 21 genótipos de mandioca.

Caracteres	ALTPL	ALTRA	BIOPA	NURPL	RENRA	PRACO	INDCO	MATES
ALTPL		0,73 ⁺⁺	0,42	0,18	0,15	0,26	-0,59 ⁺	0,01
ALTRA	0,69 ^{**}		0,02	0,10	0,19	0,16	-0,03	0,25
BIOPA	0,31	0,02		0,85 ⁺⁺	0,85 ⁺⁺	0,74 ⁺⁺	-0,68 ⁺⁺	0,03
NURPL	0,17	0,08	0,80 ^{**}		0,94 ⁺⁺	0,76 ⁺⁺	-0,24	0,13
RENRA	0,15	0,07	0,80 ^{**}	0,93 ^{**}		0,92 ⁺⁺	0,39	0,17
PRACO	0,26	0,14	0,70 ^{**}	0,75 ^{**}	0,91 ^{**}		-0,17	0,27
INDCO	-0,44 [*]	-0,02	-0,61 ^{**}	-0,11	0,33	-0,03		0,15
MATES	0,00	0,17	0,02	0,07	0,10	0,19	0,06	

^{**} e ^{*} significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

⁺⁺ e ⁺ significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo método de bootstrap com 10.000 simulações.

A produtividade da biomassa da parte aérea é uma característica que apresenta importância no melhoramento de mandioca por estar intimamente relacionada com a capacidade da planta de produzir manivas-sementes e com a possibilidade de utilização da parte aérea como forragem na alimentação animal. Essa evidenciou correlação positiva e alta com número médio de raízes por planta ($r_g = 0,85$), rendimento de raízes tuberosas ($r_g = 0,85$) e peso de raízes comerciais ($r_g = 0,74$), indicando que o melhoramento de uma característica promove o

aumento da outra. Por outro lado, levando-se em consideração o sentido e a magnitude das correlações indicam a possibilidade que se podem selecionar plantas com maior número de raízes por planta e rendimento de raízes tuberosas a partir de seleção indireta de plantas com maior peso da biomassa da parte aérea. No entanto, para saber o peso da parte aérea é preciso cortar a parte aérea da mesma e pesá-la, sendo, portanto um método destrutivo. Ainda assim a seleção indireta baseada no BIOPA pode ser feita, pois mesmo retirando-se a parte aérea da planta ela tem a capacidade de rebrotar e produzir sementes, devido suas reservas armazenadas na raiz. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por GOMES et al. (2007) que detectaram correlação genotípica positiva e alta entre produtividade de raízes e peso da biomassa da parte aérea de 0,75.

A presença de correlação positiva entre a produtividade da biomassa da parte aérea e produtividade de raízes tuberosas indica que o aumento da produtividade de material vegetal da parte aérea induz à maior produtividade de raízes, ou seja, a seleção para maior peso da biomassa da parte aérea proporciona ganhos indiretos para o caráter produtividade de raízes e vice-versa. Por outro lado, a presença de correlação positiva pode indicar um equilíbrio na relação fonte-dreno. Resultados concordantes com os encontrados por FUKUDA et al. (2002) reportam a importância do peso da biomassa da parte aérea quando o objetivo é a seleção indireta para a produtividade de raízes com base nesta característica. Porém, PEIXOTO et al. (2005) observaram correlação negativa entre essas características e atribuíram este comportamento a um desequilíbrio na relação fonte-dreno.

Os genótipos que apresentaram maior altura de planta também apresentaram maior peso da biomassa da parte aérea, o que já era esperado. Essas características apresentaram magnitude de correlação de 0,42. Estes resultados indicam que o pesquisador também pode selecionar plantas de mandioca usando a altura das plantas. O fato da ALTPL se correlacionar com o BIOPA e de apresentar uma grande facilidade de mensuração dos dados pode servir de base para a seleção indireta de progênies com maior peso de parte aérea. Resultados semelhantes são relatados em literatura, GOMES et al. (2007) detectaram correlação elevada entre altura de planta e peso da biomassa da parte aérea. GONÇALVES-VIDIGAL et al. (1997) verificaram correlações

genotípicas positivas e significativas entre a altura da planta e produção da biomassa da parte aérea.

Por sua vez VALLE, (1990) e FUKUDA et al., (2002), em estudos de avaliações de correlações entre caracteres na mandioca, a altura de planta se correlacionou positivamente com o rendimento de raízes tuberosas, mas em menor magnitude quando comparada com o peso da parte aérea. Resultados semelhantes aos obtidos no presente trabalho.

Com relação à altura de planta e altura de primeira ramificação, observou-se uma correlação positiva significativa ($r_g = 0,73$), indicando quanto maior for a altura da planta, maior é a altura de inserção da primeira ramificação. A altura de inserção da primeira ramificação é uma característica importante, visto que as cultivares preferidas pelos produtores são aquelas cuja arquitetura se expressa em maior altura da primeira ramificação, e que conseqüentemente permitem maior facilidade no que se refere a cultivos consorciados, ao controle de plantas daninhas e principalmente à colheita.

O número médio de raízes tuberosas por planta apresentou correlação positiva e significativa com o rendimento de raízes tuberosas ($r_g = 0,94$) e com a produção de raízes comerciais ($r_g = 0,76$). Correlações positivas entre o número médio de raízes por planta e o rendimento de raízes tuberosas também foram observadas por CURY (1998) e por GOMES et al. (2007), que constataram um coeficiente de correlação de 0,75 e de 0,68 respectivamente, entre essas variáveis.

O índice de colheita representa a eficiência de produção de raízes tuberosas. É importante observar que o índice de colheita correlaciona-se negativamente com o peso da biomassa da parte aérea ($r_g = - 0,68$) e positivamente com a produção de raízes tuberosas ($r_g = 0,39$). Por representar a relação entre o peso de raízes tuberosas e peso total da planta, é de se esperar que um aumento na produção de biomassa da parte aérea ocasione uma redução no índice de colheita, enquanto que o aumento de produtividade de raízes tuberosas induz a maiores índices de colheita. Comportamento este relatado por FUKUDA et al. (1998) e CURY, (1998).

Na Tabela 5, são apresentadas as estimativas dos ganhos preditos, obtidos pela seleção direta e indireta em 21 genótipos de mandioca. O critério de seleção em todos os caracteres avaliados foi no sentido de acréscimo na magnitude. Este

critério de seleção foi adotado, pois, o interesse do programa de melhoramento genético de Moçambique é pela obtenção de plantas de maior porte cuja arquitetura de primeira ramificação se expressa a maiores altura, com maior número de raízes por planta, maior índice de colheita visando a obtenção de genótipos mais produtivos e com teores elevado de matéria seca nas raízes tuberosas e melhor adaptados aos níveis tecnológicos adotados por produtores de mandioca de várias regiões do país.

Tabela 5. Estimativas das médias originais (\bar{X}_o) herdabilidade entre médias dos genótipos (h^2_m) e ganhos de seleção (GS%), obtidos pela seleção direta e indireta em 21 genótipos de mandioca.

Caracteres ¹	\bar{X}_o	\bar{X}_s	h^2_m	GS (%) ²								Total
				ALTPL	ALTRA	BIOPA	NURPL	RENRA	PRACO	INDCO	MATES	
ALTPL	2,14	2,28	84,28	11,71	19,94	23,33	-3,82	-0,66	7,69	-6,51	-2,69	48,99
ALTRA	1,18	1,33	90,97	8,53	43,62	2,41	9,05	1,22	4,20	-1,33	0,74	68,44
BIOPA	21,65	37,07	97,01	1,28	-9,15	91,56	50,54	36,85	30,21	-11,09	2,06	192,26
NURPL	6,03	9,03	91,45	5,02	6,56	74,30	61,40	39,40	31,47	-5,95	-1,25	210,95
RENRA	29,61	45,04	87,37	3,48	8,02	69,15	45,45	44,03	50,98	-3,32	0,12	217,91
PRACO	20,28	32,19	86,68	5,78	18,74	47,56	29,84	37,17	57,64	-0,57	0,62	196,78
INDCO	58,76	69,46	60,24	-7,58	-9,62	-35,29	10,84	8,95	3,65	12,94	8,54	-7,57
MATES	28,83	29,07	74,63	4,71	11,82	15,69	20,86	9,94	9,99	-0,89	17,97	90,09

¹ALTPL = altura de planta; ALTRA = altura da primeira ramificação; BIOPA = rendimento da biomassa da parte aérea; NURPL = número médio de raízes tuberosas por planta; PRACO = produção de raízes comerciais; INDCO = índice de colheita; MATES = teor de matéria seca e RENRA = rendimento médio de raízes tuberosas. ²Critério de seleção: aumento em todos os caracteres. *Ganhos pela seleção direta em negrito.

O ganho pela seleção direta em todos os caracteres foi sempre superior ao ganho indireto (Tabela 5), ficando próximo nas situações em que as características são altamente correlacionadas, como BIOPA vs. RENRA e NURPL vs. RENRA. Segundo FALCONER (1987) a seleção indireta pode promover maiores ganhos que a direta, se o caráter auxiliar apresentar maior herdabilidade que o principal, e se a correlação genética entre ambos for positiva e de alta magnitude. Portanto, com base nesses resultados, verificou-se que os caracteres peso da biomassa da parte aérea e o número de raízes tuberosas por planta podem ser utilizados como critérios auxiliares na seleção de genótipos de mandioca mais produtivos. O maior ganho individual foi observado para a característica peso da biomassa da parte aérea (BIOPA), que possui maior coeficiente de variação genético (Tabela 3) e sobre a qual há a possibilidade de praticar a seleção de forma mais acurada, uma

vez que se verifica maior confiabilidade do valor fenotípico médio apresentado pelos genótipos em representar seus valores genéticos.

A maior estimativa do ganho total foi obtida quando a seleção foi praticada sobre o RENRA. Entretanto, esta estratégia proporcionou ganhos ínfimos em MATES e negativos em INDCO, que são caracteres relevantes agronomicamente e normalmente correlacionados positivamente com produtividade.

4.1. Conclusões

Há grande variabilidade genética entre os genótipos para as características agrônômicas avaliadas, com um grande potencial de seleção de um grupo de genótipos com boas características como cultivar ou para hibridação.

Os valores de herdabilidade considerados médios a altos, juntamente com coeficiente de variação genética e razão coeficiente de variação genética/coeficiente de variação ambiental alto, indica que a seleção do material genético pode ser efetuada por métodos simples de seleção em função da pouca influência ambiental.

As correlações genotípicas foram maiores do que as correlações fenotípicas em todos os casos, demonstrando que os fatores genéticos contribuíram mais do que os ambientais para as correlações.

As correlações genotípicas BIOPA vs. RENRA (0,85); NURPL vs. RENRA (0,94) e PRACO vs. RENRA (0,92) foram positivas e de elevada magnitude, indicando que a seleção de uma característica, influencia positivamente as demais características.

As características número de raízes tuberosas por planta e o peso da biomassa da parte aérea podem ser utilizados como critérios auxiliares na seleção de genótipos de mandioca mais produtivos.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, A. V. **Variação genética em progênies de *Astronium fraxifolium* Schott e *Jacarandá cuspidifolia* Mart em consórcio**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Universidade Estadual Júlio Mesquita. 2001.
- ALLARD, R.W. **Princípios do Melhoramento Genético das Plantas**. São Paulo: Ed. Edgard Blücher Ltda. 1971.
- ALVES, A. A. C. **Fisiologia da mandioca**. In: EMBRAPA Mandioca e Fruticultura Tropical. Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca. Cruz das Almas, BA: EMBRAPA, Cap.7, p. 138-169, 2006.
- ALVES, J. C. S.; PEIXOTO, J. R.; VIEIRA, J. V.; BOITEUX, L. S. Herdabilidade e correlações genotípicas entre caracteres de folhagem e sistema radicular em famílias de cenoura, cultivar Brasília. **Horticultura Brasileira** v.24, p.363-367, 2006.
- BENIN, G. et al Estimativas de correlações genotípicas e de ambiente em gerações com elevado freqüência de heterozigotos. **Ciência Rural**. v.35, n.3, p.523-529. 2005. Acesso em 10 de mar 2013.
- BOOK, M. V. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos esperados com a seleção de caracteres juvenis em progênies de seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília v. 30, n. 5, p. 637-681. 1995.
- BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2.ed. Viçosa: UFV, 456 p. 1998.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 4.ed. Viçosa-MG: UFV, 525p. 2005.
- BORGES, M.F.; FUKUDA, W.M.G.; ROSSETTI, A.G. Avaliação de variedades de mandioca para consumo humano. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1559-1565, 2002.
- BRAR, J. S; SUKHIJA, B. S. Variability, heritability and genetic advance in carrot (*Daucus carota* L.). **Journal of Research Punjab Agriculture University**. v.17, p.442-443, 1980.
- BRUZI, A. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Desempenho de famílias do cruzamento entre linhagens de feijões andinos e mesoamericanos em produtividade e resistência a *Phaeoisariopsis griseola*. **Ciência Agropecuária**, Lavras, v. 31, n. 3, p. 650-655. 2007.
- CANDEIA, J. A.; SILVA, N.; ZANOTO, M. D. Parâmetros genéticos e correlações em cebola "Pira tropical." **Horticultura Brasileira**, v. 4, n. 2, p 17-19, 1986.

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F. de; OLIVEIRA, M.F. de; VELLO, N.A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.311-320, 2002.

CARVALHO, D. B. Análise de crescimento de girassol em sistema de semeadura direta. **Revista Acadêmica**. v.2, n. 4, p. 63-70, 2004.

CARVALHO, F. I. F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária - UFPel, 141 p. 2004.

CARVALHO, F.I.F.; et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: Ed. Universitária UFPel, 2001.

CHAIB, A. M. M. C.; FIALHO, J. F.; VIEIRA, E. A.; SILVA, M. S.; MORAES, S. V. P.; MALOVANY, J. B.; PAULA, G. F.; SOUZA, F. R. O. Correlações entre sete caracteres agronômicos aferidos em acessos do banco regional de germoplasma de mandioca do cerrado. IX Simpósio Nacional do Cerrado, Brasília, 2008.

CHARNAI, K et al. **Correlação genotípica de caracteres de interesse agrônomo em linhagens f5 de soja provenientes de cruzamentos quádruplos**. Disponível em: < <http://prope.unesp.br>>. Acesso em 05 maio 2013.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** - Viçosa: UFV 1994.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, v.2, 585p. 2003.

CRUZ, C.D.; REGAZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, v.1, 4ª ed. 514p. 2012.

CRUZ, D. C. **Princípio de Genética Quantitativa**. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 2005.

CURY, R. **Distribuição da diversidade genética e correlações de caracteres em etnovariedades de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)** provenientes da agricultura tradicional do Brasil. 163p. Tese Doutorado, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 340p. 1981.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Silva, M. A.; Silva, J. L Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1987.

FALEIRO, F.G., CRUZ, C.D., RAGAGNIN, V. A., SOUZA, T.P.O., MOREIRA, M.A., BARROS, E.G. Estimativa de parâmetros genéticos, correlações e análise

- de trilha em linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro. **Agrotropica** 13(3): 115-124. 2001.
- FAO. 2011. (Disponível em <http://www.fao.org>) (Acessado em: 30 de agosto de 2012).
- FAO. Food and agriculture organization of the united nations. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. 2009. Acesso em: 30 de junho 2012.
- FAO/MIC. **Sub sector Strategy Study on Cassava**: "Cassava Development Strategy for Mozambique" FAO/AGROGES/AUSTRAL (Eds.) Ministério de Indústria e Comércio, Volume I. Maputo, Moçambique, 2007.
- FARIAS NETO et al. **Variabilidade Genética em Progênies jovens de Açaizeiro**. 2005.
- FUKUDA, W.M.G.; SILVA, S.O.; IGLESIAS, C. **Cassava Breeding**. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.2, p.617-638, 2002.
- GOMES, C. N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária**, Brasília, v.42, p.1121-1130, 2007.
- GONÇALVES, G.M.; VIANA, A.P.; REIS, L.S.; NETO, F.V.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; REIS, L.S. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá-amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 32, p. 1413-1418, 2008.
- HARTWIG et al. Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de interesse em cruzamentos dialélicos de aveia branca. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 273-278, jul-set, 2006. Acesso em 13 de junho 2013.
- MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p.457-468, 1988.
- NICK, C.; CARVALHO, M.; ASSIS, L. H. B.; CARVALHO, S. P. Genetic dissimilarity in cassava clones determined by multivariate techniques. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.8, p. 104-110, 2008.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: Melhoramento e produção de milho no Brasil. PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. ed., **Fundação Cargil**, Piracicaba p. 202-256, 1978.
- PEIXOTO, J.R.; BERNARDES, S.R.; SANTOS, C.M.; BONNAS, D.S.; FIALHO, J.F.; OLIVEIRA, J.A. Desempenho agronômico de variedades de mandioca mansa em Uberlândia. **Revista Brasileira de Mandioca**, v.8, n.1, p. 19-24, 2005.

RAMALHO, M.A.P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes de variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, n.2, p.117-140, 1978.

RODRIGUES, R. E. S; RANGEL, P. H. N.; ZIMMERMANN, J. P.; NEVES, P. C. Estimativa de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4 ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33(6): 685-691. 1998.

SHIMAKURA, S.E.; RIBEIRO JÚNIOR, P.J. **Estatística descritiva: interpretação do coeficiente de correlação**. Departamento de Estatística da Universidade Federal do Paraná. Disponível em: < www.leg.ufpr.br/~paulojus/CE003/ce003/. Acessado em 10 maio de 2013.

SILVA, A. H. B. **Caracterização morfo-biométrica, seleção e variabilidade genética para caracteres qualitativos e quantitativos em progênies de *Physalis angulata* L.** Dissertação (Mestrado em botânica)-Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, 2007.

SILVA, F. F. **Abordagem clássica e molecular do melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.)**. Tese (Doutorado em Produção Vegetal)-Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro-UENF, 147p. 2006.

SILVA, F. F.; PEREIRA, M. G.; RAMOS, H. C. C.; DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; PEREIRA, T.N. S.; IDE, C. D. Genotypic correlations of morpho-agronomic traits in papaya and implications for genetic breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 7:345-352, 2008.

SILVA, R.M. da; FARALDO, M.F.I.; ANDO, A.; VEASEY, E.A. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca. In: CEREDA M.P. (Ed.). Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas. São Paulo: **Fundação Cargill**, p.207-242. 2002.

VALOIS, A. C. C., MIRANDA FILHO, J. B. Estimação de componentes de variância na cultivar de milho central mex. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 19, p.479-488. 1984.

VENCOVSKY, R. BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: **Sociedade Brasileira de Genética**. 466p. 1992.

YAMAMOTO, P.Y. **Interação genótipo x ambiente na produção e composição de óleos essenciais de *Lippia alba* (Mill.)** N. E.Br., 70f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agrônomo (IAC), Campinas, 2006.

YOKOMIZO, G. K.; FARIAS NETO, J. T. Caracterização fenotípica e genotípica de progênies de pupunheira para palmito. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 1, p. 67-72. 2003.

6. CONCLUSÕES GERAIS

Estudos recentes têm demonstrado que as características quantitativas são imprescindíveis para a avaliação da divergência genética e, sobretudo, para o melhoramento genético. Portanto, neste estudo foi verificado que as características morfo-agronômicas quantitativas constituem-se em uma opção viável como ferramenta na avaliação da divergência genética entre genótipos de mandioca.

Há diversidade genética entre os genótipos para as características agronômicas avaliadas, com um grande potencial de seleção de um grupo de genótipos com boas características como cultivar ou para hibridação.

Esses resultados poderão direcionar a seleção de genótipos nos programas de melhoramento de mandioca servindo de subsídio no conhecimento do grau de variabilidade genética disponível entre os genótipos avaliados.

Segundo os valores de herdabilidade considerados médios a altos, juntamente com coeficiente de variação genética e razão coeficiente de variação genética/ coeficiente de variação ambiental alto, indica que a seleção do material genético pode ser efetuada por métodos simples de seleção em função da pouca influência ambiental.

As correlações genotípicas foram maiores do que as correlações fenotípicas em todos os casos, demonstrando que os fatores genéticos contribuíram mais do que os ambientais para as correlações. Apesar do fato de que a correlação entre características é um parâmetro populacional, as estimativas obtidas para um conjunto de genótipos independentes são indicadores que possibilitam a elaboração de melhores estratégias de seleção indireta para caracteres de importância agronômica para a cultura de mandioca.