CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E DIVERSIDADE GENÉTICA EM MANDIOCA *Manihot esculenta* Crantz

CARLOS NICK GOMES

2007

CARLOS NICK GOMES

CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E DIVERSIDADE GENÉTICA EM MANDIOCA *Manihot esculenta* Crantz

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, para a obtenção do título de "Mestre".

Orientador

Prof. Dr. Samuel Pereira de Carvalho

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2007

Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca Central da UFLA

Gomes, Carlos Nick.
Caracterização morfo-agronômica e diversidade genética em mandioca *Manihot esculenta* Crantz / Carlos Nick Gomes. -- Lavras : UFLA, 2007.
72 p. : il.

Orientador: Samuel Pereira de Carvalho
Dissertação (Mestrado) – UFLA.
Bibliografia.

1. Caracterização. 2. Análise de trilha. 3. Divergência genética. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.682

CARLOS NICK GOMES

CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA E DIVERSIDADE GENÉTICA EM MANDIOCA *Manihot esculenta* Crantz

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, para a obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 26 de fevereiro de 2007.

Prof. Dr. Élberis Pereira Botrel	UFLA
Profa. Dra Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Pesquisador Dr. Telde Natel Custódio	UFLA

Prof. Dr. Samuel Pereira de Carvalho - UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

A Deus pela vida, saúde, proteção e fortaleza;
Aos meus pais, José Carlos e Rita de Cássia, pelo apoio incondicional, carinho e dedicação;
A minha vó Zizinha, pelas orações e apoio;
Aos meus irmãos Octávia e Gefferson.

OFEREÇO

A Fabiana e Malu, pelo carinho e compreensão.

DEDICO

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade de realização da Pós-Graduação em Agronomia - Fitotecnia.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

À Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais, pelo financiamento do projeto;

Ao meu orientador, Prof. Samuel Pereira de Carvalho, pela confiança, amizade e exemplo profissional.

Ao Prof. Élberis Pereira Botrel, pelo incentivo, colaboração e amizade.

À Dra. Adriana Madeira, pela colaboração, ensinamentos e amizade;

Ao pesquisador Telde Natel Custódio, pela colaboração na realização das análises estatísticas;

Ao Prof. João Batista Donizete Corrêa (*in memoriam),* pelos ensinamentos e amizade;

Aos bolsistas Luiz Henrique Bambini e Naara pelo auxílio na coleta dos dados;

Aos amigos Armando de Albuquerque (Sabugo), Didi e Fafá, Léo e Patrícia, Peixe e Lidi, Fabiano e Ivana, Augusta e Lucas (e Ana Luiza), Eliane (e família), Aretusa e César, pela amizade e boa convivência.

Aos amigos do Núcleo de Estudos em Plantio Direto.

MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

Página

RESUMO GERAL..... i
GENERAL ABSTRACT..... ii

CAPÍTULO 1 Caracterização agronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca..... 1
Resumo..... 1
Abstract..... 2
Introdução..... 3
Material e métodos..... 5
Resultados e discussão..... 8
Conclusões..... 18
Referências Bibliográficas..... 19

CAPÍTULO 2: Determinação da divergência genética entre clones de mandioca por meio de caracteres multicategóricos..... 22
Resumo..... 22
Abstratc..... 23
Introdução..... 24
Material e Métodos..... 26
Resultados e discussão..... 29
Conclusões..... 38
Referências Bibliográficas..... 39

CAPÍTULO 3: Determinação da divergência genética entre clones de mandioca por meio de caracteres agronômicos..... 41
Resumo..... 41
Abstratc..... 42
Introdução..... 43
Material e Métodos..... 44
Resultados e discussão..... 46
Conclusões..... 55
Referências Bibliográficas..... 56

CAPÍTULO 4: Correlação entre medidas de dissimilaridade utilizadas na determinação da divergência genética de mandioca..... 58
Resumo..... 58
Abstratc..... 59
Introdução..... 60

Material e Métodos..... 62
Resultados e discussão..... 64
Conclusões..... 70
Referências Bibliográficas..... 71

RESUMO

GOMES, Carlos Nick.**Caracterização morfo–agronômica e determinação da diversidade genética em mandioca *Manihot esculenta* Crantz.** 2007. 72 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.[1]

A divergência genética baseada na caracterização morfo-agrônomica das espécies vegetais é de relevante importância no melhoramento vegetal, pois, possibilita a determinação e seleção de indivíduos superiores que, quando cruzados, podem gerar transgressivos e combinações híbridas de elevada heterose. Os objetivos do presente estudo foram caracterizar morfo-agronomicamente clones de mandioca através de caracteres agronômicos quantitativos e morfológicos qualitativos; realizar o estudo da correlação e análise de trilha de cinco variáveis quantitativas e a produção de raízes e estimar a divergência genética entre os clones. Utilizou-se o delineamento experimental látice quadrado 10 x 10, com duas repetições. Dentre os clones avaliados, existem genótipos com potencial para serem utilizados em programas de melhoramento ou como cultivares comerciais. O estudo da análise de trilha demonstrou que o número de raízes por planta e o peso total da parte aérea podem ser utilizados como critérios para a seleção indireta para produção de raízes. Existem diferenças entre os genótipos avaliados, demonstrando presença de variabilidade genética nos clones. O uso dos caracteres multicategóricos mostrou-se eficiente na determinação da diversidade entre clones, uma vez que foram capazes de diferenciar os clones avaliados. As características quantitativas avaliadas pelos diversos métodos de agrupamento foram capazes de diferenciar os clones. A dispersão gráfica obtida a partir das variáveis canônicas é eficaz na identificação de genótipos ou grupos de genótipos mais divergentes.

[1] Orientador: Samuel Pereira de Carvalho

ABSTRACT

GOMES, Carlos Nick. **Morph-agronomic characterization and determination of genetic diversity in cassava *Manihot esculenta* Crantz.** 2007. 72 p. Dissertation (Master in Crop Science) - Federal University of Lavras, Minas Gerais, Brazil.[2]

Genetic divergence based on morph-agronomic characterization of the crop species has great importance in crop improvement. Previous study have shown that it is possible to isolate superior species that when crossed, result in hybrid combinations of high heterotic effect. The objectives of this work were to characterize cassava clones through quantitative agronomic and qualitative morphologic characters, study the correlate and path coefficient analysis between five quantitative variables and the roots production and to estimate the genetic divergence among the clones. The experiment was carried out in Federal University of Lavras, Lavras, MG, in square lattice (10 x 10), with two replications, testing 100 clones at four plants per plot. In the evaluated clones, there are genotypes that show potentialities for use in improvement programs or cultivar. The path coefficient analysis showed that the roots number per plant and the total aerial part weight can be used in the indirect selection for roots production. Multicategoric traits were efficient in the determination of the clones' diversity. The use of quantitative characteristics was efficient in the determination of the genetic divergence. The graphic dispersion obtained from the canonical variables is effective identifying genotype or groups of more divergent genotypes.

[2] Adviser: Samuel Pereira de Carvalho

CAPÍTULO 1

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E COEFICIENTES DE TRILHA DE CARACTERES COMPONENTES DA PRODUÇÃO EM MANDIOCA

(Preparado de acordo com as normas da revista Bragantia)

RESUMO

Os objetivos do presente trabalho foram efetuar a caracterização agronômica de 100 clones de mandioca e obter os coeficientes de trilha entre a produção de raízes e cinco componentes da produção, de modo a auxiliar na seleção de clones superiores. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, nos anos de 2005 e 2006. Foram avaliados cem clones de mandioca, em ensaio delineado em látice quadrado 10x10. A unidade experimental foi constituída por quatro plantas espaçadas de 1,0 x 0,6. As análises estatísticas foram realizadas considerando as oito características individualmente, com utilização do teste de Scott–Knott para o agrupamento das médias. Os clones 87 e 88 mostram-se promissores, tanto para serem utilizados em cruzamentos quanto para a fixação como novas cultivares, em virtude do excelente desempenho nas características avaliadas. O estudo da análise de trilha demonstrou que o número de raízes por planta e o peso total da parte aérea podem ser utilizados como critérios para a seleção indireta para a produção de raízes.

Palavras-chave: *Manihot esculenta,* associação entre caracteres, seleção indireta, produção de raízes.

AGRONOMIC CHARACTERIZATION AND PATH ANALYSIS OF PRODUCTION COMPONENTS IN CASSAVA CLONES

ABSTRACT

The objectives of this work was to effect the agronomic characterization of 100 cassava plants, and obtain the path coefficients analysis between the roots production (basic variable) and five variables component of production (explanative variable). The experiment was carried out at a research farm in Federal University of Lavras, Lavras, MG, in square lattice (10 x 10), with two replications, using 100 clones and four plants per plot. The statistical analyses were accomplished considering the eight characteristics individually, with use of Scott–Knott test for grouping of the averages. The clones 87 and 88 were found promising, either to be used in crossings as for fixation as new cultivars by the excellent results in the appraised characteristics. The path coefficient analysis demonstrated that the roots number per plant and aerial part total weight can be used as criteria for indirect selection of roots production.

Key words: *Manihot esculenta*, association among characters, indirect selection, roots production.

INTRODUÇÃO

A mandioca é a mais importante fonte de carboidratos depois do arroz, da cana-de-açúcar e do milho, para mais de 500 milhões de pessoas nas regiões tropicais e subtropicais (El-Sharkawy, 2006). Apesar de sua importância, as pesquisas com a cultura mostram-se limitadas e os níveis de produtividade alcançados no Brasil são muito baixos.

A obtenção e a caracterização agronômica de clones com alta capacidade de produção, portadores de características agronômicas superiores e aptos a substituírem as cultivares tradicionais, estão entre as formas de aumentar o rendimento da cultura.

Atualmente, os objetivos de um programa de melhoramento da mandioca são estabelecidos em função das demandas de produção, processamento e mercado, baseando-se na resistência a pragas e doenças e, principalmente, no incremento da produtividade de raízes (Fukuda & Silva, 2002). Contudo, a produtividade é um caráter complexo e resultante da expressão e da associação de diferentes componentes (Carvalho et al., 2002), o que torna necessário o entendimento do grau de associação entre esses caracteres, que é obtido por meio do estudo das estimativas dos coeficientes de correlação.

De acordo com Furtado et al. (2002), apesar da utilidade das estimativas dos coeficientes de correlação no entendimento de um caráter complexo, como a produção, elas não determinam a importância relativa das influências diretas e indiretas dos outros caracteres com a produção. Isso porque, a correlação entre duas características mede a associação entre ambas, entretanto, não determina a relação de causa e efeito entre elas, que pode ser determinada por meio da análise de trilha.

Cruz & Carneiro (2003) ressaltam que o uso da análise de trilha permite a obtenção de informações a respeito dos efeitos diretos e indiretos de um grupo de caracteres, em relação a um determinado caráter considerado de maior importância (variável básica).

Para fins de melhoramento, é importante identificar, dentre as características de alta correlação com a variável básica, aquelas de maior efeito direto, no sentido favorável à seleção, de tal forma, que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (Severino et al., 2002).

Esse tipo de análise vem auxiliando a formulação de procedimentos apropriados para a seleção de genótipos superiores em diversas culturas (Carvalho et al., 1999; Coimbra et al., 2005; Marchezan et al., 2005; Santos et al., 2000). Entretanto, trabalhos relacionados à cultura da mandioca são escassos e o estudo dos efeitos diretos e indiretos de outras características agronômicas no rendimento de raízes é necessário, para que se possa conduzir com sucesso programas de melhoramento que objetivam o incremento de produtividade.

Os objetivos do presente trabalho foram efetuar a caracterização agronômica de 100 clones de mandioca por meio de oito caracteres agronômicos e obter as estimativas de coeficientes de correlação genotípica entre os caracteres agronômicos avaliados além do desdobramento dessas correlações em efeitos diretos e indiretos sobre a variável básica, que é a produção média de raízes por planta.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na área experimental da Universidade Federal

número médio de raízes da parcela no momento da colheita; **g**) índice de colheita (**INDC**) – relação entre o peso das raízes e **h**) peso total da planta e peso de raízes por planta (**PRAP**) – média do peso do número total de raízes da parcela em relação ao número de plantas, em kg.

Inicialmente, os dados relativos a todas as características avaliadas foram analisados de acordo com o delineamento experimental em látice 10x10, conforme esquema proposto por Chochran & Cox (1957), estimando-se a eficiência do látice em relação ao delineamento em blocos casualizados. A variável número de raízes teve seus dados transformados a partir de $\sqrt{X+1}$.

Verificada a baixa eficiência do látice em relação ao delineamento em blocos casualizados, procedeu-se à análise de variância dos dados, considerando o delineamento experimental em blocos casualizados. As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott (P<0,05).

O coeficiente de correlação genética (rg), foi estimado pela expressão:

$$rg = \frac{\hat{\sigma}_{gxy}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{gx}{}^{2} * \hat{\sigma}_{gy}{}^{2}}}$$

em que:

$\hat{\sigma}_{gxy}$: estimador da covariância genotípica entre os caracteres avaliados X e Y.

$\hat{\sigma}^2_{gx}$ e $\hat{\sigma}^2_{gy}$: estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Para a realização da análise de trilha, estabeleceu-se, previamente, um diagrama de trilha (Figura 1). Observa-se que as variáveis explicativas foram divididas em dois grupos: o primeiro grupo foi composto pelas variáveis primárias: comprimento de raiz, diâmetro de raiz e número de raízes por planta e o segundo, pelas características: altura de planta e peso total da parte aérea.

Realizou-se diagnóstico de multicolinearidade envolvendo as variáveis, resultando em fraca colinearidade. Os resultados da análise de trilha foram interpretados conforme indicado por Vencovsky & Barriga (1992), em que, basicamente, i) coeficientes e correlação e efeitos diretos (coeficientes de trilha) altos indicam que estas variáveis independentes explicam grande parte da variação da variável básica e que ii) coeficientes de correlação positivos (ou negativos), mas com efeito direto de sinal diferente ou negligenciável, as variáveis com maiores efeitos indiretos devem ser consideradas simultaneamente para explicar a variação da variável básica.

Todas as análises foram realizadas com auxílio do programa computacional Genes (Cruz, 2001), versão 2004.

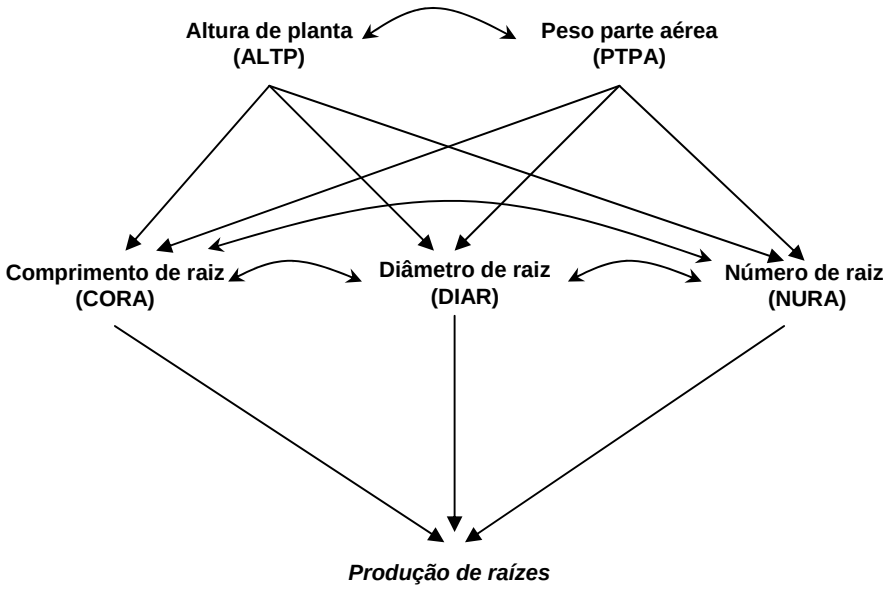

FIGURA 1 Diagrama causal ilustrativo dos efeitos diretos e indiretos das variáveis primárias (CORA, DIAR e NURA) e secundárias (ALTP e ALTR) sobre a produção de raízes.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância univariada para oito variáveis de 100 clones de mandioca encontra-se na Tabela 1. Verificou-se a ocorrência de diferenças significativas a (P<0,01) pelo teste de F, para o efeito de clones para todas as variáveis estudadas.

Para o agrupamento dos clones em relação às características avaliadas, procedeu-se a análise de médias utilizando o teste de Scott–Knott (P<0,05). Os resultados são apresentados na Tabela 2.

TABELA 1 Resumo das análises de variância, médias e coeficientes de variação de oito características avaliadas em 100 clones de mandioca. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio			
		ALTP (m)[1]	**ALTR (m)[1]**	**PTPA (kg)[1]**	**CORA (cm)[1]**
Clones	99	0,1000*	0,03400*	0,1265*	32,1115*
Blocos	1	0,8320	0,00871	0,4723	0,49401
Resíduo	99	0,0364	0,01654	0,0464	14,4645
Média		1,2331	0,48195	0,6780	22,5813
CV (%)		15,4758	26,6852	31,7731	16,8423
Fonte de variação	GL	Quadrado médio			
		DIAR (cm)[1]	**NURA[1]**	**PRAP (kg)[1]**	**INDC (%)[1]**
Clones	99	0,4042*	0,2839*	0,39181*	167,1681*
Blocos	1	1,7495	0,1551	0,9620	14,9445
Resíduo	99	0,2014	0,0708	0,0860	49,5236
Média		3,4413	2,4783	1,0977	61,1664
CV (%)		13,0412	10,7420	26,7159	11,5051

*Significativo, pelo teste de F (P<0,01)

TABELA 2 Resultado do agrupamento de médias pelo teste de Scott–Knott. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Clones	ALTP	ALTR	PTPA	CORA	DIAR	NURA	PRAP	INDC
1	1,28 a	0,68 a	0,56 c	30,35 a	3,37 b	4,08 c	1,68 c	74,75 a
2	1,15 b	0,50 a	0,75 b	13,75 b	3,18 b	8,87 a	0,71 e	58,24 a
3	1,21 b	0,56 a	0,57 c	18,20 b	3,66 a	3,41 c	0,83 e	47,98 b
4	1,46 a	0,48 b	0,67 c	27,50 a	4,09 a	1,09 c	0,75 e	59,17 a
5	0,97 b	0,35 b	0,40 c	15,25 b	2,70 b	3,12 c	0,24 e	52,85 b
6	1,32 a	0,56 a	0,50 c	22,20 b	4,13 a	4,47 c	1,05 d	41,43 c
7	0 ,89 b	0,35 b	0,63 c	19,90 b	3,39 b	5,42 b	1,75 c	67,23 a
8	1,33 a	0,45 b	1,08 b	19,15 b	3,70 a	7,12 b	2,15 b	73,34 a
9	1,10 b	0,43 b	0,49 c	20,55 b	3,66 a	6,50 b	1,07 d	66,53 a
10	1,75 a	0,72 a	1,02 b	32,65 a	3,96 a	3,62 c	1,42 c	68,30 a
11	1,39 a	0,55 a	0,76 b	26,50 a	4,29 a	4,50 c	1,29 d	62,55 a
12	1,.29 a	0,61 a	0,79 b	19,40 b	3,61 a	7,91 a	1,45 c	64,00 a
13	1,07 b	0,40 b	0,46 c	23,55 a	3,78 a	6,12 b	1,17 d	71,88 a
14	1,28 a	0,47 b	0,66 c	22,30 b	3,97 a	5,12 b	1,16 d	62,64 a
15	1,59 a	0,59 a	0,88 b	25,90 a	2,97 b	3,50 c	0,76 e	46,82 c
16	1,04 b	0,58 a	0,36 c	17,10 b	2,53 b	4,75 c	0,51 e	59,04 a
17	1,33 a	0,49 a	0,93 b	20,60 b	3,97 a	5,00 b	1,35 c	58,97 a
18	1,33 a	0,58 a	0,92 b	23,15 a	4,55 a	6,50 b	1,28 d	58,33 a
19	1,25 a	0,52 a	0,45 c	22,35 b	3,00 b	4,75 c	0,91 d	66,92 a
20	1,50 a	0,59 a	0,66 c	25,45 a	3,29 b	5,25 b	1,16 d	63,05 a
21	1,50 a	0,58 a	0,35 c	17,40 b	2,70 b	5,00 b	0,84 e	70,69a
22	1,21 b	0,42 b	0,26 c	18,25 b	3,00 b	4,17 c	0,62 e	71,39 a
23	0,76 b	0,59 a	0,46 c	24,65 a	3,23 b	3,30 c	0,66 e	58,37 a
24	1,28 a	0,43 b	0,58 c	23,65 a	3,29 b	5,74 b	1,38 c	70,47 a
25	0,88 b	0,53 a	0,50 c	39,00 a	3,97 a	5,20 b	1,10 d	68,87 a
26	1,22 b	0,55 a	0,41 c	24,30 a	3,29 b	2,62 c	0,65 e	61,46 a
27	1,16 b	0,32 b	0,40 c	22,50 b	2,78 b	4,00 c	0,68 e	65,27 a
28	0,66 b	0,41 b	0,42 c	21,85 b	3,15 b	2,83 c	0,52 e	55,33 b
29	1,06 b	0,43 b	0,60 c	26,90 a	3,09 b	6,55 b	1,10 d	63,79 a
30	0,99 b	0,53 a	0,75 b	28,90 a	3,34 b	5,25 b	1,32 c	59,45 a
31	1,51 a	0,39 b	0,47 c	21,50 b	3,34 b	5,37 b	0,79 e	66,62 a
32	1,00 b	0,77 a	0, 66 c	25,20 a	3,61a	6,03 b	1,08d	63,33 a
33	1,33 a	0,49 a	0, 57 c	23,15 a	3,77 a	5,91 b	1,18 d	66,94 a
34	1,25 a	0,44 b	0,70 c	22,95 b	3,96 a	6,25 b	1,22 d	63,74 a
35	1,05 b	0,38 b	0,49 c	22,88 b	3,77 a	3,95 c	0,92 d	65,78 a
36	1,06 b	0,80 a	0,92 b	25,50 a	3,58 a	3,29 c	0,70 e	43,30 c
37	1,37 a	0,54 a	0,30 c	20,70 b	3,16 b	3,70 c	0,54 e	64,06 a
38	1,03 b	0,53 a	0,59 c	16,20 b	2,41 b	10,41 a	1,27 d	68,55 a
39	1,25 a	0,51 a	0,64 c	22,25 b	3,50 b	6,12 b	1,31 c	66,98 a
40	1,33 a	0,64 a	0,62 c	15,80 b	3,16 b	6,00b	1,01 d	61,53 a
41	1,28 a	0,54 a	0,52 c	21,55 b	3,16 b	5,62 b	0,99 d	67,10 a
42	1,37 a	0,39 b	1,08 b	21,60 b	4,07 a	5,75 b	1,25 d	54,61 b
43	1,29 a	0,45 b	0,48 c	17,20 b	3,86 a	5,12 b	1,19 d	72,28 a
44	1,21 b	0,60 a	0,50 c	17,85 b	3,10 b	7,12 b	1,06 d	69,23 a
45	1,18 b	0,29 b	0,53 c	25,50 a	3,42 b	4,45 c	1,73 c	76,79 a
46	0,80 b	0,45 b	0,99 b	24,00 a	3,85 a	5,87 b	1,39 c	58,40 a
47	1,33 a	0,07 b	0,58 c	18,95 b	3,07 b	6,95 b	0,91 d	61,00 a
48	0,80 b	0,35 b	0,36 c	21,25 b	3,18 b	3,25 c	0,48 e	57,21 a
49	1,01 b	0,44 b	0,52 c	19,35 b	3,07 b	8,12 a	1,60 c	75,23 a

...continua...

TABELA 2, continua....

50	1,40 a	0,64 a	0,86 b	19,50 b	3,08 b	6,08 b	1,22 d	59,15 a
51	1,59 a	0,43 b	0,57 c	22,85 b	3,80 a	4,58 c	1,20 d	68,49 a
52	1,16 b	0,31 b	0,78 b	25,40 a	3,58 a	2,25 c	0,64 e	42,46 c
53	0,96 b	0,46 b	0,52 c	23,55 a	3,18 b	6,37 b	1,46 c	74,45 a
54	1,03 b	0,80 a	0,19 c	20,50 b	3,39 b	7,83 a	1,23 d	84,21 a
55	1,20 b	0,34 b	0,61 c	23,60 a	3,66 a	5,75 b	1,16 d	65,76 a
56	1,14 b	0,27 b	0,73 c	26,25 a	3,89 a	2,87 c	1,05 d	61,00 a
57	1,17 b	0,43 b	0,76 b	19,35 b	3,08 b	5,58 b	0,91 d	54,71 b
58	1,23 b	0,19 b	0,51 c	25,90 a	3,31 b	4,00 c	0,71 e	58,16 a
59	1,07 b	0,37 b	0,59 c	17,05 b	3,27 b	3,49 c	0,46 e	44,23 c
60	1,31 a	0,52 a	0,55 c	17,00 b	3,24 b	5,25 b	0,86 e	61,24 a
61	1,35 a	0,46 b	0,70 c	19,00 b	3,82 a	5,00 b	1,02 d	59,42 a
62	1,14 b	0,42 b	0,67 c	20,15 b	5,36 a	1.62 c	0,52 e	38,10 c
63	1,18 b	0,30 b	0,71 c	21,25 b	2,96 b	3,25 c	0,81 e	52,08 b
64	0,96 b	0,85 a	0,79 b	26,15 a	3,21 b	9,00 a	1,72 c	68,48 a
65	1,21 b	0,59 a	0,61 c	19,10 b	3,34 b	6,12 b	0,83 e	57,47 a
66	0,96 b	0,38 b	0,43 c	22,80 b	3,42 b	5,75 b	1,02 d	70,47 a
67	0,97 b	0,39 b	0,70 c	30,10 a	3,40 b	6,75 b	1,84 c	72,42 a
68	0,93 b	0,31 b	0,38 c	27,05 a	3,29 b	3,27 c	0,69 e	64,40 a
69	1,44 a	0,66 a	0,66 c	21,75 b	3,15 b	7,66 a	1,24 d	65,42 a
70	1,37 a	0,26 b	0,71 c	18,40 b	3,39 b	3,87 c	0,59 e	45,13 c
71	1,42 a	0,52 a	1,22 b	24,10 a	3,99 a	2,87 c	0,87 e	41,71 c
72	1,26 a	0,45 b	0,78 b	25,30 a	3,69 a	5,25 b	1,25 d	59,20 a
73	1,38 a	0,43 b	0,40 c	20,90 b	3,38 b	5,37 b	0,76 e	65,47 a
74	0,76 b	0,20 b	0,42 c	19,85 b	3,02 b	5,25 b	0,61 e	59,94 a
75	1,42 a	0,59 a	0,65 c	21,90 b	2,92 b	4,87 c	0,73 e	53,50 b
76	1,36 a	0,58 a	0,80 b	19,05 b	3,11 b	6,16 b	1,17 d	59,91 a
77	0,92 b	0,70 a	0,49 c	16,00 b	2,62 b	3,49 c	0,40 e	43,71 c
78	1,04 b	0,28 b	0,51 c	21,45 b	2,56 b	5,75 b	1,02 d	67,35 a
79	1,12 b	0,54 a	0,40 c	22,35 b	3,32 b	7,00 b	0,98 d	71,65 a
80	1,49 a	0,43 b	1,31 b	30,00 a	3,46 b	6,75 b	2,08 b	62,11 a
81	1,51 a	0,48 b	0,93 b	22,15 b	2,99 b	10,41 a	1,69 c	64,47 a
82	1,13 b	0,58 a	0,67 c	21,30 b	3,66 a	4,37 c	0,91 d	61,85 a
83	1,07 b	0,49 a	0,53 c	26,20 a	4,05 a	3,33 c	0,72 e	57,74 a
84	1,45 a	0,31 b	0,97 b	24,20 a	3,64 a	4,50 c	1,03 d	51,78 b
85	1,10 b	0,44 b	0,66 c	24,50 a	3,35 b	7,62 a	1,40 c	67,73 a
86	1,32 a	0,50 a	0,72 c	25,55 a	3,83 a	3,95 c	0,99 d	57,06 a
87	1,18 b	0,31 b	0,93 b	25,10 a	3,21 b	12,00 a	2,61 a	74,95 a
88	1,77 a	0,47 b	1,89 a	27,45 a	3,77 a	8,79 a	2,72 a	59,23 a
89	1,43 a	0,43 b	1,13 b	21,35 b	2,87 b	5,50 b	1,08 d	49,00 b
90	1,24 a	0,47 b	0,78 b	18,25 b	3,37 b	10,00 a	1,40 c	63,77 a
91	1,41 a	0,62 a	0,79 b	27,65 a	3,48 b	2,83 c	0,92 d	53,81 b
92	1,11 b	0,24 b	0,56 c	19,55 b	3,48 b	3,37 c	0,79 e	58,44 a
93	1,79 a	0,39 b	0,83 b	23,95 a	3,45 b	3,37 c	1,22 d	59,10 a
94	1,10 b	0,52 a	0,59 c	22,45 b	3,23 b	6,25 b	1,07 d	64,20 a
95	1,39 a	0,57 a	0,72 c	24,30 a	3,59 a	3,66 c	0,80 e	52,40 b
96	1,19 b	0,41 b	1,05 b	26,70 a	3,80 a	6,28 b	1,79 c	61,82 a
97	1,58 a	0,51 a	1,03 b	26,05 a	3,61 a	7,00 b	1,60 c	60,76 a
98	1,51 a	0,59 a	0,99 b	26,30 a	3,59 a	6,00 b	1,73 c	63,60 a
99	1,43 a	0,29 b	0,79 b	22,05 b	3,96 a	4,16 c	1,18 d	59,45 a
100	1,59 a	0,55 a	1,00 b	18,90 b	3,21 b	3,25 c	0,48 e	31,42 c
Média	**1,23**	**0,48**	**0,68**	**22,50**	**3,41**	**6,5**	**1,09**	**61,16**

Médias seguidas pela mesma letra, não diferem pelo teste de Scott–Knott, (P<0,05)**.**

Para ALTP, constatou-se uma altura média de 1,23 m, com 50% dos clones avaliados apresentando altura superior à média geral. Destaque para os clones 93, 88, 10, 100, 51, 15, 97, 21, 98, 81, 31 e 20, que apresentaram altura superior a 1,5 m. Não existem relatos de qual seria o tamanho ideal das plantas de mandioca, entretanto, plantas mais altas são preferidas, pois favorecem a realização dos tratos culturais e a colheita.

ALTR apresentou média de 0,48 m, com 47% dos clones com altura superior à média, sendo a maior altura de 0,85 m (clone 64) e a menor de 0,20 m. A altura da primeira ramificação é uma característica que contribui sobremaneira para uma maior facilidade na realização do manejo da cultura. De acordo com Vidigal Filho et al. (2000), esta característica é importante na aplicação de tratos culturais e na colheita. As cultivares preferidas pelos produtores são aquelas cuja arquitetura se expressa em maior altura da primeira ramificação e que, conseqüentemente, permitem maior facilidade na prática da colheita, sobretudo em áreas de exploração mecanizada da cultura. Plantas que ramificam muito próximo ao solo dificultam, por exemplo, a capina, uma das principais operações realizadas durante o ciclo da cultura.

PTPA é uma característica muito importante na mandiocultura. Ele representa a quantidade de matéria verde produzida pela planta, podendo ser utilizada na alimentação animal e também para a obtenção de manivas, visando o plantio na safra seguinte. Os clones avaliados apresentaram, em média, um peso total da parte aérea por planta de 0,68 kg, com 41% dos clones com produções superiores a esta. O clone 88 apresentou o maior peso total da parte aérea, com cerca de 1,89 kg.planta^{-1}, que corresponde a mais de 30 t.ha^{-1}.

CORA e DIAR são importantes componentes da produção. Entretanto, vale ressaltar que plantas com raízes muito compridas e com diâmetro elevado podem ser indicativo de plantas com mais de um ciclo. Isto pode ocasionar perdas significativas da qualidade culinária das raízes, sendo indesejáveis para

genótipos de mesa, mas desejáveis para uso industrial, desde que não comprometam a colheita das raízes. O comprimento médio apresentado pelas raízes foi de 22,5 cm, com 46% dos clones avaliados, com comprimento superior a média.

Com relação ao diâmetro, a média geral foi de 3,45 cm. Dos clones avaliados, 43% apresentaram diâmetro superior à média. Apenas o clone 62 apresentou diâmetro superior a 5 cm.

Quanto ao número de raízes por planta, não há na literatura, trabalhos que definam qual é o número ótimo. Contudo, Cury (1998) constatou média de 6,7 raízes por planta, avaliando etnovariedades de diferentes regiões do Brasil. A média do número de raízes foi de 6,7, com 52% dos clones superando esse valor Os clones 87, 81, 38, 90, 64, 2, 88, 49, 12, 54, 69 e 85 foram superiores aos demais, com o número de raízes por planta variando de 8,5 a 12 raízes.

PRAP é a principal característica de interesse econômico da mandioca. Considerando uma densidade de 16.660 plantas por hectare, considera-se uma produção satisfatória 1,8 kg.planta^{-1}, que resulta em uma produtividade de 30 t.ha^{-1}.

A produção de raízes é um caráter quantitativo e muito influenciado pela época de plantio e condições ambientais, o que dificulta a comparação dos resultados obtidos entre os pesquisadores (Silva et al., 2002).

Os clones mais produtivos foram 88 e 87, que apresentaram produções por planta de 2,72 e 2,61kg, respectivamente. Nas condições experimentais a que os clones foram submetidos, estas produções equivalem a produtividade de 45 e 43,8 t.ha^{-1}. Destaca-se que essas produtividades foram obtidas em plantas com dez meses de idade. Os clones 8 e 80 apresentaram produções de 2,15 e 2,08 kg.planta^{-1}, com produtividade média superior a 30 t.ha^{-1}. Produção inferior a 1,2 kg.planta^{-1} é considerada baixa.

O índice de colheita representa a relação entre o peso das raízes e o peso total da planta. De acordo com Peixoto et al. (2005), este índice é considerado satisfatório quando acima de 50%. Silva et al. (2002) relata que, nem sempre, variedades com melhores índices de colheita apresentam maiores produções de raízes.

O índice de colheita médio obtido no experimento foi de 61,16%, valor superior ao índice considerado como satisfatório (50%). Dos clones avaliados, 88% apresentaram índice de colheita superior a 50%. Contudo, concordando com Silva et al. (2002), foram encontrados clones com baixa produção de raízes e com índice de colheita elevado. Como exemplo, tem-se o clone 22, que apresentou produção de raízes de 0,62 kg.planta^{-1}, considerada baixa e um índice de colheita de 71,39%, considerado alto.

Na Tabela 3 são apresentados os coeficientes de correlação genotípica entre as oito variáveis.

TABELA 3 Coeficiente de correlação genotípica entre oito variáveis de 100 clones de mandioca. UFLA, Lavras, MG, 2007.

	ALTP	**ALTR**	**PTPA**	**CORA**	**DIAR**	**NURA**	**PRAP**	**INDC**
ALTP	1	0,362	0,717	0,256	0,187	-0,040	0,218	-0,306
ALTR	-	1	0,030	0,134	-0,058	0,230	0,017	0,065
PTPA	-	-	1	0,390	0,312	0,108	0,549	-0,289
CORA	-	-	-	1	0,348	-0,054	0,504	0,224
DIAR	-	-	-	-	1	-0,422	0,125	-0,189
NURA	-	-	-	-	-	1	0,680	0,703
PRAP	-	-	-	-	-	-	1	0,618
INDC	-	-	-	-	-	-	-	1

Neste trabalho serão discutidas apenas as correlações de maior magnitude e interesse, sendo estes valores obtidos entre as seguintes variáveis:

altura de planta e peso total da parte aérea, produção de raízes por planta e peso total da parte aérea, produção de raízes por planta e comprimento de raízes, produção de raízes por planta e número de raízes e produção de raízes por planta e índice de colheita.

Os clones que apresentaram maior altura de planta, também apresentaram um maior peso total da parte aérea, o que já era esperado. Resultados semelhantes foram encontrados por Gonçalves-Vidigal et al. (1997) que verificaram correlações genotípicas positivas e significativas entre a altura da planta e a produção total da parte aérea.

No que concerne ao peso total da parte aérea e a produção de raízes por planta, verificou-se uma correlação positiva (0,549). Cury (1998) e Valle (1990), constataram correlações genotípicas de 0,66 e 0,75 entre produção de raízes e parte aérea, sugerindo que o descarte inicial de baixa intensidade, baseado na parte aérea, pode ser usado. Já Peixoto et al. (2005) observaram correlação negativa entre os caracteres e atribuem este comportamento a um desequilíbrio na relação fonte/dreno.

A correlação entre o comprimento de raízes e a produção de raízes foi de valor positivo (0,504). Vale ressaltar, entretanto, que raízes com tamanho elevado podem indicar um maior número de ciclos vegetativos e também dificultar a colheita.

O número de raízes apresentou correlação de elevada magnitude com a produção total de raízes (0,680) e com o índice de colheita (0,703). É importante observar que número de raízes correlaciona-se negativamente com comprimento e diâmetro de raiz (-0,42). Correlações positivas entre o número de raízes e a produção de raízes também foram observadas por Cury (1998) e por Silva et al. (2002), que constataram uma correlação de 0,75 e de 0,47, entre essas variáveis.

Com relação à produção de raízes e o índice de colheita, observou-se uma correlação positiva (0,618). Por representar a relação entre o peso de raízes

e peso total da planta, é de se esperar que um aumento na produção de raízes ocasione um aumento no índice de colheita. Cury (1998) e Fukuda et al. (1998) relatam esse mesmo comportamento. Contudo, Silva et al. (2002) relatam que plantas de baixa produtividade podem também apresentar índices de colheita baixos.

Na Tabela 4, é apresentado o desdobramento, por análise de trilha, dos coeficientes de correlação genotípica das características agronômicas primárias comprimento de raiz, diâmetro de raiz e número de raiz sobre a variável básica, peso total de raízes por planta.

TABELA 4 Estimativas dos efeitos diretos e indiretos das variáveis primárias: comprimento de raiz (CORA), diâmetro de raiz (DIAR) e número de raiz (NURA) sobre a variável básica produção de raízes por planta (PRPA). UFLA, Lavras, MG, 2007.

Caráter	Efeito	Estimativa
CORA		
	Direto sobre PRAP	0,432
	Indireto via DIAR	0,114
	Indireto via NURA	-0,042
	Total	0,504
DIAR	Direto sobre PRAP	0,329
	Indireto via CORA	0,150
	Indireto via NURA	-0,354
	Total	0,125
NURA	Direto sobre PRAP	0,840
	Indireto via CORA	-0,021
	Indireto via DIAR	-0,139
	Total	0,679

Os efeitos diretos das três variáveis primárias sobre a variável básica foram positivos, tendo, na variável número de raízes, este efeito sido de elevada magnitude. Assim, em um processo de seleção indireta para a produção de raízes, este caráter deve ser considerado. De acordo com Carvalho et al. (2002),

a identificação de possíveis critérios de seleção indireta para a produção pode ser assim realizada: as características mais desejáveis são as que se correlacionam positivamente com a variável básica e que apresentam efeitos diretos positivos e altos sobre esta característica; as características com efeitos diretos positivos moderados podem também servir como critério de seleção e as características devem ter, preferencialmente, efeitos indiretos negativos mínimos sobre a variável básica. Nota-se que o caráter número de raízes por planta atende a estes pressupostos, o que sugere sua utilização como caráter auxiliar na seleção para produção de raízes.

Os efeitos diretos e indiretos das características secundárias sobre a produção de raízes são apresentados na Tabela 5.

TABELA 5 Estimativas dos efeitos diretos e indiretos das características secundárias: altura de planta e peso total da parte aérea, na cultura da mandioca. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Descrição dos efeitos	Componentes primários			PRAP
	CORA	DIAR	NURA	
Efeito direto secundário de ALTP	-0,020	-0,025	-0,202	-0,362
Efeito indireto via PTPA	0,131	0,080	0,168	0,579
Total	0,110	0,061	-0,033	0,217
Efeito direto secundário de PTPA	0,183	0,120	0,235	0,805

auxiliar não é o principal determinante das alterações na variável básica, existindo outros que poderão proporcionar maior ganho de seleção. Vencovsky & Barriga (1992) sugerem que, nestas situações, os fatores causais indiretos sejam considerados simultaneamente no processo de seleção. Neste contexto, a seleção indireta pode ser realizada via peso da parte aérea.

Devido ao fato de a correlação entre altura de planta e número de raízes ser próxima de zero, esta não explica a variação ocorrida neste componente primário.

Já a variável peso da parte aérea apresentou efeito direto positivo sobre os componentes primários de magnitude moderada, podendo ser considerada como critério auxiliar na seleção dessas características.

Na análise dos componentes secundários, a característica que apresentou maior efeito direto sobre o peso de raízes por planta foi o peso total de parte aérea. Os indícios apontam ser esta a característica que mais reflete o potencial produtivo dos genótipos. Vários relatos na literatura apontam para uma correlação de elevada magnitude entre essas variáveis (Cury, 1993; Gonçalves-Vidigal et al., 1997; Valle, 1990). Por conseguinte, em populações segregantes oriundas do cruzamento dos genótipos avaliados, esse caráter pode ser útil em resposta correlacionada, por meio de seleção indireta.

CONCLUSÕES

Dentre os clones avaliados, existem genótipos que podem ser utilizados em programas de melhoramento, com grande potencial para o desenvolvimento de cultivares comerciais.

O número de raízes por planta e o peso total da parte aérea podem ser utilizados como critérios auxiliares na seleção de clones mais produtivos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARAVALHO, 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**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 311-320, mar. 2002.

CARVALHO, C. G. P.; OLIVEIRA, V. R.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D. Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 34, n. 4, p. 603-613, abr. 1999.

CHOCHRAN, W. G.; COX, M. **Experimental designs.** 2. ed. New York: John Wiley, 1957. 616 p.

COIMBRA, J. L. M.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; GUIDOLIN, A. F.; SOARES, A. P. Conseqüências da multicolinearidade sobre análise de trilha em canola. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 35, n. 2, p. 347-352, mar./abr. 2005.

CRUZ, C. D. **Aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa, 2001. 585 p.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV. Imprensa Universitária, 1997. 390 p.

CURY, R. **Distribuição da Diversidade genética e Correlações de caracteres em etnovariedades de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) provenientes da agricultura tradicional do Brasil.** Piracicaba, 1998. 163 p. tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

EL-SHARKAWY, M. A. International research on cassava photosynthesis, productivity, eco-physiology, and responses to environmental stresses in the tropics. **Photosynthetica**, Praque, v. 44, n. 4, p. 481-512, 2006

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz).** Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMF, 1998. 38 p. (EMBRAPA – CNPMF. Documento, 78).

FUKUDA, W. M. G. , SILVA, S. O. E. Melhoramento de mandioca no Brasil. In: Cereda, M. P. (Ed.). **Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargil, 2002. p. 242-257.

FUKUDA, W. M. G.; SILVA, S. S. DE O.; PORTO, M. C. M. **Caracterização e avaliação de germoplasma de mandioca (Manihot *esculenta* Crantz).** Cruz das Almas, BA: EMBRAPA-CNPMF, 1997. 161 p. (Catálogo).

FURTADO, M. R.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A.; COELHO, A. D. F.; PETERNELLI, L. A. Análise de trilha do rendimento do feijoeiro e seus componentes primários em monocultivo e em consórcio com a cultura do milho. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 217-220, abr./jun. 2002.

GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL–FILHO, P. S.; PEQUENO, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; BRACCINI, A. DE L. Análise de parâmetros genéticos e correlações simples e canônicas entre características morfoagronomicas e da qualidade das raízes em cultivares de mandioca adaptadas ao noroeste paranaense. **Revista Brasileira de Mandioca,** Cruz das Almas, v. 3, n. 1, p. 41-48, 1997.

MARCHEZAN, E. MARTIN, T. N. SANTOS, F. M.; CAMARGO, E. R. Análise de coeficiente de trilha para os componentes de produção em arroz. **Ciência Rural,** Santa Maria, v. 35, n. 5, p. 1027-1033, set./out. 2005.

OTSUBO, A. A.; LORENZI, J. O. **Cultivo da mandioca na Região Centro – Sul do Brasil.** Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 116 p.

PEIXOTO, J. R.; BERNARDES, S. R.; SANTOS, C. M. DOS; BONNAS, D. S.; FIALHO, J. DE F.; OLIVEIRA, J. A. DE. Desempenho agronômico de variedades de mandioca mansa em Uberlândia – MG. **Revista Brasileira de Mandioca,** Cruz das Almas, v. 18, n. 1, p. 19-24, 2005.

SANTOS, R. C. DOS; CARVALHO, L. P. DE; SANTOS, V. F. DOS. Análise de coeficiente trilha para os componentes de produção em amendoim. **Ciência e Agrotecnologia,** Lavras, v. 24, n. 1, p. 13-16, jan./mar. 2000.

SHAAL, B.; OLSON, P.; PRINZE, T.; CARVALHO, J. C. B.; TONUKARI, N. J. HAYWOUTH, D. Phylogenetic analysis of the Genus Manihot based on Molecular Markers. In: **The cassava biotechnology Network.** Borgon, Indonesia, August, 1994. Proceedings of the second international scientific meeting.

SEVERINO, L. S.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A.; MIRANDA, G. V. M.; ZAMBOLIM, L. BARROS, U. V. Associação da produtividade com outras características agronômicas de café (*Coffea arabica* L. "Catimor") **Acta Scientiarum,** Maringá, v. 24, n. 5, p. 1467-1471, Oct. 2002.

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

VALLE, T. L. **Cruzamentos dialélicos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz).** 1990. 180 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, São Paulo.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. São Paulo: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 466 p.

VIDIGAL – FILHO, P. S.; PEQUENO, M. G.; SCAPIM, C. A.; VIDIGAL, M. C. G. V.; 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.

CAPÍTULO 2

DETERMINAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CLONES DE MANDIOCA POR MEIO DE CARACTERES MULTICATEGÓRICOS

(Preparado de acordo com as normas da Revista Ciência Rural)

RESUMO

A mandioca, *Manihot esculenta* Crantz, caracteriza-se por ser altamente heterozigota, com F_1 segregante e uma variabilidade acentuada de caracteres morfológicos. O objetivo do trabalho foi caracterizar morfologicamente e determinar a divergência genética entre cem clones de mandioca, por meio de variáveis multicategóricas. O experimento foi conduzido no campo experimental da UFLA, em látice 10 x 10 com duas repetições e quatro plantas por parcela. Vinte e dois descritores foram considerados: cor da folha apical, pubescência do broto apical, forma do lóbulo central, cor do pecíolo, cor do córtex do caule, cor externa do caule, cor externa da raiz, cor do córtex da raiz, cor da polpa da raiz, textura da epiderme da raiz, cor da folha desenvolvida, hábito de crescimento do caule, níveis de ramificação, constrição da raiz, cor da nervura, posição do pecíolo, proeminência das cicatrizes foliares, hábito de ramificação, sinuosidade do lóbulo foliar, tipo de planta e forma da raiz. As distâncias entre os clones foram obtidas pelo complemento do índice de coincidência entre os clones. Foram realizados agrupamentos pelo método hierárquico do vizinho mais próximo, com a formação de cinco grupos; pelo método de otimização de Tocher, com a formação de 27 grupos e pela projeção das distâncias no plano. Pela distribuição de freqüência dos caracteres, constatou-se a ocorrência de grande variabilidade entre os caracteres estudados.

Palavras–chave: *Manihot esculenta* Crantz, caracteres morfológicos, variáveis qualitativas.

GENETIC DIVERGENCE DETERMINATION AMONG CASSAVA CLONES THROUGH MULTICATEGORIC VARIABLES.

ABSTRACT

Cassava, *Manihot esculenta* Crantz, is considered a highly heterozygous species, with F_1 segregation and an accentuated variability of morphologic characters. In this paper, the objective was to study the genetic divergence among cassava clones, based on 22 multicategoric variables. The experiment was carried out at the Federal University of Lavras, Lavras, MG, in square lattice (10 x 10), with two replications, testing 100 clones at four plants per plot. Twenty-two multicategoric variables were considered: apex leaf colour; apical pubescence; shape central lobe; petiole colour; stem cortex colour; stem external colour; root external colour; cortex the root colour; pulp the root colour; texture the root epidermis; mature leaf colour; stem growth habit; ramification degree; root constriction; rib color; petiole position; protuberance of leaves scars; branching habit; lobe foliate sinuosity; plant type; root forms. The distances among the clones were obtained by the complement of the coincidence index. The data were analyzed according to Tocher method, with the formation of 27 groups, hierarchic method of Single Linkage, with the formation of five groups, and projection of the distances in the plan. The multicategoric characters were efficient in the determination of the diversity among cassava clones.

Key words: *Manihot esculenta* Crantz, morphologic traits, qualitative variables.

INTRODUÇÃO

A mandioca, *Manihot esculenta* Crantz, caracteriza-se por ser altamente heterozigota, com a geração F_1 segregante, possuir elevada plasticidade fenotípica e por apresentar uma variabilidade acentuada de caracteres morfológicos relacionados a raízes e parte aérea, o que evidencia a presença de uma grande diversidade genotípica. Geralmente, esses caracteres apresentam um número elevado de classes fenotípicas, sendo denominados multicategóricos.

De acordo com Bretting & Widrlechener (1995), caracteres morfológicos são os marcadores genéticos mais antigos que ainda continuam sendo amplamente utilizados, pois são de fácil avaliação e de baixo custo de análise. O uso desses marcadores facilita a identificação e a diferenciação dos acessos no campo, por possuírem, geralmente, elevada herdabilidade e se expressarem nos diversos tipos de ambientes (Fukuda & Guevara, 1998).

Caracteres relacionados à morfologia das plantas vêm sendo empregados para a determinação da diversidade entre acessos de várias culturas. Isso porque a determinação dessa variabilidade é de grande importância para o melhoramento de plantas, por fornecer informações sobre genitores com potencial para serem utilizados em hibridações e por permitirem a identificação de duplicatas nas coleções de germoplasma (Coimbra et al., 2001).

Esses caracteres, geralmente, são de natureza qualitativa multicategórica ou qualitativa binária. Caracteres multicategóricos estão relacionados à morfologia e aos aspectos estruturais das plantas, como,por exemplo, cita-se a cor da polpa da raiz da mandioca. São descritas as seguintes categorias para o caráter: (1) branca, (2) creme, (3) amarela e (4) rosada. Caracteres qualitativos binários referem-se à ausência ou à presença de determinada característica.

O uso de caracteres multicategóricos, com presença de mais de duas classes por variável, tem sido preferido na caracterização morfológica e na

determinação da divergência, tendo em vista que a transformação desses dados em binários incorre em perda de informação, acarretando menor precisão na determinação da dissimilaridade entre os acessos (Cruz & Carneiro, 2003).

Tem-se intensificado a utilização de caracteres qualitativos para a determinação da divergência. Em culturas como taro, quiabo, milho, alho, trigo e pimentão, estudos relacionados ao uso de dados dessa natureza já foram realizados por diversos autores (Bulaty et al., 2001; Carvalho et al., 2001; Coimbra et al., 2001; Martinello et al., 2002; Pereira et al., 2003; Sudré et al., 2006).

Para a cultura da mandioca, a utilização desses caracteres na determinação da diversidade representa, quando comparada àquela realizada a partir de variáveis quantitativas, uma maior precocidade na predição de quais são as melhores combinações híbridas possíveis. Segundo Fukuda & Guevara (1998), as avaliações de caracteres quantitativos devem ser realizadas em diversos anos e locais, para evitar a influência ambiental nesse tipo de caráter, resultando em um maior tempo para a determinação precisa da diversidade.

Ao contrário, caracteres morfológicos qualitativos possibilitam uma redução no tempo de obtenção de novas cultivares, pois estas podem ser avaliadas entre o 8º e o 10° mês de cultivo, com a vantagem de serem pouco influenciadas pelo ambiente. Contudo, Silva et al. (2002) sugerem que, o fato de características morfológicas possuírem controle monogênico ou oligogênico pode levar a conclusões errôneas a respeito da diversidade entre acessos, quando utilizados isoladamente.

Em mandioca, as características morfológicas qualitativas para a identificação de germoplasma e a determinação da diversidade foram utilizadas por Cardoso (2001) e por Vieira et al. (2005a) demonstrando um bom nível de variabilidade entre os acessos, para as características avaliadas.

Tendo em vista a possibilidade da diminuição no tempo gasto para a seleção de novas cultivares e a maior facilidade de avaliação dos caracteres morfológicos, o trabalho em questão teve como objetivo caracterizar

Avaliações morfológicas foram realizadas do 8º ao 10º mês, tendo os descritores sido divididos em mínimos, principais e secundários, conforme metodologia proposta por Fukuda & Guevara (1998), pela qual a cada fenótipo é atribuída uma nota previamente estabelecida.

Os seguintes caracteres foram avaliados:

Descritores mínimos - cor da folha apical (1:verde claro, 2:verde escuro, 3:verde arroxeado e 4:roxo); pubescência do broto apical (0:ausente e 1:presente); forma do lóbulo central (1:ovóide, 2:elíptica lanceolada, 3:obovada lanceolada, 4:oblonga lanceolada, 5:lanceolada, 6:reta ou linear, 7:pandurada, 8:linear piramidal, 9:linear pandurada e 10:linear hostatilobada); cor do pecíolo (1:verde-amarelado, 2:verde, 3:verde-avermelhado, 5:vermelho-esverdeado, 7:vermelho, 9:roxo); cor do córtex do caule (1: amarelo, 2:verde-claro, 3:verde-escuro); cor externa do caule (3:laranja, 4:verde-amarelado, 5:dourado, 6: marrom-claro, 7:prateado, 8:cinza, 9:marrom-escuro); presença de pedúnculo nas raízes (0:séssil, 3:pedunculada e 5:mixto); cor externa da raiz (1:branco ou creme, 2:amarelo, 3:marrom-claro e 4:marrom-escuro); cor do córtex da raiz (1:branco ou creme, 2:amarelo, 3:rosado e 4:roxo); cor da polpa da raiz (1:branca, 2:creme, 3:amarela e 4:rosada) ; textura da epiderme da raiz (3:lisa e 7:rugosa).

Descritores principais - cor da folha desenvolvida (3:verde-claro, 5:verde-escuro, 7:verde-arroxeado e 9:roxo); hábito de crescimento do caule (1:reto, 2:Zig - zag); níveis de ramificação (1:poucas ou nenhuma, 2:médias e 3:muitas); constrição da raiz (1:poucas ou nenhuma, 2:médias e 3:muitas).

Descritores secundários - cor da nervura (3:verde, 5:verde com vermelho em menos da metade do lóbulo, 7:verde com vermelho em mais da metade do lóbulo e 9:toda vermelha); posição do pecíolo (1:inclinado para cima, 3:horizontal, 5:inclinado para baixo e 7:irregular); proeminência das cicatrizes foliares (3:sem proeminência e 5:proeminente); hábito de ramificação (1:ereto,

2:dicotômico, 3:tricotômico e 4:tetracotômico); sinuosidade do lóbulo foliar (3:liso e 7:sinuoso); tipo de planta (1:compacta, 2:aberta, 3:guarda sol e 4:cilíndrica); forma da raiz (1:cônica, 2:cônica-cilíndrica, 3:cilíndrica e 4:irregular).

Os dados foram obtidos a partir da nota dada a cada clone com relação ao descritor analisado e utilizados na estimativa da similaridade genética (SG)=($d_{ii'}$) entre todos os pares de acessos, por meio do índice de coincidência simples. Este índice leva em consideração a ocorrência de concordância e discordância entre os valores.

Em que:

$$d_{ii'} = \frac{C}{C + D}$$

sendo:

C – concordância de categoria

D – Discordância de categoria

A matriz de similaridade foi transformada em uma matriz de dissimilaridade genética (DG) a partir do complemento da matriz de similaridade estimada (DG = 1 - SG).

Posteriormente, com base na matriz de dissimilaridade genética, os clones foram agrupados pelo método de otimização de Tocher. Isso permitiu o estabelecimento de grupos, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos, adotando-se o critério que as distâncias intragrupos sejam menores que as distâncias intergrupos. Também foram utilizados o método hierárquico do vizinho mais próximo e as projeções das distâncias no plano e realizaram-se as distribuições de freqüência de cada variável estudada. Todas as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2001), versão 2004.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os caracteres morfológicos avaliados, alguns relacionados à raiz são de grande importância para o melhoramento, dentre quais destacam-se: i) cor da polpa da raiz, ii) constrições nas raízes; iii) cor do córtex da raiz e iv) textura da epiderme da raiz.

Em relação a esses caracteres, os clones apresentaram os seguintes padrões: 56% dos acessos apresentaram a cor da polpa branca e 37% creme; 99% dos acessos avaliados apresentaram poucas ou nenhuma constrição nas raízes. Com relação à cor do córtex, 73% dos acessos avaliados apresentaram córtex branco ou creme e 90% apresentaram textura da epiderme rugosa.

Silva et al. (2002) constataram, em avaliação da coleção de germoplasma, que 50% dos acessos avaliados apresentaram cor da polpa branca e 30% creme, que 45% dos acessos apresentaram cor córtex branca ou creme e que 83% apresentaram raízes rugosas. De acordo com esses mesmos autores, a cor do córtex, assim como a cor da polpa, deverá ser levada em consideração nos programas de melhoramento, pois a preferência dos consumidores é fundamental no estabelecimento dos cultivares.

Os caracteres fenotípicos avaliados, suas classes e a freqüência dos acessos em cada uma das classes são apresentados na Tabela 1.

Uma vez que todos os caracteres avaliados apresentaram variabilidade, pode-se dizer que estes clones representam fonte de germoplasma para programas de melhoramento genético.

TABELA 1. Caracteres avaliados, classes fenotípicas e freqüência de 22 variáveis multicategóricas. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Caráter	Classe fenotípica	Freqüência dos acessos (%)
Cor da folha apical	Verde-claro	5
	Verde-escuro	2
	Verde-arroxeado	53
	Roxo	40
Pubescência do broto apical	Ausente	44
	Presente	56
Forma do lóbulo central	Elíptica-lanceolada	22
	Obovada-lanceolada	1
	Lanceolada	47
	Reta ou linear	27
	Pandurada	3
Cor do pecíolo	Verde-amarelado	8
	Verde	8
	Verde-avermelhado	16
	Vermelho-esverdeado	21
	Vermelho	39
	Roxo	8
Cor da nervura central	Verde	74
	Verde vermelho em menos da metade	17
	Verde com vermelho em mais da metade	8
	Vermelha	1
Posição do pecíolo	Inclinado para cima	23
	Horizontal	47
	Inclinado para baixo	9
	Irregular	21
Sinuosidade do lóbulo foliar	Liso	39
	Sinuoso	61
Cor do córtex do caule	Amarelo	14
	Verde-claro	32
	Verde-escuro	54
Cor externa do caule	Laranja	47
	Verde-amarelado	10
	Dourado	4
	Marrom-claro	14
	Prateado	12
	Cinza	5
	Marrom-escuro	8
Crescimento do caule	Reto	85
	Ziguezague	15
Número de ramificações	Uma	3
	Duas	80
	Três	17
Hábito de ramificações	Ereto	5
	Dicotômico	75
	Tricotômico	20
Tipo de planta	Aberta	7
	Guarda sol	28
	Cilíndrica	31
	Compacta	36

"...Tabela 1, cont..."

		"Tabela 1, continuação "
Proeminência da cicatriz foliar	Proeminente	48
	Não proeminente	52
Cor externa da raiz	Branco ou creme	19
	Amarelo	14
	Marrom-claro	55
	Marrom-escuro	12
Cor do córtex da raiz	Branco ou creme	73
	Amarelo	22
	Rosado	2
	Roxo	3
Cor da polpa da raiz	Branca	56
	Creme	37
	Amarela	7
Textura da epiderme da raiz	Lisa	10
	Rugosa	90
Constrições da raiz	Poucas ou nenhuma	99
	Médias	1
Forma da raiz	Cônica-cilíndrica	83
	Cilíndrica	17

Utilizando-se o método de Tocher, foram encontrados 27 grupos de clones, como pode ser visto na Tabela 2, juntamente com os números de clones de cada grupo e dissimilaridade média intragrupo.

Em cada grupo, os clones apresentaram uma distância genética média inferior a 0,36, o que permite inferir que a similaridade média de cada grupo foi superior a 0,64, demonstrando, assim, a formação de grupos bastante homogêneos (Tabela 2). De acordo com Vieira et al. (2005b), o estabelecimento de grupos com genótipos com homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos é o ponto de partida para uma avaliação mais minuciosa dos mesmos, a fim de realizar seu aproveitamento nos programas de melhoramento.

Destaca-se a formação de 3 grandes grupos, um com 21 clones e os outros com 12 clones cada um. Ressalta-se também a formação de 10 grupos com apenas 1 clone cada.

TABELA 2. Grupos de acessos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade genética, número de acessos em cada grupo e a dissimilaridade genética média dentro de cada grupo. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Grupos	Número de genótipos	Clones	Dissimilaridade média intragrupo
1	21	12, 14, 44, 40, 43, 37, 3, 73, 58, 20, 76, 51, 32, 83, 18, 93, 82, 11, 30, 6, 35.	0,33
2	12	29, 49, 9, 42, 55, 78, 87, 81, 38, 94, 89, 17.	0,30
3	6	97, 98, 2, 8, 61, 60.	0,29
4	12	10, 28, 53, 74, 59, 27, 41, 96, 24, 79, 7, 67.	0,34
5	7	54, 99, 15, 88, 91, 4, 23.	0,33
6	4	64 , 65, 69, 57.	0,31
7	4	71, 84,77, 63.	0,32
8	3	1, 95, 34.	0,33
9	4	16, 26, 21, 90.	0,34
10	3	62, 85, 75	0,30
11	2	31 e 48	0,31
12	2	33 e 46	0,31
13	2	39 e 47	0,31
14	2	56 e 86	0,31
15	2	22 e 52	0,36
16	2	36 e 45	0,36
17	2	72 e 92	.
18	1	70	.
19	1	100	.
20	1	83	.
21	1	68	.
22	1	80	.
23	1	5	.
24	1	13	.
25	1	19	.
26	1	25	.
27	1	66	.

Vieira et al. (2005b), através da caracterização morfológica de 356 acessos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Cerrados, particionaram, por meio do método de agrupamento de Tocher, os acessos avaliados em 34 grupos distintos, com formação de 6 grupos constituídos por apenas 1 acesso.

Esses autores sugerem que grupos formados por apenas um indivíduo apontam na direção de que tais indivíduos sejam mais divergentes em relação aos demais.

Com a utilização do método do vizinho mais próximo (Figura 1), não há a preocupação com um número ótimo de grupos, uma vez que o número de ramificações obtidas no diagrama é mais interessante. Neste método, por meio de um exame visual do dendrograma, avaliando-se os pontos de alta mudança de nível, delimita-se o número de indivíduos de determinado grupo (Cruz, 2001).

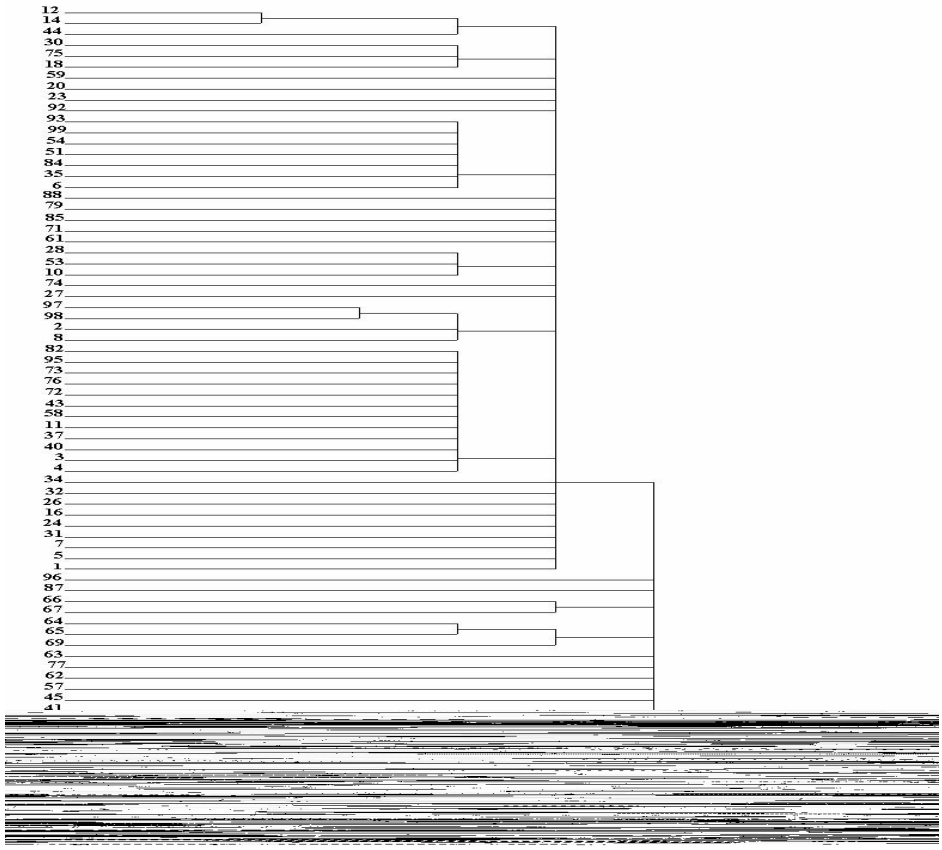

FIGURA 1 Dendrograma de dissimilaridade genética entre 100 clones de mandioca, com base na matriz de dissimilaridade com dados multicategóricos. No eixo x, encontram-se as distâncias relativas e no y, a identificação dos clones. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Considerando-se a proximidade dos clones entre si, verifica-se a formação de 5 grupos. O grupo I contém seis subgrupos. O subgrupo I(a) é constituído pelos clones 12, 14, e 44; o I(b) pelos clones: 30, 75, e 18; o I(c) pelos clones 93, 99, 54, 51, 84, 35, 6; o I(d) pelos 28, 53, e 10; o I(e) pelos clones 97, 98, 2 e 8 e I(f) clones 82, 95, 73, 76, 72, 43, 58, 11, 37, 40, 3 e 4.

O grupo II também apresentou subdivisões. O subgrupo II(a) é formado pelos clones 59, 20, 23 e 92; o II(b) pelos clones 88, 79, 85, 71 e 61; o II(c) pelos clones 74 e 27 e o II(d) pelos clones 34, 32, 26, 16, 24, 31, 7, 5 e 1.

O grupo III pode ser subdivido em quatro subgrupos, tendo os clones 96 e 87 formando o subgrupo III(a), e os clones 63, 77, 62, 57, 45, o subgrupo III(b). O subgrupo III(c) foi formado pelos clones 90, 33, 25, 83, 91, 21, 47 e 19 e o subgrupo III(d), com apenas dois representantes, os clones 22 e 50.

O grupo IV apresenta quatro subdivisões. O subgrupo IV(a) é formado pelos clones 66 e 67; o IV(b) pelos clones 64, 65, e 69; o IV(c) pelos clones 41 e 60 e o IV(d) pelos clones 29, 49, 78, 9, 68, 55, 38, 81, 94, 89, 42, e 17.

O grupo V foi o único que não apresentou a formação de subgrupos e foi formado pelos clones 100, 70, 56, 86, 52, 48, 46, 39, 36, 15,13 e 80.

Pode-se observar que alguns grupos e subgrupos formados apresentam os mesmos clones que os grupos formados quando se utilizou o método de Tocher, evidenciando a concordância e a consistência dos grupos formados.

Ressalta-se que 18 dos 21 componentes do grupo I, formado pelo método de Tocher, estão agrupados em um mesmo grupo, pelo método do vizinho mais próximo (VMP). Três clones pertencentes ao grupo IV por Tocher, clones 28, 53, 10, foram agrupados no mesmo subgrupo I(d), pelo método VMP. Este mesmo comportamento pode ser observado em relação ao subgrupo I(e), que alocou quatro dos seis clones formadores do grupo VI, pelo método de Tocher.

O grupo II, formado pelo método de otimização de Tocher, apresenta doze componentes. Dez desses componentes foram agrupados em um mesmo subgrupo IV(d), quando o método utilizado para a realização do agrupamento foi o VMP.

Com a projeção das distâncias no plano, dez grupos foram formados (Figura 2). Nota-se que ocorreu uma concordância em relação aos componentes de cada grupo com o método de Tocher. Entretanto, os clones agrupados do grupo 10 ao grupo 27, por Tocher, foram fundidos em um único grupo. Pode-se também observar a dispersão dos clones 100 e o 13 em relação aos demais, corroborando a hipótese sugerida por Vieira et al. (2005a) de que, quando ocorre formação de grupos com apenas um indivíduo, estes são mais divergentes em relação aos demais genótipos estudados.

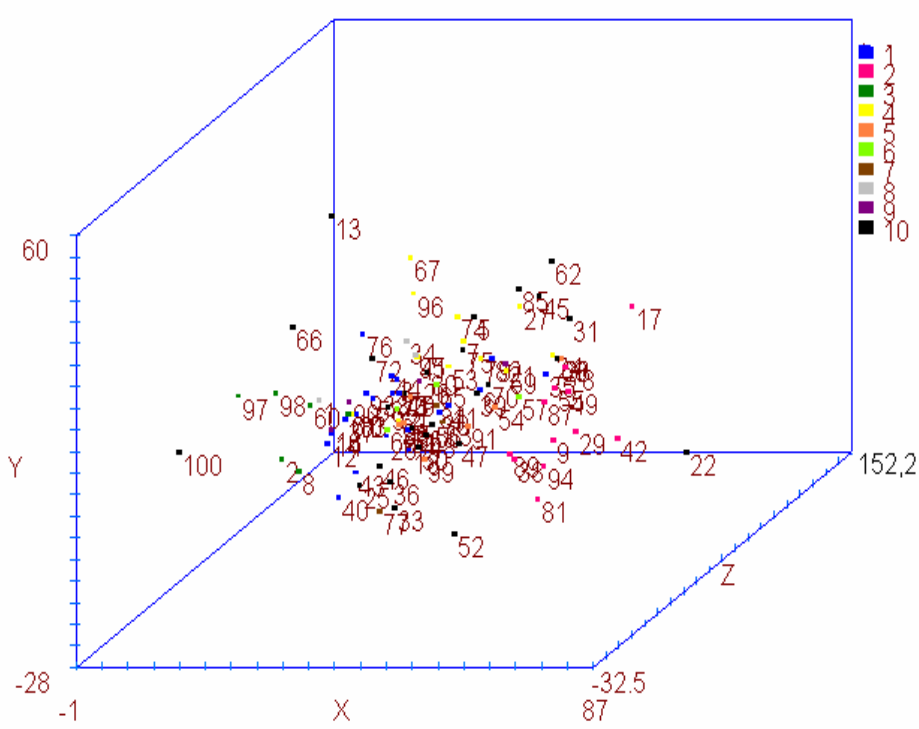

FIGURA 2 Projeções das distâncias no plano, considerando 100 clones de mandioca. Cada grupo está identificado com uma determinada cor e os clones que o compõem por um número. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Sudré et al. (2006) caracterizam a coleta de dados multicategóricos como sendo prática, econômica e com uma demanda menor de tempo, comparada a dados quantitativos e moleculares. Contudo, fazem uma ressalva de que cada um tem sua importância singular, sendo preferível que uma coleção de germoplasma seja amplamente estudada para que possa dar maior suporte aos programas de melhoramento.

CONCLUSÕES

O uso dos caracteres multicategóricos mostrou-se eficiente na determinação da diversidade entre clones de mandioca.

Existem diferenças entre os genótipos avaliados, demonstrando presença de variabilidade genética.

As características qualitativas avaliadas pelos diversos métodos de agrupamento foram capazes de diferenciar os clones avaliados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BRETTING, P. K.; WIDRLECHENER, M. P. Genetic markers and horticultural germplasm management. **HortScience**, Alexandria, v. 30, n. 7, p. 1349-1355, Dec. 1995.

BULATY, D.; PINTO, A. S. J.; CAMPOS, L. A. C.; VALENTE, M. G. Caracterização de germoplasma de trigo (*Trituicum astivum*). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE – SIRGEALC, 3., 2001, Londrina. **Anais...** Londrina, PR, 2001. p. 230-231.

CARDOSO, E. M. R. Caracterização morfológica do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca da Amazônia Oriental. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE - SIRGEALC, 3., 2001, Londrina. **Anais...** Londrina, PR, 2001. p. 243-245.

CARVALHO, S. I. C.; MOITA, A. W.; ARAGÃO, F. A.; LOPES, J. F. Divergência acessos do BAG de alho da Embrapa Hortaliças utilizando características reprodutivas. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE – SIRGEALC, 3., 2001, Londrina. **Anais...** Londrina, PR, 2001. p. 246-248.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CRUZ, C. D.; CARANEIRO, P. C. S.; SOUZA, L. V.; GUIMARÂES, L. J. M.; MARCASSO, R. C.; CANIATO, F. F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE - SIRGEALC,3., 2001, Londrina. **Anais...** Londrina, PR, 2001. p. 266-268.

CRUZ, C. D. **Aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa, 2001. 585 p.

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

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz).** Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMF, 1998. 38 p. (EMBRAPA – CNPMF. Documento, 78).

MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; JÙNIOR, A. T. A.; PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 1, p. 52-58, mar. 2001.

OTSUBO, A. A.; LORENZI, J. O. **Cultivo da mandioca na Região Centro – Sul do Brasil.** Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 116 p.

PEREIRA, F. H. F.; PUIATTI, M. , MIRANDA, G. V.; SILVA, D. J. H. da; FINGER, F. L. Divergência genética entre acessos de taro utilizando caracteres morfo-qualitativos de inflorescência. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 3, p. 520-524, set. 2003.

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

SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; JÚNIOR, A. T. A.; SILVA, D. J. H. DA; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 1, p. 88-93, jan./mar. 2006.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. DE F.; FALEIRO, F. G.; FUKUDA W. M. G.; JUNQUEIRA N. T. V. Caracterização morfológica do banco ativo de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005a, Campo Grande. **Anais....** Campo Grande, MS, 2005a. 1CD-ROM.

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, 11., 2005b, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande, MS, 2005b. 1CD-ROM.

CAPÍTULO 3

DETERMINAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CLONES DE MANDIOCA POR MEIO DE CARACTERES AGRONÔMICOS

(Preparado de acordo com as normas da Revista Bragantia)

RESUMO

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a divergência genética entre cem clones de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). Alguns destes são clones novos (84), obtidos por policruzamentos e (16) são clones recomendados para plantios comerciais. O experimento conduzido no campus experimental da Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, sob delineamento experimental látice 10x10, com parcelas constituídas de quatro plantas espaçadas de 1,0 x 0,6 m e duas repetições. Nove características agronômicas foram avaliadas. A divergência genética foi estimada a partir da determinação da distância generalizada de Mahalanobis, com posterior agrupamento pelo método de otimização de Tocher e dispersão gráfica das distâncias no plano, pela técnica das variáveis canônicas. Os clones 87 e 88 são os mais divergentes, sendo os mais indicados para o cruzamento com os demais, tendo em vista aliarem divergência genética a um bom desempenho produtivo.

Palavras–chave: ***Manihot esculenta*** Crantz, variáveis canônicas, técnicas multivariadas.

DETERMINATION OF GENETIC DIVERGENCE AMONG CASSAVA CLONES FROM AGRONOMIC CHARACTERS.

ABSTRACT

The objective of this work was to evaluate the genetic divergence among 100 clones of cassava and identify the most dissimilar, in order to establish directed crosses programs. The experiment was carried out at the Federal University of Lavras, Lavras, MG, Brazil, in square lattice (10 x 10), with two replications, testing 100 clones at four plants per plot. Nine agronomic characteristics were evaluated. Genetic divergence was evaluated by multivariate procedures: generalized Mahalanobis distance, the grouping optimization of Tocher and technique of canonical variables. The clones 87 and 88 were the most divergent and appropriate for crossing with others, because uniting genetic divergence and good productive performance.

Key–words: *Manihot esculenta* Crantz, canonical variables, multivariate method.

INTRODUÇÃO

A diversidade genética da mandioca é conseqüência da seleção natural, durante a evolução da espécie, na sua domesticação. Parte dela é mantida em bancos de germoplasma situados no Brasil e no exterior.

Os genótipos depositados nos bancos podem ser usados de forma direta, como variedades comerciais ou empregados em programas de melhoramento para que novas cultivares possam ser desenvolvidas. Entretanto, a manutenção da variabilidade genotípica seria pouco útil se os acessos que a compõem não fossem devidademente caracterizados e avaliados (Fukuda et al., 2005).

A caracterização dos acessos possibilita a identificação das potencialidades e aptidões de cada um, permitindo que os melhoristas possam selecionar aqueles que atendam às necessidades dos programas de melhoramento da cultura a partir do conhecimento da diversidade entre os genótipos (Araújo et al., 2002).

O estudo e a análise da diversidade genética destinam-se à identificação de genitores que, quando cruzados, proporcionem, em suas gerações segregantes, o aparecimento de transgressivos e a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico (Cruz et al., 1994).

A diversidade genética pode ser estimada de duas maneiras. A primeira é de natureza quantitativa e envolve análises dialélicas. A segunda é realizada a partir da utilização de métodos preditivos, com base em diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que expresse o grau de diversidade genética no conjunto de acessos estudados (Cruz & Carneiro, 2003).

As medidas de dissimilaridade são utilizadas na aplicação da estatística multivariada, para a determinação da divergência entre os indivíduos.

Por se tratar de uma análise que permite a integração das múltiplas informações de um conjunto de caracteres, a estatística multivariada tem sido amplamente utilizada em várias culturas de interesse econômico (Karasawa et al., 2005; Oliveira et al., 2006 e Vidigal et al., 1997), pois permite uma maior oportunidade de seleção de genitores divergentes em programas de melhoramento e dos descritores a serem utilizados na sua caracterização.

A escolha de qual método multivariado aplicar depende da precisão desejada, da facilidade da análise e da forma como os dados foram obtidos.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre 100 clones de mandioca, entre variedades melhoradas e locais, por meio de caracteres agronômicos, buscando a identificação dos mais dissimilares, para que se possam estabelecer programas de cruzamentos dirigidos.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Lavras, em Lavras, Minas Gerais, em Latossolo Vermelho distroférrico, a 900m de altitude, 21º14'30" de latitude Sul e 45º00'10" de longitude Oeste. O clima do município é classificado como mesotérmico (Köppen), com temperaturas médias anuais de 19,3ºC, precipitação média de 1.411mm, com 65% a 70% desse total, concentrado nos meses de dezembro a março.

Foram utilizados 100 clones de mandioca, dos quais, 84 são clones novos provenientes de campos de policruzamentos realizados na Universidade Federal de Lavras, e 16 são clones comerciais. As manivas, com 15 a 20 cm de comprimento e diâmetro de 2,5 cm aproximadamente, com 5 a 7 gemas, foram plantadas em sulco, a 10 cm de profundidade. O plantio foi realizado em setembro de 2005 e a colheita realizada em agosto de 2006.

O experimento foi delineado em látice 10 x 10, com duas repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de 1 linha de 4 plantas espaçadas de 1,0 x 0,6 m, com área útil de 2,4 m^2.

Para a realização das análises, foram utilizados dados de nove variáveis quantitativas. Cinco dessas variáveis são relacionadas à parte aérea: a) comprimento do lóbulo foliar – média dos comprimentos tomados aleatoriamente na parcela a partir do ponto de inserção do lóbulo central, em cm; b) largura do lóbulo foliar – média das larguras de lóbulos centrais (parte mais larga) tomados ao acaso na parcela, em cm; c) altura da planta – média das alturas das plantas da parcela, em m; d) altura da primeira ramificação – média das alturas da base à primeira ramificação das plantas da parcela, em cm e e) peso total da parte aérea - peso da parte aérea mais o peso da cepa das plantas da parcela em kg. Quatro variavéis são relacionadas à produção de raízes: a) comprimento de raízes – comprimento médio das raízes de reserva da parcela, obtido no momento da colheita, em cm, b) diâmetro de raiz - média dos diâmetros das raízes da parcela, tomadas na parte central das mesmas, em cm; c) número de raízes por planta - número médio de raízes da parcela no momento da colheita; d) peso de raízes por planta – média do peso do número total de raízes da parcela em relação ao número de plantas, em kg.

Os dados, primeiramente, foram avaliados considerando o delineamento experimental em látice. Com base na análise de variância, observou-se uma baixa eficiência do látice, o que permitiu a realização das análises em blocos casualizados. Assim, foram obtidas as matrizes de variância e covariância residual e as médias das variáveis. A variável número de raízes teve seus dados transformados para $\sqrt{X+1}$.

Foram estimadas a dissimilaridade com base na distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$) entre os clones. Posteriormente, estes foram reunidos em grupos, utilizando-se a técnica de otimização de Tocher.

Na análise das variáveis canônicas, a divergência genética foi evidenciada pela dispersão dos escores relativos às primeiras variáveis nos eixos cartesianos. O número de variáveis canônicas para a disposição dos genótipos em gráficos foi definido de acordo com a retenção da variabilidade total nas primeiras variáveis, referenciadas como acima de 80%.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2001), versão 2004.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em virtude do elevado número de clones avaliados, as medidas de dissimilaridade entre os pares de genótipos estudados não podem ser apresentadas.

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis, mostram que os clones 62 e 87 foram os mais dissimilares entre si, com distância de elevada magnitude (157,68). Entre as maiores distâncias encontradas, 90% envolvem os clones 87, 88, 62 e 54; o clone 62 esteve presente em 36 dos 99 pares de maiores distâncias obtidas. Esses resultados sugerem serem estes os melhores clones para utilização como parentais em cruzamentos bi ou multiparentais.

Entretanto, ressalta-se o fato de que a utilização de genótipos mais divergentes como parentais não implica, necessariamente, na obtenção de heterose. Isso porque, estes podem ser divergentes mas não complementares, tornando-se mais interessante a combinação entre genótipos que tenham um certo grau de divergência, mas apresentem desempenhos superiores para as características, as quais se deseja fixar nas futuras cultivares. Souza et al. (2005) 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.

Os clones 27 e 53 apresentaram a menor distância entre os pares estudados, 1,38.

O agrupamento dos clones pelo método de Tocher (Tabela 1) possibilitou a formação de 13 grupos de dissimilaridade, evidenciando a presença de diversidade entre os genótipos avaliados.

TABELA 1 Agrupamento, pelo método de Tocher, de 100 clones de mandioca *Manihot esculenta* Crantz, com base na dissimilaridade estimada a partir da distância generalizada de Mahalanobis, em relação a nove caracteres morfo-agronômicos [(1)].

Grupo	Tratamento/Genótipo	Maior distância intergrupo
I	24 53 85 49 13 66 33 34 9 55 31 35 72 78 68 29 82 22 11 60 6 17 83 86 28 61 26 41 20 30 37 21 43 92 16 12 19 14 42 84 51 3 99 59 27 58 75 32 79 90 18 23 63 56 57 95 91 5 76 48 70 89 97 94 52 98 39 65 73 47 50 40 69	64,3475 (11)
II	7 45 8 67 96 80 1	84,7139 (8)
III	38 81 44 54	129,0149(8)
IV	15 100 36 10 4 46	100,5291(13)
V	71 77	107,1201(13)
VI	93	81,5689(10)
VII	2	95,1149(11)
VIII	62	157,6897(13)
IX	74	98,2435(11)
X	64	67,1112(11)
XI	88	97,879(12)
XII	25	
XIII	87	

[(1)] Comprimento do lóbulo central, largura do lóbulo central, altura da planta, altura da primeira ramificação, peso total da parte aérea, comprimento de raiz, diâmetro de raiz, número de raiz e peso de raiz por planta.

Com a realização de cruzamentos entre grupos que apresentem uma maior distância, o que se espera é a obtenção de indivíduos superiores, com manifestação da heterose. Dos 13 grupos formados, observa-se a formação de oito grupos contendo apenas um clone, sugerindo serem estes os mais dissimilares entre aqueles estudados. Os clones 87 e 88, que compõem, respectivamente, os grupos XIII e XI, são potenciais genitores quando o

interesse for o cruzamento entre grupos mais divergentes. O grupo XI, por exemplo, apresentou maior distância inter-grupo com quatro outros grupos e o grupo XIII com três grupos. Contudo, Cruz et al. (1994a,b) ressaltam que, mesmo que sejam realizados cruzamentos entre genótipos pertencentes a grupos distintos, não há garantia da obtenção de heterose, apesar de serem estes os cruzamentos de maior interesse na maioria dos casos. Cruzamentos entre clones do mesmo grupo, por exemplo, podem ser igualmente eficientes, isto porque os indivíduos componentes de um mesmo grupo podem ser semelhantes, mas não necessariamente próximos, do ponto de vista genético (Fonseca et al., 2006).

Ao se analisar as estimativas dos autovalores associadas às variáveis canônicas e suas respectivas variância relativas e acumuladas (Tabela 2), constata-se que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 48,89% da variação total, tornando-se necessárias cinco variáveis canônicas para que cerca de 80% da variação total fosse retida.

TABELA 2 Estimativa dos autovalores associados às variáveis canônicas e suas variâncias relativas e acumuladas, obtidas de nove caracteres morfo-agronômicos avaliados em 100 clones de mandioca.

Variável canônica	Autovalor	Variância relativa	Variância acumulada
1	4,3787	29,21	29,21
2	2,9498	19,67	48,89
3	1,9752	13,17	62,06
4	1,6212	10,81	72,88
5	1,1365	7,58	80,46
6	0,8802	5,87	86,33
7	0,7999	5,33	91,67
8	0,6939	4,62	96,30
9	0,5540	3,69	100,00

Resultados semelhantes foram obtidos por Fonseca et al. (2006) em que quatro variáveis canônicas foram necessárias para o acúmulo de 83,89% da variação total na determinação da divergência genética em acessos de café da cultivar Conilon e por Cruz et al. (2004) e Moura et al. (2005), em que foram necessárias três variáveis canônicas para a retenção de mais de 80% da variação total.

A concentração da variância total nas primeiras variáveis pode ser explicada pela natureza dos caracteres avaliados. Segundo Pereira et al. (1992), na análise de componentes principais, a concentração da variância nos primeiros componentes ocorre apenas quando se avaliam poucos caracteres agronômicos ou caracteres de um mesmo grupo. Essa inferência pode ser utilizada de maneira análoga para as variáveis canônicas, uma vez que as duas técnicas são similares, pois permitem a simplificação no conjunto de dados, resumindo suas informações originais em poucas variáveis que retêm o máximo da variação originalmente disponível (Cruz , 2006).

Para o estudo da divergência por meio da dispersão dos escores, foram utilizadas as cinco primeiras variáveis canônicas. De acordo com Ferrão et al. (2002), este estudo tem como propósito a identificação dos genótipos mais dissimilares, possibilitando, assim, que a interpretação dos resultados se torne mais fácil.

Com a utilização das duas primeiras variáveis canônicas (Figura 1) , somente foi possível a visualização do clone 87 como o mais distante em relação aos demais, o que evidencia a eficiência do método para discriminação desse genótipo como o mais divergente, concordando com análise de agrupamento realizada.

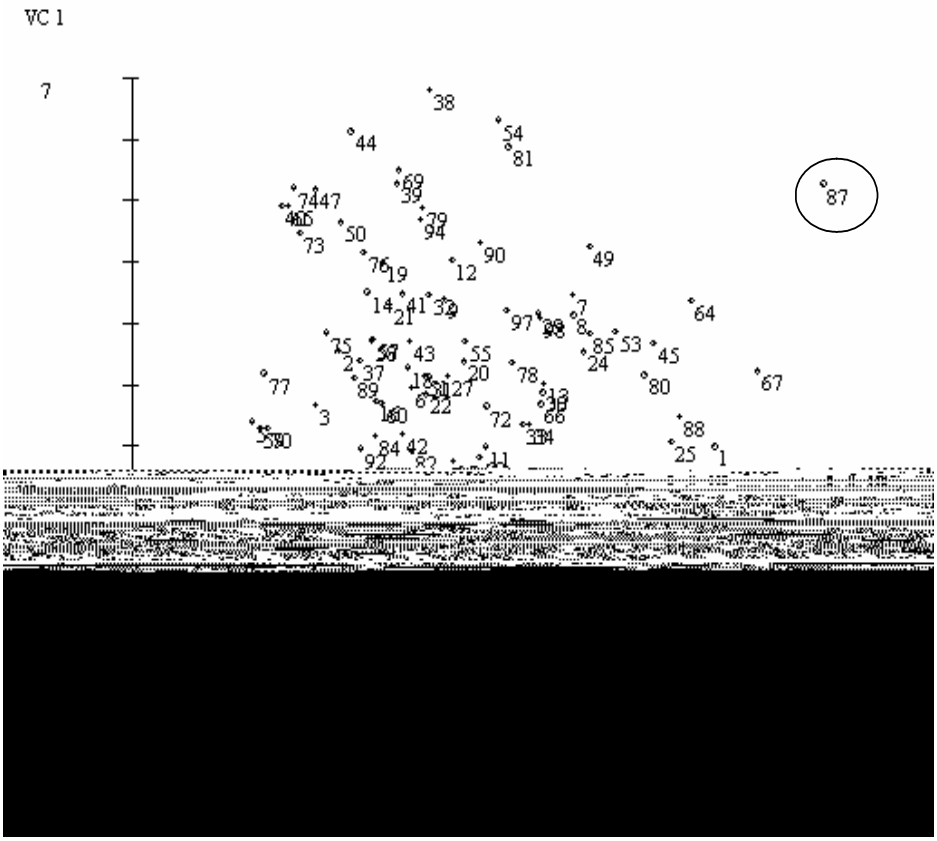

FIGURA 2..Dispersão gráfica de 100 clones de *Manihot esculenta* Crantz com relação à primeira (VC_1) e a segunda (VC_2) variáveis canônicas obtidas com base em nove variáveis (largura do lóbulo central, comprimento do lóbulo central, altura da planta, altura da primeira ramificação, peso total da parte aérea, comprimento de raiz, diâmetro de raiz, número de raiz, peso de raiz por planta).

Com a análise da primeira e terceira variáveis canônicas (Figura 2), é possível observar o distanciamento dos clones 25, 2, 88 e 62, permitindo a visualização dos grupos formados por apenas um indivíduo. É possível também a discriminação do grupo III e a constatação da proximidade de quatro dos seis

genótipos que compõem o grupo IV, de acordo com a formação dos grupos pelo método de Tocher.

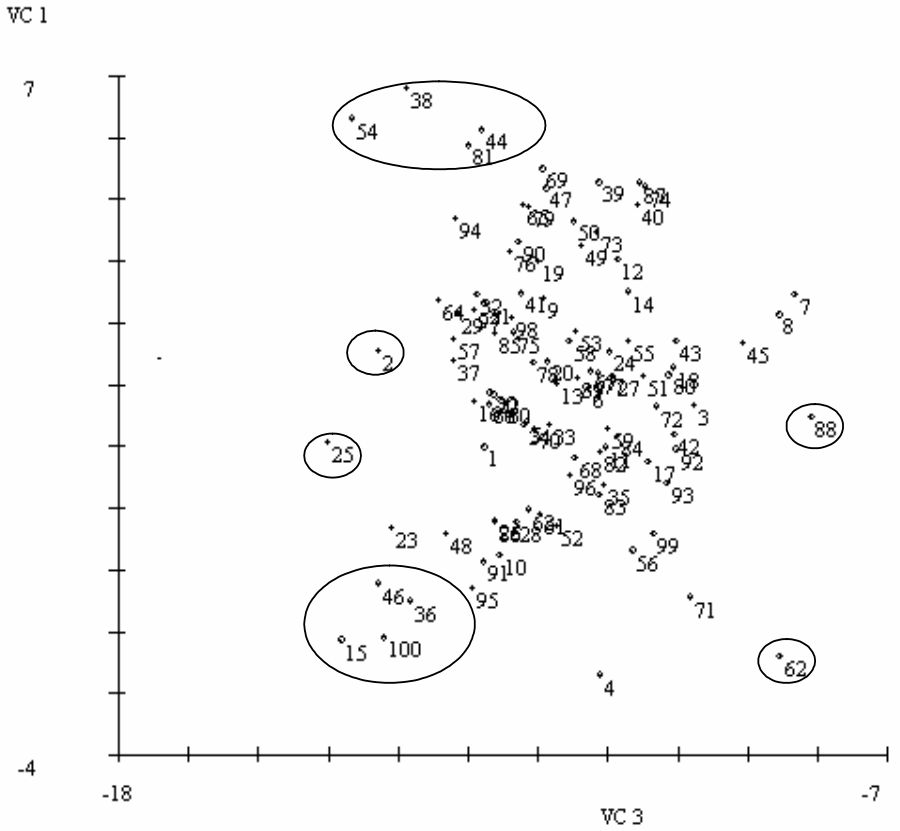

FIGURA 2**.** Dispersão gráfica de 100 clones de *Manihot esculenta* Crantz com relação à primeira (VC_1) e à terceira (VC_3) variáveis canônicas obtidas com base em nove variáveis (largura do lóbulo central, comprimento do lóbulo central, altura da planta, altura da primeira ramificação, peso total da parte aérea, comprimento de raiz, diâmetro de raiz, número de raiz, peso de raiz por planta).

Com a complementação da quarta variável canônica é possível identificar o distanciamento do clone 93 (Figura 3). Mesmo com a complementação com a quinta variável canônica, a distinção entre os grupos IX e X, constituídos pelos clones 74 e 64, não foi possível.

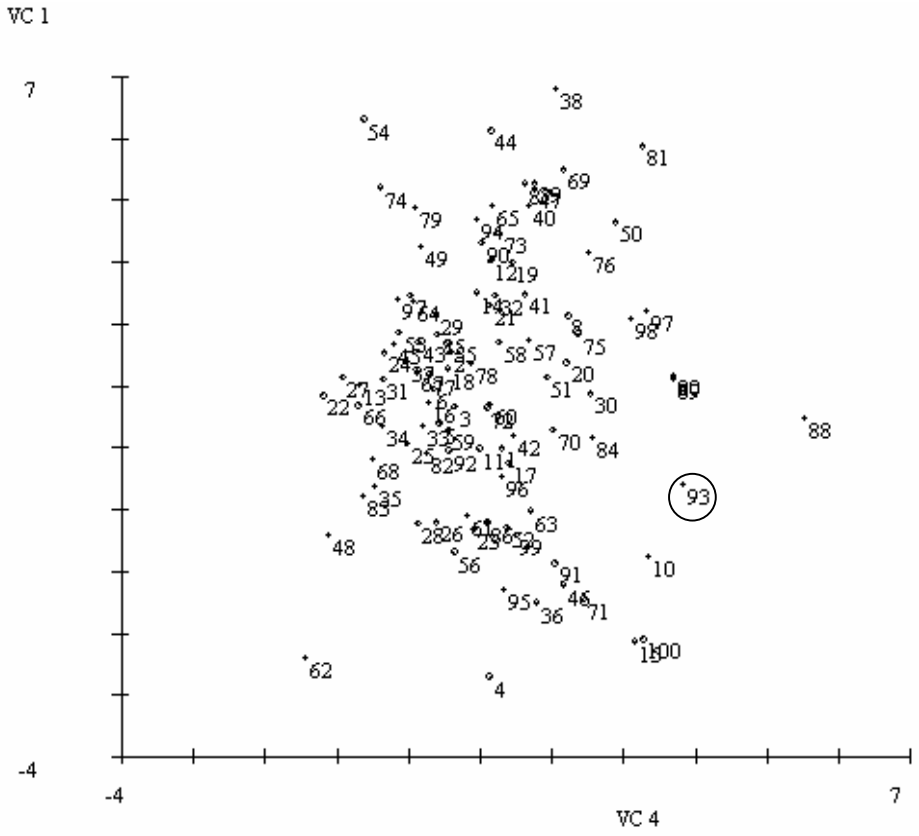

FIGURA 3. Dispersão gráfica de 100 clones de *Manihot esculenta* Crantz com relação à primeira (VC_1) e à quarta (VC_4) variáveis canônicas obtidas com base em nove variáveis morfo-agronômicas (largura do lóbulo central, comprimento do lóbulo central, altura da planta, altura da primeira ramificação, peso total da parte aérea, comprimento de raiz, diâmetro de raiz, número de raiz, peso de raiz por planta).

Resultados gráficos, quando associados àqueles obtidos pelo método de agrupamento, tornam-se muito importantes por permitirem a identificação de genitores ou de grupos de genitores que possam ser incluídos em programas de melhoramento para a obtenção de híbridos heteróticos.

Em cruzamentos em que somente os pares mais divergentes serão explorados, o clone 62 destaca-se como aquele com o qual a maioria das maiores distâncias foi verificada, sendo, portanto, indicado para cruzamentos.

Os métodos utilizados para o estudo da divergência genética se mostraram-se eficientes para a discriminação dos genótipos mais divergentes como os clones 87, 25, 88, 62, 2 e 93. O clone 88, que constitui o grupo XI, foi o que apresentou maior distância inter-grupo com o grupo I, o maior grupo formado pelo método de aglomeração.

Os genótipos mais divergentes podem ser utilizados em campos de policruzamentos. Outro fato que deve ser levado em consideração é o de que a planta de mandioca é altamente heterozigota, logo, com F_1 segregante, o que proporciona uma seleção de genótipos superiores, já nesta geração.

CONCLUSÕES

As características quantitativas avaliadas pelos diversos métodos de agrupamento foram capazes de diferenciar os clones.

A dispersão gráfica obtida a partir das variáveis canônicas é eficaz na identificação de genótipos ou grupos de genótipos mais divergentes.

REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO

ARAÚJO, D. G. DE Caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Willd ex Spreng Schum) utilizando descritores de fruto. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 1, p. 13-21, jan./mar. 2002.

CRUZ, C. D. **Aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa, 2001. 585 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Programa Computacional Genes: Análise multivariada e simulação.** Viçosa, 2006. 175 p.

CRUZ, P. J.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, J. A. G. DA; VALÉRIO, I. P.; HARTWIG, I.; BUSATO, C. C. Genetic dissimilarity wheat genotypes for lodging associated traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 4, p. 427-433, Dec. 2004.

CRUZ, C. D.; CARVALHO, S. P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. I Fatores que afetam a predição do comportamento de híbridos **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 234, p. 178-182, mar./abr. 1994.

FERRÃO, M. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 37, n. 8, p. 1089-1098, ago. 2002.

FONSECA, A. F. A. DA; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAYAMA, N. S.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; BRAGANÇA, S. M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 41, n. 4, p. 599-605, abr. 2006.

FUKUDA, W. M. G.; OLIVEIRA, R. P. de; FIALHO, J. DE F.; CAVALCANTI, J.; CARDOSO, E. M. R.; BARRETO, F. MARSHALEK, R.; COSTA, E. R. S. Germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) no Brasil. **Revista Brasileira de Mandioca,** Cruz das Almas, v. 18, n. 1, p. 7-12, 2005.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SILVA, M. P. DA; RIVA, E. M.; JÚNIOR, A. T. DO A. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira,** Brasília, v. 23, n. 4, p. 100-1005, dez. 2005.

MOURA, E. F.; PINTO, J. E. B. P.; SANTOS, J. B. DOS; LAMEIRA, O. A.; NUNES, J. A. R.; FERREIRA, D. F. Genetic diversity of *Pilocarpus microphyllus* acessions using leaf traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 5, n. 3, p. 347-354, Sept. 2005.

OLIVEIRA, M. DO S. P. DE; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v. 41, n. 7, p. 1133-1140, jul. 2006.

PEREIRA, A. V.; VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 1, p. 115-124, mar. 1992.

SOUZA, F. DE F.; QUEIROZ, M. A. DE; DIAS, R. DE C. S. Divergência genética em linhagens de melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 2, p. 179-183, jun. 2005.

TEIXEIRA, A. B.; JÚNIOR, A. T. DO A.; RODRIGUES, R.; PEREIRA, T. N. S.; SMITH, R. E. B. Genetic divergence in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 4, n. 1, p. 57-62, Mar. 2004.

VIDIGAL, M. C. G.; VIDIGAL – FILHO, P. S.; AMARAL – JÚNIOR, A. T. DO, BACCINI, A. DE L. E. Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística mulitvariada **Bragantia**, Campinas, v. 56, n. 2, p. 263-272, 1997.

CAPÍTULO 4

CORRELAÇÃO ENTRE MEDIDAS DE DISSIMILARIDADE UTILIZADAS NA DETERMINAÇÃO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE MANDIOCA

RESUMO

O objetivo do presente trabalho foi estimar a divergência genética baseada em caracteres multicategóricos qualitativos, agronômicos quantitativos e verificar a ocorrência de correlação entre as medidas de dissimilaridade utilizadas. O trabalho foi realizado na área experimental do Campus da Universidade Federal de Lavras, em Lavras, Minas Gerais, utilizando 100 clones de mandioca. O experimento foi delineado em látice 10 x 10, com duas repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de 1 linha de 4 plantas espaçadas de 1,0 x 0,6 m, com área útil de 2,4 m^2. Utilizaram-se como medidas de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis e a distância obtida por meio do complemento do índice de coincidência (1 - SG) entre os genótipos. Os genótipos foram agrupados pelo método de Tocher, com posterior projeção das distâncias no plano. Analisou-se também a existência de correlação entre as matrizes de dissimilaridade. Constatou-se correlação de baixa magnitude entre as medidas de dissimilaridade (0,09) e inconsistência nos agrupamentos formados, sugerindo que caracteres qualitativos não refletem as características relacionadas à produtividade e seus componentes.

Palavras-chave: variáveis qualitativas, variáveis quantitativas, controle genético

CORRELATION AMONG DISSIMILARITY MEASURES IN GENETIC DIVERGENCE IN CASSAVA

ABSTRACT

The objective of the present work was to evaluate the genetic divergence based on multicategoric characters, agronomic quantitative and to verify the correlation occurrence enters of the used measures dissimilarities. The experiment was carried out at the Federal University of Lavras, Lavras, MG, in square lattice (10 x 10), with two replications, testing 100 clones at four plants per plot. Twenty-two multicategoric variables were considered. It was used as dissimilarity measures generalized Mahalanobis distance and complement of the coincidence index (1 - SG) among the genotypes. The genotypes were grouped by the method of Tocher with subsequent projection of the distances in the plan. There have also taken place a correlation among the dissimilarities of the head offices. A correlation of low magnitude was observed among the dissimilarity measures (0.09) and the inconsistency in the formed groupings, suggesting that qualitative characters do not reflect the characteristics related to the productivity and its components.

Key Words: qualitative variables, quantitative variables, genetic control

INTRODUÇÃO

A divergência genética é avaliada objetivando a identificação de combinações híbridas de maior efeito heterótico, o que proporciona uma maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz et al., 1994).

A avaliação da divergência em germoplasma vegetal é realizada a partir da utilização de técnicas biométricas. Essas técnicas baseiam-se na quantificação da heterose através de análises dialélicas, análise izoenzimática, pelo emprego de marcadores de DNA ou por meio de métodos preditivos (Fonseca et al., 2006).

Nos métodos preditivos, a divergência pode ser avaliada a partir da determinação de caracteres agronômicos, morfológicos e moleculares, entre outros. A partir das informações obtidas em relação a cada genótipo, são determinadas as medidas de dissimilaridade, que representarão a diversidade que há no conjunto de acessos estudados (Cruz, 2006).

As medidas de dissimilaridade mais comumente utilizadas para estimação da divergência genética são as euclidianas e a generalizada de Mahalanobis, obtidas pela avaliação de caracteres agronômicos quantitativos. Apesar de, em muitas culturas, estes caracteres serem de difícil mensuração, são os caracteres preferidos para esse tipo de estudo, por apresentarem importância comercial.

Quando a divergência genética é estimada com base em caracteres morfológicos qualitativos, que apresentam um elevado número de classes fenotípicas (multicategóricos) com a impossibilidade de ordenação dessas classes, Cruz (2006), sugere não ser apropriado o uso das medidas de dissimilaridade tradicionais, uma vez que, apesar de serem atribuídos valores numéricos a cada categoria, não é possível afirmar que dois indivíduos que

manifestem valores mais discrepantes sejam mais dissimilares que outros que manifestem valores mais próximos.

Para caracteres multicategóricos, a matriz de similaridade é obtida pelo índice de similaridade (SG), em que determinado valor expressa a porcentagem de coincidência em relação aos caracteres avaliados, sendo a matriz de dissimilaridade obtida a partir do complemento (1-SG) (Coimbra et al., 2001; Cruz & Carneiro, 2003).

Segundo Sudré et al. (2006), a utilização de caracteres multicategóricos é prática, econômica e demanda menor tempo, quando comparada a caracteres quantitativos e moleculares. Porém, cada um tem sua importância singular.

A decisão sobre qual tipo de variável utilizar para determinação da divergência e de qual medida de dissimilaridade utilizar, depende do objetivo do estudo. Correlações entre medidas de dissimilaridade são comuns quando se tratam das distâncias euclidianas, generalizada de Mahalanobis e moleculares (Benin et al., 2003; Conti et al., 2002; Machado et al., 2002;). Porém, trabalhos que correlacionam as medidas de dissimilaridade calculadas a partir de índices de concordância ou discordância com as distâncias tradicionais não são relatados. Em culturas de ciclo mais longo, em culturas perenes ou naquelas em que os caracteres quantitativos são de difícil mensuração, evidências sobre correlações entre essas medidas seriam úteis, pois poderiam possibilitar diminuição do tempo para o desenvolvimento de novos cultivares.

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho é estimar a divergência genética baseada em caracteres multicategóricos qualitativos, agronômicos quantitativos e estabelecer uma correlação entre as medidas de dissimilaridade utilizadas.

MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi realizado na área experimental do Campus da Universidade Federal de Lavras, em Lavras, Minas Gerais, em Latossolo Vermelho distroférrico, segundo as coordenadas geográficas de 21º14'30" de latitude Sul e de 45º00'10" de longitude Oeste, tendo seu clima classificado como mesotérmico (Köppen). As temperaturas médias anuais situam-se em torno de 19,3ºC, com precipitação média de 1.411mm, com 65% a 70% desse total concentrado nos meses de dezembro a março.

Foram utilizados 100 clones de mandioca, dos quais, 84 clones novos e 16 clones comerciais. O preparo, a seleção e o plantio das manivas foram realizados segundo Otsubo & Lorenzi (2004). As manivas–semente de 15 a 20 cm de comprimento e diâmetro de 2,5 cm aproximadamente com 5 a 7 gemas foram plantadas em sulco, a 10 cm de profundidade. O plantio foi realizado em setembro de 2005 e a colheita realizada em agosto de 2006.

O experimento foi delineado em látice 10 x 10, com duas repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de 1 linha de 4 plantas espaçadas de 1,0 x 0,6 m, com área útil de 2,4 m^2.

Os caracteres multicategóricos foram avaliados do 8º ao 10º mês, tendo os descritores sido divididos em mínimos, principais e secundários. Os caracteres agronômicos quantitativos foram avaliados no momento da colheita, ambos, conforme metodologia proposta por Fukuda & Guevara (1998).

Os seguintes caracteres multicategóricos foram avaliados:

descritores mínimos - cor da folha apical; pubescência do broto apical; forma do lóbulo central; cor do pecíolo; cor do córtex do caule; cor externa do caule; presença de pedúnculo nas raízes; cor externa da raiz; cor do córtex da raiz; cor da polpa da raiz ; textura da epiderme da raiz.

descritores principais - cor da folha desenvolvida; hábito de crescimento do caule; níveis de ramificação; constrição da raiz.

descritores secundários - cor da nervura; posição do pecíolo; proeminência das cicatrizes foliares; hábito de ramificação; sinuosidade do lóbulo foliar; tipo de planta; forma da raiz.

Para a avaliação dos caracteres agronômicos quantitativos, foram utilizados dados de nove variáveis, cinco relacionados à parte aérea e quatro relacionados à produção de raízes.

Descritores agronômicos - comprimento do lóbulo foliar, média dos comprimentos tomados aleatoriamente na parcela a partir do ponto de inserção do lóbulo central, em cm; largura do lóbulo foliar, média das larguras de lóbulos centrais (parte mais larga) tomados ao acaso na parcela, em cm; altura da planta, média das alturas das plantas da parcela, em m; altura da primeira ramificação, média das alturas da base à primeira ramificação das plantas da parcela, em cm, e peso total da parte aérea, peso da parte aérea mais o peso da cepa das plantas da parcela, em kg; comprimento de raízes, comprimento médio das raízes de reserva da parcela, obtido no momento da colheita, em cm; diâmetro de raiz, média dos diâmetros das raízes da parcela, tomadas na parte central das mesmas, em cm; número de raízes por planta, número médio de raízes da parcela no momento da colheita e peso de raízes por planta, média do peso do número total de raízes da parcela em relação ao número de plantas.

Para os caracteres multicategóricos, os dados foram obtidos a partir da nota dada a cada clone com relação ao descritor analisado e utilizados na estimativa da similaridade genética (SG), entre todos os pares de acessos, por meio do índice de coincidência simples. Este índice leva em consideração a ocorrência de concordância e discordância entre os valores. A matriz de similaridade foi transformada em uma matriz de dissimilaridade genética (DG), a partir do complemento da matriz de similaridade estimada (Dg = 1 - Sg).

Para os caracteres agronômicos quantitativos, realizou-se a análise univariada dos dados, considerando o delineamento em látice. Após certificação da baixa eficiência do látice para as características avaliadas, procedeu-se a análise em blocos casualizados para a determinação das matrizes de variâncias e covariâncias residuais entre os caracteres. De posse das matrizes de variância e covariância residual entre os caracteres, a matriz de dissimilaridade para os caracteres quantitativos foi estimada a partir da distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$).

Após a obtenção das matrizes de dissimilaridade, foram realizadas as seguintes análises: agrupamento pelo método de avaliação de Tocher, correlação das matrizes de dissimilaridade pelo teste de Mantel e "t" e projeção das distâncias no plano. Todas as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2001), versão 2004.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os agrupamentos realizados pelo método de Tocher, utilizando-se como medidas de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis e a obtida a partir do complemento do índice de coincidência entre os acessos, são apresentados nas Tabelas 1 e 2.

Observa-se que não ocorre a formação do mesmo número de grupos, o que evidencia uma discordância entre os agrupamentos realizados em virtude das medidas de dissimilaridade utilizadas.

É possível observar o agrupamento dos mesmos genótipos em um mesmo grupo, independentemente da medida de dissimilaridade utilizada, como, por exemplo, os clones Pão da China e Ufla 28, agrupados no grupo 7, quando utilizada medida de dissimilaridade para caracteres multicategóricos e no grupo

5, quando utilizada a distância generalizada de Mahalanobis. Contudo, é importante ressaltar que o controle gênico para caracteres qualitativos é monogênico, enquanto que, para caracteres quantitativos, é poligênico, além desse tipo de caráter ser influenciado pelo ambiente. Assim, a coincidência entre os agrupamentos pode estar relacionada a uma interferência ambiental e, não necessariamente, à similaridade genética entre os genótipos.

Em mandioca, caracteres relacionados à produção e seus componentes podem ser grandemente afetados pela falta de uniformidade do material de plantio (manivas), o que, conseqüentemente, mascara o real potencial produtivo dos genótipos.

TABELA 1**.** Agrupamento entre os clones pelo método de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade obtida pela distância Generalizada de Mahalanobis. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Grupos	**Clones/Tratamentos**
1	12, 14, 44, 40, 43, 37, 3, 73, 58, 20, 76, 51, 32, 83, 18, 93, 82, 11, 30, 6, 35.
2	29, 49, 9, 42, 55, 78, 87, 81, 38, 94, 89, 17.
3	97, 98, 2, 8, 61, 60.
4	10, 28, 53, 74, 59, 27, 41, 96, 24, 79, 7, 67.
5	54, 99, 15, 88, 91, 4, 23.
6	64 , 65, 69, 57.
7	71, 84,77, 63.
8	1, 95, 34.
9	16, 26, 21, 90.
10	62, 85, 75
11	31 e 48
12	33 e 46
13	39 e 47
14	56 e 86
15	22 e 52
16	36 e 45
17	72 e 92
18	70
19	100
20	83
21	68
22	80
23	5
24	13
25	19
26	25
27	66

TABELA 2. Agrupamento entre os clones, pelo método de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade obtida pelo complemento do índice de coincidência. UFLA, Lavras, MG, 2007.

Grupo	Tratamento/Genótipo
1	24 53 85 49 13 66 33 34 9 55 31 35 72 78 68 29 82
	22 11 60 6 17 83 86 28 61 26 41 20 30 37 21 43 92
	16 12 19 14 42 84 51 3 99 59 27 58 75 32 79 90 18
	23 63 56 57 95 91 5 76 48 70 89 97 94 52 98 39 65
	73 47 50 40 69
2	7 45 8 67 96 80 1
3	38 81 44 54
4	15 100 36 10 4 46
5	71 77
6	93
7	2
8	62
9	74
10	64
11	88
12	25
13	87

A não concordância das medidas de dissimilaridade também pode ser observada a partir da correlação das matrizes de dissimilaridade. A correlação entre as duas matrizes foi de 0,09707, a uma significância de 1%, pelo teste de "t" e pelo teste de Mantel concordando com os indícios de haver uma discordância entre as matrizes de dissimilaridade, já verificadas pelo padrão de agrupamento obtido com a utilização do método de Tocher.

Com a projeção das distâncias no plano fica evidente uma dispersão não coincidente dos clones. Os resultados dão suporte à hipótese da existência de uma baixa correlação entre as duas medidas de dissimilaridade (Figuras 1 e 2).

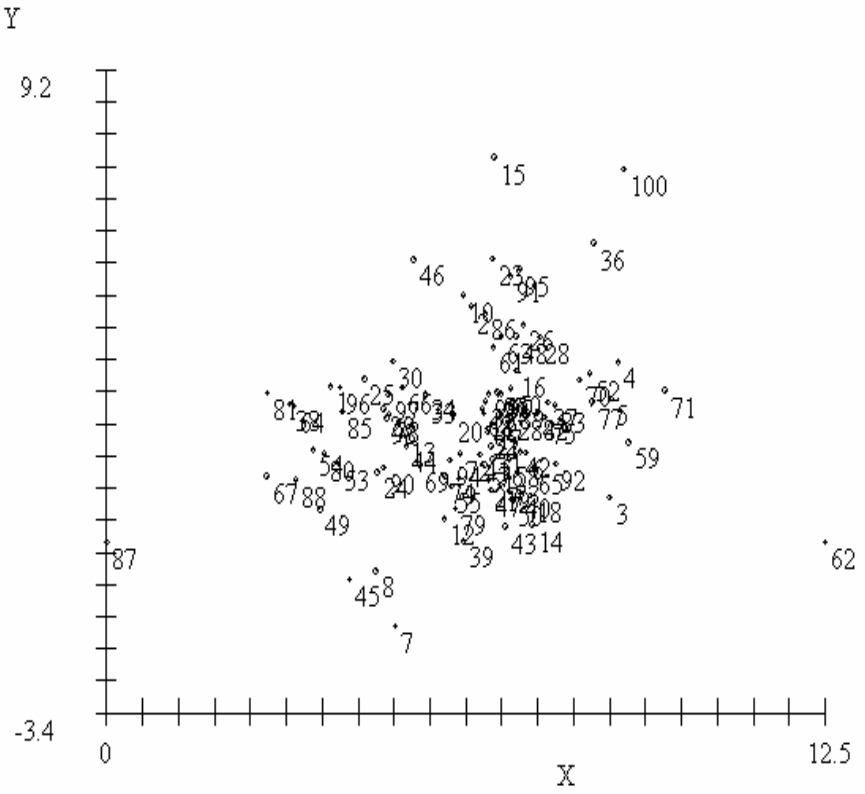

FIGURA 1. Projeções das distâncias generalizadas de Mahalanobis no plano, considerando 100 clones de mandioca. UFLA, Lavras, MG, 2007.

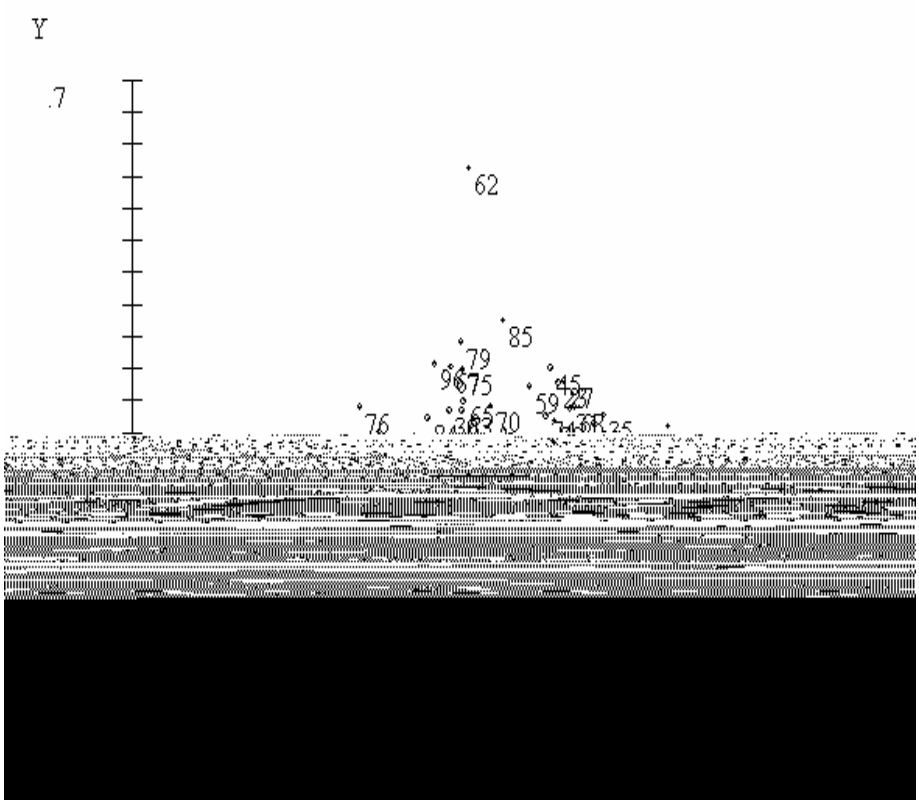

FIGURA 2. Projeções das distâncias obtidas a partir do complemento da matriz de similaridade do índice de coincidência no plano, considerando 100 clones de mandioca. UFLA, Lavras, MG, 2007.

O fato de não existir correlação entre as duas medidas de dissimilaridade é conseqüência da diferença do controle genético para os diferentes tipos de caracteres estudados.

Caracteres qualitativos são controlados por um ou poucos genes, apresentam geralmente alta herdabilidade e são pouco influenciados pelo ambiente. Ao contrário, caracteres quantitativos possuem controle genético

complexo, realizado por muitos genes, geralmente são de baixa herdabilidade e muito influenciados pelo ambiente, mas são aqueles de maior interesse econômico.

Diante destas constatações, quando o interesse for o estudo da divergência para seleção de genótipos para serem utilizados como parentais em programas de melhoramento, o uso de caracteres agronômicos relacionados à produtividade e seus componentes devem ser preferidos, uma vez que não há concordância entre as medidas de dissimilaridade obtidas a partir desses caracteres com aquelas obtidas a partir de caracteres morfológicos qualitativos mesmo que estes sejam de mensuração mais fácil.

O que se espera é que, para a detecção de duplicatas em coleções de germoplasma, a técnica das variáveis mutlicategóricas possa ser eficiente.

CONCLUSÕES

A não existência de correlação entre as medidas de dissimilaridade sugere que, para a determinação da divergência com a finalidade de seleção de parentais para uso em programas de melhoramento, caracteres qualitativos devem ser preferidos.

REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO

BENIN, G. et al. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 657-662, jul./ago. 2003.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CRUZ, C. D.; CARANEIRO, P. C. S.; SOUZA, L. V.; GUIMARÂES, L. J. M.; MARCASSO, R. C.; CANIATO, F. F. Divergência genética de cultivares de

MACHADO, C. F.; NUNES, G. H. S.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 2, p. 251-258, abr./jun. 2002.

OTSUBO, A. A.; LORENZI, J. O. **Cultivo da mandioca na Região Centro – Sul do Brasil.** Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 116 p.

SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; JÚNIOR, A. T. A.; SILVA, D. J. H. da; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 1, p. 88-93, jan./mar. 2006.