

## DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS QUANTITATIVOS NO ESTUDO DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MANDIOCA-DE-MESA DA REGIÃO URBANA DE MARINGÁ

Marcus Vinícius KVITSCHAL<sup>1</sup>, Pedro Soares VIDIGAL FILHO<sup>2</sup>, Gisele Cristina ZUIN<sup>3</sup>,  
Manoel Genildo PEQUENO<sup>4</sup>, Maria Celeste GONÇALVES-VIDIGAL<sup>5</sup>

**RESUMO:** O presente estudo teve como objetivo caracterizar 75 acessos do Banco de Germoplasma de Mandioca da Universidade Estadual de Maringá, bem como analisar a divergência genética deste germoplasma. A caracterização foi realizada mediante o uso de 13 descritores morfo-agronômicos quantitativos, e a divergência genética foi estimada pela Distância Generalizada de Mahalanobis. Ampla variabilidade genética foi observada dentro do conjunto genotípico avaliado. Os acessos mais similares foram BGM 89 e BGM 92. Os acessos de maior divergência média foram BGM 25, BGM 119 e BGM 223. As combinações BGM 25 x BGM 223, BGM 25 x BGM 225, BGM 5 x BGM 25 e BGM 77 x BGM 223 foram as mais promissoras para hibridação, visto que ambos os parentais se mostraram divergentes entre si, além de reunirem características de elevado interesse agrônomo.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta* Crantz, dissimilaridade genética, seleção de parentais.

**SUMMARY:** QUANTITATIVE MORPHO-AGRONOMIC TRAITS ON GENETIC DIVERGENCE STUDY OF SWEET-CASSAVA GERMOPLASM FROM URBAN REGION OF MARINGÁ. The characterization and the genetic divergence study of 75 sweet-cassava genotypes from the Cassava Germplasm Bank of the Universidade Estadual de Maringá were the objectives of this work. The characterization was realized by using 13 quantitative morpho-agronomic traits, and the genetic divergence was estimated by the Generalized Distance of Mahalanobis. Wide variability was observed in the genotypic set evaluated. The most similar entries were BGM 89 and BGM 92. The entries that showing most mean

<sup>1</sup> Eng. Agrônomo, D.Sc. Genética e Melhoramento. Pesquisador – Epagri/Estação Experimental de Caçador. Caixa Postal 591, 89500-000, Caçador – SC. e-mail: [marcusvinicius@epagri.sc.gov.br](mailto:marcusvinicius@epagri.sc.gov.br)

<sup>2</sup> Eng. Agrônomo, D.Sc. Agronomia. Professor Associado – Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá, Av. Colombo, nº5790, 87020-570, Maringá, Paraná, e-mail: [psvfilho@uem.br](mailto:psvfilho@uem.br)

<sup>3</sup> Bióloga, M.Sc. Genética e Melhoramento. Araucária Ambiental. Av. Goiás, 854 - sala 02 - 2º Piso, 87200-000, Cianorte – PR. e-mail: [giselezuin@ibest.com.br](mailto:giselezuin@ibest.com.br)

<sup>4</sup> Eng. Agrônomo, D.Sc. Agronomia. Professor Colaborador – Universidade Estadual de Maringá, e-mail: [magepe@ibest.com.br](mailto:magepe@ibest.com.br)

<sup>5</sup> Eng. Agrônomo, D.Sc. Agronomia. Professora Titular - Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento – Universidade Estadual de Maringá, e-mail: [mvidigal@pop.com.br](mailto:mvidigal@pop.com.br)

Apoio financeiro – CAPES e CNPq

divergence were BGM 25, BGM 119 and BGM 223. The combinations BGM 25 x BGM 223, BGM 25 x BGM 225, BGM 5 x BGM 25 and BGM 77 x BGM 223 were the most promising for hybridization.

**Keywords:** *Manihot esculenta* Crantz, genetic dissimilarity, parents selection.

## INTRODUÇÃO

A produção mundial de raízes tuberosas de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é de aproximadamente 225,97 milhões de toneladas, sendo o Brasil o segundo maior produtor, com uma produção de 26,7 milhões de toneladas (FAO, 2008). No Brasil, as regiões produtoras de maior importância são o Norte e o Nordeste, principalmente, nos Estados do Pará e da Bahia. Por outro lado, na região Sul do Brasil, que concentra aproximadamente 22% da produção nacional de raízes tuberosas de mandioca, tem o Estado do Paraná como o mais expressivo centro produtor, sendo responsável por 70% do volume de raízes tuberosas produzidas (SEAB, 2006).

Em função do centro de origem da mandioca estar localizado no Brasil (NASSAR, 2000) e do sistema de polinização (CEBALLOS *et al.*, 2002), a mandioca apresenta ampla variabilidade genotípica natural (FARIAS *et al.*, 1997). Conforme Fukuda (1996) a introdução seguida da avaliação criteriosa de novos clones de mandioca consiste em um método de melhoramento mais rápido e barato. No entanto, a chance de êxito nos programas de melhoramento de mandioca pode ser aumentada mediante o uso de hibridações, visto que a segregação implica na ampliação da base genética das populações descendentes, e faz surgir novos indivíduos que reúnem características de ambos os parentais, e possibilita a seleção de genótipos superiores (CEBALLOS *et al.*, 2002).

No entanto, o pequeno número de sementes produzidas e a alta heterozigosidade das plantas da mandioca exige a realização de um grande número de hibridações, fato que acarreta elevado custo em função do grande emprego de mão-de-obra (FUKUDA, 1996). Dessa forma, a escolha correta de parentais é fundamental para o êxito de programas de melhoramento de mandioca que envolvem hibridação (CEBALLOS *et al.*, 2002). A análise da divergência genética, por sua vez, é uma ferramenta importante para o melhoramento genético, visto que ela auxilia na escolha de parentais que, quando hibridados, podem gerar ampla variabilidade genética passível de seleção (CRUZ; REGAZZI, 2001).

O objetivo do presente estudo foi realizar a caracterização e a análise da divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa coletado na região urbana de Maringá, com intuito de dar suporte aos programas de melhoramento de mandioca-de-mesa na região Noroeste do Paraná.

## MATERIAL E MÉTODOS

Em áreas de “fundo-de-quintal” da região urbana de Maringá, Paraná, foram coletados 75 genótipos de mandioca-de-mesa, os quais vêm sendo mantidos no Banco de Germoplasma de Mandioca da Universidade Estadual de Maringá – UEM (KVITSCHAL, 2008). O município de Maringá situa-se ao Noroeste do Estado, a 23° 25' de latitude Sul, 51° 57' de longitude Oeste, e altitude média de 556 m. O clima de Maringá é o mesotérmico úmido, com chuvas de verão e de outono, e com verão quente (GODOY *et al.*, 1976). A caracterização morfo-agronômica dos acessos iniciou-se aos seis meses após a brotação das manivas, e foi realizada conforme descritores propostos por Fukuda e Guevara (1998). As características avaliadas foram: número médio de lóbulos foliares; comprimento médio do lóbulo foliar (cm); largura média do lóbulo foliar (cm); comprimento médio de pecíolo (cm); distância de entrenós (cm); altura média de plantas (cm); altura média da primeira ramificação (cm); comprimento médio das raízes tuberosas (m); diâmetro médio das raízes tuberosas(m); número médio de raízes tuberosas por planta. Também foram avaliadas as características teor de massa seca e de amido nas raízes tuberosas, conforme método da balança hidrostática (GROSMANN; FREITAS, 1950), e o teor de HCN na polpa crua das raízes tuberosas, conforme método de destilação de HCN por eluição em ácido sulfúrico seguido da titulação com nitrato de prata (TELES, 1972). A divergência genética foi estimada por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis, e o agrupamento foi realizado pelo método de Otimização de Tocher (CRUZ; REGAZZI, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ampla variabilidade genética foi verificada entre os 75 acessos de mandioca-de-mesa avaliados, uma vez que as estimativas de dissimilaridade ( $d_{ij}$ ) variaram de 0,382 a 2,969 (Tabela 1), cuja amplitude foi maior do que aquela reportada por Zuin *et al.* (2009) em estudo de avaliação de germoplasma de mandioca-de-mesa oriundo do município de Cianorte, PR.

A maior similaridade genética foi observada entre os acessos BGM 89 e BGM 92 ( $d_{ij} = 0,382$ ), seguido dos acessos BGM 81 x BGM 90, BGM 57 x BGM 92 e BGM 50 x BGM 92, cujas estimativas de dissimilaridade foram inferiores a 0,500 (Tabela 1). Por outro lado, os acessos BGM 25, BGM 119 e BGM 223 apresentaram a maior diversidade genética média, dado que estes genótipos ocorreram em várias das combinações mais divergentes (Tabela 1), os quais também agregam resistência as doenças, baixo teor de HCN, e altos teores de massa seca nas raízes tuberosas (KVITSCHAL, 2008).

Isso sugere que o uso destes acessos em programas de melhoramento de mandioca como parentais é potencialmente favorável. No entanto, é importante ressaltar que o acesso BGM 119 mostrou ser bastante susceptível à bacteriose e ao superalogramamento, além de não ter florescido nas condições climáticas de Maringá (KVITSCHAL, 2008), o que inviabiliza seu uso como parental para hibridação.

Tabela 1 – Resumo da matriz de dissimilaridade entre acessos de mandioca-de-mesa menos divergentes, oriundos de Maringá, PR, mediante a utilização de 12 descritores quantitativos

<i>Combinações menos divergentes</i>				<i>Combinações mais divergentes</i>			
Combinação	$d_{ij}$	Combinação	$d_{ij}$	Combinação	$d_{ij}$	Combinação	$d_{ij}$
BGM 89 x BGM 92	0,38 2	BGM 40 x BGM 58	0,578	BGM 25 x BGM 223	2,9 69	BGM 80 x BGM 223	2,44 0
BGM 81 x BGM 90	0,46 0	BGM 81 x BGM 92	0,589	BGM 119 x BGM 223	2,7 57	BGM 30 x BGM 223	2,43 6
BGM 57 x BGM 92	0,48 5	BGM 12 x BGM 214	0,595	BGM 13 x BGM 223	2,7 40	BGM 198 x BGM 223	2,41 4
BGM 50 x BGM 92	0,48 8	BGM 57 x BGM 89	0,598	BGM 25 x BGM 225	2,6 66	BGM 119 x BGM 218	2,40 7
BGM 92 x BGM 327	0,50 2	BGM 88 x BGM 163	0,598	BGM 15 x BGM 223	2,6 38	BGM 34 x BGM 223	2,39 2
BGM 62 x BGM 96	0,52 0	BGM 40 x BGM 164	0,599	BGM 52 x BGM 223	2,6 10	BGM 77 x BGM 223	2,39 1
BGM 43 x BGM 77	0,52 2	BGM 37 x BGM 58	0,602	BGM 25 x BGM 323	2,6 03	BGM 82 x BGM 223	2,38 8
BGM 62 x BGM 289	0,52 2	BGM 77 x BGM 82	0,602	BGM 119 x BGM 296	2,5 51	BGM 198 x BGM 323	2,36 9
BGM 37 x BGM 164	0,53 8	BGM 31 x BGM 40	0,608	BGM 119 x BGM 198	2,5 47	BGM 13 x BGM 236	2,35 1
BGM 31 x BGM 58	0,54 2	BGM 77 x BGM 89	0,610	BGM 25 x BGM 218	2,5 47	BGM 164 x BGM 223	2,35 0
BGM 12 x BGM 59	0,55 2	BGM 81 x BGM 89	0,619	BGM 119 x BGM 225	2,5 39	BGM 94 x BGM 119	2,34 3
BGM 50 x BGM 327	0,55 6	BGM 165 x BGM 222	0,621	BGM 5 x BGM 25	2,4 72	BGM 119 x BGM 178	2,33 7
BGM 36 x BGM 58	0,56 3	BGM 12 x BGM 16	0,623	BGM 13 x BGM 25	2,4 68	BGM 20 x BGM 223	2,33 5
BGM 43 x BGM 89	0,57 0	BGM 18 x BGM 222	0,627	BGM 56 x BGM 119	2,4 53	BGM 59 x BGM 223	2,33 4
BGM 92 x BGM 214	0,57 0	BGM 36 x BGM 40	0,630	BGM 25 x BGM 119	2,4 49	BGM 25 x BGM 162	2,33 1

Além dos acessos BGM 25 e BGM 223, os acessos BGM 5, BGM 15, BGM 52, BGM 82, BGM 178, BGM 225 e BGM 296 também reúnem resistência as doenças, baixo teor de HCN, altos teores de massa seca nas raízes tuberosas (KVITSCHAL, 2008), além de estarem presentes nas combinações mais divergentes (Tabela 1), o que também os caracteriza como parentais promissores.

Na análise de agrupamento pelo método de Otimização de Tocher, pôde-se verificar a formação de oito grupos distintos, sendo o primeiro grupo mais numeroso. Este grupo constituiu-se de um total de 64 acessos (Tabela 2), o que corresponde a 85,3% do conjunto genotípico de mandioca-de-mesa avaliado. O método de Otimização de Tocher alocou de forma isolada os acessos que haviam sido previamente identificados como os mais divergentes. A análise intergrupos, por sua vez, revelou que o grupo V (BGM 223) foi o mais divergente em relação aos demais grupos.

Tabela 2 – Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 75 acessos de mandioca-de-mesa, oriundos de Maringá – PR, mediante a utilização de 12 descritores morfo-agronômicos quantitativos

Grupo	Acessos (%)	Grupo	Acessos (%)		
I	BGM 89; BGM 92; BGM 57; BGM 327; BGM 50; BGM 43; BGM 214; BGM 12; BGM 77; BGM 81; BGM 59; BGM 16; BGM 82; BGM 96; BGM 116; BGM 90; BGM 94; BGM 62; BGM 289; BGM 326; BGM 124; BGM 17; BGM 37; BGM 324; BGM 164; BGM 322; BGM 165; BGM 112; BGM 139; BGM 163; BGM 58; BGM 40; BGM 95; BGM 222; BGM 201; BGM 132; BGM 88; BGM 91; BGM 332; BGM 179; BGM 236; BGM 84; BGM 168; BGM 20; BGM 317; BGM 328; BGM 178; BGM 31; BGM 93; BGM 36; BGM 18; BGM 252; BGM 15; BGM 121; BGM 80; BGM 33; BGM 105; BGM 161; BGM 34; BGM 51; BGM 30; BGM 232; BGM 52; BGM 162	85,3	II	BGM 5; BGM 323; BGM 225	4,0
		III	BGM 25; BGM 198	2,7	
		IV	BGM 56; BGM 296	2,7	
		V	BGM 223	1,3	
		VI	BGM 218	1,3	
		VII	BGM 13	1,3	
		VIII	BGM 119	1,3	

Com base nestas informações, pode-se inferir que a hibridação entre BGM 25 x BGM 223, BGM 25 x BGM 225, BGM 15 x BGM 223, BGM 52 x BGM 223, BGM 5 x BGM 25, BGM 13 x BGM 25, BGM 80 x BGM 223, BGM 30 x BGM 223, BGM 34 x BGM 223, BGM 77 x BGM 223, BGM 82 x BGM 223 e BGM 20 x BGM 223 apresentam alta probabilidade de originar populações bastante promissoras, visto que tais combinações envolvem parentais com características agrônomicas interessantes ao mesmo tempo que são bastante divergentes entre si. No entanto, a realização de cruzamentos direcionados na cultura mandioca é uma tarefa um tanto difícil de ser realizada, além de que a produção de sementes normalmente é pequena, o que implica na necessidade de hibridação de muitos indivíduos (FUKUDA, 1996), fator este que limita o número de parentais a serem cruzados.

Portanto, a escolha adequada dos parentais é uma tarefa que deve ser realizada de forma criteriosa para que seja necessário o mínimo possível de cruzamentos para se obter ampla variabilidade genética e o máximo efeito heterótico resultante possível. Por este motivo, a realização

de todas hibridações indicadas acima é quase impraticável em curto espaço de tempo, ainda mais se o melhorista tiver limitação de espaço físico e/ou de recursos financeiro e humano.

No entanto, uma opção viável seria realizar as referidas hibridações por polinização cruzada em dois blocos de cruzamento distintos (campos isolados) utilizando-se os acessos BGM 223 e BGM 25, respectivamente, como parentais masculinos, e os demais acessos como parentais femininos. Nesta situação, a demanda de mão-de-obra unicamente para emasculação dos parentais femininos seria significativamente menor que à exigida em hibridações manuais direcionadas, o que poderia viabilizar a realização de todas as combinações promissoras supracitadas.

Caso isso não seja possível, deve-se restringir o número de combinações entre acessos a serem realizadas, a fim de se obter populações descendentes numerosas, que representem toda a segregação possível resultante da hibridação. Nesse sentido, pode-se caracterizar as hibridações entre BGM 25 x BGM 223, BGM 25 x BGM 225, BGM 5 x BGM 25 e BGM 77 x BGM 223 como as mais promissoras dentre os acessos de mandioca-de-mesa oriundo de Maringá.

## **CONCLUSÕES**

- Ampla variabilidade genética foi verificada no germoplasma de mandioca-de-mesa de Maringá;
- Os acessos de maior divergência média foram BGM 25, BGM 119 e BGM 223;
- As combinações entre os acessos BGM 25 x BGM 223, BGM 25 x BGM 225, BGM 5 x BGM 25 e BGM 77 x BGM 223 foram as mais promissoras para hibridação.

## **REFERÊNCIAS**

- CEBALLOS, H.; MORANTE, N.; CALLE, F.; LENIS, J.I.; JARAMILLO, G.; PÉREZ, J.C. Mejoramiento genético de la Yuca. In: OSPINA, B.; CEBALLOS, H. *La yuca em el Tercer Milênio – sistemas modernos de producción, procesamiento, utilización y comercialización*. Cali: CIAT, 2002. p.295-325.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*, 2.ed. rev., Viçosa: UFV, 2001, 309p.
- FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P.; MOREIRA, J.A.N.; COSTA, J.N. Parâmetros de estabilidade propostos por Lin e Binns (1988) comparados com o método de regressão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.32, p.407-414, 1997.

- FUKUDA, W.M.G. *Estratégia para um programa de melhoramento genético de mandioca*. Cruz das Almas: Embrapa-CNPMPF, 1996. 35p. (Embrapa-CNPMPF. Documentos, 71).
- FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L. *Descritores Morfológicos e Agronômicos para a Caracterização de Mandioca (Manihot esculenta Crantz)*. Cruz das Almas: Embrapa-CNPMPF, 1998. 38p. (Documentos – 78).
- GODOY, H.; CORREA, A.R.; SANTOS, D. Clima no Paraná. In: *Manual agropecuário para o Paraná*. Londrina: Iapar, 1976. p.17-36.
- GROSMANN, J.; FREITAS, A.G. Determinação do teor de matéria seca pelo peso específico em raízes de mandioca. *Revista Agronômica*, v.14, p.75-80, 1950.
- KVITSCHAL, M.V. *Caracterização e divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa da região urbana de Maringá, Paraná*. 2008. 140f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Estadual de Maringá – UEM, Maringá, 2008.
- NASSAR, N.M.A. Wild cassava, *Manihot spp.*: biology and potentialities for genetics improvement. *Genetics and Molecular Biology*, v.23, p.201-212, 2000.
- TELES, F.F.F. *Considerações sobre a análise do ácido cianídrico em mandioca e seus produtos manufaturados*. Fortaleza: ETENE/BNB, 1972. 24p.
- ZUIN, G.C.; VIDIGAL FILHO, P.S.; KVITSCHAL, M.V.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; COIMBRA, G.K. *Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná*. *Semina – Ciências Agrárias*, v.30, n.1, p.21-30, 2009.