

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MANDIOCA-DE-MESA DA REGIÃO URBANA DE MARINGÁ POR MEIO DE VARIÁVEIS MULTICATEGÓRICAS

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>,  
Luciano Ivano da SILVA<sup>6</sup>, Tiago Ribeiro da COSTA<sup>7</sup>.

**Resumo** - O objetivo deste estudo foi efetuar a caracterização e a análise da divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa oriundo da região urbana de Maringá, o qual vem sendo mantido no Banco de Germoplasma de Mandioca, da Universidade Estadual de Maringá. A caracterização foi realizada mediante o uso de 20 descritores morfo-agronômicos multicategóricos. As estimativas de dissimilaridade observadas evidenciaram ampla variabilidade genética. Os acessos mais similares foram BGM 161 e BGM 162, enquanto que BGM 17, BGM 20, BGM 56, BGM 77, BGM 105, BGM 119 e BGM 332 foram os mais divergentes. As combinações entre os acessos BGM 13 x BGM 20, BGM 33 x BGM 57, BGM 36 x BGM 57, BGM 56 x BGM 132, BGM 56 x BGM 161, BGM 77 x BGM 165, BGM 81 x BGM 218 foram indicadas como as mais promissoras para hibridação.

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

**Summary** – GENETIC DIVERGENCE IN SWEET-CASSAVA GERMPLASM FROM URBAN REGION OF MARINGÁ BY MULTICATEGORICAL TRAITS. The characterization and genetic divergence analysis of sweet-cassava germplasm from urban region of Maringá, which has been maintained in the Germplasm Bank of Universidade Estadual de Maringá, was the objective of this study. The characterization was done by 20 multicategorical morpho-agronomic traits. The values of dissimilarity evidenced wide genetic variability. The most similar entries were BGM 161 and BGM 162, while BGM

<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, nº854, 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)

<sup>6</sup> Biólogo, Mestrando em Genética e Melhoramento - Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. e-mails: [lucianobiopr@yahoo.com.br](mailto:lucianobiopr@yahoo.com.br)

<sup>7</sup> Eng. Agrônomo, Mestrando em Genética e Melhoramento - Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. e-mails: [tiago-ribeiro@oi.com.br](mailto:tiago-ribeiro@oi.com.br)

Apoio financeiro: CAPES e CNPq

17, BGM 20, BGM 56, BGM 77, BGM 105, BGM 119 and BGM 332 were the most divergent. The couples BGM 13 x BGM 20, BGM 33 x BGM 57, BGM 36 x BGM 57, BGM 56 x BGM 132, BGM 56 x BGM 161, BGM 77 x BGM 165 and BGM 81 x BGM 218 were the most promising parents for cross.

**Key words:** *Manihot esculenta* Crantz, germplasm bank, parent selection, genetic dissimilarity.

## INTRODUÇÃO

A etapa inicial de qualquer programa de melhoramento vegetal constitui-se da obtenção de germoplasma com ampla variabilidade genética da espécie que se deseja estudar, seja pela coleta de material vegetal *in situ* ou pelo intercâmbio de germoplasma mantido em Bancos de Germoplasma.

O melhoramento genético via introdução, avaliação e seleção criteriosa de germoplasma, para as espécies de importância comercial emergente constitui-se de um método simples, menos oneroso e eficiente (KAWANO, 2003). No entanto, a diversidade genotípica de mandioca, cujo potencial genético ainda foi pouco estudado, precisa ser coletada, armazenada e avaliada no que tange à identidade genética e ao potencial produtivo, de forma que a mesma possa ser utilizada em programas de melhoramento emergentes. Nesse sentido, a análise da divergência genética perfaz uma etapa importante no melhoramento genético, visto que ela auxilia a escolha de parentais que, hibridados, podem gerar ampla variabilidade genética passível de seleção (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Tendo em vista que a escolha correta de parentais é fundamental para o êxito de programas de melhoramento de mandioca que envolvem hibridação (FUKUDA, 1996), o objetivo deste estudo foi caracterizar e analisar a divergência genética de germoplasma de mandioca-de-mesa coletado na região urbana de Maringá, Estado do Paraná.

## MATERIAL E MÉTODOS

Um total de 75 acessos, coletados no ano de 2005 na região urbana de Maringá, PR, em áreas de cultivo de “fundo-de-quintal”, foram armazenados no Banco de Germoplasma de Mandioca da Universidade Estadual de Maringá (UEM) e, após avaliação, os mesmos caracterizaram-se como cultivares de mandioca-de-mesa (KVITSCHAL, 2008). A caracterização morfo-agronômica dos acessos iniciou-se aos seis meses após a brotação das manivas. As características avaliadas foram: coloração da brotação nova, coloração da folha, formato do lóbulo foliar, coloração do pecíolo, tipo de pecíolo, coloração de rama imatura, coloração de rama madura, coloração da epiderme do caule, tamanho da cicatriz foliar, tamanho da estípula, tipo de ramificação, ocorrência de florescimento, presença de pedúnculo na raiz tuberosa, coloração da película suberosa da raiz tuberosa, coloração

do córtex da raiz tuberosa, coloração da polpa da raiz tuberosa e textura da película suberosa da raiz tuberosa, conforme descritores propostos por Fukuda e Guevara (1998). A análise da divergência genética foi efetuada mediante metodologia de análise de variáveis multicategóricas, e os acessos foram agrupados pelo método de Otimização de Tocher.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1, pode-se verificar a existência de ampla variabilidade genética entre os acessos coletados, uma vez que as estimativas de dissimilaridade ( $d_{ij}$ ) foram elevadas (0,15 - 0,95). A maior similaridade genética foi verificada entre os acessos BGM 161 e BGM 162 ( $d_{ij} = 0,15$ ). Destaca-se ainda que o acesso BGM 163 também apresentou elevada similaridade com ambos os acessos supracitados, o que indica que estes três acessos possuem um elevado grau de parentesco, podendo ainda se tratar de amostras de uma mesma cultivar, coletadas em locais distintos, mas cadastradas como acessos diferentes no Banco de Germoplasma.

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

<i>Combinações menos divergentes</i>				<i>Combinações mais divergentes</i>			
Combinação	$d_{ij}$	Combinação	$d_{ij}$	Combinação	$d_{ij}$	Combinação	$d_{ij}$
BGM 161 x BGM 162	0,150	BGM 34 x BGM 36	0,300	BGM 20 x BGM 105	0,950	BGM 89 x BGM 119	0,900
BGM 30 x BGM 31	0,200	BGM 33 x BGM 40	0,300	BGM 25 x BGM 105	0,950	BGM 95 x BGM 119	0,900
BGM 161 x BGM 163	0,200	BGM 34 x BGM 40	0,300	BGM 56 x BGM 105	0,950	BGM 56 x BGM 132	0,900
BGM 162 x BGM 163	0,200	BGM 36 x BGM 40	0,300	BGM 95 x BGM 112	0,950	BGM 56 x BGM 161	0,900
BGM 33 x BGM 34	0,250	BGM 40 x BGM 52	0,300	BGM 20 x BGM 119	0,950	BGM 17 x BGM 165	0,900
BGM 15 x BGM 33	0,250	BGM 50 x BGM 92	0,300	BGM 112 x BGM 164	0,950	BGM 77 x BGM 175	0,900
BGM 12 x BGM 43	0,250	BGM 34 x BGM 161	0,300	BGM 77 x BGM 236	0,950	BGM 81 x BGM 218	0,900
BGM 89 x BGM 90	0,250	BGM 31 x BGM 162	0,300	BGM 105 x BGM 323	0,944	BGM 119 x BGM 222	0,900
BGM 50 x BGM 179	0,250	BGM 139 x BGM 162	0,300	BGM 13 x BGM 20	0,900	BGM 163 x BGM 232	0,900
BGM 92 x BGM 179	0,250	BGM 162 x BGM 164	0,300	BGM 33 x BGM 57	0,900	BGM 94 x BGM 236	0,900
BGM 50 x BGM 322	0,278	BGM 50 x BGM 178	0,300	BGM 36 x BGM 57	0,900	BGM 17 x BGM 289	0,900
BGM 196 x BGM 322	0,278	BGM 89 x BGM 178	0,300	BGM 17 x BGM 92	0,900	BGM 232 x BGM 296	0,900
BGM 252 x BGM 328	0,278	BGM 165 x BGM 201	0,300	BGM 17 x BGM 93	0,900	BGM 25 x BGM 332	0,900
BGM 16 x BGM 20	0,300	BGM 165 x BGM 222	0,300	BGM 77 x BGM 105	0,900	BGM 56 x BGM 332	0,900
BGM 15 x BGM 34	0,300	BGM 34 x BGM 52	0,350	BGM 43 x BGM 119	0,900	BGM 77 x BGM 332	0,900

Os acessos BGM 34, BGM 40, BGM 50 e BGM 162 apresentaram elevada similaridade média com toda a coleção de germoplasma oriunda do município de Maringá, visto que estes acessos estiveram presentes em várias das combinações menos divergentes (Tabela 1).

Todavia, as combinações mais divergentes apresentaram estimativas de dissimilaridade de até 95% ( $d_{ij} = 0,95$ ), com os acessos BGM 17, BGM 56, BGM 77, BGM 105 e BGM 119 compondo várias das combinações mais divergentes, o que indica de que estes acessos apresentam elevada divergência média em relação a todo o conjunto genotípico avaliado. Tal fato sugere que os acessos supracitados tendem a propiciar efeito heterótico satisfatório quando utilizados como parentais.

Na análise de agrupamento pelo método de Tocher, foi verificada a formação de 23 grupos, sendo os dois primeiros mais numerosos, constituídos por 18,7 e 17,4% dos acessos, respectivamente. Os grupos menos expressivos foram o XVII, XVIII, XIX, XX, XXI, XXII e XXIII, os quais foram constituídos por apenas um acesso, respectivamente (Tabela 2). Dos acessos que apresentaram maior divergência média (BGM 105, BGM 119 e BGM 77), apenas o BGM 77 foi alocado no grupo II, enquanto os acessos BGM 105 e BGM 119 foram alocados em um mesmo grupo, qual seja o grupo XI (Tabela 2). Embora estes dois acessos tenham apresentado elevada divergência média em relação a todo conjunto genotípico avaliado, foi verificado que ambos apresentaram valor reduzido de dissimilaridade entre si ( $d_{ij} = 0,45$ ), o que lhes garantiu serem alocados no mesmo grupo.

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 20 variáveis multicategóricas

Grupo	Acessos	(%)	Grupo	Acessos	(%)
I	BGM 161; BGM 162; BGM 163; BGM 164; BGM 31; BGM 30; BGM 34; BGM 33; BGM 15; BGM 40; BGM 168; BGM 84; BGM 36; BGM 52	18,7	XIII	BGM 37; BGM 95	2,7
II	BGM 12; BGM 43; BGM 16; BGM 77; BGM 116; BGM 327; BGM 90; BGM 89; BGM 178; BGM 50; BGM 322; BGM 92; BGM 179	17,4	XIV	BGM 59; BGM 296	2,7
III	BGM 252; BGM 328; BGM 223; BGM 62; BGM 96; BGM 326	8,0	XV	BGM 88; BGM 121	2,7
IV	BGM 165; BGM 201; BGM 222; BGM 132; BGM 289	6,6	XVI	BGM 236; BGM 332	2,7
V	BGM 25; BGM 56; BGM 124; BGM 198; BGM 214	6,6	XVII	BGM 225	1,3
VI	BGM 139; BGM 323; BGM 218; BGM 324	5,3	XVIII	BGM 317	1,3
VII	BGM 13; BGM 80; BGM 81	4,0	XIX	BGM 93	1,3
VIII	BGM 17; BGM 18	2,7	XX	BGM 20	1,3
IX	BGM 51; BGM 94	2,7	XXI	BGM 232	1,3
X	BGM 58; BGM 91	2,7	XXII	BGM 82	1,3
XI	BGM 105; BGM 119	2,7	XXIII	BGM 57	1,3
XII	BGM 5; BGM 112	2,7			

A análise intergrupos revelou que os valores mais elevados de divergência genética ocorreram entre os grupos XI e XX, XI e XVIII, XI e XIII, XII e XVI, VIII e XIX, XIV e XVIII, XV e XXII, XVII e XXIII, XVIII e XIX, XVIII e XXII. Por outro lado, pode-se verificar maior similaridade genética entre os grupos I e X, II e XIV, VII e XXIII, II e XX, I e XIII, V e IX, X e XXI, XVII e XXI, bem como entre os grupos XVII e XXIII. Com base nestas observações, seria possível inferir que a base genética de populações descendentes da hibridação entre acessos dos grupos XI e XX seria muito mais ampla do que naquelas populações resultantes da hibridação entre acessos dos grupos I e X. No entanto, vale ressaltar que os acesso do grupo XI (BGM 105 e BGM 119) não floresceram nas condições climáticas de Maringá, o que impossibilita seu uso como parentais via hibridações convencionais.

Neste contexto, não se pode deixar de citar a importância dos grupos XVI (BGM 236, BGM 332), XX (BGM 20) e XXII (BGM 82), os quais também apresentaram várias estimativas elevadas de dissimilaridade genética com os demais grupos definidos pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 2).

Com base nos resultados da análise das variáveis multicategóricas, foi possível definir as combinações entre os acessos BGM 13 x BGM 20, BGM 33 x BGM 57, BGM 36 x BGM 57, BGM 56 x BGM 132, BGM 56 x BGM 161, BGM 77 x BGM 165, BGM 81 x BGM 218 como sendo as mais promissoras, uma vez que as mesmas reúnem características desejáveis em pelo menos um dos parentais (KVITSCHAL, 2008), além de apresentarem elevada divergência genética entre si (Tabela 1). Dessa forma, as populações descendentes destas hibridações apresentam maior probabilidade de gerar indivíduos que reúnam várias características de interesse agrônomo e elevado potencial para a produção de raízes tuberosas.

## CONCLUSÕES

- Ampla variabilidade genética foi verificada no germoplasma de mandioca-de-mesa de Maringá;
- Os acessos de maior divergência média foram BGM 17, BGM 20, BGM 56, BGM 77, BGM 105, BGM 119 e BGM 332;
- As combinações entre os acessos BGM 13 x BGM 20, BGM 33 x BGM 57, BGM 36 x BGM 57, BGM 56 x BGM 132, BGM 56 x BGM 161, BGM 77 x BGM 165, BGM 81 x BGM 218 foram as mais promissoras para hibridação.

## REFERÊNCIAS

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*, 2.ed. rev., Viçosa: UFV, 2001, 309p.
- FUKUDA, W. M. G. *Estratégia para um programa de melhoramento genético de mandioca*. Cruz das Almas: Embrapa-CNPMP, 1996. 35p. (Documentos, 71).
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. *Descritores Morfológicos e Agrônômicos para a Caracterização de Mandioca (Manihot esculenta Crantz)*. Cruz das Almas: Embrapa-CNPMP, 1998. 38p. (Documentos, 78).
- 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.

KAWANO, K. Thirty years of Cassava Breeding for Productivity—Biological and Social Factors for Success. *Crop Science*, Madison, v.43, p.1325-1335, 2003.