

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA E ESPÉCIES SILVESTRES DE *Manihot* MEDIANTE CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA¹

Leônidas Francisco de Queiroz TAVARES FILHO², Carlos Alberto da Silva LEDO³,
Alfredo Augusto Cunha ALVES⁴, Ariana Silva SANTOS⁵, Leandro Simões Azeredo GONÇALVES⁶

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi promover a análise simultânea de variáveis morfológicas e posterior agrupamento para definição da diversidade genética entre cultivares de mandioca e espécies silvestres de *Manihot*. Foram avaliadas 4 características quantitativas e 10 categóricas em 14 acessos de mandioca e 15 espécies silvestres de *Manihot*. Foi utilizado o algoritmo de Gower para a realização da análise de agrupamento. Houve a formação de três grupos distintos. A análise de agrupamento foi eficiente em expressar o grau de variabilidade entre os genótipos avaliados o que permitirá a escolha de parentais a serem utilizados em programas de hibridação.

Palavras-chave: Dissimilaridade, *Manihot esculenta*, descritores morfológicos.

SUMMARY: GENETIC DIVERSITY BETWEEN CASSAVA CULTIVARS AND WILD MANIHOT SPECIES USING MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION. The objective of the present work was to evaluate the simultaneous analysis of morphological variables followed by clustering in order to study the genetic diversity between cassava and wild *Manihot* species. Four quantitative and 10 categorical characteristics were evaluated in 14 accessions of cassava and 15 wild *Manihot* species. The Gower algorithm was used in the cluster analysis. Three distinct groups were formed. The cluster analysis was efficient in identifying the variability between the genotypes evaluated, allowing the identification of parental genotypes for use in cassava breeding programs.

Keywords: Dissimilarity, *Manihot esculenta*, morphological descriptors.

INTRODUÇÃO

A necessidade da preservação de espécies selvagens, variedades locais e genótipos tradicionais em bancos de genes é evidente, que se tornaram uma importante forma de manutenção

1. Trabalho financiado pelo *Generation Challenge Programme* / EMBRAPA

1. Bolsista Apoio Técnico CNPq / Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, BA, 44380-000, leonidas76@gmail.com

2. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, BA, 44380-000, ledo@cnpf.embrapa.br

3. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, BA, 44380-000, aalves@cnpf.embrapa.br

4. Bolsista CNPq, Graduanda em Ciências Biológicas da UFRB, Cruz das Almas, BA, 44.380-000, ana.silva0491@hotmail.com

5. Lab. de M. Gen. Veg., C.C.T.A., UENF Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, 28.013-600, lsagrural@yahoo.com.br

genes (GEPTS, 2006). No entanto, os acessos em bancos de genes devem ser caracterizados e avaliados para determinar a diversidade genética, o que permitiria a identificação de genótipos e acessos de redundante interesse para programas de melhoramento. (Balestre et al., 2008; Gonçalves et al., 2008; Terzopoulos e Bebel, 2008).

A estimativa da distância genética entre genótipos informa a respeito da organização do germoplasma, aumenta a eficiência da amostragem de genótipos, auxilia na definição de cruzamentos artificiais, na incorporação de genes exóticos (fase de pré-melhoramento) e até na recomendação de cultivares para determinadas regiões, quando o objetivo é aumentar a base genética dos cultivares sob cultivo. Assim, se constitui numa ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento e um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis (Mohammadi e Prasanna, 2003). Esta técnica tem por base que quanto maior for a distância genética maior será a complementaridade de genes, pois representa o elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis para melhoramento (Nornberg et al., 2007).

O presente trabalho teve como objetivo foi promover a análise simultânea de variáveis morfo-agronômicas e posterior agrupamento para definição da diversidade genética entre cultivares de mandioca e espécies silvestres de *Manihot*.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, em Cruz das Almas, Bahia. Foram utilizados 14 acessos de mandioca e 15 espécies silvestres de *Manihot*.

Avaliações morfológicas foram realizadas do 8º mês do plantio (abril/2009), sendo 4 características quantitativas e 10 categóricas, conforme metodologia proposta por Fukuda e Guevara (1998), com ajuste para algumas características específicas das espécies silvestres (tabela 1).

Tabela 1. Descritores usados para a caracterização e evolução de 14 acessos de mandioca e 15 espécies silvestres de *Manihot*, originados dos bancos de germoplasma da EMBRAPA Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, Bahia.

Descritores	Caracterização
Comprimento do lóbulo central	Expresso em cm
Largura do lóbulo central	Expresso em cm
Relação Comprimento/Largura do lóbulo	
Comprimento do pecíolo	Expresso em cm
Cor da folha apical	(3=verde claro; 5=verde escuro; 7=verde arroxeadado; 9=roxo)
Cor do pecíolo	(1=verde amarelado; 2=verde; 3=verde avermelhado; 5=vermelho esverdeado; 7=vermelho; 9=roxo)
Cor da folha desenvolvida	(3=verde claro; 5=verde escuro; 7=verde arroxeadado; 9=roxo)
Cor dos ramos terminais	(3=verde; 5=verde-arroxeadado; 7=roxo)
Cor da nervura	(3=verde; 5=verde com vermelho em < 50%; 7= verde com vermelho em > 50%; 9=toda vermelha)
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; 10=linear-hostatilobada)
Número de lóbulos	(1=três; 3=cinco; 5=sete; 7=nove; 9=onze)
Pubescência do broto apical	(0=ausente; 1= presente)
Floração	(0=ausente; 1= presente)
Sinuosidade do lóbulo foliar	(3= liso; 7= sinuoso)

Para a análise simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas utilizou-se o algoritmo de Gower (Gower, 1971). Os agrupamentos hierárquicos das análises simultâneas a partir das matrizes de distância genética foram obtidos pelos métodos de UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (Sneath & Sokal 1973). A validação dos agrupamentos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (Sokal e Rohlf, 1962). A significância dos coeficientes de correlação cofenético foi calculada pelo teste de Mantel com 1000 permutações (Mantel, 1967). A matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtido pelo programa R (R Development Core Team, 2006). O dendrograma foi obtido pelo programa Statistica 7.1 (Statsoft, 2005).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O coeficiente de correlação cofenético foi de 0, 80**, indicando uma alta correlação entre as matrizes de distância e de agrupamento. A média da matriz de agrupamento, que definiu o número de grupos, foi de 0,46. O agrupamento dos genótipos pelo método de UPGMA (Figura 1) possibilitou a formação de 03 grupos de dissimilaridade, evidenciando a presença de diversidade entre os genótipos avaliados.

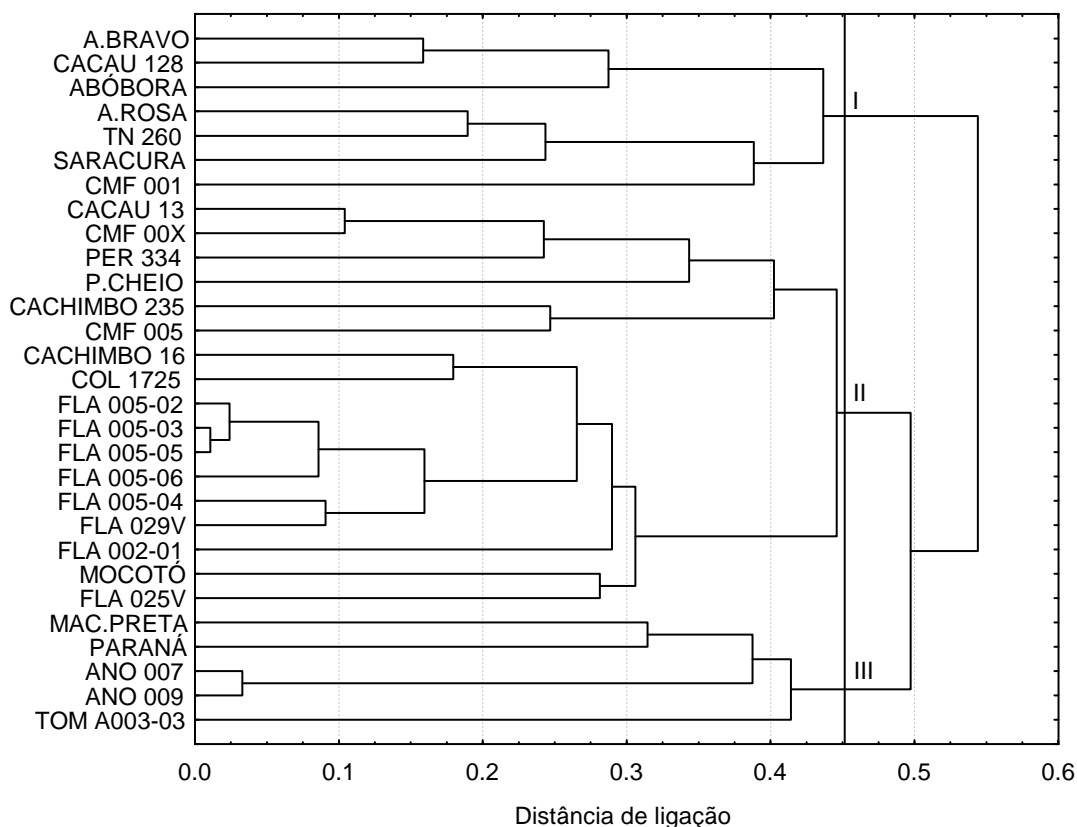


Figura 1. Dendrograma construído pelo método UPGMA com base na matriz de distância de Gower de 15 espécies silvestres de *Manihot* e 14 acessos de cultivares de mandioca a partir de 14 caracteres morfológicos.

Os grupos formados pelo método de UPGMA a partir da matriz de distâncias de Gower possibilitaram a divisão dos 29 genótipos – 14 cultivares de mandioca e 15 espécies silvestres - em 03 grupos: Grupo I com 7 genótipos, Grupo II com 17 genótipos e, Grupo III com 5 genótipos. No grupo I, com exceção de um genótipo de espécie silvestre de *Manihot*, os demais foram cultivares de mandioca. No grupo II, dos 17 genótipos, 10 são de espécies silvestres, onde a maioria dos acessos são de *Manihot esculenta sub. flabellifolia*. No grupo III, 2 genótipos são cultivares de mandioca e 3 são de espécies silvestres.

Os resultados demonstram que, dentro de um mesmo grupo, existe certa similaridade entre os genótipos de mandioca cultivada e espécies silvestres. Contudo, entre os grupos, notou-se variabilidades para os caracteres estudados, indicando que estes genótipos podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético da cultura.

CONCLUSÃO

A análise de agrupamento foi eficiente em expressar o grau de variabilidade entre os genótipos avaliados o que permitirá a escolha de parentais a serem utilizados em programas de hibridação.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

BALESTRE, M.; VON PINHO, R. G.; SOUZA J. C.; LIMA J. L. Comparison of maize similarity and dissimilarity genetic coefficients based on microsatellite markers. **Genet. Mol. Res.** 7: 695-705. 2008

CRUZ, C. D. **Programa genes** (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2008.

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. 38 p. (EMBRAPA – CNPMP. **Documento**, 78).

GEPTS, P. Plant genetic resources conservation and utilization. **Crop Sci.** 46: 2278-2292.2006.

GONÇALVES L. S.; RODRIGUES R, AMARAL A. T. J. R., KARASAWA M, et al. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genet. Mol. Res.** 7: 1289-1297. 2008.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, Arlington, v. 27, n. 4, p. 857-874. 1971.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, Birmingham, v.27, n.2, p.209-220, 1967.

MOHAMMADI, S.A.; PRASANNA, B.M. Analyses of genetic diversity in crop plants – Salient statistics tools and considerations. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

NORNBERG, R.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A . C.; BERTAN, I.; SCHMIDT, D. A. M; FONSECA, D. A. R. ; SILVEIRA, G.; RIBEIRO, G.; ZANATTA, O. Eficiência de três técnicas de estimativa de distâncias genéticas para indicação de genitores através da análise do desempenho de progênes. In: XVI Congresso de Iniciação Científica / IX Encontro de Pós-Graduação da Universidade Federal de Pelotas, 2007. **Anais...** do XVI CIC / IX ENPOS UFPel 2007, 2007.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. A language and environment for statistical computing. Vienna: **R Foundation for Statistical Computing**, 2006.

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy**: The principles and practice of numerical classification. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

SOKAL, R. R. and ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11 p.33-40. 1962.

STATSOFT, Inc. **Statistica for Windows (data analysis software system)**, version 7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.

TERZOPOULOS, P.J. & BEBEL, P.J. DNA and morphological diversity of selected Greek tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. **Sci. Horticulturae** 116: 354-361.2008