

ARTIGO



AUTORES:

João Ferdinando Barreto¹

Marcos Deon Vilela de Resende²

¹Embrapa Amazônia Ocidental, Rod. AM-10, km 29, 69010-970, Manaus, AM, Brasil.

²Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, km 111, 83411-000, Colombo, PR, Brasil.

Recebido: 23/04/2008

Aprovado: 31/03/2010

AUTOR CORRESPONDENTE:

Marcos Deon Vilela de Resende
E-mail: deon@cnpf.embrapa.br

PALAVRAS-CHAVE:

Manihot esculenta,
Melhoramento da mandioca,
Herdabilidade,
Germoplasma,
Reml/Blup.

KEY WORDS:

Manihot esculenta,
Cassava improvement,
Heritability,
Germplasm,
Reml/Blup.

Avaliação genotípica de acessos de mandioca no Amazonas e estimativas de parâmetros genéticos

Genotypic evaluation of cassava accessions in the State of Amazonas and genetic parameters estimates

Resumo: O presente trabalho relata a avaliação genotípica de 250 acessos de mandioca, no Estado do Amazonas, para os caracteres produtividade de raízes comerciais, teor de amido nas raízes, quantidade de raízes podres, número de raízes por planta, comprimento e diâmetro das raízes, e apresenta também estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) que permitem inferir sobre o controle genético e nível de variabilidade genética presente no material avaliado. Foi empregada a metodologia REML/BLUP. Constatou-se que a coleção de germoplasma apresenta considerável variabilidade genética, exceto para teor de amido. Assim, existem boas perspectivas para o melhoramento genético. As baixas herdabilidades de parcelas individuais verificadas (2% a 18%) são coerentes com a natureza quantitativa e poligênica desses caracteres. O melhoramento desses caracteres é plenamente possível e pode ser realizado de forma eficiente adotando-se um número adequado (entre 5 e 20) de repetições nos experimentos. As correlações genéticas entre produção de raízes comerciais e seus caracteres componentes (quantidade de raízes podres, número de raízes por planta, comprimento e diâmetro das raízes) equivaleram a -0,12; 0,33; 0,23 e 0,35, respectivamente, todas significativas pelo teste t. Assim, a produção de raízes comerciais é positivamente correlacionada com o comprimento e diâmetro de raízes e com o número de raízes por planta. Por outro lado, é negativamente correlacionada com a quantidade de raízes podres.

Abstract: This paper describes the evaluation of 250 samples of cassava in the Brazilian State of Amazonas. It also presents estimates of genetic parameters (heritability and genetic correlations) which provide information on the genetic control and level of variability level in the population under study. The productivity of commercial roots, starch content, number of rotten roots, number of roots per plant, and length and diameter of roots were evaluated. The REML/BLUP methodology was employed for estimation and prediction. It is shown that this germplasm collection presents enough genetic variability for breeding purposes, except so far as starch content is concerned. The low heritability values of individual plots (2% to 18%) are consistent with the quantitative and polygenic nature of these traits. The improvement of these traits can be efficiently achieved by using an adequate number of replications (more than 5) in the breeding trials. The genetic correlations between the productivity of commercial roots and its components (number of rotten roots, number of roots per plant and length and diameter of roots) were -0.12; 0.33; 0.23 and 0.35, respectively, which are significant according to the t test. The productivity of commercial roots is thus positively correlated with the number of roots per plant and the length and diameter of roots, and negatively correlated with the number of rotten roots.

1 Introdução

A cultura da mandioca apresenta grande relevância econômica e social nos países tropicais e subtropicais, sendo utilizada na alimentação humana e animal e também em processos industriais. A ocorrência da espécie cultivada (*Manihot esculenta*) estende-se do México até a Argentina. É cultivada em toda a América Latina e também na África e Ásia, onde foi introduzida (FUKUDA; IGLESIAS; SILVA, 1996).

Os recursos genéticos da espécie apresentam ampla variabilidade genética, a qual tem sido conservada e caracterizada por várias instituições nacionais e internacionais de pesquisa (CARDOSO; FARIAS NETO, 2003). No Brasil, algumas instituições possuem bancos ativos de germoplasma, os quais estão sob constante avaliação, já que se encontram associados a programas de melhoramento genético delineados para o desenvolvimento de novos cultivares adaptados a condições ambientais específicas.

Os principais caracteres de interesse do melhoramento nessa região são a produtividade de raízes tuberosas com padrão comercial, o teor de amido nas raízes, a resistência à podridão de raízes, o número de raízes por planta, o comprimento e o diâmetro das raízes. Dessa forma, é essencial a avaliação genotípica de acessos para todas essas variáveis.

Os caracteres mencionados são quantitativos e de herança poligênica (FUKUDA, 1999; FUKUDA et al., 2003; OKOGBENIN; FREGENE, 2003; CEBALLOS et al., 2004; NEBIYU, 2006; KIZITO et al., 2007; OJULONG et al., 2008). No entanto, raras são as estimativas de herdabilidade para esses caracteres nas condições brasileiras. Com base no exposto, o presente trabalho relata a avaliação genotípica de 250 acessos de mandioca no Estado do Amazonas para os caracteres acima mencionados e apresenta também estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidades e correlações genéticas) que permitem inferir sobre o controle genético e a nível de variabilidade genética presente no material avaliado.

2 Material e Métodos

Quatro experimentos foram conduzidos em dois anos (2003 e 2004), em condições de terra firme e várzea, em Manaus (3 graus de latitude sul e 60 graus de longitude oeste), no Estado do Amazonas, pela Embrapa Amazônia Ocidental. Os solos dos campos experimentais são do tipo Latossolo Amarelo ar-

giloso. Os quatro experimentos foram plantados com uma só repetição, porém com tratamentos comuns repetidos quatro vezes, os quais funcionam como testemunhas (Pirarucu Amarela, Pirarucu Creme, Amarelinha e De Fritar) e permitem conectar todos os experimentos. As parcelas foram constituídas de cinco plantas cada uma, espaçamento de 1 x 1 m, e o total de acessos avaliados foi de 250. Esses acessos pertencem ao banco de germoplasma do Programa de Melhoramento da Mandioca, coordenado pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, e são originados de diversas regiões do Brasil e, muitos, de coletas locais junto às comunidades do Amazonas.

Os caracteres avaliados foram: produtividade de raízes comerciais (kg/parcela), teor de amido nas raízes (%), número de raízes sadias (não podres), número de raízes por planta, comprimento e diâmetro das raízes (avaliados em códigos de 1 a 3, sendo 3 associado aos maiores diâmetros e comprimentos). Na avaliação foram usadas todas as raízes das cinco plantas de cada parcela e o teor de amido foi determinado a partir de amostra composta de raízes das cinco plantas.

Os quatro experimentos em grupo caracterizam um delineamento em blocos aumentados, conforme Federer (1998) e Duarte (2000). Dessa forma, os quatro experimentos foram analisados simultaneamente, via metodologia de modelos lineares mistos (procedimento REML/Blup), conforme Resende (2002), após verificação do pressuposto de ausência de interação blocos x tratamentos. Os efeitos de blocos (ou experimento) e genótipos foram considerados como aleatórios. Dessa forma, os parâmetros genéticos foram estimados via REML e os valores genotípicos ou médias genotípicas ajustadas dos acessos foram estimados pelo procedimento Blup, por meio do software Selegen-Reml/Blup (RESENDE, 2002).

Utilizou-se o seguinte modelo estatístico para a avaliação de clones no delineamento de blocos, aumentados com uma observação por parcela:

$$y = Xf + Zg + Wb + e, \text{ em que:}$$

y, f, g, b, e: vetores de dados (y), de médias das testemunhas e da população de clones (f:efeitos fixos), de efeitos genotípicos de acessos ou clones (g:aleatórios), de efeitos de experimentos ou blocos (b:aleatórios) e de erros (e:aleatórios), respectivamente.

X, Z e W = matrizes de incidência para f, g e b, respectivamente.

Distribuições e estruturas de médias e variâncias:

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xf \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma_g^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_b^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Equações de modelo misto:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \Lambda_1 & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \Lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix},$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1 - h_g^2 - b^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h_g^2 - b^2}{b^2}.$$

$$h_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2} = \text{herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo.}$$

$$b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_g^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2} : \text{coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.}$$

σ_g^2 = variância genotípica entre clones.

σ_b^2 = variância entre blocos ou experimentos.

σ_e^2 = variância residual entre parcelas.

Estimadores de componentes de variância por REML via algoritmo EM:

$$\hat{\sigma}_e^2 = [y'y - \hat{f}' X'y - \hat{g}' Z'y - \hat{b}' W'y] / [N - r(x)]$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = [\hat{g}'\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{22}] / q$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = [\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 \text{tr } C^{33}] / s$$

em que:

C^{22} e C^{33} advêm de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} \end{bmatrix}^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} \end{bmatrix}$$

C = matriz dos coeficientes das equações de modelo misto;

tr = operador traço matricial;

r(x) = posto da matriz X;

N,q,s = número total de dados, número de clones e número de blocos ou experimentos, respectivamente.

3 Resultados e Discussão

Os caracteres comprimento e diâmetro de raízes apresentaram considerável variabilidade genética, com coeficientes de variação genética equivalendo a cerca de 8% e 13%, respectivamente. Apresentaram também herdabilidades no sentido amplo, equivalendo a 6% e 17% (Tabelas 1 e 2).

Tabela 1 - Estimativas de parâmetros genéticos e médias genotípicas dos cinco melhores acessos de mandioca para o caráter comprimento de raízes, avaliado em escala de 1 a 3, sendo 3 associado aos maiores comprimentos. Manaus – AM (2003, 2004).

Herdabilidade de parcelas (1) individuais no sentido amplo	Coefficiente de variação genotípica	Média Geral		
6,2%	7,8%	2,28		
Ordem	Acesso	Média Fenotípica	Média Genotípica	Ganho Genético (%)
1	IM1055	3,00	2,42	6,14
2	IM923	3,00	2,41	5,70
3	IM1448	3,00	2,38	4,40
4	IM1449	3,00	2,38	4,40
5	IM1494	3,00	2,38	4,40

(1)Parcelas com cinco plantas, associadas à avaliação de 250 acessos.

Tabela 2 - Estimativas de parâmetros genéticos e médias genotípicas dos cinco melhores acessos de mandioca para o caráter diâmetro de raízes, avaliado em escala de 1 a 3, sendo 3 associado aos maiores diâmetros. Manaus – AM (2003, 2004).

Herdabilidade de parcelas (1) individuais no sentido amplo	Coefficiente de variação genotípica	Média Geral		
17,0%	12,8%	1,73		
Ordem	Acesso	Média Fenotípica	Média Genotípica	Ganho Genético (%)
1	IM1050	3,00	2,03	17,34
2	IM1055	3,00	2,03	17,34
3	IM1072	3,00	2,03	17,34
4	IM894	3,00	2,03	17,34
5	IM897	3,00	2,03	17,34

(1)Parcelas com cinco plantas, associadas à avaliação de 250 acessos.

Esses valores são considerados baixos, mas são coerentes com a natureza quantitativa e poligênica desses caracteres, com grande influência ambiental (VENCOVSKY, 1987). Essas magnitudes de variação genotípica e grau de herança são suficientes para propiciar ganhos genéticos da ordem de 6% e 17%,

respectivamente, com a seleção dos melhores acessos. Verifica-se também que as médias fenotípicas dos melhores acessos diferem de suas médias genotípicas. Isto se deve ao fato de que as herdabilidades dos caracteres são menores do que 1. Assim, torna-se essencial estimar a média genotípica via procedimento Blup e fazer inferências práticas baseando-se nas médias genotípicas e não nas médias fenotípicas, conforme enfatizado por Resende e Duarte (2007). Ceballos et al. (2004) também relatam a importância da estimação dos valores genéticos dos genitores, visando o aumento da eficiência dos programas de melhoramento da mandioca.

Os caracteres número de raízes e número de raízes podres por cinco plantas apresentaram variabilidade genética alta, com coeficientes de variação genética altos, equivalendo a cerca de 19% e 33%, respectivamente. Apresentaram também herdabilidades de parcelas individuais no sentido amplo equivalentes a cerca de 18% e 6% (Tabelas 3 e 4).

Tabela 3 - Estimativas de parâmetros genéticos e médias genotípicas dos 5 melhores acessos de mandioca para o caráter número de raízes em cinco plantas. Manaus – AM (2003, 2004).

Herdabilidade de parcelas (1) individuais no sentido amplo	Coefficiente de variação genotípica	Média Geral		
17,6%	19,3%	26,8		
Ordem	Acesso	Média Fenotípica	Média Genotípica	Ganho Genético (%)
1	Im783	73	35,59	32,80
2	Im537	57	34,57	28,51
3	Im861	49	33,87	29,77
4	Im1327	53	33,63	28,80
5	Im1022	49	33,02	26,42

(1) Parcelas com cinco plantas, associadas à avaliação de 250 acessos.

Tabela 4 - Estimativas de parâmetros genéticos e médias genotípicas dos cinco melhores acessos de mandioca para o caráter número de raízes podres. Manaus – AM (2003, 2004).

Herdabilidade de parcelas (1) individuais no sentido amplo	Coefficiente de variação genotípica	Média Geral		
6,0%	32,68%	4,51		
Ordem	Acesso	Média Fenotípica	Média Genotípica	Ganho Genético (%)
1	IM897	0	3,75	16,85
2	IM885	0	3,75	16,85
3	IM1077	0	3,75	16,85
4	IM1055	0	3,75	16,85
5	IM998	0	3,80	15,74

(1) Parcelas com cinco plantas, associadas à avaliação de 250 acessos.

Esses valores são considerados baixos, mas são coerentes com a natureza quantitativa e poligênica desses caracteres. Essas magnitudes de variação

genotípica e grau de herança são suficientes para propiciar ganhos genéticos da ordem de 33% e 17%, respectivamente, com a seleção dos melhores acessos. Tais ganhos genéticos são de alta magnitude e indicam uma situação muito favorável para a seleção. Verifica-se também que as médias fenotípicas dos melhores acessos diferem de suas médias genotípicas. Assim, torna-se essencial estimar a média genotípica via procedimento Blup e fazer inferências práticas baseando-se nas médias genotípicas e não nas médias fenotípicas. Verifica-se, inclusive, para a variável número de raízes por cinco plantas, que a seleção com base em médias fenotípicas, além de superestimar muito as verdadeiras médias genotípicas dos acessos conduziria a um ordenamento errôneo dos melhores materiais. Isto pode ser visto notando-se que o quarto melhor acesso apresenta média fenotípica de 53 e o terceiro melhor acesso apresenta média fenotípica de 49 (Tabela 3). Isto se deve ao fato de que o genótipo com média 53 encontra-se em um bloco melhor do que aquele em que se situa o genótipo com média 49. O procedimento Blup corrige isto e fornece as médias genotípicas livres dos efeitos ambientais.

O caráter produção de raízes comerciais apresentou coeficiente de variação genética equivalendo a 8%. Por outro lado, o caráter teor de amido apresentou baixíssima variabilidade genética, com coeficiente de variação genética equivalendo a 2%. Porém, a média desse caráter foi alta, com valor próximo àqueles presentes em várias cultivares comerciais (FUKUDA et al., 2003), mostrando que os acessos avaliados apresentam bom teor de amido. Ambos os caracteres apresentaram baixíssimas herdabilidades no sentido amplo de parcelas individuais com cinco plantas, com valores equivalentes a 2% (Tabelas 5 e 6).

Tabela 5 - Estimativas de parâmetros genéticos e médias genotípicas dos cinco melhores acessos de mandioca para o caráter produção de raízes comerciais (kg / parcela). Manaus – AM (2003, 2004).

Herdabilidade de parcelas (1) individuais no sentido amplo	Coefficiente de variação genotípica	Média Geral		
2,0%	8,4%	14,05		
Ordem	Acesso	Média Fenotípica	Média Genotípica	Ganho Genético (%)
1	IM1485	55,0	14,94	6,33
2	IM985	53,7	14,80	5,34
3	IM1050	51,5	14,65	4,27
4	IM1004	45,4	14,61	3,99
5	IM1065	41,9	14,54	3,49

(1) Parcelas com cinco plantas, associadas à avaliação de 250 acessos.

Tabela 6 - Estimativas de parâmetros genéticos e médias genotípicas dos cinco melhores acessos de mandioca para o caráter teor de amido (%). Manaus – AM (2003, 2004).

Herdabilidade de parcelas (1) individuais no sentido amplo	Coefficiente de variação genotípica	Média Geral		
2,0%	1,8%	26,33		
Ordem	Acesso	Média Fenotípica	Média Genotípica	Ganho Genético (%)
1	IM1049	37,92	26,55	0,84
2	IM1482	34,39	26,48	0,57
3	IM1089	34,34	26,47	0,53
4	IM1005	34,17	26,47	0,53
5	IM813	31,86	26,47	0,53

(1) Parcelas com cinco plantas, associadas à avaliação de 250 acessos.

Esses valores são considerados baixos, mas são coerentes com a natureza quantitativa e poligênica desses caracteres. Kawano et al. (1998) e Iglesias e Hershey (1994) relatam que a produção de raízes apresenta herdabilidade no sentido amplo muito baixa, embora Kizito et al. (2007), Okogbenin e Fregene (2003) e Ojulong et al. (2008) tenham relatado uma herdabilidade moderada. Essas magnitudes de variação genotípica e grau de herança são suficientes para propiciar ganhos genéticos da ordem de 6% na produção de raízes comerciais. Entretanto, para o caráter teor de amido não há perspectivas de melhoramento, dado a simultânea baixa variabilidade genotípica e baixa herdabilidade. Verifica-se também que as médias fenotípicas dos melhores acessos diferem muito de suas médias genotípicas. Isto se deve ao fato de que as herdabilidades dos caracteres são muito menores do que 1 e que os mesmos estão sob grande influência ambiental. Os altos valores das médias fenotípicas para a produção de raízes são pouco prováveis de serem repetidos na prática, em plantios comerciais.

Constatou-se que a coleção de germoplasma da mandioca avaliada apresenta considerável variabilidade genética, exceto para teor de amido. Esses resultados concordam com os obtidos por Nebiyu (2006), que constatou alta variabilidade genética em uma coleção de 36 acessos de mandioca, na Etiópia. Assim, existem boas perspectivas para o melhoramento genético. As baixas herdabilidades verificadas são coerentes com a natureza quantitativa e poligênica desses caracteres.

Vencovsky (1987), Resende (2002) e Resende e Barbosa (2005) relatam que a maioria dos caracteres quantitativos de importância econômica apresentam herdabilidade individual menor do que 20%, conforme verificado no presente trabalho. O melhoramento desses caracteres é plenamente possível e pode ser

realizado de forma eficiente adotando-se um número adequado de repetições nos experimentos.

No caso dos bancos de germoplasma de mandioca, apenas uma repetição tem sido adotada, fato que dificulta a realização de uma eficiente seleção para esses caracteres associados à produtividade. Nesse caso, recomenda-se a realização de seleção branda, em baixa intensidade, com posterior reavaliação dos genótipos selecionados em experimentos com adequado número de repetições. Conhecendo-se a herdabilidade (h^2) de parcelas individuais do caráter pode-se inferir sobre o número adequado de repetições (r) a ser empregado na experimentação, visando à seleção com eficiência e alta acurácia (Ac), por meio da expressão: $Ac = [r h^2 / (1 + (r-1) h^2)]^{1/2}$, conforme Resende e Barbosa (2005). Assim, com h^2 igual a 5%, o uso de 20 repetições (r) conduz a uma acurácia seletiva de 71,6%, o qual é um valor adequado no contexto do melhoramento (RESENDE; DUARTE, 2007). Com h^2 igual a 20%, o uso de 5 repetições conduz a uma acurácia seletiva de 74,5%, o qual também é um valor adequado. Dessa forma, para os caracteres avaliados no presente estudo, um número de repetições entre 5 e 20 deve ser adotado na experimentação visando o melhoramento da mandioca.

As correlações genéticas entre produção de raízes comerciais e seus caracteres componentes (quantidade de raízes podres, número de raízes por planta, comprimento e diâmetro das raízes) equivaleram a -0,12; 0,33; 0,23 e 0,35, respectivamente, todas significativas pelo teste t . Assim, a produção de raízes comerciais é positivamente correlacionada com o comprimento e diâmetro de raízes e com o número de raízes por plantas. Por outro lado, é negativamente correlacionada com a quantidade de raízes podres. Esses resultados estão de acordo com os relatados por Fukuda e Caldas (1987) e Fukuda et al. (2003) e indicam que todos esses caracteres são importantes critérios de seleção.

Kawano et al. (1998) relatam adicionalmente que o caráter índice de colheita é importante na seleção para produtividade de raízes, destacando que os dois caracteres são altamente correlacionados, mas o índice de colheita apresenta maior herdabilidade do que a produção de raízes.

Os acessos com maior produção de raízes (variável mais importante) não aparecem na relação dos cinco melhores para comprimento, diâmetro e número de raízes (exceto o acesso IM1050 para o caráter diâmetro de raízes), embora as correlações genéticas envolvendo a produção e essas variáveis sejam

positivas. Assim, na prática da seleção, um índice deve ser calculado combinando essas quatro variáveis e novo ganho com seleção baseada no índice deve ser computado.

4 Conclusões

A coleção de germoplasma de mandioca avaliada no Amazonas apresenta considerável variabilidade genética, exceto para o teor de amido. Assim, existem boas perspectivas para o melhoramento genético.

O melhoramento desses caracteres é plenamente possível e pode ser realizado de forma eficiente adotando-se um número de repetições superior a cinco nos experimentos.

A produção de raízes comerciais é positivamente correlacionada com o comprimento e diâmetro de raízes e com o número de raízes por planta. Por outro lado, é negativamente correlacionada com a quantidade de raízes podres; assim, a resistência à podridão é de grande importância.

Referências

- CARDOSO, E.M.R.; FARIAS NETO, J.T. Diversidade genética entre acessos de mandioca avaliados a partir de caracteres morfoagronômicos. *Revista de Ciências Agrárias*, v.39, p.109-121, 2003.
- CEBALLOS, H.; IGLESIAS, C.; PEREZ, J.C.; DIXON, A.G.O. Cassava breeding: opportunities and challenges. *Plant Molecular Biology*, v.56, p.506-516, 2004.
- DUARTE, J.B. *Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal*, 2000. 293 f. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP. Piracicaba, SP.
- FEDERER, W.T. Recovery of interblock, intergradient, and intervarietal information in incomplete block and lattice rectangle designed experiments. *Biometrics*, v.54, n.2, p.471-481, 1998.
- FUKUDA, W.M.G. Melhoramento de mandioca. In: BORÉM, A. (Ed.) *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: Editora UFV, 1999.
- FUKUDA, W.M.G.; CALDAS, R.C. Correlação entre caracteres morfológicos e agronômicos em mandioca.

Revista Brasileira de Mandioca, v.6, p.35-40, 1987.

FUKUDA, W.M.G.; COSTA, I.R.S.; VILARINHOS, A.D.; OLIVEIRA, R.P. *Banco de germoplasma de mandioca: manejo, conservação e caracterização*. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2003. 103p. (Documentos, 68).

FUKUDA, W.M.G.; IGLESIAS, C.; SILVA, S.O. *Melhoramento de mandioca*. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1996. 53p. (Documentos, 104).

IGLESIAS, C.; HERSHEY, C.H. Cassava breeding at CIAT: Heritabilities estimates and genetic progress in the 1980's. *Acta Horticulturae*, v.380, p.149-163, 2003.

KAWANO, K.; NARINTARNAPORN, K.; SARAKARN, S.; LIMSILA, A. Yield improvement in a multistage breeding program for cassava. *Crop Science*, v.38, p.325-332, 1998.

KIZITO, E.; RONNBERG-WASTLJUNG, A.C.; EGWANG, T.; GULLBERG, U.; FREGENE, M.; WESTERBERGH, A. Quantitative trait loci controlling cyanogenic glucoside and dry matter content in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) roots. *Hereditas*, v.144, n.4, p.129-136, 2007.

NEBIYU, A. Genetic variations in cassava at Jimma, Southwest Ethiopia. *Tropical Science*, v.46, n.3, p.171-175, 2006.

OJULONG, H.; LABUSCHANGNE, M.T.; FREGENE, M.; HERSELMAN, L. A cassava clonal evaluation trial based on a new cassava breeding scheme. *Euphytica*, v.160, n.1, p.119-129, 2008.

OKOGBENIN, E.; FREGENE, M. Genetic mapping of QTLs affecting productivity and plant architecture in a full-sib cross from non-inbred parents in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz). *Theoretical and Applied Genetics*, v.107, n.8, p.1452-1462, 2003.

RESENDE, M.D.V. de. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p..

RESENDE, M.D.V. de; BARBOSA, M.H.P. *Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada*. Colombo: Embrapa Florestas, 2005. 165 p..

RESENDE, M.D.V. de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.37, n.3, p.182-194, 2007.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). *Melhoramento e produção de milho*. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.137-214.