

Variabilidade genética de híbridos interespecíficos de Mandioca avaliada por meio de descritores morfológicos

Ian Santana Freitas¹; Fábio da Silva Nascimento¹; Cristina de Fátima Machado²; Carlos Alberto da Silva Ledo²

¹Estudantes de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia, ianfreitas@gmail.com, fabio_nasci96@yahoo.com; ²Pesquisadores da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, cristina.fatima-machado@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br

A disponibilidade das espécies silvestres de *Manihot* ocorre com certa dificuldade de acesso aos programas de melhoramento, tendo em vista que muitas delas não vigoram fora do seu habitat. Sobretudo, por agrupar composições genéticas de distintos graus de melhoramento e origem, as espécies silvestres possuem grande potencial no que diz respeito a características que podem ser utilizadas nas espécies com aptidão de mercado. Este trabalho foi conduzido com os objetivos de: i) avaliar a variabilidade genética de 17 híbridos interespecíficos de Mandioca em função de 14 descritores morfológicos; ii) estabelecer quais destes evidenciam maior entropia; e iii) agrupar os híbridos em função da sua dissimilaridade genética. O estudo foi realizado em Campo Experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas – BA (Latitude: 12°40'39"S, Longitude: 39°06'23"W e Altitude: 220m) e o experimento foi implantado em 28/01/2016. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos causalizados com 17 tratamentos em três repetições, exceto cinco combinações híbridas, presentes, apenas, em dois dos três blocos. Tal fato ocorreu devido à mortalidade desses materiais genéticos durante a condução do experimento. Cada parcela experimental foi constituída de dez plantas espaçadas de 1,50 m x 1,10 m. A utilização do espaçamento fora do padrão convencional da cultura da mandioca (0,90 x 0,80 m), se deve ao vigor das combinações híbridas, que produzem raízes com dimensões superiores a 2 m de comprimento. Com base nos dados obtidos foi estimado o nível de entropia dos caracteres entre a dissimilaridade genética e, posteriormente, os acessos foram agrupados pelo método de agrupamento UPGMA - *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. Os híbridos interespecíficos de mandioca foram divididos em dois grupos distintos, o que evidencia pouca variabilidade genética entre os mesmos. Esse resultado se deve, provavelmente, ao número reduzido de descritores utilizados. Os caracteres com os maiores valores de entropia foram: formato do lóbulo central; número de lóbulos; cor externa do caule; cor do pecíolo; cor da epiderme do caule. Os com menores entropias foram: filotaxia; cor da folha apical; e cor da folha desenvolvida. As frequências percentuais e absolutas em relação aos descritores de córtex do caule, hábito de crescimento, tipo de planta, hábito de ramificação e floração, foram as mais representativas. Outros descritores, tais como cor da folha apical, pubescência, cor do pecíolo e filotaxia, variaram em relação aos híbridos, inclusive entre si. No Grupo 2, os híbridos Formosa x Flabelifolia 04 e Formosa x Flabelifolia 03 apresentam similaridade genética entre si. Já no Grupo 1, os híbridos de Formosa x Flabelifolia 05 e Verdinha x Flabelifolia 03 se mostram mais símeis. Os híbridos que apresentaram maior dissimilaridade no Grupo 1 foram: Formosa x Peruviana 03 em relação aos híbridos Formosa x Flabelifolia 05 e Verdinha x Flabelifolia 03. Já no grupo 2, o híbrido Verdinha x Flabelifolia 02 se mostrou mais distinto em relação à Formosa x Flabelifolia 04 e Formosa x Flabelifolia 03. Vale salientar que os resultados obtidos são preliminares, o que infere que precisam ser repetidos em estudos consequentes visando quantificar as combinações híbridas promissoras, sobretudo, quanto aos caracteres de interesse agrônomo.

Significado e impacto do trabalho: O conhecimento da variabilidade genética em híbridos interespecíficos de mandioca, acessada por meio de descritores morfológicos e agrônômicos, é de importância prática, pois essas combinações contêm alelos de interesse relacionados a fatores bióticos (resistência e/ou tolerância a pragas e doenças) e abióticos (condições climáticas adversas). Tais fatores permitirão a seleção de combinações híbridas superiores, as quais podem ser incorporadas ao programa de melhoramento.