

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA DA *EMBRAPA CERRADOS*

**Eduardo Alano Vieira¹; Josefino de Freitas Fialho¹; Fábio Gelape Faleiro¹;
Wania Maria Gonçalves Fukuda²; Nilton Tadeu Vilela Junqueira¹**

¹*Embrapa Cerrados*, Caixa Postal 08223, 73301-970 Planaltina, DF.

E-mail: vieiraea@cpac.embrapa.br;

²*Embrapa Mandioca e Fruticultura*, Caixa Postal 007, 44380-000 Cruz das Almas, BA.

INTRODUÇÃO

A criação e manutenção de um banco de germoplasma, tem como finalidade principal reunir em um local parte da variabilidade genética de uma espécie (germoplasma), visando evitar a erosão genética (perda de genes ou de combinações gênicas), para desta forma assegurar uma ampla base genética para programas de melhoramento (Fukuda, 1996). O termo erosão genética refere-se ao abandono, perda ou substituição do estoque de genes do “pool gênico” de uma determinada espécie. No caso da agricultura esta perda se dá por meio do abandono por parte dos agricultores, de variedades primitivas locais de longa tradição regional, em favor de formas comerciais melhoradas de uma espécie; o que acarreta numa diminuição da base genética da cultura. Visando evitar tal perda, um banco de germoplasma normalmente é constituído por variedades antigas (crioulas), variedades modernas (melhoradas em vários locais) e variedades silvestres do mesmo gênero da cultura em questão. Em função de um BG reunir ao mesmo tempo constituições genéticas de diferentes origens e de diferentes níveis de melhoramento ele pode constituir-se numa ótima fonte de genes para os programas de melhoramento genético.

A cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) exhibe uma ampla variabilidade genética no Brasil, principalmente em função da espécie ter como centro de origem e diversidade o país, e ser amplamente cultivada desde o período pré-colombiano. Desta forma, os melhoristas de mandioca tem a sua disposição uma enorme variabilidade de acessos com caracteres morfológicos, algumas vezes, muito diferentes dos exibidos pelas variedades melhoradas. Dentre estes caracteres, atualmente vem sendo dada grande atenção a resistência a moléstias e pragas, bem como aos chamados caracteres nutricionais (biofortificação). Um banco de germoplasma também pode servir como uma excelente fonte de genes de adaptação, estes oriundos das variedades crioulas que evoluíram e foram selecionadas pelos agricultores em determinadas regiões. Desta forma, fica evidente que um bom banco de germoplasma, bem representativo e principalmente bem caracterizado e avaliado pode tornar-se uma ótima fonte de genitores para programas de melhoramento para a cultura da mandioca.

O objetivo do presente trabalho foi caracterizar morfológicamente 356 acessos do banco de germoplasma de mandioca da *Embrapa Cerrados*, e agrupar os acessos em função de sua similaridade genética.

METODOLOGIA

No ano de 2004, 356 acessos do banco de germoplasma de mandioca da *Embrapa Cerrados* foram caracterizados por meio da utilização de 27 descritores morfológicos: 1) cor da folha apical, 2) pubescência do broto apical, 3) forma do lóbulo central, 4) cor do pecíolo, 5) cor do córtex do caule, 6) cor externa do caule, 7) comprimento da filotaxia, 8) presença de pedúnculo nas raízes, 9) cor externa da raiz, 10) cor do córtex da raiz, 11) cor da polpa da raiz, 12) textura da epiderme da raiz, 13) floração, 14) cor da folha desenvolvida, 15) número de lóbulos, 16) cor da epiderme do caule, 17) hábito de crescimento de caule, 18) cor dos ramos principais nas plantas adultas, 19) constrições da raiz, 20) posição do pedúnculo, 21) forma da raiz, 22) tipo de planta, 23) comprimento médio da raiz, 24) diâmetro médio da raiz, 25) destaque da película da raiz, 26) destaque do córtex da raiz e 27) posição das raízes, as avaliações foram realizadas de acordo com as recomendações de Fukuda & Guevara (1998).

Os dados aferidos a campo foram utilizados na estimativa da similaridade genética (SG) entre todos os pares de acessos, por meio do índice de coincidência simples. A matriz de similaridade foi transformada em uma matriz de dissimilaridade genética (DG) a partir do complemento da matriz de similaridade estimada ($Dg = 1 - Sg$). Posteriormente, com base na matriz de dissimilaridade genética, os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher, sendo que tal método é baseado na premissa da existência de homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos. Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio dos programas Genes (Cruz, 2001) e Ntsys pc 2.1 (Rohlf, 2000)

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos evidenciaram que os acessos de mandioca mantidos no banco de germoplasma da *Embrapa Cerrados* exibem uma ampla variabilidade genética, uma vez que dentre os 27 caracteres avaliados, somente para o caráter hábito de crescimento de caule não foi detectada variabilidade, uma vez que nenhum dos acessos estudados possui crescimento em zig-zague (dados não apresentados). Ou seja, os resultados obtidos permitem o estabelecimento da hipótese de que os acessos de mandioca do banco de germoplasma do cerrado possuem uma elevada base genética e podem constituírem-se em uma excelente fonte de germoplasma para os programas de melhoramento de mandioca.

A análise de agrupamento de Tocher, particionou os 356 acessos de mandioca avaliados em 34 grupos distintos, em função da sua similaridade genética. Sendo um grande grupo constituído por 99 acessos, cinco grupos medianos constituídos de 37 a 24 acessos e 28 grupos pequenos formados por menos de 13 acessos, dentre os grupos pequenos seis foram formados por apenas um acesso, o que aponta na direção de que tais acessos são os mais divergentes em relação aos demais.

Os acessos de cada grupo apresentaram uma distância genética média inferior a 0,41, ou seja, a similaridade média em cada grupo foi superior a 0,59, o que permite que se admita que realmente os grupos formados são bastante homogêneos (Tabela 1). O estabelecimento de grupos de genótipos com homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre grupos, pode ser o ponto de partida para uma avaliação mais minuciosa dos acessos, visando o seu aproveitamento de forma direta nos programas de melhoramento. Ou seja, tal tipo de análise pode ser o ponto de partida para que o pesquisador selecione alguns acessos para uma avaliação mais minuciosa, em ensaios maiores e com repetições. Desta forma, os resultados obtidos apontam para a possibilidade do pesquisador amostrar genótipos pertencentes a grupos diferentes, que então poderão ser avaliados quanto a caracteres fenotípicos de interesse agrônomico em ensaios mais elaborados.

Tabela 1. Grupos de acessos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade genética, número de acessos em cada grupo e a dissimilaridade genética média dentro de cada grupo. Planaltina/Embrapa Cerrados, 2005.

Grupo	Acessos	Número de acessos	Dissimilaridade média intragrupo
1	1, 3, 11, 42, 48, 69, 81, 85, 108, 103, 112, 124, 142, 148, 158, 162, 181, 205, 230, 238, 255, 260, 261, 263, 276, 279, 283, 304, 305, 308, 311, 312, 313, 314, 315, 341 e 356	37	0,38
2	16, 18, 19, 27, 34, 44, 47, 55, 56, 57, 59, 60, 62, 64, 65, 70, 71, 73, 74, 75, 84, 88, 94, 105, 113, 114, 116, 117, 119, 121, 122, 123, 125, 126, 128, 136, 140, 143, 145, 146, 147, 153, 155, 164, 170, 176, 189, 195, 201, 203, 208, 211, 212, 213, 216, 217, 218, 225, 233, 246, 248, 250, 252, 254, 259, 262, 266, 268, 271, 272, 274, 277, 282, 285, 286, 289, 290, 292, 295, 296, 297, 298, 301, 307, 319, 320, 323, 329, 332, 333, 335, 336, 337, 338, 339, 342, 349, 351 e 352,	99	0,37
3	4, 8, 13, 15, 21, 26, 29, 30, 31, 32, 33, 36, 38, 40, 52, 63, 67, 68, 72, 89, 95, 96, 99, 104, 111, 130, 154, 156, 157, 166, 175, 177, 186, 191 e 224	35	0,37
4	46, 93, 97, 129, 138, 144, 151, 159, 160, 163, 167, 173, 174, 185, 188, 194, 207, 214, 215, 219, 220, 231, 232, 242, 264, 269, 270, 303, 316, 317 e 340,	31	0,37
5	6, 45, 98, 101, 102, 107, 109, 115, 132, 150, 168, 182, 204, 222, 228, 229, 234, 236, 237, 243, 247, 275, 299 e 310,	24	0,38
6	5, 7, 9, 10, 20, 22, 23, 24, 25, 28, 35, 39, 53, 54, 78, 87, 90, 92, 100, 133, 135, 152, 169, 178, 267 e 294	26	0,38
7	134, 137, 223, 258, 284, 306, 325, 347 e 353	9	0,36
8	190, 193, 226, 241, 244, 251, 257, 288, 291, 309, 327, 328 e 334	13	0,32
9	12, 37, 61, 80, 83, 118, 120, 141, 149 e 165	10	0,34
10	187, 202, 210 e 273	4	0,31
11	58, 77, 79, 86, 91 e 161	6	0,33

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Grupo	Acessos	Número de acessos	Dissimilaridade média intragrupo
12	184, 196, 206, 221, 324, 330, 345 e 354	8	0,38
13	198, 199, 245, 278, 280 e 350	6	0,37
14	127, 131, 171 e 209	4	0,35
15	180, 197, 265 e 348	4	0,36
16	293, 322, 300 e 331	4	0,38
17	17, 76, 82 e 183	4	0,37
18	43 e 302	2	0,30
19	50, 106, 110 e 139	4	0,38
20	179, 346, e 355	3	0,35
21	200 e 318	2	0,33
22	235, 240 e 321	3	0,38
23	287 e 343	2	0,33
24	2 e 14	2	0,41
25	41 e 172	2	0,41
26	51 e 249	2	0,41
27	192 e 256	2	0,41
28	239 e 344	2	0,41
29	227	1	-
30	281	1	-
31	253	1	-
32	49	1	-
33	326	1	-
34	66	1	-

CONCLUSÕES

- Os acessos de mandioca do banco de germoplasma da *Embrapa cerrados* evidenciam uma elevada variabilidade genética.
- Os 356 acessos estão divididos em 34 grupos distintos em função de sua similaridade genética.
- A análise de agrupamento é um ponto de partida importante e que pode auxiliar o melhorista no trabalho de amostragem de genótipos a serem avaliados para caracteres de interesse agrônômicos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CRUZ, C. D. **Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora da UFV, 2001. 648p.
- FUKUDA, W. M. G. **Banco de germoplasma de mandioca: manejo, conservação e caracterização**. Cruz das Almas: EMBRAPA - CNPMF, 1996. 103p.
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: EMBRAPA - CNPMF, 1998, 38p.
- ROHLF, F. J. **NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1**. New York: Exeter Software, 2000, 38p.