



**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
CARLOS ALBERTO REYES MALDONADO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE
E BIOTECNOLOGIA DA REDE BIONORTE**



**ASPECTOS CIENCIOMÉTRICOS, BOTÂNICOS, FENOTÍPICOS E
MOLECULARES DE MANDIOCAS DA AMAZÔNIA OCIDENTAL,
BRASIL**

LUZIANE DE ABREU NACHBAR

Sinop - MT

2026

LUZIANE DE ABREU NACHBAR

**ASPECTOS CIENCIOMÉTRICOS, BOTÂNICOS, FENOTÍPICOS E
MOLECULARES DE MANDIOCAS DA AMAZÔNIA OCIDENTAL,
BRASIL**

Tese de doutorado apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia da Rede BIONORTE, na Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, como requisito parcial para obtenção do Título de Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia.

Orientadora: Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi.

Coorientadoras: Dra. Auana Vicente Tiago e Dra. Eulália Soler Sobreira Hoogerheide

Sinop – MT
FEVEREIRO/ 2026

Ficha catalográfica elaborada pela Supervisão de Bibliotecas da UNEMATCatalogação de Publicação na Fonte.
UNEMAT - Unidade padrão

N119a Nachbar, Luziane de Abreu.

Aspectos cienciométricos, botânicos, fenotípicos e
moleculares de mandiocas da Amazônia Ocidental, Brasil / Luziane
de Abreu Nachbar. - Cáceres, 2026.

109f.: il.

Universidade do Estado de Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes
Maldonado", Biodiversidade e Biotecnologia da Amazonia Legal -
Rede Bionorte/BIONORTE - Cuiabá - Doutorado Acadêmico,
Universidade Do Estado De Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes
Maldonado".

Orientador: Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi.

1. Ciencimetria. 2. Diversidade genética. 3. Caracterização
fenotípica. 4. cpDNA. I. Rossi., Dra. Ana Aparecida Bandini. II.
Título.

UNEMAT / MTSCB

CDU 582.681.53

LUZIANE DE ABREU NACHBAR

ASPECTOS CIENCIOMÉTRICOS, BOTÂNICOS, FENOTÍPICOS E MOLECULARES DE MANDIOCAS DA AMAZÔNIA OCIDENTAL, BRASIL

Tese de doutorado apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia da Rede BIONORTE, na Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, como requisito parcial para obtenção do Título de Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia.

Aprovado em: 26/02/2026.

Banca examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **ANA APARECIDA BANDINI ROSSI**
Data: 02/03/2026 10:35:40-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi

Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado

Documento assinado digitalmente
 **AMAURI SIVIERO**
Data: 02/03/2026 17:40:11-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Amauri Siviero

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Acre

Documento assinado digitalmente
 **DOMINGOS TABAJARA DE OLIVEIRA MARTINS**
Data: 06/03/2026 19:12:30-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Domingos Tabajara de Oliveira Martins

Universidade Federal de Mato Grosso

Documento assinado digitalmente
 **FRANCISMAR CORRÊA MARCELINO GUIMARAES**
Data: 06/03/2026 14:34:29-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Francismar Correa Marcelino Guimarães

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Soja

Documento assinado digitalmente
 **RICARDO LOPES**
Data: 06/03/2026 09:16:46-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Ricardo Lopes

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Manaus-AM

TERMO DE AUTORIZAÇÃO PARA PUBLICAÇÃO

Eu, Luziane de Abreu Nachbar, autorizo a publicação da versão final aprovada de minha Tese de Doutorado intitulada “Aspectos cienciométricos, botânicos, fenotípicos e moleculares de mandiocas da Amazônia Ocidental, Brasil” no Portal do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia - Rede BIONORTE (PPG-BIONORTE), bem como no repositório de Teses da CAPES ou junto à biblioteca da Instituição Certificadora.

Local/Data: Sinop, 25 de março de 2026.



Documento assinado digitalmente

LUZIANE DE ABREU NACHBAR

Data: 25/03/2026 18:49:31-0300

Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Luziane de Abreu Nachbar

CPF: 850.250.201-82

RG: 1026459-0 SJ/MT

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus pelas oportunidades que colocastes em minha vida. Por tudo que conquistei até aqui.

Ao Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia da Rede Bionorte e à Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado (UNEMAT), pela oportunidade de realização do doutorado.

O meu eterno agradecimento a minha Orientadora Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi, pela oportunidade e paciência durante este período. As minhas coorientadoras Dra. Auana Vicente Tiago e Dra. Eulália Soler Sobreira Hoogerheide, obrigada pelo apoio.

Aos produtores rurais que contribuíram com a pesquisa. Em especial ao João Carlos Victor Pereira da Silva. Meu eterno, Obrigada! A Joyce Mendes Andrade Pinto e Bruno Rafael da Silva pela paciência, dedicação e ajuda, nas atividades de laboratório.

Aos meus colegas do Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular (GenBioMol), pela colaboração e contribuição no meu trabalho.

Aos meus pais Luzia de Abreu Nachbar e Irineu Nachbar por tudo que fizeram e fazem por mim.

Ao meu esposo Vanderlei Schulke por me acompanhar e apoiar em todas as etapas.

A Secretaria de Ciência Tecnologia e Inovação (SECITEC/MT) pela concessão da Licença Qualificação Profissional.

À todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a execução deste trabalho.

RESUMO

NACHBAR, Luziane de Abreu. **Aspectos cienciométricos, botânicos, fenotípicos e moleculares de mandiocas da Amazônia Ocidental, Brasil**. 2026. 109f. Tese (Doutorado em Biodiversidade e Biotecnologia) - Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Mato Grosso, 2026.

A mandioca é uma espécie cultivada mundialmente, capaz de se adaptar a diversas condições ambientais, é utilizada na alimentação animal, humana e na agroindústria. O estado de Mato Grosso se destaca como um centro de diversidade do gênero *Manihot*, os agricultores familiares são detentores de grande parte da diversidade e desenvolvem um importante papel na conservação da espécie. Diante disso, este estudo teve como objetivo realizar uma análise cienciométrica sobre o uso de marcadores morfoagronômicos em pesquisas com a mandioca, bem como avaliar a diversidade genética de etnovarietades da espécie cultivadas no estado de Mato Grosso, por meio de dados fenotípicos e moleculares. Foi realizado um levantamento bibliográfico sobre o uso de marcadores morfoagronômicos em estudos de diversidade genética e conservação da mandioca, que ocorreu nas bases de dados da *Web of Science* e *Scopus*, os filtros de busca utilizados foram “cassava”, “genetic” e “morphological”. Após a filtragem realizou a análise completa dos arquivos para levantamento das variáveis avaliadas. Em três assentamentos do norte mato-grossense foi realizada a identificação e caracterização fenotípica de mandiocas cultivadas pelos agricultores, através de descritores qualitativos. Com amostras de DNA de etnovarietades de mandiocas mantidas na coleção de trabalho da Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado foi realizada uma caracterização molecular com marcadores de cpDNA. O estudo cienciométrico indicou um crescimento significativo na produção científica entre 2022 até 2024. O Brasil e a Indonésia são os países que mais contribuíram com o desenvolvimento da pesquisa. A EMBRAPA é a instituição que mais colabora com as publicações. Os descritores morfoagronômicos mais utilizados foram a cor do pecíolo e cor das folhas desenvolvidas, porém os mais informativos e que contribuíram em estudos de diversidade genética e conservação foram os caracteres peso fresco e a produtividade da raiz. A caracterização fenotípica ocorreu em 40 propriedades em assentamentos rurais da região norte de Mato Grosso, nas quais identificaram 78 etnovarietades cultivadas. Quanto a nomeação, deste universo amostral, 14 receberam denominações diferentes, a etnovarietade “amarela” foi a mais frequente, registrada em 47,5% das propriedades. O agrupamento UPGMA formou 12 grupos, sendo os grupos GI e GVIII os mais representativos. A caracterização molecular do cpDNA resultou em nove haplótipos, o haplótipo A apresentou maior frequência e está presente em todos os municípios estudados, existe diversidade haplotípica e nucleotídica, os testes de neutralidade D de Tajima e Fs de Fu foram negativos e significativos para análise do conjunto de populações. A análise cienciométrica da produção científica sobre o uso de descritores morfoagronômicos para fins de diversidade e conservação da mandioca ampliou a compreensão do cenário atual, ressaltando a relevância dessas abordagens para o avanço das pesquisas na área. Além disso, o estudo evidenciou que a espécie apresenta variabilidade fenotípica e molecular que pode orientar estratégias de conservação e apoiar programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Cienciometria; Diversidade genética; Caracterização fenotípica; cpDNA.

ABSTRACT

NACHBAR, Luziane de Abreu. **Scientometric, botanical, phenotypic and molecular aspects of cassava from Western Amazonia, Brazil.** 2026. 109f. Thesis (Doctorate in Biodiversity and Biotechnology) - State University of Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Mato Grosso, 2026.

Cassava is a globally cultivated species capable of adapting to diverse environmental conditions. It is used for animal and human consumption, as well as in the agro-industry. The state of Mato Grosso stands out as a center of diversity for the genus *Manihot*; family farmers hold a large part of this diversity and play an important role in the conservation of the species. Given this, this study aimed to perform a scientometric analysis on the use of morpho-agronomic markers in cassava research, as well as to evaluate the genetic diversity of ethnovarieties of the species cultivated in the state of Mato Grosso, using phenotypic and molecular data. A bibliographic survey was conducted on the use of morpho-agronomic markers in studies of genetic diversity and conservation of cassava, which was carried out in the Web of Science and Scopus databases, using the search filters "*cassava*", "*genetic*" and "*morphological*". After filtering, a complete analysis of the files was performed to identify the evaluated variables. In three settlements in northern Mato Grosso, the phenotypic identification and characterization of cassava cultivated by farmers was carried out using qualitative descriptors. With DNA samples of cassava ethnovarieties maintained in the working collection of the State University of Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, a molecular characterization was performed using cpDNA markers. The scientometric study indicated a significant growth in scientific production between 2022 and 2024. Brazil and Indonesia are the countries that contributed most to the development of research. EMBRAPA is the institution that collaborates most with publications. The most used morpho-agronomic descriptors were petiole color and developed leaf color, however, the most informative and those that contributed to studies of genetic diversity and conservation were the fresh weight and root productivity traits. Phenotypic characterization was carried out on 40 properties in rural settlements in the northern region of Mato Grosso, where 78 cultivated ethnovarieties were identified. Regarding naming, from this sample universe, 14 received different names, with the "yellow" ethnovariety being the most frequent, recorded in 47.5% of the properties. The UPGMA grouping formed 12 groups, with groups GI and GVIII being the most representative. Molecular characterization of cpDNA resulted in nine haplotypes; haplotype A showed the highest frequency and is present in all municipalities studied. Haplotypic and nucleotide diversity exists. Tajima's D and Fu's F_s neutrality tests were negative and significant for the analysis of the population set. The scientometric analysis of scientific production on the use of morpho-agronomic descriptors for the purposes of diversity and conservation of cassava broadened the understanding of the current scenario, highlighting the relevance of these approaches for the advancement of research in the area. Furthermore, the study showed that the species exhibits phenotypic and molecular variability that can guide conservation strategies and support genetic improvement programs.

Keywords: Scientometrics; Genetic diversity; Phenotypic characterization; cpDNA.

LISTA DE FIGURAS

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Figura 1. Aspectos morfológicos da planta de mandioca (*M. esculenta*). (A) hábito arbustivo da espécie. (B) formato da folha. (C) aspecto das raízes logo após a colheita.....21

CAPÍTULO I

Figura 1. Variação temporal do percentual de publicações científicas entre os anos de 1999-2024.....38

Figura 2. Percentual de produções por país do autor correspondente entre os anos de 1999 e 2024, considerando publicações de um único país (UP) e de Múltiplos países (MP).....39

Figura 3. Instituições com maiores percentuais em relação a produção científica. Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária (Embrapa), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal do Recôncavo Baiano (UFRB) e Universitas Padjadjaran (Unpad).....39

Figura 4. Nuvem de palavras-chaves mais frequentes utilizadas pelos autores nas publicações analisadas entre 1999 e 2024.....40

Figura 5. (A) Descritores quantitativos e (B) qualitativos mais frequentes utilizados nos trabalhos publicados entre os anos de 1999 a 2024.....41

Figura 6. Métodos estatísticos utilizados como ferramenta de análise nos trabalhos publicados entre os anos de 1999 a 2024. Análise de componentes Principais (ACP); Método de Agrupamento por Matriz UPGMA; Distância generalizada de Mahalanobis (D2); Método de otimização de Tocher; Análise de variância (ANOVA); Método de Singh (1981); Agrupamento hierárquico ascendente (AHC); outros métodos estatísticos;42

CAPÍTULO II

Figura 1. Localização geográfica da área de estudo. (A) América do Sul, Brasil e Mato Grosso; (B) destaque do Estado de Mato Grosso e dos municípios em estudo; (C) destaque dos Assentamentos: Doze de Outubro (ADO) (1), no município de Cláudia; Wesley Manoel dos Santos (WMS) (2) e São Judas Tadeu (SJT) (3) em Sinop/MT.....59

Figura 2. Ilustração dos descritores morfológicos qualitativos. (A) roça avaliada; (B) coloração externa do caule; (C) coloração externa e constrictões da raiz; (D) cor do córtex da raiz; (E) cor da polpa da raiz.....61

Figura 3. Frequência absoluta e relativa de etnovariedades de mandioca encontradas nos assentamentos: Doze de Outubro (ADO), Cláudia; Wesley Manoel dos Santos (WMS) e São Judas Tadeu (SJT) -Sinop, Mato Grosso.....67

Figura 4. Representação gráfica da rede de circulação de manivas de mandioca nos Assentamentos estudados. Layout: kamada-Kawai.....70

Figura 5. Frequência relativa (%) das classes fenotípicas. cor externa do caule -CEC; constrictões da raiz -CR; textura da epiderme da raiz -TER; cor externa da raiz (CER); cor do córtex da raiz -CCR; destaque do córtex da raiz -DCR e cor da polpa da raiz -CPR.....72

Figura 6. Características fenotípicas observadas nas 78 etnovariedades de mandioca. CER = Cor externa da raiz: A) BR = branca ou creme, B) MC = marrom-claro, C) ME = marrom escuro. CCR = Cor do córtex da raiz: D) BC = branca ou creme, E) AM = amarelo, F) RS = rosado, G) RX = roxo. CPR = Cor da polpa da raiz: H) BC = branca, I) CM = creme, J) AM = amarela, K) RS = rosada. CEC = Cor externa do caule: L) LR = Laranja, M) PT = prateada, N) CZ = cinza, O) ME = marrom-escuro, P) VM = verde-amarelada, Q) MC = marrom claro.....73

Figura 7. Dendrograma obtido pelo método UPGMA com 78 etnovariedades de mandioca com base em sete descritores qualitativos. Coeficiente de correlação cofenética (CCC) = 0,69; ponto de corte 64,47%.....74

Figura 8. Características fenotípicas apresentadas pelas etnovariedades (A) WMS69, (B) SJT33e (C) WMS41. Cor externa do caule (CEC); Cor externa da raiz (CER); Cor do córtex da raiz (CCR); Cor da polpa da raiz (CPR).....75

CAPÍTULO III

Figura 1: Posição e direção dos primers usados para amplificar regiões do cpDNA.90

Figura 2. Eletroferograma de quatro sequências da região espaçadora intergênica entre o exon 5' de *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA) do genoma de cloroplasto de mandioca, analisados no software Sequencher versão 4.1.4, onde pode ser visualizada a presença de uma mutação pontual de transição (A-G).....92

Figura 3. Alinhamento dos sítios polimórficos da região espaçadora *trnT-trnL* do genoma de cloroplasto que definem os nove haplótipos (HAP) em etnovariedades de mandioca oriundas do Mato Grosso e Amazonas. Cada fragmento combina 568 bp da região espaçadora intergênica entre o éxon 5' do *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA) (segmento "AB") e 418 bp do íntron do *trnL* (segmento "CD"). Os números acima do alinhamento representam a posição do sítio polimórfico no alinhamento. Os pontos indicam similaridade ao Haplótipo A e # indica o número de ocorrências de cada haplótipo entre as 96 sequências analisadas.....93

Figura 4. Distribuição geográfica dos haplótipos das amostras de cpDNA de *M. esculenta*. As siglas no mapa referem-se aos municípios, conforme apresentado na tabela 1.....96

Figura 5. Rede de haplótipos Median-joining mostrando as relações entre os haplótipos de *trnT-trnL* em *Manihot esculenta*. Círculos representam haplótipos (codificados por letras), o tamanho do círculo é proporcional à frequência relativa do haplótipo e as cores dentro dos círculos denotam os haplótipos. As barras indicam o número de mutações e os números o local onde ocorreu mutação.....97

Figura 6. Agrupamento hierárquico obtido a partir do índice de Bray-Curtis encontrada entre as 96 amostras avaliadas pelo método UPGMA. Coeficiente de Correlação Cofenética: 0.997. A identificação das amostras está baseada nos códigos apresentados na Tabela 1. Hap: Haplótipo.....98

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1. Descritores morfológicos utilizados na caracterização das etnovariedades de mandioca cultivadas nos assentamentos, fundamentados em Fukuda e Guevara (1998).....60

Tabela 2. Etnovariedades de mandiocas citadas por agricultores familiares por Assentamento: nome atribuído, local de origem das manivas e tempo de cultivo.....63

CAPÍTULO III

Tabela 01. Acessos de etnovariedades de mandiocas coletadas pela Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Campus Alta Floresta, utilizadas no estudo molecular de sequenciamento cpDNA, 2025.....88

Tabela 2. Diversidade haplotípica (Hd); diversidade nucleotídica (Pi) e total de indivíduos sequenciados por região cloroplastidial (N) considerando todas as amostras do DNA de etnovariedades de mandiocas oriundas do Mato Grosso e Amazonas.....94

Tabela 3. Distribuição dos nove haplótipos referentes a região espaçadora *trnT-trnL* do genoma de cloroplasto obtidos a partir da análise de 96 amostras do DNA de etnovariedades de mandioca oriundas do Mato Grosso e Amazonas. O número de amostras de sequências analisadas (N) e o número total de haplótipos (NH) encontrados por regiões são indicados.....96

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	14
1.1 OBJETIVOS.....	16
1.1.1 Objetivo geral.....	16
1.1.2 Objetivos específicos.....	16
2 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	17
3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	20
3.1 <i>Manihot esculenta</i> Crantz.....	20
3.2 Cienciometria.....	22
3.3 Conservação <i>on farm</i> e etnobotânica.....	22
3.4 Diversidade genética, caracterização fenotípica e molecular.....	24
4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	27
5 CAPÍTULOS.....	33
5.1 ANÁLISE CIENCIOMÉTRICA DO USO DE MARCADORES MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS PARA A MANDIOCA	33
Resumo.....	34
Abstract.....	35
Introdução.....	36
Material e métodos.....	37
Resultados.....	37
Discussão.....	42
Conclusão.....	46
REFERÊNCIAS.....	48
5.2 CONSERVAÇÃO ON FARM DA MANDIOCA EM ASSENTAMENTOS DO NORTE DO ESTADO DO MATO GROSSO, BRASIL.....	53
RESUMO.....	55
ABSTRACT.....	55
RESUMEN.....	56
1 INTRODUÇÃO.....	56
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	58
2.1 ÁREA DE ESTUDO.....	58
2.2 COLETA DE DADOS.....	60
2.3 ANÁLISE DOS DADOS.....	61
3 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	62
3.1 ASPECTOS ETNOBOTÂNICOS.....	62
3.2 DISSIMILARIDADE MORFOLÓGICA DAS ETNOVARIEDADES.....	71
4 CONCLUSÃO.....	76
REFERÊNCIAS.....	77
5.3 DIVERSIDADE GENÉTICA DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCAS ORIUNDAS DA AMAZÔNIA LEGAL AVALIADAS MEDIANTE SEQUÊNCIAS DE cpDNA.....	82
RESUMO.....	84
ABSTRACT.....	84
RESUMEN.....	85
1 INTRODUÇÃO.....	86
2 METODOLOGIA.....	88
2.1 ÁREA DE ESTUDO E AMOSTRAGEM.....	88
2.2 DNA DAS AMOSTRAS ANALISADAS.....	89
2.3 AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DO cpDNA.....	90
2.4 ANÁLISE DAS SEQUÊNCIAS DO cpDNA E ESTIMATIVA DA REDE DE HAPLÓTIPOS.....	91
3 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	92

3.1 HAPLÓTIPOS DA REGIÃO ESPAÇADORA <i>trnT-trnL</i> DO GENOMA DE CLOROPLASTO.....	92
3.2 DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DOS HAPLÓTIPOS.....	95
4 CONCLUSÃO.....	100
REFERÊNCIAS.....	101
6. DISCUSSÃO INTEGRADORA.....	105
6.1 Considerações finais.....	106
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	108
8 CONCLUSÕES.....	109

1 INTRODUÇÃO

A *Manihot esculenta* Crantz é uma espécie integrante da família Euphorbiaceae, sendo popularmente chamada de mandioca, aipim ou macaxeira. Trata-se de um arbusto amplamente cultivado por agricultores familiares. Suas raízes desempenham um importante papel, sendo utilizadas para o consumo próprio e como fonte de renda especialmente para pequenos produtores (CHISTÉ; COHEN, 2006; FARALDO *et al.*, 2000).

A segurança alimentar e a produção de alimentos são preocupações mundiais, principalmente em países pobres onde a produtividade deve estar aliada a produção de baixo custo e fácil distribuição para a população (SILVA *et al.*, 2024). A mandioca é uma cultura típica dos trópicos e importante fonte de alimento, especialmente para países em desenvolvimento (NARINA; ODENY, 2012). Ao longo de sua domesticação e adaptação ecológica, inúmeras variedades surgiram e atualmente, diversas delas toleram deficiências hídricas do semiárido até altas precipitações amazônicas, sendo uma espécie que suporta condições estressantes, podendo ser cultivada em áreas onde outras culturas não aguentariam (VALLE *et al.*, 2007).

A raiz é o principal produto de consumo e uma das importantes fontes de carboidratos disponíveis, podendo ser consumida de diversas formas conforme os costumes de cada região do Brasil ou comercializada na forma *in natura*, além de poder ser processadas em agroindústrias, para fabricação de diversos alimentos (ALMEIDA JÚNIOR *et al.*, 2017; GONÇALVES *et al.*, 2019; FRANCO *et al.*, 2020).

A mandioca é nativa da América Latina (SOUZA, 2017) e o Brasil é considerado o seu centro de origem e diversidade. Esse vegetal foi domesticado há cerca de nove mil anos, por populações pré-cabralinas na região de transição entre a Floresta Amazônica e o Cerrado, onde estão localizados atualmente os estados de Mato Grosso, Amazonas e Rondônia (VALLE; LONREZI, 2014).

Nos últimos anos houve um avanço no número de produções científicas que consequentemente resulta em grande quantidade de informações disponíveis sobre diversidade genética utilizando caracteres morfológicos e/ou agrônômicos de mandioca em diferentes plataformas. A metodologia cienciométrica é uma ferramenta que pode identificar e mensurar as produções e resultados desse campo específico da ciência em um determinado período (PARRA *et al.*, 2019). Ela pode auxiliar pesquisadores em tomada de decisões, fornecendo novas informações e identificando lacunas no campo de pesquisa (ZAGO; DE MOURA, 2018). Portanto, através da ciencimetria é possível identificar as tendências e lacunas dos estudos de diversidade através de caracteres morfoagronômicos de mandioca, auxiliando de modo efetivo a conservação da espécie, seu uso comercial e programas de melhoramento genético.

As comunidades indígenas, quilombolas e agricultores tradicionais são responsáveis pela conservação *on farm*, que garante a manutenção das etnovariedades (raças locais e variedades tradicionais) da planta. Os assentamentos rurais, formados por agricultores de diversas origens, destacam-se como espaços relevantes para o desenvolvimento e fortalecimento da agricultura familiar, além de promoverem práticas agrícolas mais sustentáveis, contribuindo significativamente para a conservação de etnovariedades de mandiocas cultivadas (BERGAMASCO; NORDER, 1996; TIAGO *et al.*, 2019).

A diversidade genética de uma espécie pode ser alcançada por meio de técnicas moleculares e fenotípicas. Os estudos da diversidade genética tornaram fontes importantes de informações a partir do avanço das técnicas moleculares; marcadores moleculares possuem maior sensibilidade e precisão para detectar diversidade entre genótipos o que permite grandes avanços neste tipo de estudos (BECERRA; PAREDES, 2000; PACHÓN, 2016). O DNA de cloroplastos (cpDNA) pode gerar importantes fontes de dados, por apresentar características de natureza não recombinantes, abundância nas células e herança uniparental (PROVAN, 2008).

A caracterização fenotípica se destaca dentre inúmeras metodologias para identificar a diversidade de mandioca (FUKUDA; GUEVARA, 1998), descrevendo as características observáveis de um indivíduo. Essa caracterização pode ser usada na identificação e diferenciação de etnovariedades de mandiocas (SILVA *et al.* 2022). Estudos realizados com a caracterização fenotípica são importantes para a identificação da diversidade de etnovariedades nas roças, diferenciação e seleção de variedades mais adaptadas às regiões específicas, promoção de estratégias e programas de conservação (TIAGO *et al.*, 2016; MONTEROS-ALTAMIRANO *et al.*, 2021; SANTOS *et al.* 2021).

O cpDNA é uma ferramenta importante para compreender e reconstruir rotas de dispersão, colonização das espécies de plantas e avaliar relações filogenéticas entre populações (CAVERS *et al.*, 2003). A história evolutiva do gênero *Manihot* foi investigada por Duputie *et al.* (2011), que constatou que as espécies sul-americanas formam clados bem definidos entre o Cerrado e a Caatinga do nordeste brasileiro, e com espécies restritas ao longo da borda da bacia amazônica. Estudos filogeográficos e filogenéticos são importantes para compreender a origem da biodiversidade atual, porém estudos regionais devem ser realizados, pois podem revelar padrões e processos únicos (ZORTÉA, 2022).

Este trabalho está dividido em três capítulos. O primeiro capítulo aborda a análise cienciométrica do uso de marcadores morfoagronômicos nos estudos da mandioca (*M. esculenta*). O segundo capítulo identifica e caracteriza fenotipicamente etnovariedades de mandioca cultivadas em assentamentos do norte mato-grossense. E o terceiro capítulo apresenta a caracterização molecular em populações de mandioca mantidas na coleção de trabalho de

instituições de pesquisa do estado de Mato Grosso, tendo como ferramenta o sequenciamento do genoma de cloroplasto (cpDNA).

1.1 OBJETIVO

1.1.1 Objetivo Geral

Realizar uma análise cienciométrica da produção científica sobre o uso de marcadores morfológicos e/ou agronômicos em estudos com a espécie *M. esculenta*, avaliar a diversidade entre etnovariedades de mandioca cultivadas em diferentes regiões de Mato Grosso, utilizando o sequenciamento de regiões de cpDNA e a caracterização fenotípica de modo a subsidiar estratégias de gestão dos recursos genéticos, bem como ações de conservação, seleção de etnovariedades com características desejáveis e apoio a programas de melhoramento genético e cultivo comercial.

1.1.2 Objetivos Específicos

- ✓ Identificar por meio da análise cienciométrica a utilização de marcadores morfológicos e/ou agronômicos em estudos da *M. esculenta*, para fins de diversidade genética e conservação da espécie.
- ✓ Avaliar aspectos relacionados à conservação *on farm*, mediante análise etnobotânica e caracterização fenotípica de etnovariedades de mandiocas cultivadas nos assentamentos rurais mato-grossense, a fim de fornecer subsídios para o desenvolvimento de políticas públicas e práticas agrícolas.
- ✓ Avaliar a diversidade genética entre amostras de DNA de etnovariedades de mandiocas, oriundas dos estados do Mato Grosso e Amazonas, mantidas na UNEMAT, por meio do sequenciamento de duas regiões de cpDNA.

2 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA JÚNIOR, J.J.; SANTOS, G.A.; PEROZINE, A.C.; MATOS, F.S.A.; SMILJANIC, K.B.A.; MARTINS FILHO, M.B. Custos de implantação da cultura da mandioca (*Manihot esculenta*, L.), no Sudoeste goiano, município de Mineiros estado de Goiás. In: COLÓQUIO ESTADUAL DE PESQUISA MULTIDISCIPLINAR. CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA MULTIDISCIPLINAR. 1. 2017, Mineiros. **Anais...** Mineiros, 2017. Disponível em: <https://www.unifimes.edu.br/ojs/index.php/coloquio/article/view/23>. Acesso em: 23 out. 2021.
- BECERRA, V.; PAREDES, M. Uso de marcadores bioquímicos e moleculares em estudos de diversidade genética. **Agricultura Técnica**. Chillán, v. 60, n.3, p. 270-281, 2000.
- BERGAMASCO, S. M.; NORDER, L. A. C. **O que são assentamentos rurais**. São Paulo: Brasiliense, 1996. (Coleção Primeros Passos, 301). 87p.
- CAVERS, S.; NAVARRO, C.; LOWE, J. Chloroplast DNA phylogeography reveals colonization history of a Neotropical tree, *Cedrela odorata* L., in Mesoamerica. **Molecular Ecology**, v. 12, n. 6, p. 1451-1460, 2003. DOI: 10.1046/j.1365-294X.2003.01810.x
- CHISTÉ, R. C.; COHEN, K. O. **Estudo do processo de fabricação da farinha de mandioca**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental. 2006. 76 p. (Documentos 267).
- DUPUTIÉ, A.; SALICK, J. MCKEY, D. Biogeografia evolutiva de *Manihot* (Euphorbiaceae), um gênero neotropical de rápida radiação restrito a ambientes secos. **Journal of biogeography**, v. 38, n. 6, p. 1033-1043, 2011.
- FARALDO, M. I. F.; SILVA, R. M.; ANDO, A.; MARTINS, P. S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agrícola**, v. 57, n. 3, p. 499-505, 2000. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162000000300020>.
- FRANCO, P.C.I.; FARIA, M.L.; BILCK, A.P.; SOARES, E.A. Atividade antimicrobiana e caracterização de filmes de amido de mandioca/quitosana, reforçados com fibras de cana-de-açúcar. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n.2, p. 8766-8779, 2020. Disponível em: <https://www.brazilianjournals.com/index.php/BRJD/article/view/7105/6221>. Acesso em: 10 mar. 2022.
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca** (*Manihot esculenta* Crantz). Cruz das Almas: CNPMF, 1998, 38p. <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/638631>.
- GONÇALVES, K.Y.; LERMEN, F.H.; MATIAS, G.S.; COELHO, T.M. Modelo paramétrico para avaliar a cinética de hidratação de amido natural de mandioca. In: ENCONTRO DE ENGENHARIA DE PRODUÇÃO, 8, 2019, Campo Mourão. **Anais...** Campo Mourão: EEPA, 2019. Disponível em: <http://www.dep.uem.br/gdct/index.php/simeprod/article/view/1682>. Acesso em: 10 mar 2022.
- MONTEROS-ALTAMIRANO, Á.; TAPIA, C.; PAREDES, N.; ALULEMA, V.; TACÁN, M.; ROURA, A.; SØRENSEN, M. Morphological and Ecogeographic Study of the Diversity of Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Ecuador. **Agronomy**, V. 11, n. 9, p. 1844. 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091844>.

NARINA, S.; ODENY, D. Cassava. Cap. 13. In: KOLE, C.; JOSHI, C.; SHONNARD, D. R. **Handbook of bioenergy crop plants**. New York: CRC Press, p. 303-313, 2012.

PACHÓN, A. M. R.; **Filogeografia a partir de DNA de cloroplasto da orquídea neotropical *Epidendrum orchidiflorum* (Orchidaceae: Laeliinae) no Brasil**. Dissertação. Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade de São Paulo: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2016.

PARRA, M. R.; COUTINHO, R. X.; PESSANO, E. F. C. Um breve olhar sobre a cienciometria: origem, evolução, tendências e sua contribuição para o ensino de ciências, **Revista Contexto & Educação**, Editora Unijuí, v. 34, n. 107, p. 126-141, 2019.

PROVAN, J.; BENNETT, K. Phylogeographic insights into cryptic glacial refugia. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 23, p. 564-571, 2008.

SANTOS, L. L.; PEDRI, E. C. M.; TIAGO, A. V.; ROCHA, V. D.; SILVA, J. C.; FERREIRA, E. L.; PAIVA, G. A.; ROVEDA, A. P.; ROSSI, A. A. B. Caracterização morfoagronômica e culinária de etnovarietades de mandioca em diferentes épocas de colheita. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, V. 12, n. 9, p. 31-45, 2021. DOI: 10.6008/CBPC2179-6858.2021.009.0004

SILVA, M. C. M.; CORDEIRO, A. G. M.; TIAGO, A. V.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, A. A. B. Levantamento e caracterização fenotípica de etnovarietades de mandioca cultivadas em assentamentos rurais no estado de Mato Grosso, Brasil. **Research, Society and Development**, V. 11, n. 7, p. 1-15, 2022. DOI: <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v11i7.29731>

SILVA, C. A.; SANTOS, D. S.; CORDEIRO, J. S. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade de mandioca no sul maranhense. **Revista Eletrônica Científica Ensino Interdisciplinar**, v. 10, n.32, p. 45-56, 2024.

SOUZA, R. C. **Avaliação do potencial agronômico de cultivares de mandioca oriundas do nordeste brasileiro** (44f). Dissertação Mestrado (Olericultura), Instituto Federal Goiano, Morrinhos, GO, Brasil, 2017.

TIAGO, A. V., ROSSI, A. A., TIAGO, P. V., CARPEJANI, A. A., SILVA, B. M., HOOGERHEIDE, E. S., & YAMASHITA, O. M. Genetic diversity in cassava landraces grown on farms in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genetics and Molecular Research: GMR**, V. 15, n. 3, p. 1-10, 2016. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038615>.

TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B.; HOOGERHEIDE, S. S.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; PENA, G. F. Etnovarietades de mandioca cultivadas em Alta Floresta, MT: estudo de caso da Comunidade Vila Rural. In: FARIAS NETO, A. L. de; NASCIMENTO, A. F. do; ROSSONI, A. L.; MAGALHÃES, C. A. de S.; ITUASSU, D. R.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; IKEDA, F. S.; FERNANDES JUNIOR, F.; FARIA, G. R.; ISERNHAGEN, I.; VENDRUSCULO, L. G.; MORALES, M. M.; CARNEVALLI, R. A. (Ed.). **Embrapa Agrossilvipastoril: primeiras contribuições para o desenvolvimento de uma agropecuária sustentável**. Brasília, DF: Embrapa, 2019. cap. 4, p. 568-573.

VALLE, T. L.; FELTRAN, J. C.; CARVALHO, C. R. L.; DEVIDE, A. C. P. Mandioca: energia e alimento para o mundo. **O Agrônomo**, Campinas, V. 59, p. 29-31, 2007.

VALLE, T. L.; LORENZI, J. O. Variedades melhoradas de mandioca como instrumento de inovação, segurança alimentar, competitividade e sustentabilidade: contribuições do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, Brasília, V. 31, 42 n. 1, p. 15-34, 2014.

ZAGO, L. D. M. S.; DE MOURA, M. E. P. Vinte e dois anos de pesquisa sobre plantas medicinais: uma análise cienciométrica. **Tecnia**, v. 3, n. 1, p. 157-173, 2018

ZORTÉA, K. E. M. **Aspectos reprodutivos, caracterização molecular e relações filogeográficas em populações de Cambará (*Vochysia divergens* Pohl.) nativas dos biomas Amazônia, Cerrado e Pantanal, Brasil.** 2022. Tese (Doutorado em Biodiversidade e Biotecnologia) - Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, 2022.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 *Manihot esculenta* Crantz

A mandioca foi domesticada há cerca de nove mil anos, o Brasil é considerado como centro de origem e diversidade desse vegetal (SANTIAGO *et al.*, 2022). É uma planta arbustiva (diploide $2n=36$) que alcança entre 1 a 4 metros de altura, perene e amplamente cultivada em regiões tropicais e subtropicais (SOUZA, 2024) (Figura 1 A). Pertence à família Euphorbiaceae, gênero *Manihot* e espécie *M. esculenta* (MÜHLEN *et al.*, 2000; NINA *et al.*, 2021), a mandioca é considerada uma das mais importantes fontes de calorias nos trópicos, depois do arroz e milho (UDORO *et al.*, 2021).

O gênero *Manihot* é composto por 98 espécies (ORLANDIN; LIMA, 2014). Acredita-se que a principal antecessora da mandioca cultivada seja *Manihot esculenta* Crantz ssp. *flabellifolia*, domesticada por populações indígenas nativas da região amazônica. Posteriormente, essa espécie foi disseminada para outras áreas e consolidou-se como uma cultura de grande relevância, especialmente no continente africano, onde desempenha um papel crucial na segurança alimentar (RAMU *et al.*, 2017).

As mandiocas são classificadas como mansas ou bravas com base na quantidade de ácido cianídrico (HCN) que contêm em suas raízes. As raízes mansas, com baixo teor de glicosídeos cianogênicos, não possuem sabor amargo e podem ser consumidas diretamente ou após processamento. Já as raízes bravas possuem alto teor de glicosídeos cianogênicos, sabor amargo e necessitam de processamento antes de serem consumidas (ZAGO *et al.*, 2016).

As raízes da mandioca são ricas em amido, um polissacarídeo natural que funciona como reserva energética e é amplamente empregado na produção de farinha e fécula (OLIVEIRA *et al.*, 2021) (Figura 1 C). Além do amido a raiz também possui carotenoides, com destaque o β -caroteno, que desempenha um papel crucial na saúde humana, atuando como precursor da vitamina A e oferecendo propriedades antioxidantes (CUEVAS *et al.*, 2010; SHETE; QUADRO, 2013).

Suas folhas são alternadas, glabras e lobuladas (geralmente com três a nove lóbulos, eventualmente pode apresentar até 11 lóbulos) (LEBOT, 2009) (Figura 1 B). Ricas em fibras e proteínas as folhas também possuem compostos glicosídeos cianogênicos como o ácido cianídrico (HCN), que podem apresentar toxicidade a partir de pequenas concentrações (MOLOSSI *et al.*, 2019; GRIS *et al.*, 2021).



Figura 1. Aspectos morfológicos da planta de mandioca (*M. esculenta*). (A) hábito arbustivo da espécie. (B) formato da folha. (C) aspecto das raízes logo após a colheita. Fonte: Autores.

A espécie é alógama e monoica, possuem flores masculinas e femininas na mesma planta e agrupadas em inflorescência terminais tipo panícula (PEREIRA, 2015). As flores femininas são maiores, em menor número e localizam-se na base das inflorescências, já as masculinas são menores, mais numerosas e localizam-se na parte superior das inflorescências (PEDRI, 2020). A polinização da mandioca é realizada por vespas, coleópteros e abelhas, possui polinização preferencialmente cruzada por suas flores femininas abrirem primeiro que as masculinas (protoginia) (CEBALLOS; CRUZ, 2002; SILVA *et al.*, 2001; PEDRI *et al.*, 2020). O fruto é classificado como cápsula trilocular com uma semente em cada lóculo (ALVES, 2002; LEBOT, 2009). Apesar da propagação vegetativa (por estacas) ser a forma mais comum praticada pelos agricultores, a mandioca não perdeu sua capacidade de reprodução sexual.

Ao comparar raças locais adaptadas com as cultivares “melhoradas”, observa-se que elas geralmente apresentam menor rendimento, porém garantem a segurança alimentar para as famílias (YONG'AN *et al.*, 2010; HE *et al.*, 2011). Para desenvolver estratégias eficazes de conservação de uma cultura em nível nacional, necessita de um conhecimento aprofundado sobre a diversidade existente nessa espécie presente no país. Além disso, é crucial compreender como ocorre a disseminação de sistemas de sementes tradicionais e dos fatores que influenciam essa diversidade (BISHT *et al.*, 2007).

Pesquisas realizadas apontam grande número de etnovariiedades de mandiocas cultivadas por agricultores familiares em Mato Grosso, o seu potencial agrônômico e a diversidade genética da espécie são significantes (OLER; AMOROZO, 2017; ZAGO *et al.*, 2017; TIAGO *et al.*, 2020; PEDRI *et al.*, 2021).

3.2 Cienciometria

A cienciometria surgiu a partir da necessidade da análise da produção dos estudos científicos e de sua organização (MARICARO; NORONHA, 2012). É um campo relativamente recente, o termo cienciometria ou cienciometria foi usado pela primeira vez pelo químico Vasily Nalimov, em 1966 (AMURIM, 2024). Porém, os primeiros passos para sua criação ocorreram por volta 1956, quando Derek John de Solla Price publicou dois estudos pioneiros sobre o tema, que deram ao pesquisador o título de pai da cienciometria (PRINCE, 1976; MINGERS; LEYDESDORFF, 2015).

Com o avanço da ciência, a quantidade de publicações científicas aumentou, havendo a necessidade de organizar todas essas informações produzidas. A estatística e matemática incorporadas às análises bibliométricas contribuíram para medir, interpretar e prever padrões dessa atividade científica (CAMARGO; BARBOSA, 2018).

A área de pesquisa tem expandido, sendo utilizada para relatar a história da ciência e como ferramenta relevante no mapeamento de áreas de interesse. Essa técnica utiliza de indicadores cienciométricos usados para a avaliação das produções determinando o ramo emergente ou em declínio da ciência moderna (CUCHI, 2025).

Os indicadores cienciométricos são usados para nortear a investigação científica, eles podem ser de atividade, relação de primeira e de segunda geração (CAMARGO; BARBOSA, 2018). Os indicadores e atividade são os números de publicações, autores, instituições, periódicos, países, citações entre outros. A análise de colaboração científica/coautoria e análise de cocitação são os indicadores de relação de primeira e os de segunda geração são a análise de coocorrência de palavras, centralidade e densidade dos temas e análise de sobreposição de palavras. Assim, para garantir a confiabilidade e utilidade dos dados deve-se considerar a qualidade e relevância dos indicadores escolhidos.

3.3 Conservação *on farm* e etnobotânica

Ao longo de sua evolução o homem promoveu a domesticação de plantas, sendo um processo extenso e contínuo, os agricultores selecionam espécies úteis, manejam e cultivam exemplares preservando características morfológicas vantajosas e desejáveis (CLEMENT, 1999). Assim uma espécie passa do estado silvestre para a domesticação, seu patrimônio genético sofre modificações ao longo de suas gerações (SANTILLI, 2009) e essas modificações são induzidas tanto pelas condições ambientais como por práticas agrícolas.

Esse processo evolutivo desenvolvido pelos agricultores denomina-se de seleção e é comum principalmente em agricultura de subsistência ou pequena escala. A seleção e manejo

dos recursos genéticos das plantas garantem a manutenção da diversidade e o desenvolvimento de variedades locais (MAXTED *et al.*, 2002).

A conservação *on farm* consiste na preservação de materiais genéticos, sejam eles exóticos ou nativos que, mesmo após a domesticação fora de seus ambientes originais, continuam a evoluir na natureza. Esse processo é influenciado por diferentes condições edafoclimáticas, práticas de manejo e fatores socioculturais (NODARI; GUERRA, 2015).

Os pequenos agricultores, especialmente aqueles tradicionais, desempenham um papel decisivo na conservação *on farm* de diversas espécies e, uma delas é a mandioca. Eles mantêm em suas propriedades uma ampla diversidade intraespecífica, o que não apenas contribui para a preservação da espécie, mas também favorece sua variabilidade genética por meio de sua constante manutenção (TIAGO *et al.*, 2019).

A mandioca apresenta uma alta carga genética de mutações deletérias, que se mantêm inativas devido ao estado heterozigótico da espécie. Esse acúmulo de mutações foi favorecido principalmente pela propagação vegetativa, associada a níveis reduzidos de recombinação genética e endogamia nos programas de melhoramento. Como resultado, a eliminação desses alelos deletérios no genoma da mandioca tem sido limitada e ineficaz (RAMU *et al.*, 2017).

Embora a domesticação da mandioca tenha reduzido a produção de inflorescências devido à seleção por caules menos ramificados (RIVAL; MCKEY, 2008), a espécie ainda preserva sua capacidade de reprodução sexuada, florescendo e produzindo sementes férteis. Essas sementes representam uma fonte importante de variação genética, que, eventualmente, favorece o surgimento de novas variedades nas áreas de cultivo (EMPERAIRE; PERONI, 2007).

Quando diferentes etnovariedades de mandiocas são cultivadas na mesma área, a transferência de pólen entre plantas próximas, realizada principalmente por agentes polinizadores, promove o cruzamento genético, resultando na formação de sementes híbridas (RIVAL; MCKEY, 2008).

As mudas espontâneas germinam em grande quantidade nos campos de plantio, simultaneamente ao desenvolvimento das plantas cultivadas pelos agricultores (MARTINS, 2005; RIVAL; MCKEY, 2008). Quando a planta originada da semente atinge o crescimento adequado, suas características são analisadas, e ela pode ser descartada ou adicionada ao estoque do agricultor, sendo reconhecida como uma rama pertencente a uma etnovariedade já existente ou como uma nova variedade (EMPERAIRE; PERONI, 2007; PERONI, 2007).

A etnociência é o termo utilizado para descrever a integração entre o conhecimento popular e o científico. Essa abordagem busca compreender o saber das populações tradicionais sobre os processos naturais, explorando a lógica subjacente ao entendimento humano do mundo

natural, bem como suas taxonomias e classificações abrangentes (DIEGUES, 1996). O conhecimento ecológico tradicional é um conjunto de saberes adquiridos por meio da observação e experimentação, sendo passado de pessoa para pessoa dentro de uma comunidade específica (RONDON, 2022).

Assim, a pesquisa sobre esse tipo de conhecimento contribui para compreender as relações que diferentes populações tradicionais estabelecem com a natureza, com foco na diversidade cultural e ambiental, sendo essencial para a preservação, conservação e uso dos recursos naturais (TOLEDO; ALARCÓN-CHÁIRES, 2012).

3.4 Diversidade genética, caracterização fenotípica e molecular

As diferenças morfológicas, fisiológicas e comportamentais observadas entre plantas desempenham um papel relevante diante das influências ambientais, sendo originadas pela variabilidade de alelos na população (YOUNG *et al.*, 1996). A diversidade genética consegue quantificar essa variabilidade genética existente. A avaliação da diversidade genética entre os genótipos de uma população de interesse é essencial para programas de conservação e melhoramento, permitindo a organização do germoplasma e uma seleção mais eficaz de genótipos (NIENHUIS *et al.*, 1995). Essa análise pode ser realizada utilizando marcadores moleculares ou características fenotípicas, sendo os marcadores moleculares preferíveis devido à ausência de interferências ambientais (NAGEL, 2024).

A caracterização fenotípica da mandioca, com base em caracteres morfológicos de caule, folha e raiz, facilita a identificação e diferenciação dos indivíduos dentro de uma mesma espécie. Esses caracteres são de fácil avaliação e menos influenciados pelas condições ambientais (PEDRI *et al.*, 2020).

Os descritores morfoagronômicos são amplamente empregados na caracterização e diferenciação de etnovariedades de mandioca (TEIXEIRA *et al.*, 2014; ADJEBENG-DANQUAH *et al.*, 2016; EBERTZ; PALOMINO, 2017), seu uso permite a identificação e a diferenciação dos acessos ainda no campo, facilitando o processo de classificação e análise de variabilidade (FUKUDA; GUEVARA, 1998). Esses descritores possuem alta herdabilidade e são expressos de maneira consistente em diversos ambientes (VIEIRA *et al.*, 2009).

A compreensão das correlações entre as características fenotípicas é crucial para o sucesso de um programa de melhoramento bem estruturado. Essas associações são levadas em conta ao selecionar os métodos de melhoramento, especialmente ao desenvolver estratégias de seleção simultânea para diferentes variáveis analisadas. Assim, o conhecimento das características moleculares, morfológicas e fisiológicas da cultura fornece dados valiosos para

orientar os processos de cruzamento, seleção e obtenção de genótipos promissores (GONÇALVES *et al.*, 2008; SOUSA *et al.*, 2021).

Um marcador genético pode ser definido como qualquer característica fenotípica ou segmento de DNA herdado dos pais pelos descendentes, utilizado para analisar a similaridade e a diversidade genética entre os indivíduos (FALEIRO *et al.*, 2011; DARDENGO, 2017). Os marcadores moleculares oferecem ferramentas para identificar espécies, analisar a diversidade e a estrutura genética de população, explorar a diversidade genética adaptativa e investigar a história evolutiva das espécies, incluindo sua distribuição ao longo do tempo e espaço, além de contribuir para a compreensão da origem da biodiversidade atual (CHANGTRAGOON *et al.*, 2017; ZORTÉA, 2022).

Existe uma ampla variedade de marcadores moleculares utilizados para avaliar o polimorfismo do DNA. De modo geral, esses marcadores são agrupados em dois tipos: aqueles baseados em técnicas de hibridização e os baseados na reação em cadeia da polimerase (PCR) (KUMAR *et al.*, 2009). A descoberta da técnica de PCR na década de 1980 transformou a pesquisa genética, tornando possível realizar análises de forma rápida e eficiente em muitos indivíduos. A PCR é uma técnica altamente versátil que viabiliza a amplificação de uma região específica do genoma, utilizando uma sequência de nucleotídeos chamada *primer* e a atividade de uma DNA polimerase termoestável (KUMAR *et al.*, 2009).

Dentre os vários tipos de marcadores moleculares, destacam-se DNA de cloroplastos (cpDNA). Do ponto de vista metabólico, o cloroplasto é considerado a organela mais relevante nas plantas superiores. Os processos bioquímicos e biofísicos realizados por essa organela estão intimamente relacionados à sua função de capturar a radiação solar para gerar precursores necessários a formação de energia (KIRCHHOFF, 2019). Porém, a função dos cloroplastos vai além do processo de captura da radiação solar para a síntese do açúcar para o metabolismo vegetal, mas também estão relacionadas ao seu genoma, que é próprio e altamente diversificado (BARROS, 2022).

O DNA plastidial circular (cpDNA) se tornou uma ferramenta muito útil nos estudos filogeográficos, filogenéticos e de diversidade genética, por ser amplamente preservado entre as espécies vegetais. Esse genoma possui características favoráveis como seu tamanho relativamente pequeno, natureza não recombinante, herança uniparental, alta abundância nas células e facilidade de acesso (PROVAN; BENNET, 2008; TEKPINAR *et al.*, 2021).

As regiões não codificadoras do cpDNA são altamente úteis para a análise de relações filogenéticas e diversidade em níveis taxonômicos mais baixos, devido à sua taxa de evolução geralmente superior às regiões codificadas. Dessa forma, é possível obter locais mais

informativos, como inserções, deleções e substituições de nucleotídeos, com menor esforço de sequenciamento e em um menor tempo (ZURAWSKI; CLEGG, 1987; LI *et al.*, 2020).

A diversidade genética e a taxa de evolução nas diferentes regiões do genoma do cloroplasto variam tornando essencial o desenvolvimento de *primers* universais em áreas de alta variabilidade para investigar as relações filogenéticas entre espécies (TEKPINAR *et al.*, 2021).

O estudo da diversidade genética entre os acessos de uma cultura permite identificar materiais genéticos muito semelhantes ou duplicados, além de indicar os genótipos geneticamente mais distintos, que podem ser recomendados para programas de policruzamentos voltados ao desenvolvimento de variedades melhoradas e programas de conservação (SCAPIM *et al.*, 2002).

4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADJEBENG-DANQUAH, J.; GRACEN, V. E.; OFFEI, S. K.; ASANTE, I. K.; MANU-ADUENING, J. Agronomic performance and genotypic diversity for morphological traits among cassava genotypes in the Guinea Savannah Ecology of Ghana. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 19, n.1, p.99-108, 2016.

ALVES, A. A. C. Cassava Botany and Physiology. In: HILLOCKS, R. J.; THRESH, J. M.; BELLOTTI, A. C. (Ed). **Cassava: biology, production and utilization**. Oxford: CAB International, 2002. p. 67-89.

AMURIM, A.P.V. Cienciometria dos estudos genéticos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais do Centro de Ciências de Chapadinha). Universidade Federal do Maranhão. Chapadinha, 2024.

BARROS, G.C.C. **Desenvolvimento de recursos genômicos e transcricionais em *Quillaja brasiliensis***. Dissertação. Biologia Vegetal. Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, SP, 2022.

BISHT I.; MEHTA, P. S.; BHANDARI, D. C. Traditional crop diversity and its conservation on-farm for sustainable agricultural production in Kumaon Himalaya of Uttaranchal State: a case study. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, p. 345–357, 2007.

CAMARGO, L. S.; BARBOSA, R. R. Bibliometria, cienciometria e um possível caminho para a construção de indicadores e mapas da produção científica. **Ponto de Acesso**, v. 12, n. 3, p. 109-125, 2018.

CEBALLOS, H.; CRUZ, G.A. Taxonomia y morfología de la yuca. In: OSPINA, B.; CEBALLOS, H. (Coord.). **La yuca en el tercer milênio: sistemas modernos de producción, procesamiento, utilización y comercialización**. Cali: CIAT, 2002. p. 16-32.

CHANGTRAGOON, S.; JALONEN, R.; LOWE, A. J. Use of molecular markers in the conservation management of tropical trees. AHUJA, M. R.; JAIN, S. M. (Eds.). **Biodiversity and Conservation of Woody Plants**. Springer, 2017. p. 155-195.

CLEMENT, Charles R. 1492 and the loss of amazonian crop genetic resources. I. The relation between domestication and human population decline. **Economic Botany**, [S.L.], v. 53, n. 2, p. 188-202, 1999. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/bf02866498>.

CUCHI, G. *Manihot esculenta* Crantz: Estudo cienciométrico e diversidade genética utilizando marcadores microssatélites. Dissertação. (Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade de Estado de Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes Maldonado", Alta Floresta, 2025.

CUEVAS, H. E.; SONG, H.; STAUB, J. E.; SIMON, P. W. Inheritance of beta-carotene-associated flesh color in cucumber (*Cucumis sativus* L.) fruit. **Euphytica**, v. 171, n.30, p. 301–311, 2010.

DARDENGO, J. F. E. **Estrutura de populações e Filogeografia molecular de *Theobroma speciosum* Willd. ex. Spreng. (Malvaceae)**. Tese (Doutorado de Biodiversidade e Biotecnologia), Universidade do Estado de Mato Grosso, Alta Floresta, 2017.

DIEGUES, A. C. Repensando e recriando as formas de apropriação comum dos espaços e recursos naturais. In: VIEIRA, P. F.; WEBER, J. (Org.). **Gestão de recursos naturais renováveis e desenvolvimento**. Cortez: São Paulo, 1996. p. 97- 124.

EBERTZ, O.; PALOMINO, E. C. Caracterização morfológica de genótipos de *Manihot esculenta* Crantz obtidos via sementes. **Agroecossistemas**, v. 9, n.2, p. 66-77, 2017.

EMPERAIRE, L.; PERONI, N. Traditional Management of Agrobiodiversity in Brazil: a case study of manioc. **Human Ecology**, v. 35, n. 6, p. 761-768, 2007. <http://dx.doi.org/10.1007/s10745-007-9121-x>.

FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS-JUNIOR, F. B. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 2011, 721p.

FASINMIRIN, J. T.; REICHERT, J. M. Conservation tillage for cassava (*Manihot esculenta* Crantz) production in the tropics. **Soiland Tillage Research**, v. 113, n.1, p. 1-10, 2011.

FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: CNPMF, 1998. 38p.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; REIS, L. S.; NETO, F. V. B.; AMARAL JUNIOR, A. T.; REIS, L. S. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 5, p. 1413-1418, set./out. 2008

GRIS, A. BAVARESCO, L. H.; PEROSA, F. F.; GOMES, T. FRONZA, N. OLIVEIRA, J. R.; PERIPOLLI, V.; SURIAN, C.; GASPER, A. L.; MENDES, R. Plant poisoning containing hydrocyanic acid in cattle in Southern Brazil. **Acta Scientiae Veterinariae**, v. 49, p. 1–8, 2021.

HOWELER, R. Does cassava production degrade or improve the soil. In: HOWELER, R. **Sustainable soil and crop management of cassava in Asia**. Cali: CIAT, 2014. 280p.

KIRCHHOFF, H. Chloroplast ultrastructure in plants. **New Phytologist**, v. 223, n. 2, p. 565-574, 2019.

KUMAR, P.; GUPTA, V. K.; MISRA, A. K.; MODI, D. R.; PANDEY, B. K. Potential of Molecular Markers in Plant Biotechnology, **Plant Omics Journal**, v. 2, n. 4, p. 141-162, 2009.

LEBOT, V. **Tropical root and tuber crops: Cassava, sweet potato, yams and aroids**. Oxford: CAB International, 2009. p.413.

LI, Y.; WANG, L.; ZHAO, Y.; FANG, Y. The complete chloroplast genome sequence of *Quercus stewardiana* (Fagaceae). **Mitochondrial DNA Part B**, v. 5, n.2, p. 1958-1959, 2020.

MARICATO, J. M.; NORONHA, D. P. Indicadores bibliométricos e cientométricos em CT&I: apontamentos históricos, metodológicos e tendências de aplicação. In: HAYASHI, M. C. P. I.;

LETA, J. (Org.). **Bibliometria e Cientometria: reflexões teóricas e interfaces**. São Carlos: Pedro & João, 2012, p. 21-41.

MARTINS, P. S. Dinâmica evolutiva em roças de caboclos amazônicos. **Estudos Avançados**, v. 19, n. 53, p. 209-220, 2005. <http://dx.doi.org/10.1590/s0103-40142005000100013>.

MAXTED, N.; GUARINO, L.; MYER, L.; CHIWONA, E. A. Towards a methodology for on-farm conservation of the plant genetic resources. **Genetic resources and Crop Evolution**. v. 49, p. 31-46, 2002.

MINGERS, J.; LEYDESDORFF, L. A review of theory and practice in scientometrics. **European Journal of Operational Research**, v. 246, n. 1, p. 1-19, 2015.

MOLOSSI, F. A.; OGLIARI, D.; MORAIS, R. M.; WICPOLT, A.; GHELLER, E.; WEBER, L.; GAVA, A. Cyanogenic poisoning by spontaneous ingestion of star grass (*Cynodon nlemfuensis* var. *Nlemfuensis* cv. “Florico”) in cattle. **Pesquisa Veterinária Brasileira**, v. 39, n. 1, p. 20-24, 2019.

MÜHLEN, G. S; MARTINS, P. S; ANDO, A. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca, avaliada por marcadores de DNA. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 2, p. 319-328, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000200020>.

NAGEL, J. C. Correlação entre características fenotípicas e genotípicas de sementes: avanços e aplicações no melhoramento vegetal. **Revista Contemporânea**, v. 4, n. 12, p. 1-13, 2024.

NIENHUIS, J. et al. Genetic relationships among cultivars and landraces of lima bean (*Phaseolus lanatus* L.) as measured by RAPD markers. **Journal of the America Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.120, n.2, p.300-306, 1995.

NINA, M. M.; DOS SANTOS, C. P.; DA ROCHA, S. F.; CAVALCANTE, F. S. A.; LIMA, R. A. Potencialidade de *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae) na Floresta Amazônica, Brasil. **Diversitas Journal**, v. 6, n. 2, p. 2247-2260, 2021. <https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v6i2-1253>.

NODARI, R. O.; GUERRA, M. P. A agroecologia: estratégias de pesquisa e valores. **Estudos Avançados**, v. 29, n. 83, p. 183-207, 2015.

OLER, J. R. L.; AMOROZO, M. C. M. Etnobotânica e conservação *on farm* de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala de Mato Grosso, Brasil. **Interações**, v. 18, p. 137-153, 2017.

OLIVEIRA, L. A.; SOUZA, J. M. L.; MATOS, M. F. R.; ÁLVARES, V. S. Farinha de mandioca: alimento fonte de fibras e amido resistente. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2021, 23p.

ORLANDINI, P.; LIMA, L. R. Sinopse do gênero *Manihot* Mill. (Euphorbiaceae) no Estado de São Paulo, Brasil. **Hoehnea**. Ed. 41, n. 1, 2014.

PEDRI, E. C. M.; CARDOSO, E. S.; TIAGO, A. V.; ZORTÉA, K. E. M.; WOLF, M. S.; SANTOS, L. L.; LIMA, J. A.; CORDEIRO, A. G. M.; FERREIRA, E. L.; ROVEDA, A. P.; FAGUNDES, P. A. S.; ROSSI, A. A. B. Etnovarietades de mandioca cultivadas no estado de Mato Grosso: Caracterização fenotípica por meio de descritores de flores e frutos. In:

MACHADO, E. R. **As Ciências Biológicas e a Construção de Novos Paradigmas de Conhecimento 2**. Ponta Grossa: Atena, 2020. p.168-179.

PEDRI, E. C. M.; SANTOS, L. L.; WOLF, M. S.; TIAGO, A. V.; CARDOSO, E. S.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Reaearch, Society and Development**, v. 10, p. 1-18, 2021.

PEREIRA, A. A. **Diversidade genética, genômica e filogeografia de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz): implicações para a dispersão do cultivo ao longo dos principais eixos fluviais da bacia amazônica brasileira**. Tese. Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, 2015.

PERONI, N.; KAGEYAMA, P. Y.; BEGOSSI, A. Molecular differentiation, diversity, and folk classification of "sweet" and "bitter" Cassava (*Manihot esculenta*) in Caiçara and Caboclo management systems (Brazil). **Genetic Resources Crop Evolution**. Vol 54, p. 1333- 1349, 2007.

PRINCE, D. J. S. A general theory of bibliometric and Other cumulative advantage processes. **Journal of the american Society for information Science**, New Haven, v. 27, p. 292-306, 1976.

PROVAN, J.; BENNETT, K. D. Phylogeographic insights into cryptic glacial refugia. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 23, n. 10, p. 564-571, 2008. DOI:10.1016/j.tree.2008.06.010

RAMU, P.; ESUMA, W.; KAWUKI, R.; RABBI, I. Y.; EGESI, C.; BREDESON, J. V.; LU, F. Cassava haplotype map highlights fixation of deleterious mutations during clonal propagation. **Nature Genetics**, v.49, p. 959-963, 2017.

RIVAL, Laura; MCKEY, Doyle. Domestication and Diversity in Manioc (*Manihot esculenta* Crantz ssp.*esculenta*, Euphorbiaceae). **Current Anthropology**, v. 49, n. 6, p. 1119-1128, 2008. <http://dx.doi.org/10.1086/593119>.

ROUNDON, M. J. P. **Conservação on farm da mandioca, Cuiabá, Mato Grosso: aspectos etnobotânicos e diversidade genética**. 2022. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Sinop, 2022.

SALAU, A. W.; OLASANTAN, F.O.; GOKE, B.; MAKINDE, E. Soil temperature and moisture content changes with growth and yield of cassava /vegetable inter crops. **Archives of Agronomy and Soil Science**, v. 61, n. 4, p. 447-460, 2015.

SANTIAGO, A. D.; PROCÓPIO, S. D. O.; FERREIRA, C. J. B.; BRAZ, G. B. P. Reduction of interrow spacing in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) production. **Revista de Ciências Agrícolas**, v. 39, n. 1, p. 42-54, 2022. <https://doi.org/10.22267/rcia.223901.170>

SANTILLI, Juliana Ferraz da Rocha. **Agrobiodiversidade e direitos dos agricultores**. 409 f. Tese (Doutorado) - Curso de Programa de Pós-Graduação em Direito, Centro de Ciências Jurídicas e Sociais, Pontifícia Universidade Católica do Paraná, Curitiba, 2009.

- SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; TONET, A.; BRACCINI, A. L.; PINTO, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. **Bragantia**, v. 61, n. 03, p. 219-230, 2002
- SILVA, R.M.; BANDEL, G.; FARALDO, M.I.F.; MARTINS, P.S. Biologia reprodutiva de etnovariedades de mandioca. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 101-107, 2001.
- SOUSA, R. M.; SOUSA, M. A.; SANTOS, R. S.; PALOMINO, E. C. Avaliação agronômica de novos clones de *Manihot esculenta* Crantz no segundo ciclo vegetativo. **Nativa**, v. 9, n.3, p. 310-317, 2021.
- SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006. 817 p.
- SOUZA, A. P. S. **Produção e características físico-químicas de raízes e amidos de diferentes genótipos de mandioca**. Dissertação. (Engenharia Agrícola), Faculdade de Ciências Agrônômicas da Unesp, Botucatu, SP, 2024.
- TEIXEIRA, P. R. G.; VIANA, A. E. S.; CARDOSO, A. D.; LOPES, S. C.; GUIMARÃES, D. G.; BASTOS, A. C. Características morfológicas de quatro variedades de mandioca de mesa cultivadas em Vitória da Conquista - BA. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 10, n.1, p.1-8, 2014.
- TEKPINAR, A. D.; AKTAŞ, C.; KANSU, Ç; DUMAN, H.; KAYA, Z. Phylogeography and phylogeny of genus *Quercus* L. (Fagaceae) in Turkey implied by variations of trnT(UGU) -L (UAA) -F (GAA) chloroplast DNA Region. **Tree Genetics & Genomes**, v. 17, n. 5, p. 1-18, 2021. <https://doi.org/10.1007/s11295-021-01522-x>
- TIAGO, A. V.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; CARDOSO, E. S.; PINTO, J. M. A.; PENA, G. F.; ROSSI, A. A. B. Research Article Genetic diversity and population structure of cassava ethno-varieties grown in six municipalities in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics And Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-17, 2019. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18357>.
- TIAGO, A. V., PEDRI, E. C. M., ROSSI, F. S., SANTOS, L. L., LIMA, J. A., CARDOSO, E. S., ROVEDA, A. P., HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Phenotypic characterization of cassava ethno-varieties in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**. V. 19, p. 02-22, 2020.
- TOLEDO, V. M.; ALARCÓN-CLÁIRES, P. La Etnoecología hoy: Panorama, avances, desafíos. **Etnoecológica**, v. 9, n.1, p. 1-16, 2012.
- UDORO, E. O.; ANYASI, T. A.; JIDEANI, A. I. O. Process-induced modifications on quality attributes of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) flour. **Processes**, v. 9, n. 11, p. 1891, 2021. <https://doi.org/10.3390/pr9111891>
- VALLE, T. L.; LORENZI, J. O. Variedades melhoradas de mandioca como instrumento de inovação, segurança alimentar, competitividade e sustentabilidade: contribuições do Instituto Agrônômico de Campinas (IAC). **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, Brasília, V. 31, p. 15-34, 2014.

VIEIRA, E.A.; FIALHO, J.F.; SILVA, M.S. **Caracterização morfológica de acessos coloridos de mandioca**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2009. 15p

YOUNG, A.; BOYLE, T.; BROWN, T. The Population Genetic Consequences of Habitat Fragmentation for Plants. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 11, p. 413-418, 1996. [http://dx.doi.org/10.1016/0169-5347\(96\)10045-8](http://dx.doi.org/10.1016/0169-5347(96)10045-8).

ZAGO, B. W., HOOGERHEIDE, E. S. S., DA SILVA, B. R., BARELLI, M. A. A. (2016). Avaliação de acessos de mandioca quanto ao teor de ácido cianídrico em raízes frescas. **Anais do Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos**, 4., 2016, Curitiba, PR.

ZOTÉA, K. E. M.; **Relações filogeográficas em populações de cambará (*Vochysia divergens* Pohl.) nativas dos biomas Amazônia, cerrado e Pantanal, Brasil**. Tese. (Biodiversidade e Biotecnologia). Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, 2022.

ZURAWSKI, G, CLEGG, M. T. Evolução do cloroplasto de plantas superiores Genes codificados por DNA: implicações para estudos de estrutura função e filogenéticos. **Annual Review of Plant Physiology**, v. 38, p. 391–418, 1987.

5 CAPÍTULOS

5.1 ANÁLISE CIENCIOMÉTRICA DO USO DE MARCADORES MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS PARA A MANDIOCA

Resumo

Análise cienciométrica do uso de marcadores morfológicos e agronômicos para a mandioca. Os marcadores morfológicos desempenham um papel fundamental na gestão dos recursos genéticos da mandioca, pois fornecem dados essenciais para programas de melhoramento e auxiliam na identificação dos acessos presentes nos bancos de germoplasma. Por meio deste estudo buscou-se realizar uma análise cienciométrica da produção científica referente aos estudos de caracterização morfoagronômica da espécie nos últimos 25 anos. O levantamento bibliográfico ocorreu nas bases de dados da *Web of Science* e *Scopus*, os filtros de busca utilizados foram “*cassava*”, “*genetic*” e “*morphological*”, buscando nos resumos a seleção de artigos sobre a temática. Após a filtragem realizou a análise completa dos arquivos para levantamento das variáveis avaliadas. Observou-se um crescimento significativo na produção científica entre 2022 até 2024. O Brasil e a Indonésia são os países que mais contribuíram com o desenvolvimento da pesquisa. A Embrapa foi a instituição que mais colaborou com as publicações. Os estudos avaliados ocorreram principalmente com variedades locais, sendo a variedade *Amarelinha* a mais utilizada. Os descritores morfoagronômicos mais utilizados foram a cor do pecíolo e cor das folhas desenvolvidas, porém os mais informativos e que contribuíram em estudos de diversidade genética e conservação foram os caracteres peso fresco e a produtividade da raiz. Este levantamento cienciométrico proporcionou uma melhor compreensão do cenário atual, direcionando os esforços de pesquisa mais eficientes na área.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; Descritores morfoagronômicos; Diversidade genética; Mapeamento científico.

Abstract

Scientometric analysis of the use of morphological and agronomic markers for cassava.

Morphological markers play a fundamental role in the management of cassava genetic resources, as they provide essential data for breeding programs and assist in identifying accessions present in germplasm banks. This study aimed to perform a scientometric analysis of the scientific production related to morpho-agronomic characterization studies of the species in the last 25 years. The bibliographic survey was conducted in the *Web of Science* and *Scopus* databases, using the search filters "*cassava*," "*genetic*," and "*morphological*," searching the abstracts to select articles on the topic. After filtering, a complete analysis of the files was performed to identify the variables evaluated. A significant increase in scientific production was observed between 2022 and 2024. Brazil and Indonesia are the countries that contributed most to the development of the research. Embrapa was the institution that collaborated most with the publications. The studies evaluated mainly involved local varieties, with the *Amarelinha* variety being the most used. The most frequently used morpho-agronomic descriptors were petiole color and developed leaf color, but the most informative and contributing traits to studies of genetic diversity and conservation were fresh weight and root productivity. This scientometric survey provided a better understanding of the current scenario, directing research efforts more efficiently in the area.

Keywords: *Manihot esculenta*; Morpho-agronomic descriptors; Genetic diversity; Scientific mapping.

Introdução

Os estudos genéticos de mandioca começaram com a utilização de marcadores morfológicos, estes foram os primeiros a serem utilizados na diversidade genética da espécie nas décadas de 1970 e 1980, permanecendo seu uso até hoje, esses marcadores são de simples identificação visual e de fácil percepção (DEL ROSARIO-ARELLANO *et al.*, 2020; SILVA, 2024). Os descritores morfológicos definem-se por qualquer característica que permita identificar e diferenciar os acessos ainda em campo (FUKUDA; GUEVARA, 1998). De acordo com Vieira *et al.* (2009) esses descritores expressam-se em todos os ambientes e possuem alta herdabilidade, são muito utilizados devido seu baixo custo e fácil visualização, são um pré-requisito para estudos de preservação e melhoramento genético (SANTOS *et al.*, 2011).

Em pesquisas com mandiocas a caracterização morfológica visa à diferenciação fenotípica entre os acessos, assim ocorre a redução de duplicadas e seleção daqueles que atendam às necessidades dos programas de melhoramento e/ou preservação da espécie (GONÇALVES, 2021). Uma das formas mais usadas para a caracterização da variabilidade genética da mandioca são os descritores morfoagronômicos, onde os caracteres morfológicos identificam e diferenciam plantas fenotipicamente e em contrapartida, os caracteres agronômicos colocam em evidência os genótipos mais produtivos e promissores (FUKUDA; GUEVARA, 1998).

Considerando o tempo decorrido desde o aparecimento dos marcadores morfológicos e os estudos com o gênero *Manihot*, torna-se necessária a sistematização e a análise da produção científica realizada até o momento. Assim, a cienciometria pode servir como instrumento para investigar as tendências das publicações científicas de uma área ao longo do tempo (SPINAK, 1998; CUCHI, 2025). Estudos cienciométricos caracterizam, avaliam e acompanham um determinado campo de conhecimento (KÖHLER; DIGIAMPIETRI, 2021), pode inventariar, sistematizar e avaliar a produção científica, possui o objetivo de identificar tendências e lacunas sobre uma determinada área, campo de pesquisa ou ciência (CARNEIRO DA SILVA *et al.*, 2017).

As bases de dados acadêmicas, como *Scielo*, *Google Scholar*, *Web of Science* e *Scopus* vêm ganhando destaque como ferramentas essenciais na produção científica, por disponibilizarem um vasto repertório de publicações que incluem livros, capítulos, dissertações, teses e artigos, abrangendo múltiplas áreas do saber, o que favorece abordagens interdisciplinares nas investigações dos pesquisadores (MELO *et al.*, 2020).

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi identificar por meio da análise cienciométrica a utilização de marcadores morfológicos e/ou agronômicos em estudos da *M. esculenta*, para fins de diversidade genética e conservação da espécie.

Material e métodos

Os dados bibliométricos foram obtidos através da seleção de documentos científicos publicados no Portal de Periódicos da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES do Brasil, utilizando as bases de dados *Scopus*® e *Web of Science*™, os filtros de busca utilizados foram: “cassava”, “genetic” e “morphological”, combinadas por meio do operador *booleano* “AND”. A análise avaliou os conceitos presentes no título, resumo e palavras-chave, a pesquisa foi limitada apenas por tópicos em um intervalo de tempo de 1999 a 2024 e em formato de artigo.

Os softwares Mendeley Reference Manager® (versão 2.122.0) e Rstudio® [versão 2023.9.1 (R CORE TEAM, 2023)], foram usados para a análise dos dados. No Mendeley® foi identificado as duplicatas e realizado as leituras dos artigos. Artigos que não utilizavam marcadores morfológicos e/ou agrônômicos e que não estavam relacionados às pesquisas com mandioca foram excluídos. Em cada um dos documentos selecionados, foram compiladas as seguintes informações: Nome das variedades de mandioca, tipo de variedade (local ou melhorada), tipos de descritores morfológicos e/ou agrônômicos utilizados na pesquisa, os caracteres mais informativos nos estudos e métodos estatísticos utilizados.

No Rstudio® os arquivos das duas bases de dados foram convertidos para .xlsx com o pacote ‘xlsx’ [versão 0.6.5 (DRAGULESCU; ARENDT, 2022)] e unidos no aplicativo Biblioshiny® (ARIA; CUCCURULLO, 2017), do pacote Bibliometrix® [versão 4.3.0 (ARIA; CUCCURULLO, 2017)]. O arquivo com os dados totais foi salvo como cópia e acessado através do software Microsoft® Excel® (Versão 2019).

No Biblioshiny® foram obtidos os indicadores: anos de publicações, principais palavras-chave, instituições de vinculação dos autores e países com maior quantidade de produções que contemplam o tema. O Excel foi utilizado para a análise dos indicadores cienciométricos obtidos manualmente com base na frequência relativa e absoluta.

Resultados

A busca realizada nas bases de dados *Scopus*® resultou em 126 publicações e na *Web of Science*™ 121, totalizando 247 artigos. Após a filtragem, foram excluídos 195 trabalhos identificados como duplicados e/ou que não atendiam aos critérios da pesquisa, restando um total de 52 publicações para análise.

No período de 1999 a 2024, foram identificados 52 artigos que utilizaram marcadores morfológicos e/ou agrônômicos em estudos de diversidade genética da espécie *M. esculenta*. O ano de 2024 apresentou o maior número de publicações, com seis artigos sobre a temática, o que corresponde a 11,5% da produção total (Figura 1). A partir de 2022, observa-se um

considerável aumento no número de trabalhos publicados. Já os anos de 1999, 2000, 2002, 2004, 2005, 2006 e 2009 não registraram publicações relacionadas ao tema, nas bases de dados analisadas.

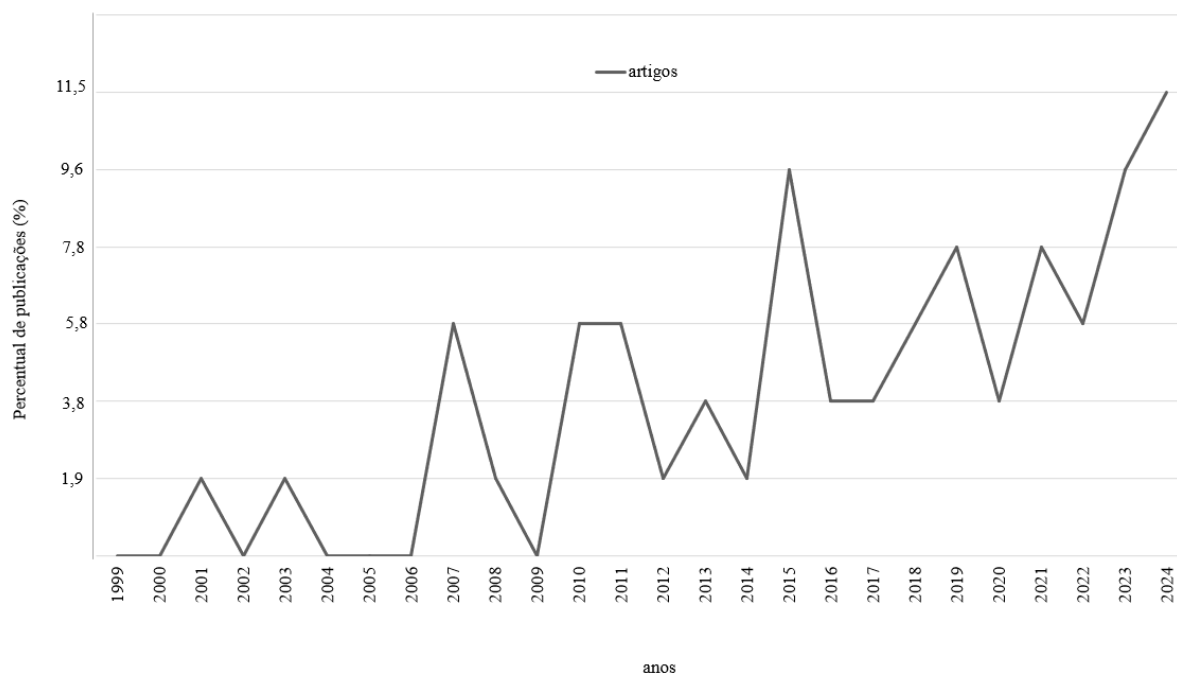


Figura 1: Variação temporal do percentual de publicações científicas entre os anos de 1999-2024.

Os países que mais contribuíram para o desenvolvimento de pesquisas sobre marcadores morfoagronômicos da mandioca foram o Brasil (45,8%), Indonésia (8,3%), Gana, Serra Leoa, Uganda e Quênia, todos com 4,2%, cada (Figura 2). Para analisar as relações científicas dentro e entre os países, observamos nos trabalhos as possíveis colaborações entre instituições nacionais e estrangeiras.

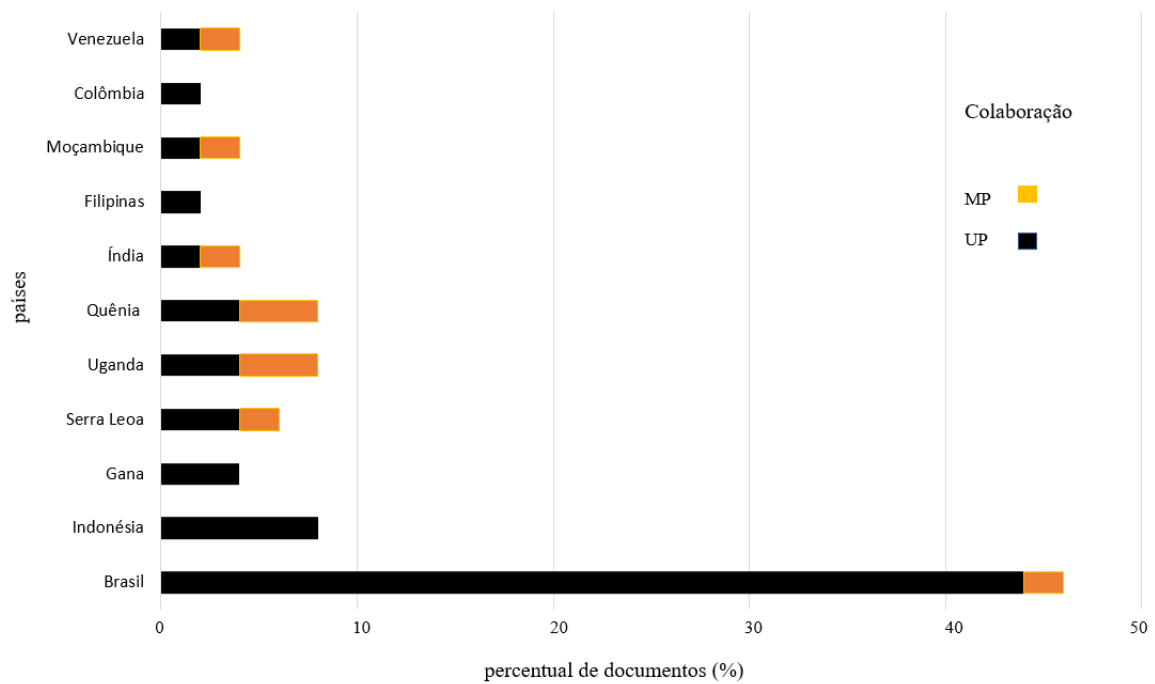


Figura 2. Percentual de produções por país do autor correspondente entre os anos de 1999 e 2024, considerando publicações de um único país (UP) e de Múltiplos países (MP).

Através da afiliação de cada autor podemos analisar a produção por instituição científica. Neste item, foram identificadas das 84 instituições, as quatro mais produtivas estão destacadas na figura 3.

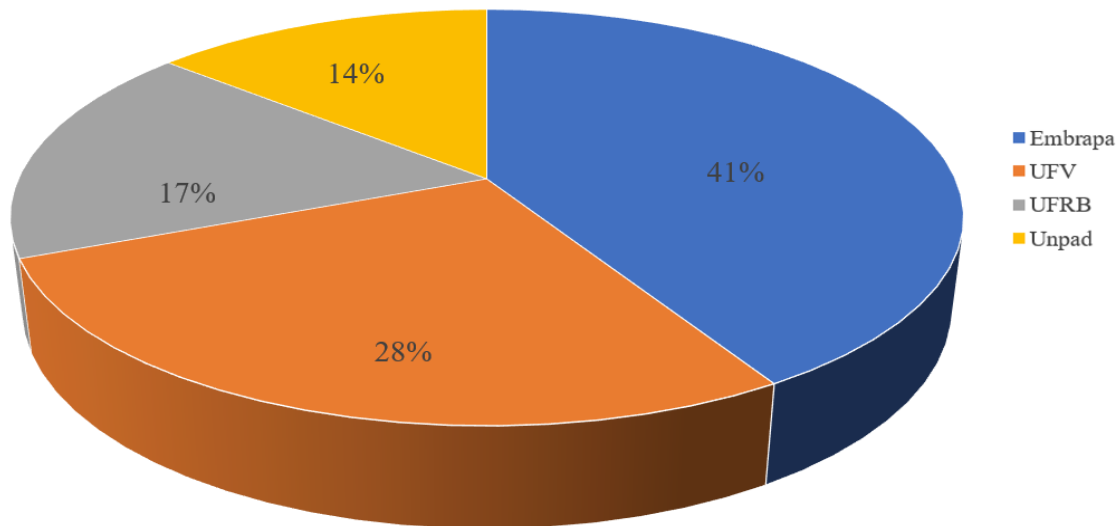


Figura 3. Instituições com maiores percentuais em relação a produção científica. Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária (Embrapa), Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal do Recôncavo Baiano (UFRB) e Universitas Padjadjaran (Unpad).

Em relação aos termos mais relevantes nas publicações analisadas nesse estudo, observou-se a tendência das temáticas em publicações onde o nome científico, nome popular e finalidade da pesquisa destacam-se como palavras-chave nos estudos cienciométricos. Foram

encontrados 106 termos, “*Manihot esculenta*” (citado 24 vezes), “cassava” (20) e “*Genetic Diversity*” (14 vezes). Com esses indicadores elaboramos uma nuvem de palavras com os 20 termos mais frequentes (Figura 4). Quanto maior o tamanho da palavra na nuvem, maior é a frequência com que ela aparece nos documentos analisados.

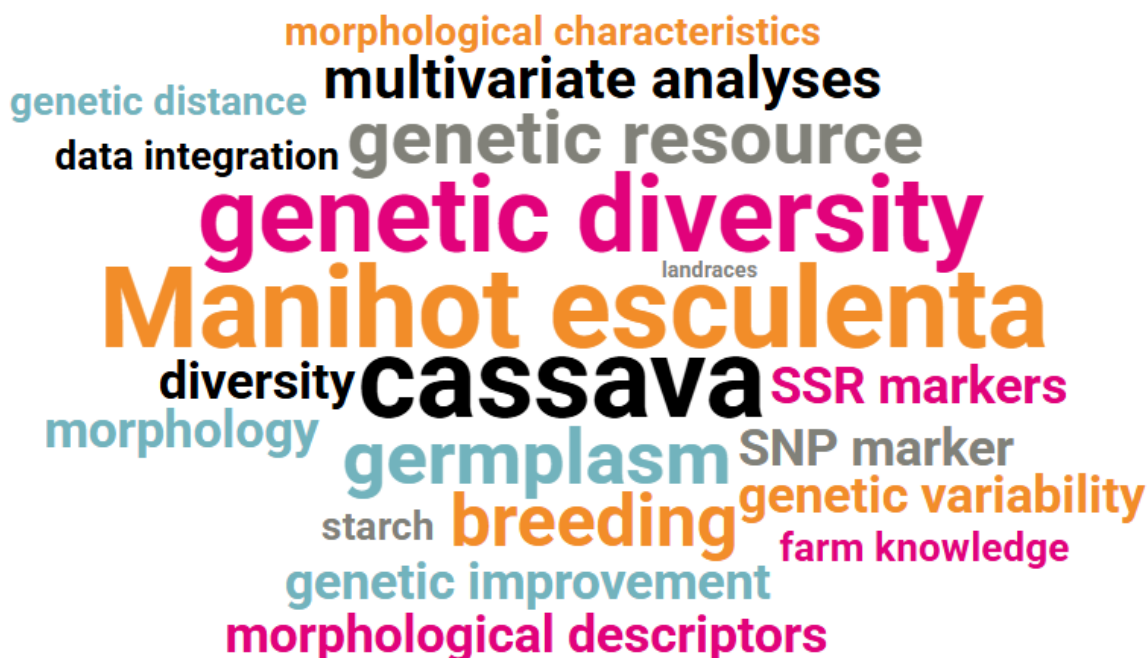


Figura 4. Nuvem de palavras-chaves mais frequentes utilizadas pelos autores nas publicações analisadas entre 1999 e 2024.

Outra informação relevante e que pode direcionar sobre a escolha dos recursos genéticos de *M. esculenta*, são os tipos de variedades de mandiocas estudadas, sendo elas melhoradas ou que não passaram por qualquer técnica de seleção ou melhoria genética (variedades nativas ou locais).

Assim, a análise individual dos 40 artigos (de um total de 52) que apresentavam informações sobre as variedades utilizadas revelou que, em 20 deles (50%), os autores trabalharam exclusivamente com variedades locais, sendo esse o tipo mais recorrente entre os estudos. Em três (8%) foram observadas apenas variedades melhoradas, enquanto os 17 restantes (42%) envolveram os dois tipos de variedades.

Contabilizamos 1037 variedades, sendo 383 melhoradas e 654 locais. As cinco variedades locais mais frequentes nos estudos foram: *Amarelinha*, *Pão*, *Cacau*, *Roxa* e *Liberata*. E as variedades melhoradas foram: *NASE10*, *AgroV1*, *SLICASS 4*, *UFLA 60*, *IAC 14*.

Nos 52 artigos analisados, identificamos 111 descritores diferentes, divididos em 51 quantitativos e 60 qualitativos. Os descritores que possuem maiores frequências absolutas foram: cor do pecíolo (27), cor das folhas desenvolvidas (25), cor das folhas apicais e cor da

polpa da raiz (24, cada), cor do córtex da raiz e cor da casca da raiz (23, cada) e altura da planta (22).

Quando avaliados separadamente, os descritores quantitativos mais utilizados foram a altura da planta (43%), comprimento do pecíolo e produção total de raízes frescas com 35%, cada. E os qualitativos: cor do pecíolo, cor das folhas desenvolvidas e cor das folhas apicais, com 45%, 42% e 40%, respectivamente (Figura 5).

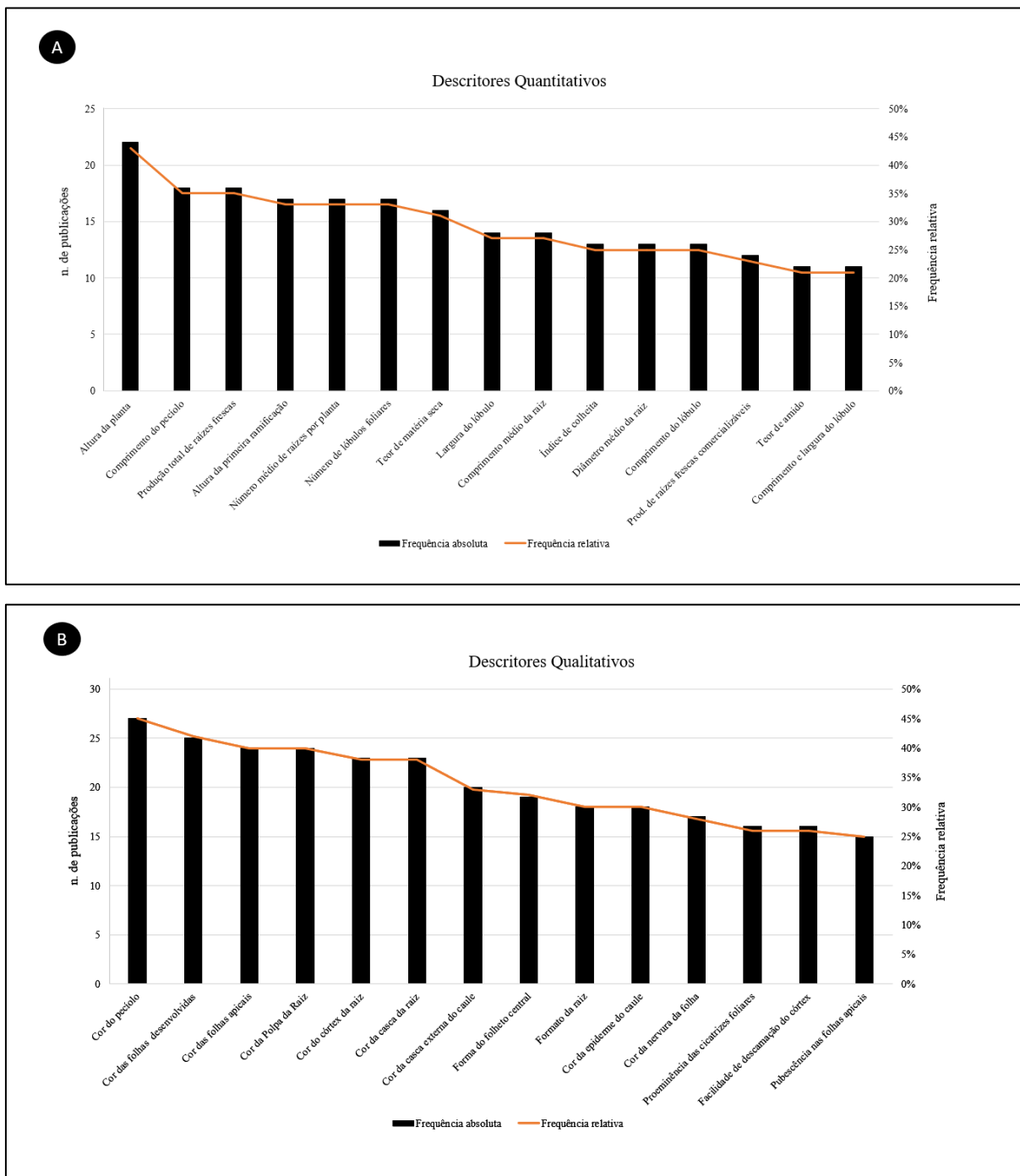


Figura 5. (A) Descritores quantitativos e (B) qualitativos mais frequentes utilizados nos trabalhos publicados entre os anos de 1999 a 2024.

Ao avaliar os resultados e conclusões dos artigos, identificamos 70 descritores considerados mais informativos e que contribuíram na identificação de variedades mais divergentes, sendo 39 quantitativos e 31 qualitativos. Os descritores mais citados nos artigos foram o peso fresco e a produtividade da raiz com 23% (cada) e a cor do pecíolo com 26%.

Os métodos estatísticos mais utilizados foram a análise de componentes principais (ACP) em 15 trabalhos; agrupamento por matriz UPGMA (14) e estatísticas descritivas (10 trabalhos) (Figura 6).

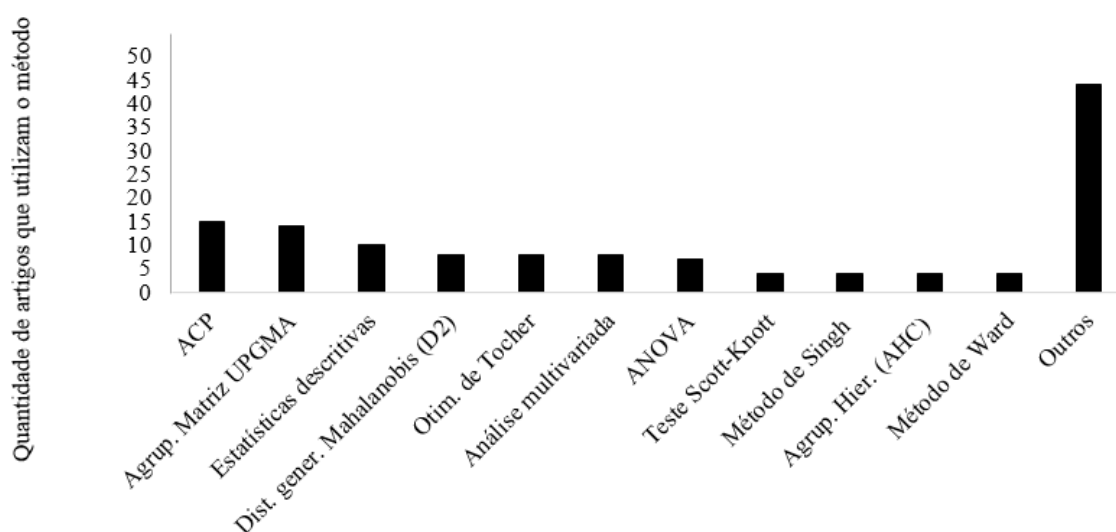


Figura 6. Métodos estatísticos utilizados como ferramenta de análise nos trabalhos publicados entre os anos de 1999 a 2024. Análise de componentes Principais (ACP); Método de Agrupamento por Matriz UPGMA; Distância generalizada de Mahalanobis (D2); Método de otimização de Tocher; Análise de variância (ANOVA); Método de Singh (1981); Agrupamento hierárquico ascendente (AHC); outros métodos estatísticos;

Discussão

O número de publicações científicas que utilizaram marcadores morfológicos e/ou agrônômicos com mandioca foi baixo, entre o período de 1999 a 2006, que pode ser explicado pelo avanço do uso de marcadores moleculares, o primeiro registro científico para estudos moleculares com o gênero *Manihot* ocorreu em 1993, com o trabalho de diversidade genética de Marmey *et al.* (1994), desde então muitos outros trabalhos têm sido realizados (GONÇALVES, 2021; CUCHI, 2025). Em 2007 ocorreu um notável aumento de publicações com marcadores morfoagronômicos, entre 2007 a 2014 houve uma oscilação com anos de crescimento e queda nas publicações e o ano de 2015 destaca-se representando um novo pico. O crescimento no número de publicações caracteriza a consolidação da ferramenta que é relevante, principalmente no melhoramento genético convencional e associada aos marcadores moleculares propiciam melhor conhecimento dos recursos genéticos da espécie (OLIVEIRA *et al.*, 2021).

Após o ano de 2022 o crescimento em publicações tornou-se mais evidente, a mandioca tem se destacado a nível mundial e está entre os dez cultivos mais plantados ao redor do mundo (VALE, 2025). Por ser uma cultura de fácil adaptação a diferentes condições climáticas, pode ser usada em descompactação de solos e apresenta muitos usos do ponto de vista de consumo, a cultura de mandioca vem recebendo maiores investimentos, segundo Chiavari *et al.* (2024) obteve a maior parte do financiamento via crédito rural para produtos da biodiversidade entre 2021 e 2023, a sua evidência no cenário brasileiro e mundial pode ter contribuído para a intensificação de pesquisas nos últimos anos.

Em relação aos países que mais publicam na temática em estudo, o Brasil destacou-se como o país com maior produção científica, o que deve estar associado ao fato da espécie (mandioca) ser originária da Amazônia e o interesse econômico do país no cultivo da cultura. Porém apresenta pouquíssimas interações com outros países, das 22 publicações somente uma foi realizada com a participação de Portugal. A Indonésia que é o segundo país com mais publicações no tema, apresenta grande interesse na espécie devido sua importância econômica, alimentar e industrial. Nos últimos anos a Indonésia precisou aumentar suas importações para atender à crescente demanda interna (VIDIGAL FILHO *et al.*, 2022). Este país não realizou nenhuma interação internacional. A baixa interação desses países com instituições estrangeiras nessas produções, pode limitar o avanço científico na área. A falta de interações internacionais reduz a troca de conhecimentos, tecnologias e metodologias entre os grupos de pesquisas, diminuindo o potencial de inovação (KATZ; MARTIN, 1997).

Uganda, Quênia, Índia, Moçambique e Venezuela destaca-se nas interações com outros países, fato que segundo Cuchi (2025) pode ser atribuído ao interesse desses países na cultura da mandioca.

A instituição de pesquisa que mais participou nas publicações foi a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), criada em 1973 pelo governo federal. Considerada uma das maiores empresas de pesquisa agropecuária do mundo, desempenha um excelente papel no estudo sobre a genética de mandioca (VANZ *et al.*, 2022; SILVA, 2024). Cuchi (2025) e Silva (2024) em seus trabalhos de análise cienciométrica sobre a mandioca, também destacaram a Embrapa como a principal instituição de pesquisa nos temas pesquisados.

A segunda instituição com mais publicações foi a Universidade Federal de Viçosa (UFV), localizada em Minas Gerais. É uma instituição de ensino superior pública brasileira reconhecida por se destacar na área de Ciências Agrárias e ter a mandioca como uma das espécies alvo de estudos. A Universidade Federal do Recôncavo Baiano (UFRB), foi a terceira instituição com maior participação em publicações, com duas décadas de história e protagonismo regional, foi fundada em 2005 sediada na cidade de Cruz das Almas - Bahia.

Possui vários estudos sobre segurança alimentar, farinha e melhoramento genético de mandioca, trabalhos desenvolvidos em parceria com a Embrapa Mandioca (UFRB, 2025).

A Universitas Padjadjaran (Unpad) é a única instituição internacional entre as quatro mais ativas em publicações. É uma universidade pública da Indonésia, localizada em Bandung, província de Java Ocidental. A Unpad desenvolve vários trabalhos relacionados a mandioca como produção agrícola, processamento de produtos e biotecnologia (Unpad, 2025).

Examinando a nuvem de palavras-chave apresentadas na figura 4, observa-se que “*Manihot esculenta*” destaca-se como o termo mais frequente, evidenciando a espécie botânica da mandioca. Em seguida, “*cassava*” o nome popular em inglês da espécie e “*Genetic Diversity*” o terceiro termo de maior destaque, sugerindo a finalidade da pesquisa. As palavras-chave são responsáveis pela organização e visibilidade da produção acadêmica, desempenhando um papel estratégico em artigos científicos. Uma escolha atenta das palavras-chave auxilia na descoberta dos artigos científicos e da indexação (FUJITA *et al.*, 2024). Quando bem escolhidas as palavras-chave, aumentam o impacto e alcance do trabalho, potencializando sua visibilidade. Portanto, a escolha cuidadosa dos termos estabelece conexão com tendências científicas e contribui para mapeamentos cienciométricos e bibliométricos (FUJITA; TARTAROTTI, 2020).

Devido as exigências da atual agricultura, o cultivo de mandioca passou por um processo de modernização nos últimos 40 anos. Exigindo novas variedades com alto teor de matéria seca, resistência a doenças, alta produtividade e adaptação à mecanização (LORENZI *et al.*, 1996). O trabalho de melhoramento e criação de novas variedades altamente impactantes tem se destacado devido a várias instituições voltadas as pesquisas com a espécie. A variedade melhorada NASE10 do Programa de criação NASE (Namulonge–Serere) mandioca doce, foi a variedade melhorada mais citada e presente no estudo de kizito *et al.* (2007), encontrada em quatro distritos de Uganda. Segundo os autores do estudo os agricultores ugandeses preferem cultivar variedades melhoradas, principalmente quando possuem acompanhamento técnico especializado de extensão rural, a variedade é resistente a doenças e apresenta boa aceitação no mercado consumidor.

No entanto, os avanços tecnológicos e a modernização do cultivo da mandioca promoveu a redução drástica na diversidade genética da espécie (CLEVELAND *et al.*, 1994). Identificar e caracterizar variedades locais presentes em sistemas agrícolas tradicionais são essenciais para orientar programas efetivos de conservação de germoplasma (MÜHLEN *et al.*, 2000). A variedade *Amarelinha* destaca-se em estudos com variedades locais no Brasil, sendo utilizadas em pesquisas que têm como principais objetivos estimar a diversidade e variabilidade genética, respectivamente (NICK *et al.*, 2010; RAMOS, *et al.*, 2019) e na avaliação e

caracterização morfoagronômica de acessos de mandioca (VENDRAMINI *et al.*, 2011; MEZETTE *et al.*, 2013).

A caracterização morfológica e/ou agronômica compõe a base para avaliar a integridade genética dos acessos conservados e fornece dados relevantes para o manejo das coleções (BURLE; OLIVEIRA, 2010), por meio de descritores. Descritores de folha e raiz tiveram destaque nos trabalhos pesquisados, sendo os mais utilizados a cor do pecíolo, cor das folhas desenvolvidas, cor das folhas apicais, cor da polpa, córtex e casca da raiz.

O comprimento do pecíolo e cores das folhas são marcadores morfológicos estáveis, de fácil mensuração e contribuem para identificação e classificação das variedades. Plantas que possuem pecíolos longos tendem a posicionar as folhas de modo que favorece a captação de luz e a ventilação, sendo uma característica vantajosa em ambientes úmidos (LANGER, M., 2021; FILARTIGA *et al.*, 2022). A coloração foliar facilita a identificação da variedade sendo usada na caracterização morfológica.

Na raiz a cor da polpa pode ser indicativo nutricional, polpa de coloração amarela possui maiores teores de carotenoides (SILVA *et al.*, 2014), principalmente o β -caroteno que é um precursor da vitamina A, o que torna as raízes mais nutritiva (SHETE; QUADRO, 2013). Trabalhos como de Tiago *et al.* (2020) e Pedri *et al.* (2021) apontam também a polpa amarela como favorita entre produtores e consumidores na região norte de Mato Grosso. Já a cor da polpa branca é bastante apreciada por consumidores em várias outras regiões do Brasil, o que pode ser atribuído às questões culturais e regionais (FOGAÇA *et al.*, 2009).

A indústria de farinha de mandioca prioriza raízes com coloração externa branca ou creme e cor do córtex branco ou creme, a preferência é devido à presença de detritos que durante seu processamento pode comprometer a qualidade do produto final (TEIXEIRA, 2015). A cor da casca e do córtex da raiz em conjunto facilitam a identificação de variedades, são requisitos para escolhas do produto na industrialização e preferências de consumos regionais.

Analisando os artigos, os descritores mais informativos e que contribuíram para a identificação de variedades mais divergentes nos estudos, foram o peso fresco, a produtividade da raiz e cor do pecíolo, esses descritores apresentaram a capacidade de discriminar acessos avaliados, podendo ser empregados em pesquisas de diversidade genética, em programas de melhoramento genético e na gestão de bancos de germoplasmas. Segundo Oliveira *et al.* (2014) descritores morfológicos e/ou agronômicos mais informativos para a mandioca podem reduzir o número de descritores usados atualmente em bancos de germoplasma, sem prejudicar a representação da variabilidade genética da mandioca e os interesses dos programas de melhoramento.

A identificação de descritores mais informativos e confiáveis em atividades de caracterização, pode reduzir o tempo e trabalho para distinguir acessos em bancos de germoplasma (STRAPASSON *et al.*, 2000; CASTRO *et al.*, 2012; OLIVEIRA *et al.*, 2012; SILVA *et al.*, 2013), esse procedimento contribui para aumentar o uso da variabilidade genética disponível em programas de melhoramento (OLIVEIRA *et al.*, 2012; OLIVEIRA *et al.*, 2014).

A análise estatística é uma ferramenta importantíssima na validação dos resultados obtidos em um estudo científico (NORMANDO *et al.*, 2010). A análise de componentes principais (ACP) e agrupamento por matriz UPGMA foram métodos estatísticos mais frequentes nos artigos pesquisados, respectivamente.

A ACP é uma técnica estatística multivariada, descrita inicialmente por Pearson (1901), que consiste em transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis de mesma dimensão, denominadas de componentes principais (HONGYU, 2015). Cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, são independentes entre si e retem em ordem o máximo de informação da variação total contida nos dados (JOHNSON, WICHERN 1998; HONGYU *et al.*, 2015). Em estudos sobre caracterização morfoagronômicos da mandioca, a ACP pode estabelecer relações entre variedades de mandioca, identificando quais características mais contribuem para a variação entre os genótipos, agrupando-os com base em similaridades morfológicas (PERONI *et al.*, 1999).

O método de agrupamento por matriz UPGMA, segundo Cruz *et al.* (2011), é um dos principais métodos de agrupamentos hierárquicos, que utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando assim caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre os genótipos considerados. Tem sido muito utilizado em estudos de diversidade genética, por considerar as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os indivíduos considerados (CRUZ; CARNEIRO, 2003; SILVA, 2012). Em estudos com mandioca podem agrupar variedades com características semelhantes e evidenciar a divergência genética entre os grupos, contribuindo na escolha de genótipos distintos para programas de melhoramento genético ou conservação da espécie.

Conclusão

A análise cienciométrica referente aos estudos com marcadores morfoagronômicos da mandioca recuperou 52 artigos, publicados entre 1999 a 2024. A partir do ano de 2022 ocorreu um considerável aumento de publicações referente ao tema, consolidando a ferramenta.

O Brasil foi o país mais produtivo em publicações e a Embrapa a instituição que mais contribui para essas pesquisas. Porém a baixa integração do Brasil com outras instituições internacionais é uma lacuna detectada e que deve ser analisada.

As variedades locais *Amarelinha*, *Pão*, *Cacau*, *Roxa* e *Liberata* foram as que mais se destacaram nos estudos. Os descritores peso fresco, produtividade e cor do pecíolo foram os mais informativos nos artigos avaliados, sendo indicados para novos estudos.

REFERÊNCIAS

- ARIA, M.; CUCCURULLO, C. Bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. **Journal of informetrics**, v. 11, n. 4, p.959-975, 2017.
- BERED, F.; BARBOSA NETO, J. F.; CARVALHO, F. I. F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, v. 27, n. 3, p. 513-520, 1997. <https://doi.org/10.1590/S0103-84781997000300026>
- BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. S. P. Caracterização e avaliação de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Org.). **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. p. 199–242.
- CARNEIRO DA SILVA, A. C.; DURANTE, D. G.; VELOSO BISCOLI, F. R. Espiritualidade no Ambiente De Trabalho: Estudo Bibliométrico Da Produção Acadêmica Nacional, 2010-2014. **Revista de Gestão e Secretariado**, v. 08, p. 01–19, 2017. <https://doi.org/10.7769/gesec.v8i2.594>
- CASTRO, J.A.; NEVES, C.G.; JESUS, O.N.; OLIVEIRA, E.J. Definição de descritores morfoagronômicos para a caracterização do maracujazeiro-amarelo. **Ciência Horticulturae**, v.145, p.17-22, 2012. DOI: 10.1016/j.scienta.2012.07.022.
- CHIAVARI, J., MOTTA, M.; LOPES, C. L.; CORLETO, A. F. **Financiamento para a Bioeconomia no Brasil: Fontes e destinação dos recursos**. Climate Policy Initiative. PUC-Rio. 2024. Disponível em: <<https://www.climatepolicyinitiative.org/wp-content/uploads/2024/09/Financiamento-para-a-Bioeconomia-no-Brasil-Fontes-e-Destinacao-dos-Recursos.pdf>>. Acesso em: 02 dez. 2025.
- CLEVELAND, D.A.; SOLERI, D.; SMITH, S.E. Do folk crop varieties have a role in sustainable agriculture? **BioScience**, v.44, p.740-751, 1994.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2. Viçosa: UFV, 2003, 623p.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.
- CUCHI, G. **Manihot esculenta Crantz: Estudo cienciométrico e diversidade genética utilizando marcadores microssatélites**. Dissertação. (Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade de Estado de Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes Maldonado", Alta Floresta, 2025.
- DEL ROSARIO-ARELLANO, J. L.; MENESES-MÁRQUEZ, I.; LEYVA-OVALLE, O. R.; AGUILAR-RIVERA, N.; BOLIO-LÓPEZ, G. I.; ANDRÉS-MEZA, P. Morphoagronomic and industrial performance of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm for the production of starch and solid byproducts. **Aims Agriculture and Food**, v. 5, n. 4, p. 617-634, 2020.
- DRAGULESCU, A. A.; ARENDT, C. Read, write, format Excel 2007 and Excel 97/2000/XP/2003 files, 2022. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/xlsx/xlsx.pdf>>. Acesso em: 04 dez. 2024.

FILARTIGA, A. L.; KLIMEŠ, A.; ALTMAN, J.; NOBIS, M. P.; CRIVELLARO, A.; SCHWEINGRUBER, F.; DOLEŽAL, J. Comparative anatomy of leaf petioles in temperate trees and shrubs: the role of plant size, environment and phylogeny. **Annals of Botany**. v.129, n.5, p.567-582, 2022. doi: 10.1093/aob/mcac014. PMID: 35136925; PMCID: PMC9007101.

FOGAÇA, J. J. N. L.; VIANA, A. E. S.; CARDOSO, A. D.; JUNIOR, N. C. S.; PONTE, C. M. A.; ANJOS, D. N.; MAGALHÃES, G. C.; GUIMARÃES, D. G.; FERNANDES, E. T. Características morfológicas e produtivas da variedade de mandioca Cramuquém em Vitória da Conquista- BA. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v.5, p.296-300, 2009.

FUJITA, M. S. L.; TARTAROTTI, R. C. D. Análise de palavras-chave da produção científica de pesquisadores: o autor com indexador. **Informação & Informação**, v. 25, n. 3, p. 332-374, 2020.

FUJITA, M. S. L. Análise das funções de palavras-chave atribuídas por autores em publicações científicas de eventos e periódicos. **RDBCI: Revista Digital de Biblioteconomia e Ciência da Informação**, v. 22, p. 1-20, 2024.

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: CNPMF, 1998. 38p.

GONÇALVES, T. M. **Caracterização, divergência genética e estrutura populacional de cultivares tradicionais de mandioca-de-mesa coletadas na Região Sul de Minas Gerais**. Quipá Editora, 1ª edição, 2021. 143p.

HONGYU, K.; SANDANIELO, V. L. M.; JUNIOR OLIVEIRA, G. J. Análise de Componentes Principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. **E&S - Engineering and Science**. v. 1, n. 5, p. 83-90, 2015.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. Madison: Prentice Hall International, 1998. 816p.

KATZ, J. S.; MARTIN, B. R. What is research collaboration? **Research Policy**, v. 26, n. 1, p. 1–18, 1997.

KIZITO, E. B.; EGWANG, T. G.; CHIWONA-KARLTUN, L.; FREGENE, M. Genetic diversity and variety composition of cassava on small-scale farms in Uganda: An interdisciplinary study using genetic markers and farmer interviews. **Genetica**, v. 130, p. 301-318, 2007.

KÖHLER, A. F.; DIGIAMPIETRI, L. A. Estudos de hospitalidade: análise bibliométrica e de redes sociais do campo de turismo no Brasil, 1990-2018. **Revista Hospitalidade**, v. 18, n. 1, p. 104–135, 2021. <https://www.rev Hosp.org/hospitalidade/article/view/938>.

LANGER M.; SPECK, T.; SPECK, O. Petiole-Lamina Transition Zone: A Functionally Crucial but Often Overlooked Leaf Trait. **Plants**. v. 10, n. 4, p. 1-20, 2021. doi: 10.3390/plants10040774. PMID: 33920846; PMCID: PMC8071152.

LI, X.; LV, X.; WANG, X.; WANG, L.; ZHANG, M.; REN, M. Effects of abiotic stress on anthocyanin accumulation and grain weight in purple wheat (*Triticum aestivum* L. cv. Guizi 1).

Crop and Pasture Science, v. 69, n.12, p. 1208-1214, 2018. <https://doi.org/10.1071/CP18341>
CSIRO PUBLISHING

LORENZI, J. O.; VALLE, T. L.; MONTEIRO, D. A.; PERESSIN, V. A.; KANTHACK, R. A. D. **Variedades de mandioca para o Estado de São Paulo**. Campinas: IAC, 1996. 23 p. (Boletim técnico, 162).

MARMEY, P.; BEECHING, J. R.; HAMON, S.; CHARRIER, A. Evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collections using RAPD markers. **Euphytica**, v. 74, p. 203-209, 1994.

MELO, P. F. C.; BRAMBILLA, A.; VANZELLA, E. Principais plataformas de busca científica utilizadas por discentes de Turismo e Hotelaria da UFPB. **Editora do CCTA**, v. 1, p. 277-301, 2020.

MEZETTE, T. F.; BLUMER, C. G.; VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 6, p. 741-748, 2013. doi:10.1590/S0100-204X2013000600012 SciELO

MÜHLEN, G.S. **Avaliação da diversidade genética de etnovariedades de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) com marcadores de DNA: RAPD, AFLP e microssatélites**. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

NICK, C.; CARVALHO, S. P.; JESUS, A. M. S.; CUSTÓDIO, T. N.; MARIM, B. G.; ASSIS, L. H. B. Divergência genética entre sub amostras de mandioca. **Bragantia**, v. 69, n. 2, p. 289-298, 2010.

NORMANDO, D.; TJADERHANE, L.; QUINTÃO, C. C. A. A escolha do teste estatístico - um tutorial em forma de apresentação em PowerPoint. **Dental Press J. Orthod.** v. 15, n. 1, p. 101-106, 2010.

NZUE, B.; KOFFI, A. C.; N'NAN-ALLA, O. Study of relationships between morphological and agronomic traits of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Global Journal of Agricultural Sciences**, v. 9, n.2, p. 208-214, 2019. doi:10.15580/GJAS.2019.2.042619079 Greener Journals

OLIVEIRA, E. J.; DIAS, P. N. L.; DANTAS, J. L. L. Seleção de descritores morfoagronômicos para caracterização de cultivares de mamão. **Euphytica**, v.185, p.253-265, 2012. DOI: 10.1007/s10681-011-0565-0.

OLIVEIRA, E. J.; OLIVEIRA FILHO, O. S.; SANTOS, V. S. Selection of the most informative morphoagronomic descriptors for cassava germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 891-900, 2014.

OLIVEIRA, A. J.; OLIVEIRA, T. C.; SANTOS, A. A. C.; SIQUEIRA, T.; DUARTE, W. M.; CALDEIRA, D. S. A.; VILARINHO, M. K. C.; ALMICI, M. S.; SILVA, G. F.; BARELLI, M. A. A.; KARSBURG, I. V. Principais marcadores moleculares. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 15, p. 01-07, 2021.

PEDRI, E. C. M.; SANTOS, L. L.; WOLF, M. S.; TIAGO, A. V.; CARDOSO, E. S.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas no norte do estado

de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 5, p. 01-18, 2021.

PERONI, N.; MARTINS, P. S.; ANDO, A. Diversidade inter e intra-específica e uso de análise multivariada para morfologia da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz): um estudo de caso. **Scientia Agricola**, v. 56, n. 3, 1999.

QIN, H.; XU, Y.; LIU, B.; GAO, Y.; ZHENG, Y.; LI, Q. UV-A Supplement Improved Growth, Antioxidant Capacity, and Anthocyanin Accumulation in Purple Lettuce (*Lactuca sativa* L.). **Horticulturae**, v. 9, n.6, p. 634, 2023. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9060634> MDPI

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2023. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 13 mar. 2024.

RAMOS, H. H.; GONÇALVES, D. L.; CASTRO, M. S.; BARELLI, M. A. A. Análise da diversidade genética entre acessos de *Manihot esculenta* (Crantz) via caracteres morfológicos. **Nativa**, v. 7, n.1, p. 01-05, 2019.

SANTOS, R. M. C.; LEMOS, R. C.; RÊGO, E. R.; CASALI, V. W. D.; COCA, G. C.; BORÉM, A.; FINGER, F. L. Caracterização de frutos e flores de pimenteira silvestre. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 2, p.S3069-S3076, 2011.

SHETE, V.; QUADRO, L. Metabolismo de mamíferos de β -caroteno: lacunas no conhecimento. **Nutrientes**, v. 5, n.12, p. 4849– 4868, 2013.

SILVA, A. R. **Métodos de agrupamento: avaliação e aplicação ao estudo de diversidade genética em acessos de alho**. Dissertação (Estatística Aplicada e Biometria), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2012.

SILVA, W. C. J.; CARVALHO, S. I. C.; DUARTE, J. B. Identificação de descritores mínimos para caracterização de Pimentão spp. germoplasma. **Horticultura Brasileira**, v.31, p.190-202, 2013. DOI: 10.1590/S0102-05362013000200004.

SILVA, K. N.; VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S. Potencial agrônomo e teor de carotenoides em raízes de reserva de mandioca. **Ciência Rural**, v. 44, n.8, p.1348-1354, 2014.

SILVA, V. C. **Estudos genéticos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) - Estado da arte por meio de uma abordagem cienciométrica**. Dissertação. (Programa de Pós-graduação Stricto Sensu em Ciências Ambientais), Universidade do Estado de Minas Gerais Unidade Frutal, Frutal, MG, 2024.

SPINAK, E. Indicadores cienciométricos. **Ciência da informação**, v. 27, p. 141-148, 1998.

STRAPASSON, E.; VENCovsky, R.; BATISTA, LAR Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.373-381, 2000. DOI: 10.1590/S1516-35982000000200008.

TEIXEIRA, P. R. G. **Caracterização de variedades de mandioca de mesa**. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Agronomia), Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, Bahia, 2015.

TIAGO, A. V.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; SANTOS, L. L.; LIMA, J. A.; CARDOSO, E. S.; ROVEDA, A. P.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Phenotypic characterization of cassava ethnovarieties in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n.2, p. 01-22, 2020.

UFRB, Universidade Federal do Recôncavo Baiano. Disponível em: < <https://ufrb.edu.br/portal/apresentacao>>. Acesso em: 30 nov. 2025.

UNPAD. Universitas Padjadjaran. Disponível em: < <https://www.unpad.ac.id/en/university/>>. Disponível em: 30 nov. 2025.

VALE, A. **Embrapa promove debate sobre a cadeia de valor da mandioca**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-noticias/-/noticia/103428093/embrapa-promove-debate-sobre-a-cadeia-de-valor-da-mandioca>>. Acesso em: 02 dez. 2025.

VANZ, S. A. D. S.; OLIVEIRA, S. C. D.; GRACIO, M. C. C.; CHINCHILLA-RODRÍGUEZ, Z.; DOCAMPO, D. O impacto da produção científica brasileira em “Agronomy”: a influência do autor correspondente (2015 a 2019). **Encontro Brasileiro de Bibliometria e Cientometria** (8.: 2022: Maceió, AL). Comunicação oral [recurso eletrônico]. UFAL, 2022. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/257228/001148216.pdf?sequence=1>. Acesso em: 25 out. 2023.

VENDRAMINI, J. M.; NEVES, L. G.; BARELLI, M. A. A.; FERREIRA, J. C.; LUZ, P. B. Otimização do uso dos descritores morfo-agronômicos de mandioca em análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.42, n.4, p. 906-913, 2011.

VIDIGAL FILHO, P. S.; ORTIZ, A. H. T.; PEQUENO, M. G.; BORÉM, A. **Mandioca: do plantio à colheita**. Editora: Oficina de Textos, 2022, 304 p.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S. **Caracterização morfológica de acessos coloridos de mandioca**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2009. 15p.

**5.2 CONSERVAÇÃO ON FARM DA MANDIOCA EM ASSENTAMENTOS DO
NORTE DO ESTADO DO MATO GROSSO, BRASIL**

**Conservação *on farm* da mandioca em assentamentos do norte do
Estado do Mato Grosso, Brasil**

***On farm* conservation of cassava in settlements in the north of the State
of Mato Grosso, Brazil**

**Conservación de yuca en fincas en asentamientos del norte del estado
de Mato Grosso, Brasil**

DOI: 10.55905/oelv22n12-026

Receipt of originals: 11/01/2024

Acceptance for publication: 11/25/2024

Luziane de Abreu Nachbar

Doutoranda em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal pelo Programa de
Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia (PPG - BIONORTE)

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado
(UNEMAT)

Endereço: Sinop, Mato Grosso, Brasil

E-mail: nachbar.luziane@gmail.com

Auana Vicente Tiago

Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia

Instituição: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Agrossilvipastoril)

Endereço: Sinop, Mato Grosso, Brasil

E-mail: auana_bio@hotmail.com

Eulália Soler Sobreira Hoogerheide

Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas

Instituição: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CPAO)

Endereço: Dourados, Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: eulalia.hoogerheide@embrapa.br

Ana Aparecida Bandini Rossi

Doutora em Genética e Melhoramento

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado
(UNEMAT)

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: anabanrossi@unemat.br

RESUMO

A diversidade de mandioca em assentamentos rurais é essencial para a segurança alimentar, o desenvolvimento econômico, sustentabilidade agrícola e a conservação dos recursos genéticos. O objetivo do trabalho foi estudar os aspectos etnobotânicos e caracterizar a diversidade fenotípica de etnovariedades de mandiocas cultivadas por agricultores em assentamentos rurais no Estado de Mato Grosso. O estudo foi conduzido em três assentamentos, São Judas Tadeu e Wesley Manoel dos Santos, no município de Sinop, e Doze de Outubro, em Cláudia. Foram selecionadas propriedades em cada assentamento para levantamento das etnovariedades de mandiocas cultivadas e uma amostra coletada para a caracterização mediante sete descritores qualitativos. Os dados foram analisados através da estatística descritiva, redes de trocas e circulação de manivas foram criadas. Para caracterização da diversidade genética os dados foram analisados como multicategóricas e múltiplas classes, agrupados pelo método UPGMA. Um total de 40 propriedades foram visitadas e 78 etnovariedades identificadas. Quanto a nomeação 14 receberam denominações diferentes. A caracterização fenotípica resultou em 26 classes. Nota-se que a variabilidade etnobotânica, mediante a nomeação das etnovariedades, foi inferior ao número de classes identificadas. Isso indica que os agricultores denominam com o mesmo nome etnovariedades com características diferentes. O agrupamento UPGMA formou 12 grupos. As etnovariedades cultivadas nos assentamentos apresentam diversidade genética, os agricultores promovem rede de trocas de manivas contribuindo para a conservação e manutenção dos recursos genéticos da espécie.

Palavras-chave: Descritores Morfológicos, *Manihot esculenta*, Recursos Genéticos, Diversidade Fenotípica.

ABSTRACT

Cassava diversity in rural settlements is essential for food security, economic development, agricultural sustainability, and conservation of genetic resources. This study aimed to investigate the ethnobotanical aspects and characterize the phenotypic diversity of cassava landraces cultivated by farmers in rural settlements in the state of Mato Grosso, Brazil. The research was conducted in three settlements: São Judas Tadeu and Wesley Manoel dos Santos, in the municipality of Sinop; and Doze de Outubro, in Cláudia. Farms in each settlement were selected to survey the cultivated cassava landraces, and a sample was collected for characterization using seven qualitative descriptors. The data were analyzed using descriptive statistics, and cassava exchange and circulation networks were established. To characterize genetic diversity, the data were treated as multicategorical and involved multiple classes, clustered using the UPGMA method. A total of 40 farms were visited, and 78 landraces were identified. Regarding their naming, 14 received different names. The phenotypic characterization resulted in 26 classes. It is notable that the ethnobotanical variability, as reflected in the naming of landraces, was lower than the number of classes identified. This suggests that farmers assign the same name to landraces with different characteristics. The UPGMA clustering formed 12 groups. The landraces cultivated in the settlements exhibit

significant genetic diversity, and farmers promote a network of exchange of cassava stems, contributing to the conservation and maintenance of the species' genetic resources.

Keywords: Morphological Descriptors, *Manihot esculenta*, Genetic Resources, Phenotypic Diversity.

RESUMEN

La diversidad de la yuca en los asentamientos rurales es esencial para la seguridad alimentaria, el desarrollo económico, la sostenibilidad agrícola y la conservación de los recursos genéticos. El objetivo del trabajo fue estudiar los aspectos etnobotánicos y caracterizar la diversidad fenotípica de etnovariedades de yuca cultivadas por agricultores en asentamientos rurales del Estado de Mato Grosso. El estudio se realizó en tres asentamientos, São Judas Tadeu y Wesley Manoel dos Santos, en el municipio de Sinop, y Doze de Outubro, en Claudia. Se seleccionaron propiedades en cada asentamiento para estudiar las etnovariedades de la yuca cultivada y se recolectó una muestra para su caracterización utilizando siete descriptores cualitativos. Los datos fueron analizados mediante estadística descriptiva, se crearon redes de intercambio y circulación de mangos. Para caracterizar la diversidad genética, los datos se analizaron como clases multicategóricas y múltiples, agrupados mediante el método UPGMA. Se visitaron un total de 40 propiedades y se identificaron 78 etnovariedades. En cuanto a la nominación, 14 recibieron nombres diferentes. La caracterización fenotípica resultó en 26 clases. Se observa que la variabilidad etnobotánica, a través de la denominación de etnovariedades, fue menor que el número de clases identificadas. Esto indica que los agricultores llaman con el mismo nombre a las etnovariedades con diferentes características. La agrupación UPGMA formó 12 grupos. Las etnovariedades cultivadas en los asentamientos presentan diversidad genética, los agricultores promueven una red de intercambios de tallos que contribuyen a la conservación y mantenimiento de los recursos genéticos de las especies.

Palabras clave: Descriptores Morfológicos, *Manihot esculenta*, Recursos Genéticos, Diversidad Fenotípica.

1 INTRODUÇÃO

A mandioca é uma cultura com potencial para melhorar a segurança alimentar em regiões economicamente menos favorecidas, devido à facilidade de adaptação ambiental, principalmente em cenários associados as alterações climáticas (Sangalli *et al.*, 2024). Possui capacidade econômica, social e ambiental para o desenvolvimento de políticas públicas bem estruturadas de modo a contemplar o objetivo do desenvolvimento

sustentável (ODS), que prioriza acabar com a fome, alcançar a segurança alimentar e promover a agricultura sustentável (Preiss *et al.*, 2020).

A variedade de espécies preservadas pelos assentamentos indica relevância para a economia e soberania alimentar (Silva, 2021), são importantes espaços para geração, ampliação e manutenção da diversidade de etnovariedades de mandiocas (Bergamasco; Norder, 1996; Tiago *et al.*, 2019), estabelecendo práticas agrícolas sustentáveis e fortalecendo a agricultura familiar. Destaque para o papel dos agricultores que são detentores dos conhecimentos tradicionais sobre as plantas cultivadas, especialmente a mandioca (Marchetti, 2018).

Os agricultores familiares, ao plantarem diversas variedades de mandiocas em suas propriedades, têm um papel essencial na preservação e contribuem para o aumento da variabilidade genética, pois favorecem o cruzamento entre as etnovariedades cultivadas no campo (Rondon *et al.*, 2023). Assim, através da conservação *on farm* que envolve o cultivo, manejo e preservação de variedades de plantas em propriedades rurais os agricultores podem selecionar e cultivar etnovariedades que melhor se adaptam às suas necessidades, às condições locais de cultivo e às mudanças climáticas. Além disso, a conservação *on farm* da mandioca contribui para preservar o conhecimento tradicional e cultural associado ao cultivo da espécie (Rondon, 2022), que é uma prática em muitas regiões tropicais e subtropicais, especialmente na América Latina, na África e no Sudeste da Ásia (Borsoi, 2019).

Nesse sentido, a etnobotânica e a caracterização fenotípica são abordagens que podem ser utilizadas para análise mais detalhada das mandiocas mantidas pelos agricultores. A etnobotânica estuda a relação entre seres humanos e plantas, investigando como as pessoas utilizam os recursos naturais (Sganzerla *et al.*, 2022), e a caracterização fenotípica é usada na análise da variabilidade fenotípica existente em determinado acervo (Vieira *et al.*, 2013).

Tais inferências em áreas de assentamentos ainda são restritas no Mato Grosso. O estado é reconhecido como o maior produtor de *commodities* agrícolas no Brasil, destacando-se na produção de soja, milho, algodão e carne bovina (Quinteiro, 2022). Esse avanço, embora tenha impulsionado a economia regional e nacional, também levanta

questões sobre os impactos ambientais e a conservação da diversidade agrícola. Trabalhos focadas nesse escopo são fundamentais para entender os efeitos dessa expansão nas propriedades rurais, especialmente em relação à manutenção e conservação da biodiversidade.

Diante do exposto, objetivou-se nesta pesquisa avaliar aspectos relacionados à conservação *on farm*, mediante análise etnobotânica e caracterização fenotípica de etnovariedades de mandiocas cultivadas nos assentamentos rurais matogrossense, a fim de fornecer subsídios para o desenvolvimento de políticas públicas e práticas agrícolas.

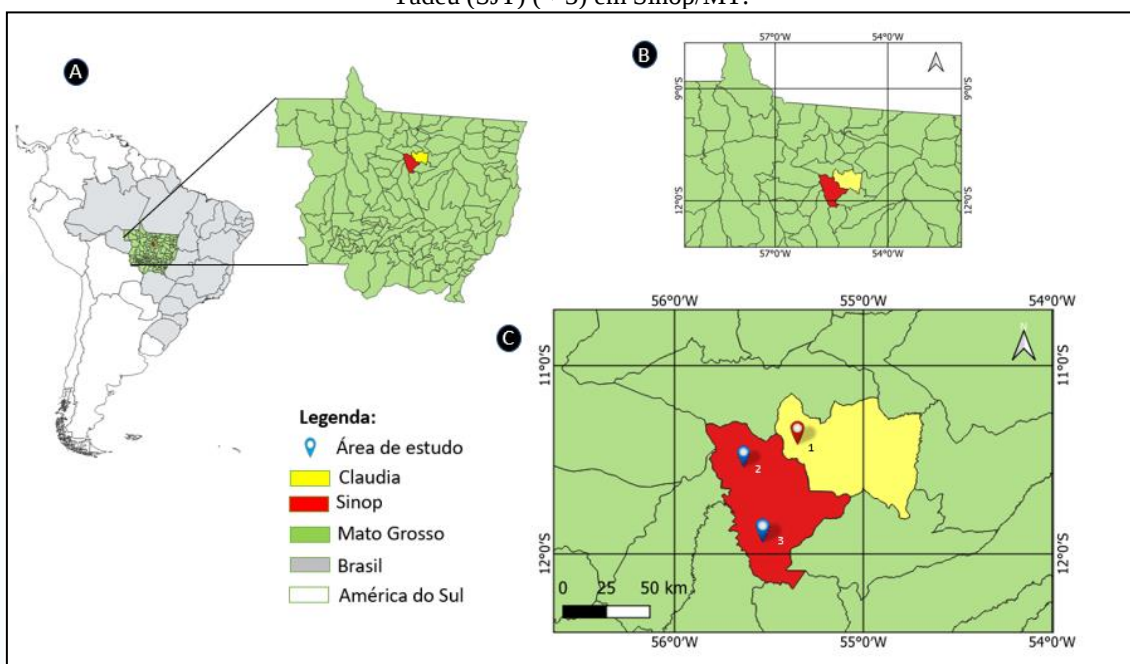
2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 ÁREA DE ESTUDO

A pesquisa foi realizada em três assentamentos rurais do Norte do estado do Mato Grosso (Figura 1), a saber: *Assentamento Doze de Outubro (ADO) em Cláudia*; *São Judas Tadeu (SJT)* e *Wesley Manoel dos Santos (WMS) no município de Sinop*.

O clima dos municípios segundo a classificação de Köppen (Rocha *et al.*; 2015) é tropical semi-úmido, com temperaturas máximas diárias variando entre 30°C e 36°C, duas estações bem definidas, uma chuvosa (primavera-verão) e uma seca (outono-inverno), precipitações totais anuais variam de 1400 a 1800 mm.

Figura 1: Localização geográfica da área de estudo. (A) América do Sul, Brasil e Mato Grosso; (B) destaque do Estado de Mato Grosso e dos municípios em estudo; (C) destaque dos Assentamentos: Doze de Outubro (ADO) (1), no município de Cláudia; Wesley Manoel dos Santos (WMS) (2) e São Judas Tadeu (SJT) (3) em Sinop/MT.



Fonte: Autores

O assentamento de Cláudia (ADO) foi criado em 2004, tendo 187 lotes de 12 hectares (ha), totalizando uma área de 8.721,21 ha (Rosinke et al., 2019). O assentamento WMS, conhecido como Gleba Mercedes V, foi criado em 1997 perfazendo aproximadamente 38.291 ha na época a área pertencia ao município de Tapurah. Em 2002 a área foi adquirida pelo INCRA para a implantação de 497 famílias, que recebeu uma parcela de 70 ha de terra (Francio, 2011), e passou a pertencer à Sinop. O assentamento SJT foi criado em 2018 no município de Sinop, abriga 28 famílias realocadas do ADO devido à inundação das propriedades rurais, ocasionada pela construção do lago da Usina UHE Sinop (Souza & Souza, 2020), em que cada lote possui 20 ha.

2.2 COLETA DE DADOS

A pesquisa de campo foi realizada entre os meses de março a junho de 2023. Expedições feitas aos assentamentos ocorreram para conhecer e identificar os produtores rurais que cultivavam mandioca, e esclarecer a respeito da pesquisa. No total, 40 agricultores foram selecionados, sendo 17 no assentamento ADO, 19 no WMS e 04 no SJT. Vale ressaltar que o assentamento SJT é constituído por 28 famílias, mas somente 04 apresentavam cultivo de mandioca nas especificações da pesquisa.

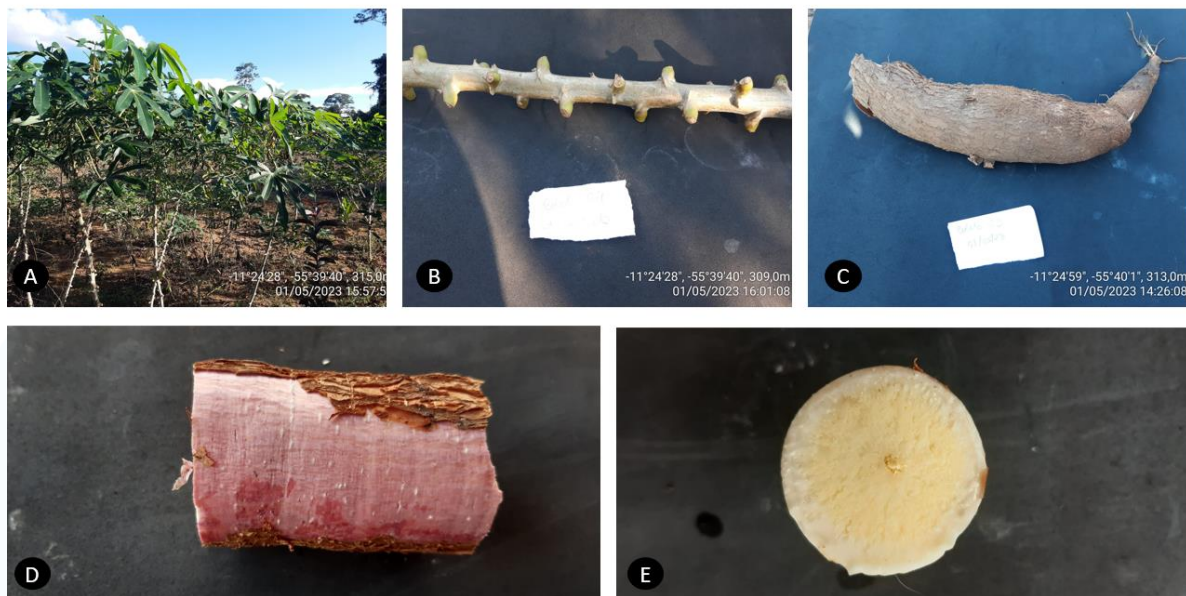
Em cada propriedade foi registrada: o número de etnovariedades cultivadas, o nome comunal, a origem das manivas, informações sobre troca de propágulos (de quem recebeu e para quem doou) e o tempo de conservação do material. As caracterizações fenotípicas foram realizadas utilizando sete descritores morfológicos qualitativos, conforme descritos por Fukuda & Guevara (1998) (Tabela 1 e Figura 2). Vale mencionar que foram avaliadas somente plantas com mais de seis meses de plantio, conforme recomendado por esse autor.

Tabela 1. Descritores morfológicos utilizados na caracterização das etnovariedades de mandioca cultivadas nos assentamentos, fundamentados em Fukuda e Guevara (1998).

Descritores	Código	Classes fenotípicas
Cor externa do caule	CEC	(1) laranja; (2) verde amarelado; (3) dourado; (4) marrom claro; (5) prateado; (6) cinza; (7) marrom escuro
Constrições da raiz	CR	(1) poucas ou nenhuma; (2) médias; (3) muitas
Textura da epiderme da raiz	TER	(3) lisa; (7) rugosa
Cor externa da raiz	CER	(1) branco ou creme; (2) amarelo; (3) marrom claro; (4) marrom escuro
Cor do córtex da raiz	CCR	(1) branco ou creme; (2) amarelo; (3) rosado; (4) roxo
Destaque do córtex da raiz	DCR	(1) fácil; (2) mediano; (3) difícil
Cor da polpa da raiz	CPR	(1) branca; (2) creme; (3) amarela; (4) rosada

Fonte: Autores

Figura 2: Ilustração dos descritores morfológicos qualitativos. (A) roça avaliada; (B) coloração externa do caule; (C) coloração externa e constrictões da raiz; (D) cor do córtex da raiz; (E) cor da polpa da raiz.



Fonte: Autores

2.3 ANÁLISE DOS DADOS

Os dados foram tabulados e analisados através de estatística descritiva. A frequência de cultivo e frequência relativa das classes fenotípicas de cada descritor ocorreu seguindo a fórmula:

$$\text{Frequência relativa} = \frac{\text{Frequência absoluta}}{\text{Total da amostra}} \times 100 \quad (1)$$

A circulação de propágulos das etnovariedades - redes de trocas foram analisadas a partir dos gráficos gerados com o programa computacional PAJEK (Batagelj; Mrvar, 2011).

A caracterização da diversidade fenotípica foi analisada mediante sete variáveis qualitativas, como multicategóricas e múltiplas classes, por meio da matriz de dissimilaridade pelo índice de complemento (1-C), em que 1 de diferença e C da similaridade. O dendrograma pelo método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Usingan Arithmetic Average) foi construído com base na matriz de dissimilaridade. Para

validar o agrupamento usou-se o coeficiente de correlação cofenética (CCC), proposto por Sokal e Rohlf (1962) e o ponto de corte baseado em Mojena (1977). Todas as análises foram realizadas utilizando o programa Genes (Cruz, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 ASPECTOS ETNOBOTÂNICOS

Nos três assentamentos que envolveram a pesquisa, foram visitados 40 agricultores e 78 etnovariedades de mandioca foram obtidas. Quanto à nomeação, dessas 78 amostras, 14 receberam denominação dada pelos agricultores. *A nomeação das etnovariedades baseia-se em diversas referências do imaginário local, onde a riqueza de detalhes ao descrever algumas delas evidencia sua relevância cultural para as comunidades (Oler; Amorozo, 2017).*

Para tal, os agricultores utilizam principalmente os caracteres morfológicos e organolépticos (como as cores das diversas partes vegetais) para distinguir cada tipo de mandioca. Em algumas denominações, são feitas associações com elementos da fauna e da flora locais. Além disso, a origem do material, seja o local ou o fornecedor, também serve como critério para classificar algumas etnovariedades obtidas fora da comunidade (Lima *et al.*, 2013).

Neste estudo, conforme demonstrado na Tabela 2, notou-se que a denominação das etnovariedades estão mais relacionadas às características físicas das mandiocas como coloração (*Amarela, Branca, Roxa*) e local (*Cuiabana, Americana, Mato Grosso*), ambas com 33,33% das nomeações. Já nomes relacionados à culinária (*Pão, Fritar*) e à forma (*Cacau, Vassourinha*) representaram 16,67% cada. Pesquisas realizadas em Sinop por Figueredo *et al.* (2019) mostraram que a denominação das etnovariedades estavam mais relacionadas às características físicas como coloração (*Roxa, Amarela, Casca branca*, etc), o que se assemelha a esta pesquisa, porém seguida de culinárias (*Pão, de Fritar*) e não da forma. Souza *et al.* (2016) em estudo feito na comunidade tradicional Rio dos Couros, Cuiabá, Mato Grosso, observou que as mandiocas além de denominadas pela sua

cor e suas características físicas, foram também identificadas conforme semelhança à animais ou vegetais, como: *Abóbora, Cacau, Urubu, Canela de Ema, Osso, Matrinxã*. Ressalta-se por Rondon *et al.* 2023 que *critérios como cor da polpa, palatabilidade, semelhanças com vegetais, animais e local de origem estão relacionados aos nomes atribuídos pelos agricultores*.

Tabela 2. Etnovariedades de mandiocas citadas por agricultores familiares por Assentamento: nome atribuído, local de origem das manivas e tempo de cultivo

Assentamento Doze de Outubro (ADO)				
Propriedade	Código	Nome da etnovariedade	Origem	Tempo (anos)
01	ADO01	Pão	ADO	2
01	ADO02	Cacau	ADO	2
02	ADO03	Cuiabana	ADO	3
02	ADO04	Cacau	ADO	10
02	ADO05	Vassourinha	Cáceres	10
02	ADO06	Pão	Sinop	8
03	ADO07	Cacau	Sinop	2
04	ADO08	Cacau	ADO	3
05	ADO09	Cacau	ADO	2
05	ADO10	Vassourinha	ADO	3
06	ADO11	Cacau	ADO	3
07	ADO12	Fritar	Mirassol d'Oeste	5
07	ADO13	Pão	ADO	6
08	ADO14	Roxa Oliver	Sinop	2
08	ADO15	Amarela Sinop	Sinop	2
08	ADO16	Vassourinha	ADO	3
08	ADO17	Cacau	ADO	8
09	ADO18	Cuiabana	ADO	4
10	ADO19	Branca	ADO	3
10	ADO20	Fritar	Canaã do Norte	5
11	ADO21	Cacau	ADO	5
12	ADO22	Amarela	ADO	3
13	ADO23	Amarela	ADO	-
13	ADO24	Vassourinha	ADO	2
14	ADO25	Branca	ADO	3
15	ADO26	Pão	ADO	5
15	ADO27	Amarela	ADO	8
16	ADO28	Branca	ADO	5
16	ADO29	Branca	ADO	3
16	ADO30	Amarela	ADO	2
17	ADO31	Amarela	ADO	2
Assentamento São Judas Tadeu (SJT)				
01	SJT32	Cacau	ADO	10
01	SJT33	Cuiabana	Cuiabá	6
01	SJT34	Vassourinha	ADO	10
02	SJT35	Branca	Sinop	2
02	SJT36	Cacau	SJT	2
02	SJT37	Amarela	Sinop	2
03	SJT38	Vassourinha	SJT	2

03	SJT39	Branca	Sinop	3
04	SJT40	Branca	ADO	4
Assentamento Wesley Manoel dos Santos (WMS)				
01	WMS41	Americana	Sinop	1
01	WMS42	Branca	Sinop	4
01	WMS43	Amarela	Sinop	10
01	WMS44	Branca Mutum	Nova Mutum	5
02	WMS45	Cacau	Sinop	10
03	WMS46	Branca	WMS	8
04	WMS47	Branca	ADO	6
05	WMS48	Amarela	WMS	2
06	WMS49	Cacau	WMS	5
07	WMS50	Branca	WMS	7
08	WMS51	Branca	WMS	15
08	WMS52	Roxa	Colíder	10
08	WMS53	Amarela	Colíder	10
09	WMS54	Amarela	Claudia	5
09	WMS55	Fritar	WMS	5
09	WMS56	Mato Grosso	WMS	2
09	WMS57	Cacau	WMS	4
09	WMS58	Vassourinha	WMS	-
10	WMS59	Branca	WMS	3
10	WMS60	Amarela	WMS	3
10	WMS61	Amarela	WMS	3
11	WMS62	Amarela	WMS	2
12	WMS63	Fritar	Santa Carmem	1
12	WMS64	Amarela	WMS	3
12	WMS65	Branca	Sinop	2
12	WMS66	Polpa rosa	Santa Carmem	1
13	WMS67	Branca	WMS	1
13	WMS68	Amarela	WMS	3
14	WMS69	Amarela	WMS	2
15	WMS70	Branca	WMS	2
15	WMS71	Amarela	WMS	-
16	WMS72	Amarela	WMS	5
16	WMS73	Branca	WMS	10
17	WMS74	Branca	WMS	6
18	WMS75	Amarela	WMS	2
19	WMS76	Amarela	WMS	5
19	WMS77	Fritar	WMS	1
19	WMS78	Vassourinha	WMS	5

(-) Tempo de cultivo não informado.

Assentamentos: Doze de Outubro (ADO), São Judas Tadeu (SJT); Wesley Manoel dos Santos (WMS).

Fonte: Autores

Muitos informantes ao serem indagados sobre os nomes das etnovariedades que conservam, respondiam não saber, mas eles as denominavam de Branca, Amarela e/ou Roxa. Em uma das propriedades do assentamento ADO, por exemplo, um único agricultor detinha duas etnovariedades que denominava de Branca; e em outra propriedade do

assentamento WMS haviam duas etnovariedades citadas como Amarela. Isso demonstra que esses agricultores não possuem o hábito de renomear o material a fim de diferenciá-los, portanto pode ocorrer de duas etnovariedades terem o mesmo nome, mas serem genótipos diferentes. Na rede de circulação de propágulos, um agricultor que recebe um novo material pode atribuir uma nova denominação a etnovarietade (Moura et al., 2011), entretanto não foi observado nessa pesquisa.

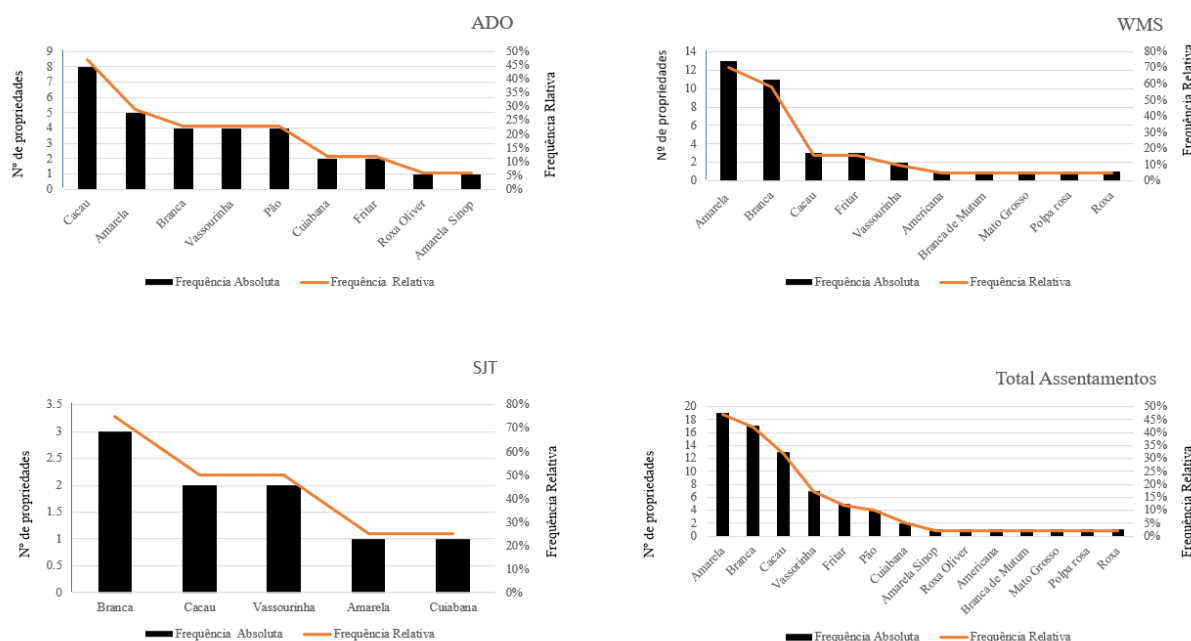
Em relação à frequência absoluta, que mostra o número de vezes que cada etnovarietade foi encontrada por propriedade (Figura 3), notou-se que no assentamento ADO as etnovariedades Cacau, Amarela e Pão tiveram presentes em oito, cinco e quatro propriedades, respectivamente. Tais etnovariedades circulam no assentamento há cerca de dez anos, sendo bem distribuídas entre os produtores, garantindo sua conservação e preservação. Já Amarela de Sinop, Roxa Oliver e Cuiabana foram citadas em apenas uma propriedade. As duas primeiras vieram de Sinop há cerca de dois anos e pertencem ao mesmo produtor, o qual recebeu esses materiais de pesquisadores que instalaram um sistema agroflorestal na propriedade, já a Cuiabana é oriunda do próprio assentamento, cultivada há quatro anos. Tais variedades podem ser classificadas como raras. Nesse sentido, Amorozo (2010) menciona que as variedades "raras" são àquelas que não têm um uso imediato, seja na alimentação ou no comércio, mas servem como uma diversidade de reserva para ser aproveitada em situações de necessidade. Estes agricultores do assentamento ADO, detentores dessas etnovariedades raras, podem ser considerados guardiões, devido ao perfil de conservar materiais mesmo não populares ou de uso imediato. O guardião recebe uma semente, muda ou raça de animal e dedica-se a cuidar desse patrimônio, selecionando os descendentes mais adaptados ao ambiente local e multiplicando-os ao longo de alguns ciclos (Avila, 2020).

No assentamento SJT a etnovarietade Branca esteve presente em três dos quatro produtores visitados, indicando maior frequência entre as propriedades. Isso demonstra que este genótipo corre menor risco de erosão e perda, pois está distribuído entre os agricultores. Enquanto a Amarela e Cuiabana em apenas uma propriedade, sendo Amarela presente há dois anos e proveniente de Sinop, e a Cuiabana mantida há seis anos, oriunda de Cuiabá, a qual teve uma boa adaptação na região. Nesse caso, o nome dado está

relacionado a origem do material. O estudo de Lima et al. (2021) realizado em Beberibe/Ceará constatou que os agricultores cultivam diversas etnovariedades de mandioca ao longo do tempo, selecionam e compartilham manivas de plantas com características desejáveis para consumo e produção com vizinhos e conhecidos, promovendo assim a preservação e conservação da diversidade da espécie.

No assentamento WMS a etnovariedade Amarela teve presente em 13 das 19 propriedades desta pesquisa, seguida da Branca registrada em 11. Já as etnovariedades Americana, Branca de Mutum, Mato Grosso, Polpa rosa e Roxa foram as “raras”, pois estavam presentes em apenas uma propriedade. Nesse caso, as denominações a elas atribuídas facilitou a identificação, o que demonstra que o hábito do agricultor denominar seu acervo é uma característica importante para identificar a variabilidade, detectar as redundâncias e facilitar a troca de novos propágulos entre os agricultores. As etnovariedades Americana e Polpa rosa estão há um ano no assentamento vieram de Sinop e Santa Carmem, respectivamente. Neste caso, os produtores possuem poucos exemplares e ainda não fizeram doações para outros agricultores. A Mato Grosso é cultivada há dois anos e é oriunda do próprio assentamento, e a Roxa está há 10 anos, sendo proveniente de Colíder tendo sido já distribuída para vizinhos do produtor. Nota-se que materiais conservados há mais tempo na propriedade foram distribuídos.

Figura 3: Frequência absoluta e relativa de etnovariedades de mandioca encontradas nos assentamentos: Doze de Outubro (ADO), Cláudia; Wesley Manoel dos Santos (WMS) e São Judas Tadeu (SJT) - Sinop, Mato Grosso.



Fonte: Autores

A frequência relativa representa a porcentagem de vezes que uma etnovariedade foi encontrada em relação ao total de propriedades, para cada assentamento. No assentamento ADO, das 17 propriedades visitadas, foram citadas nove etnovariedades, sendo as maiores frequências a Cacau (47%), seguida da Amarela (29%).

No assentamento SJT, em quatro propriedades dentre as cinco etnovariedades mencionadas, a Branca obteve maior frequência, sendo cultivada em 75% das propriedades. Já no assentamento WMS, em 19 propriedades visitadas, dez diferentes etnovariedades foram citadas, a qual a Amarela foi a predominante (70%), seguida da mandioca Branca (58%).

Todavia, vale ressaltar que os nomes Amarela ou Branca são bastante comuns, visto ser muito utilizada entre os agricultores, inclusive nas áreas urbanas e comércio de modo geral, sendo esta uma nomeação que dificulta a discriminação e identificação. Isso pode ser observado quando se faz uma análise geral dos três assentamentos, em que a Amarela foi a mais frequente, sendo citadas em 19 das 40 propriedades rurais. Trabalhos

como de Tiago *et al.* (2020) e Pedri *et al.* (2021) apontam também a *Amarela* como favorita entre produtores e consumidores na região norte de Mato Grosso. Entretanto, um nome tão comum entre os agricultores, não permite discriminar ao certo tratar-se de genótipos diferentes. Vale ressaltar que uma diferenciação mais precisa do ponto de vista científico será possível mediante análises agronômicas associadas às análises moleculares, o que foge o escopo deste trabalho.

De modo geral, as mandiocas de coloração amarela são muito apreciadas, além de serem importantes fontes de genes para os programas de melhoramento genético de mandioca de mesa, pois apresentam maiores teores de carotenoides (Silva *et al.*, 2014), principalmente o β -caroteno que é um precursor da vitamina A, o que torna as raízes dessa variedade mais nutritiva (Shete; Quadro, 2013).

Quanto à média de etnovariedades/propriedade deste trabalho, os agricultores cultivam de uma a cinco etnovariedades, com uma média geral de 1,95. Quando analisados separadamente os dados dos três assentamentos, as médias são 2,25 (SJT), 2,0 (WMS) e 1,82 (ADO). Comparando esses resultados com outros autores, como Silva *et al.* (2022) e Oler *et al.* (2023) que apresentam médias de 2,3 em ambos, percebe-se que a diversidade das etnovariedades mantidas pelos agricultores desses assentamentos foram inferiores. O baixo número de etnovariedades conservadas pelos agricultores pode ser pelo interesse em manter apenas àquelas que apresentam resistência as pragas e doenças, boa produtividade e permaneçam mais tempo no campo sem afetar a qualidade do cozimento da raiz.

Estudos realizados na Comunidade São Benedito (Poconé) obsevou-se que os agricultores direcionavam suas escolhas às variedades mais produtivas e menos suscetíveis ao ataque de pragas, colocando em risco a conservação de etnovariedades locais. Todavia, eles sobreviviam basicamente do cultivo da mandioca e produção de farinha para comercialização (Oler *et al.* 2023). Todavia, embora nessa pesquisa a média conservada tenha sido baixa (2,25; 2,0 e 1,82), a maioria dos assentados (95%) não cultivam a mandioca para fins comerciais, apenas para consumo próprio e alimentação de animais. Ou seja, a reduzida média não se justifica pelos fins comerciais do tubérculo, mas

provavelmente pela cultura local de não se ter o hábito de conservar além do que é de interesse.

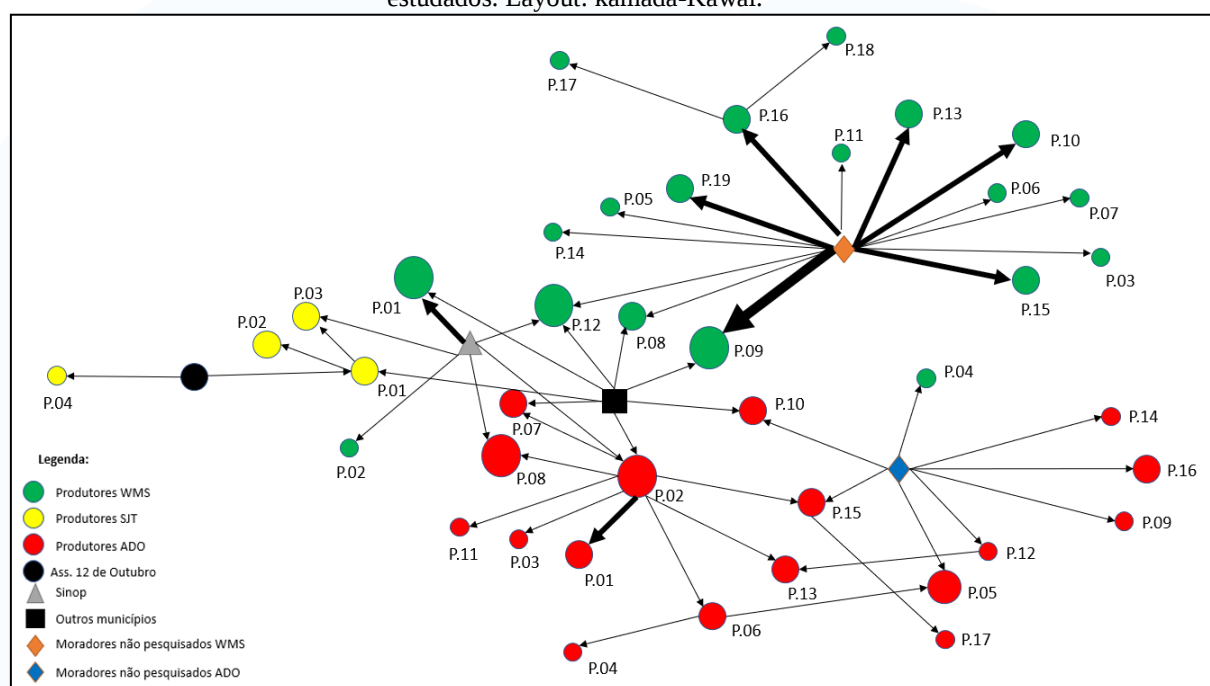
Quanto à origem, a maioria das etnovariedades são oriundas de Sinop e Cláudia (51,28% e 37,17%, respectivamente), e 11,55% provenientes de outros municípios de Mato Grosso (Tabela 2). O propágulo que percorreu a maior distância foi a Mandioca de fritar (ADO12), oriunda de Mirassol do Oeste (716 km de Sinop). Nesse sentido, além do conhecimento intrínseco que circula com o material genético (Oler; Amorozo, 2017; Figueredo et al., 2019), a interação entre os agricultores e a troca de material propagativo (manivas), principalmente quando esse material é oriundo de locais geograficamente mais distantes, promovem a ampliação da variabilidade genética entre as etnovariedades (Oler; Amorozo, 2017; Pedri et al., 2021; Martins et al., 2023).

Com relação ao tempo que o agricultor mantém a etnovarietade na propriedade variou de um a 15 anos, sendo a *Branca* (WMS51) a mais antiga (Tabela 2) e *Americana* (WMS41), *de Fritar* (WMS63), *Polpa rosa* (WMS66), *Branca* (WMS67), *de Fritar* (WMS77) as mais recente. Percebe-se que nos últimos anos ocorreu a introdução de novas etnovariedades, aumentando a variabilidade do acervo. Rondon et al. (2023) avaliam que a introdução de novas variedades garante a ampliação da coleção, em que o material ao ser propagado promove a manutenção e expansão da diversidade genética (Alves-Pereira et al. 2017). Fato semelhante ocorreram no estudo de Figueredo et al. (2019), na comunidade São Rafael (Sinop/MT), em que o tempo de que o agricultor mantém as etnovariedades na propriedade variou de 1,5 à 10 anos, com novas introduções de etnovariedades até dois anos.

Para compreender a dinâmica de circulação das etnovariedades cultivadas pelos agricultores dos assentamentos estudados, construiu-se a rede de troca de manivas que conecta os produtores da comunidade, o qual está apresentado na Figura 4. Nota-se que nos três assentamentos os produtores promovem a rede de trocas de manivas com membros da comunidade, sendo fundamentais na dinâmica de circulação de propágulos. No assentamento WMS, o produtor P.16 (M.E.S.) obteve o maior número de interações em sua comunidade (três interações). O produtor P.01 (E.S.V.) do assentamento SJT obteve quatro interações, e o produtor P.02 (M.S.) do assentamento ADO destacou-se

com 11 interações, sendo o principal agente de movimentação de etnovariedades na região onde vive. A principal circulação de manivas no assentamento ocorre com produtores que não participaram deste estudo.

Figura 4: Representação gráfica da rede de circulação de manivas de mandioca nos Assentamentos estudados. Layout: kamada-Kawai.



Fonte: Autores

Círculos amarelos agricultores (P.01, P.02, P.03 e P.04) do Assentamento São Judas Tadeu (SJT); círculos verdes agricultores (P.01, P.02, P.03, P.04, P.05, P.06, P.07, P.08, P.09, P.10, P.11, P.12, P.13, P.14, P.15, P.16, P.17, P.18 e P.19) do Assentamento Wesley Manoel dos Santos (WMS); círculos vermelhos agricultores (P.01, P.02, P.03, P.04, P.05, P.06, P.07, P.08, P.09, P.10, P.11, P.12, P.13, P.14, P.15, P.16 e P.17) do Assentamento Doze de Outubro (ADO). Círculo preto - ADO; Triângulo - município de Sinop; Losangos - outros moradores da comunidade não pertencentes ao estudo; Quadrado - outros municípios. A ponta da seta indica o local que recebeu a etnovariedade. Seta fina (→) representa uma variedade trocada entre os agricultores, seta intermediária (→) duas etnovariedades trocadas, seta grossa (→) três etnovariedades trocadas.

Os tamanhos dos círculos representam o número de etnovariedades que o agricultor cultiva (amplitude 1-5);

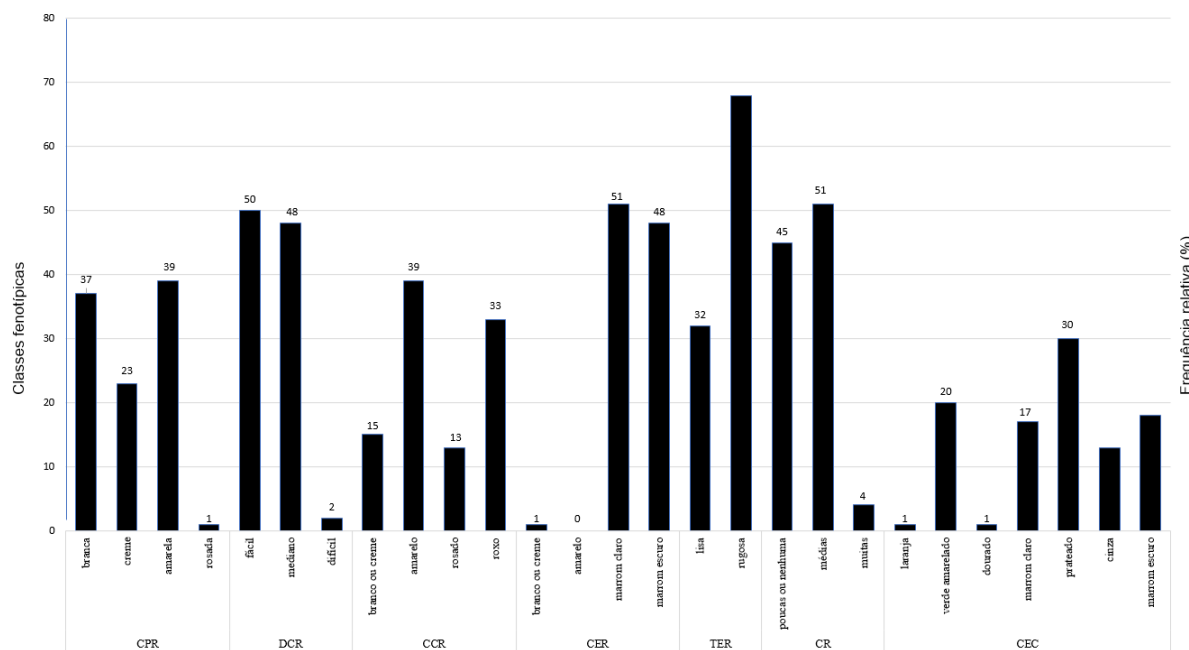
A troca de manivas entre os agricultores dentro dos assentamentos é uma ação constante que fomenta a dinâmica da circulação de propágulos. Encontrar agricultores ativos na rede de trocas e circulação de propágulos nas comunidades contribuem para o desenvolvimento de políticas públicas de conservação *on farm* da agrobiodiversidade e para programas de melhoramento participativo (Montesano *et al.*, 2012; Oler *et al.*, 2023).

3.2 DISSIMILARIDADE MORFOLÓGICA DAS ETNOVARIEDADES

As distâncias genéticas entre os acessos na avaliação da caracterização fenotípica com os sete descritores variaram de 0,00 a 0,70. Os pares que apresentaram 0,00 de distância foram 29 no total. A maior distância foi entre o par ADO01-ADO02 (*Cacau e Pão*) que pertencem ao mesmo produtor, sendo ambas as manivas provenientes do próprio assentamento e cultivadas há dois anos na propriedade. Silva *et al.* (2022) em estudo com assentamentos em Alta Floresta e Paranaíta/MT obteve pares de etnovariedades com valores das distâncias genéticas variando de 0,00 (JFD26 - mandioca *Roxa* e JFD42 - não nomeada 4) à 0,92 (NSA10 - *Pão* e ASP52 - *Cacau*). Martins *et al.* (2023) ao analisar 15 etnovariedades de mandioca amostradas no estado de Mato Grosso tiveram valores de dissimilaridade genética variando de 0,20 (*Mandioca de-fritar sem-cozinhar e Capelari*) à 0,49 (*Mandioca-de-fritar-sem-cozinhar e Casca branca*). As distâncias de dissimilaridade genética são importantes para representar a diversidade morfológica existentes entre os pares de acessos estudados (Cruz, 2007).

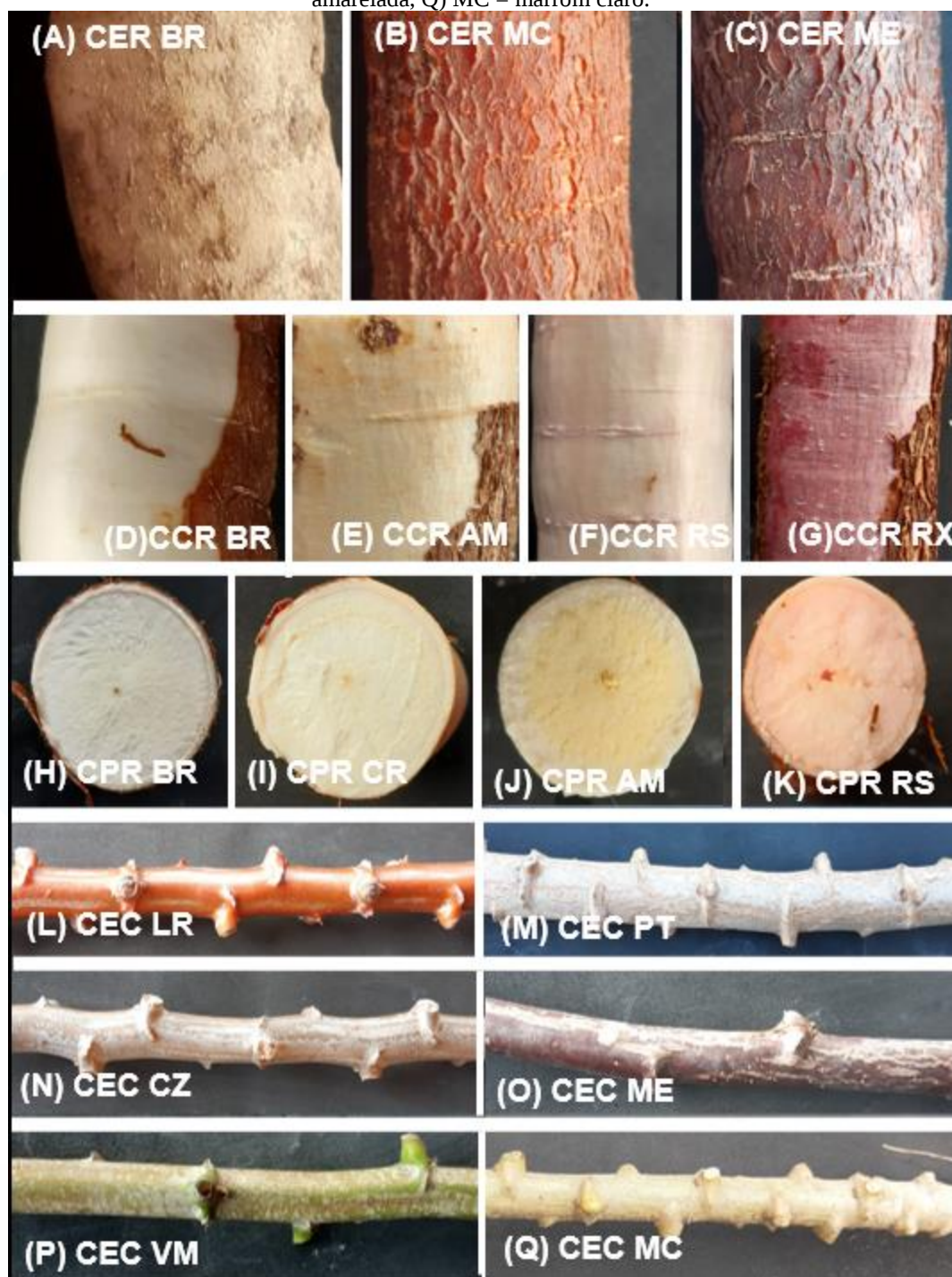
Um total de 26 classes foi observado, o que indica variabilidade fenotípica no acervo mantido pelos assentados. O assentamento WMS obteve a maior variação das classes para os descritores (24 das 26 classes fenotípicas), seguido pelo assentamento ADO (21 classes) e do SJT (20 a classes), conforme a Figura 5. Nesse sentido, a Figura 6 ilustra as principais características fenotípicas identificadas nas etnovariedades.

Figura 5: Frequência relativa (%) das classes fenotípicas. cor externa do caule - CEC; constrictões da raiz - CR; textura da epiderme da raiz - TER; cor externa da raiz (CER); cor do córtex da raiz - CCR; destaque do córtex da raiz - DCR e cor da polpa da raiz - CPR.



Fonte: Autores

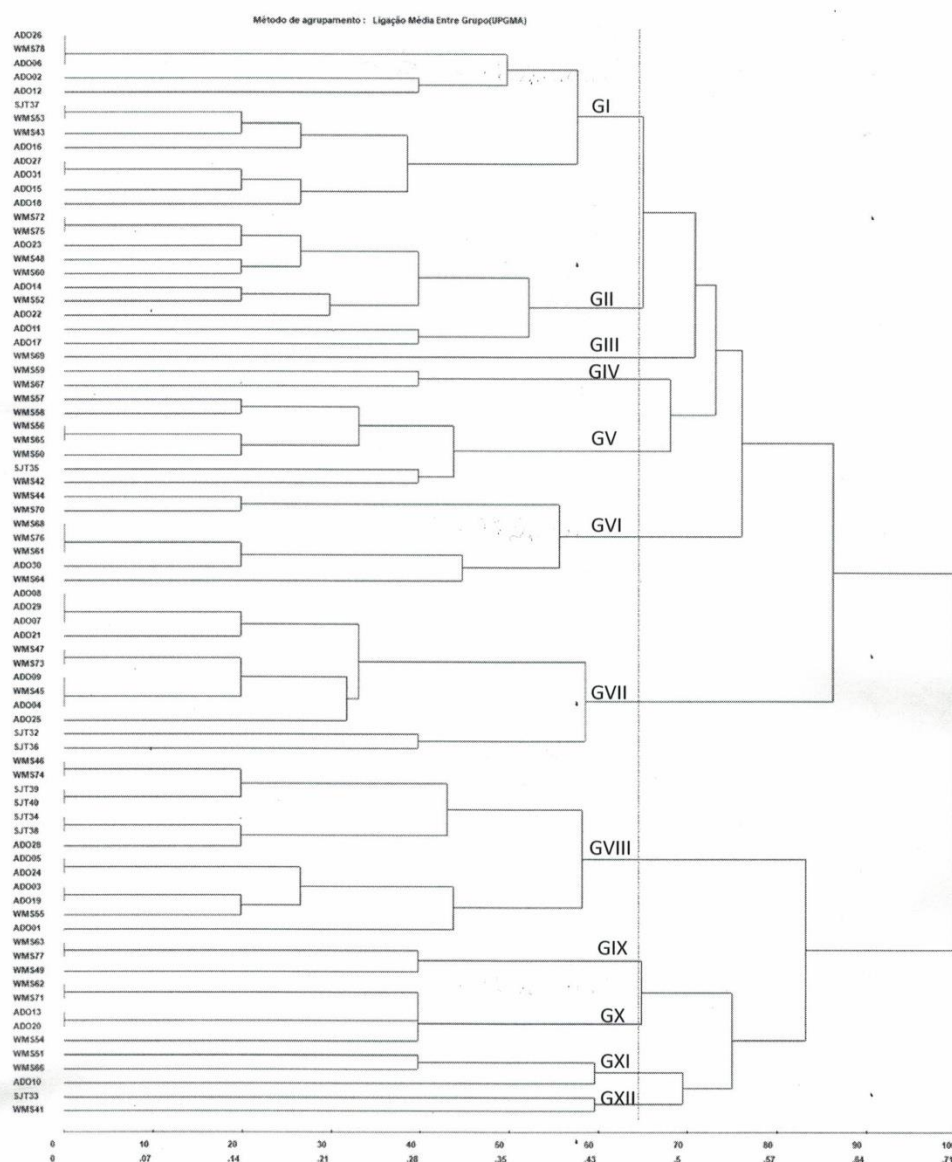
Figura 6. Características fenotípicas observadas nas 78 etnovariedades de mandioca. CER = Cor externa da raiz: A) BR = branca ou creme, B) MC = marrom-claro, C) ME = marrom escuro. CCR = Cor do córtex da raiz: D) BC = branca ou creme, E) AM = amarelo, F) RS = rosado, G) RX = roxo. CPR = Cor da polpa da raiz: H) BC = branca, I) CM = creme, J) AM = amarela, K) RS = rosada. CEC = Cor externa do caule: L) LR = Laranja, M) PT = prateada, N) CZ = cinza, O) ME = marrom-escuro, P) VM = verde-amarelada, Q) MC = marrom claro.



Fonte: Autores

O dendrograma (Figura 7) representa o agrupamento das 78 etnovariedades baseado nos descritores qualitativos avaliados. Formou-se 12 grupos, sendo os grupos GI e GVIII os mais representativos (16,66%, cada), compreendendo etnovariedades presentes nos três assentamentos. O grupo GIII alocou apenas uma etnovarietade (WMS69), sendo a mais divergente (Figura 8A).

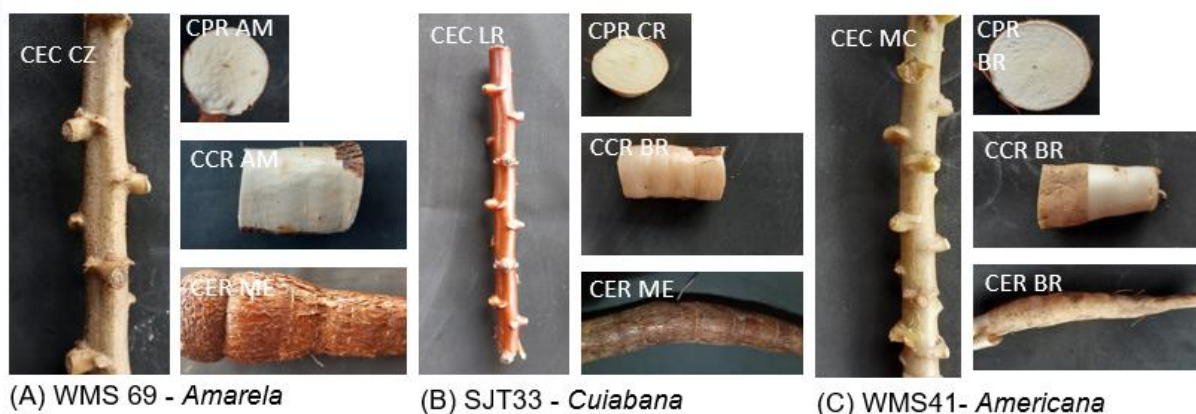
Figura 7. Dendrograma obtido pelo método UPGMA com 78 etnovariedades de mandioca com base em sete descritores qualitativos. Coeficiente de correlação cofenética (CCC) = 0,69; ponto de corte 64,47%.



Fonte: Autores

Os grupos I, II, III, IV, V e VII apresentam em comum etnovariedades com textura externa da raiz (TER) rugosa e cor externa da raiz (CER) marrom escuro. As características que mais contribuíram para a separação nestes grupos foram a cor do córtex da raiz (CCR) e a cor da polpa da raiz (CPR). O grupo VI alocou 8,97% das mandiocas avaliadas, as quais se diferenciam das demais por apresentarem textura externa da raiz rugosa, cor externa da raiz marrom claro, cor do córtex da raiz amarelo e constrictões da raiz em intensidade média. Os grupos VIII e IX reuniram treze e três etnovariedades, respectivamente, que apresentaram padrão fenotípico semelhantes. A cor da polpa da raiz (CPR) foi o descritor que contribuiu para a separação das mesmas, apresentando-se como branca e amarela. O grupo XI composto por três etnovariedades apresenta textura externa da raiz lisa, cor externa do caule marrom claro e cor da polpa da raiz branca, rosa e amarela, respectivamente. As etnovariedades *Cuiabana* (SJT33) e *Americana* (WMS41), mostraram-se bastante divergentes das demais, formando o grupo GXII (Figura 08).

Figura 8. Características fenotípicas apresentadas pelas etnovariedades (A) WMS69, (B) SJT33 e (C) WMS41. Cor externa do caule (CEC); Cor externa da raiz (CER); Cor do córtex da raiz (CCR); Cor da polpa da raiz (CPR).



Fonte: Autores

Em estudo sobre a diversidade fenotípica de 76 etnovariedades de mandiocas cultivadas em assentamentos no norte de Mato Grosso, Silva *et al.* (2022) observaram a formação de nove grupos distintos por meio do método UPGMA, identificando ampla variabilidade fenotípica para os materiais avaliados. Petri *et al.* (2021), com mandiocas

da região de Alta Floresta, obtiveram a formação de dez grupos evidenciando a diversidade fenotípica das 71 etnovariedades. Nota-se uma similaridade na quantidade de grupos formados neste estudo, 78 etnovariedades formaram 12 grupos distintos.

Estudos dessa natureza em assentamentos rurais demonstram que os processos relacionados à conservação e ampliação da variabilidade da mandioca ocorrem mediante a troca de propágulos, entretanto a interação homem planta ainda são moderados, observados pelo reduzido número médio de etnovariedades por agricultor e até mesmo pela não denominação das etnovariedades (de 78 acessos, apenas 14 foram nomeadas). As políticas públicas voltadas à conservação dos recursos genéticos devem priorizar o fortalecimento da conservação *on farm* praticada pelos assentados nessa região, a qual é pressionada pela agricultura industrial de larga escala, visto que fortalecer a agrobiodiversidade local é essencial para a segurança alimentar das comunidades e manutenção do processo evolutivo da mandioca.

4 CONCLUSÃO

A etnovariedade *Amarela* é a mais frequente, os acessos mais divergentes foram *Americana* (WMS41), *Amarela* (WMS69) e *Cuiabana* (SJT33) ficando isolados no dendrograma.

Há diversidade genética da mandioca nos acervos dos assentamentos estudados, todavia são espaços que preservam de maneira ainda incipiente o processo evolutivo da mandioca. Recomenda-se investimentos e incentivos para fortalecer a conservação *on farm* da mandioca em assentamentos do Norte do Mato Grosso.

REFERÊNCIAS

ALVES-PEREIRA, A.; PERONI, N.; CAVALARI, M. M.; LEMES, M. R.; ZUCCHI, M. I.; CLEMENT, C. R. Alta diversidade genética entre variedades de mandioca brava cultivadas em diferentes tipos de solo na Amazônia Central. **Genética e Biologia Molecular**, v. 2, pág. 468-479, 2017.

AMOROZO, M. C. M.; VIERTLER, R. B. A abordagem qualitativa na coleta e análise dos dados em etnobiologia e etnoecologia. In: ALBUQUERQUE, U. P.; LUCENA, R. F. P.; CUNHA, L. V. F. C. (Orgs.) Métodos e técnicas na pesquisa etnobiológica e etnoecológica. Recife: **NUPPEA**, v.1, p. 65-82, 2010.

AVILA, J. E. T. **A dinâmica da conservação on farm de sementes crioulas na região serrana do Espírito Santo**. 2020. Tese (Doutorado Produção vegetal). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

BATAGELJ, V.; MRVAR, A. Pajek – **Program for Large Network Analysis**. 2011. Disponível em: <<http://vlado.fmf.uni-lj.si/pub/networks/pajek/>>.

BERGAMASCO, S. M.; NORDER, L. A. C. **O que são assentamentos rurais**. São Paulo: **Brasiliense**, 1996. (Coleção Primeros Passos, 301).

BORSOI, T. N. **Diagnóstico da cadeia produtiva da mandioca no município de Campos dos Goytacazes-RJ sob a ótica de fatores socioeconômicos, tecnológicos e comerciais**. 2019. Tese (Doutorado em Produção Vegetal). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2019.

CRUZ C. D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2007

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, n. 38, p. 547-552, 2016.

FIGUEREDO, P. E.; TIAGO, A. V.; ZANETTI, G. T.; PINTO, J. M. A.; ROSSI, A. A. B.; HOOGERHEIDE, E. S. Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil. **Magistra**, Cruz das Almas - BA, v. 30, p. 143-153, 2019.

FRANCIO, N. **Solidariedade, trabalho e renda: um estudo no assentamento Wesley Manoel dos Santos**. 2011. Dissertação (Mestrado Ciências Sociais). Universidade do Vale do Rio dos Sinos - UNISINOS, RS, Brasil, 2011.

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1998. 38 p. Disponível em:

<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/638631>. Acesso em: 10 dez. 2020.

GILES, J. A. D.; OLIOSI, G.; RODRIGUES, W. P.; BRAUN, H.; RIBEIRO-BARROS, A. I.; PARTELLI, F. L. Agronomic performance and genetic divergence between genotypes of *Manihot esculenta*. In **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 90(4), p.3639-3648, 2018.

LIMA, L. A.; XAVIER, A. R.; AMORIM, A. V.; VASCONCELOS, J. G. Saberes tradicionais, sustentabilidade cultural e caracterização de etnovariedades da mandioca: estudo em uma comunidade no interior do Ceará. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 13, p. 1-12, 2021.

LIMA, P. G. C.; SILVA, R. O.; FERREIRA, M. R. C.; PEREIRA, J. L. G. Agrobiodiversidade e etnoconhecimento na Gleba Nova I, Pará: interações sociais e compartilhamento de germoplasma da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz, Euphorbiaceae). **Bol. Mus. Para. Emílio Goeldi. Cienc. Hum.** Belém, v.8, n.2, p.419-433, 2013.

MARCHETTI, F. F. **Manejo de variedades de mandioca em áreas de reforma agrária: manutenção ou perda de agrobiodiversidade?** 2018. Tese (Doutorado em Ciências). USP, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Piracicaba, 2018.

MARTINS, V.; PEDRI, E. C. M.; TIAGO, A. V.; ROVEDA, A. P.; LOBO, M. S.; ROSSI, A. A. B. Caracterização Molecular de Quinze Etnovariedades de Mandioca Cultivada no Norte Região do Estado de Mato Grosso, Brasil. **Ensaio e Ciências**, v. 27, n.4, p. 423-429, 2023.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: As evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.

MONTESANO, V.; NEGRO, D.; SARLI, G.; LOGOZZO, G.; SPAGNOLETTI ZEULI, P. Landraces in inland areas of the Basilicata region, Italy: monitoring and perspectives for on farm conservation. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 59, p. 701-716, 2012.

MOURA, E. F.; DE FARIAS NETO, J. T.; RAMALHO, G. F.; SILVA, D. T.; SAMPAIO, J. Duplicatas no Banco de Germoplasma de mandioca da Embrapa Amazônia Oriental detectadas por marcadores microssatélites. In: **CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 14.; FEIRA BRASILEIRA DA MANDIOCA**, v. 1, 2011, Maceió. Mandioca: fonte de alimento e energia: anais. Maceió: ABAM: SBM, 2011.

OLER, J. R. L.; AMOROZO, M. C. M. Etnobotânica e conservação *on farm* de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala no Estado de Mato Grosso, Brasil. **Interações**, v. 18(4), p. 137-153, 2017.

OLER, J. L. R.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; TIAGO, A. V.; PINTO, J. M. A. Etnobotânica e análise de diversidade genética de variedades de mandioca cultivadas em Poconé, Mato Grosso. Principais temas da pesquisa em Ciências biológicas 2, Ponta Grossa/PR, **Atena**, 2023.

PEDRI, E. C. M.; SANTOS, L. L.; WOLF, M. S.; TIAGO, A. V.; CARDOSO, E. S.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 5, p. 01-18, 2021.

PREISS, P. V.; SCHNEIDER, S.; COELHO-DE-SOUZA, G. **A contribuição Brasileira à Segurança Alimentar e Nutricional Sustentável**. Porto Alegre: Editora da UFRGS, 2020.

QUINTEIRO, M. S. C. **O agronegócio que o direito não alcança: direitos humanos, questão agrária e questão ambiental na região geográfica intermediária de Sinop-MT**. 2022. Tese (Doutorado em Política Social). Universidade de Brasília, Brasília, 2022.

ROCHA, A. F.; PAULA, D. C. J.; SOUZA, N. S.; SILVA e SILVA, P. C. B.; MIRANDA, S. A.; ZAMADEI, T.; SOUZA, A. P.; MACHADO, N. G.; SANTOS, F. M. M.; NOGUEIRA, J. S.; NOGUEIRA, M. C. J. Variações microclimáticas de áreas urbanas em biomas no estado de mato grosso: Cuiabá e Sinop. **R. gest. sust. ambient.**, Florianópolis, n. esp, p.246-257, dez 2015.

RONDON, M. J. P. **Conservação *on farm* da mandioca, Cuiabá, Mato Grosso: aspectos etnobotânicos e diversidade genética**. 2022. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Sinop, 2022.

RONDON, M. J. P.; TIAGO, A. V.; HOOGERHEIDE, E. S. *On-farm* conservation of cassava in Cuiabá, Mato Grosso state, Brazil: Ethnobotanical aspects and genetic diversity. **Pesq. Agropec. Trop.**, Goiânia, v. 53, p. 01-08, 2023.

ROSINKE, P.; TROIAN, M. L.; HARDOIM, E. L.; GUARIM NETO, G. Preservation of traditional knowledge in the example of the project erva medicinal - Farmácia Viva: school Florentan Fernandes, in Cláudia (MT). **REAMEC - Rede Amazônica de Educação em Ciências e Matemática**. v. 7, n. 1, p. 268-287, 2019.

SANGALLI, A. R.; STRATE, M. F. Indicadores de desempenho e multifuncionalidade de sistemas agroflorestais agroecológicos: biodiversidade, segurança alimentar e saúde sistêmica. **RIET**, v. IV, n. 1, p. 38-61, 2024.

SGANZERLA, C. M.; PREDEBON, A. J.; VELOSO, J. J.; ROMAN JUNIOR, W. A. A etnobotânica como influenciadora da prospecção farmacológica. **Revista Fitos**, v. 1, p. 93-97, 2022.

SHETE, V.; QUADRO, L. Metabolismo de mamíferos de β -caroteno: lacunas no conhecimento. **Nutrientes**, v. 5(12), p. 4849– 4868, 2013.

SILVA, L. G. O. **Agrobiodiversidade de assentamentos na Amazônia mato-grossense; fenologia e caracterização de quiabo-de-metro (*Trichosanthes cucumerina* L.)**. Dissertação (Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Alta Floresta, 2021.

SILVA, K. N.; VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S. Potencial agrônomo e teor de carotenoides em raízes de reserva demandioca. **Ciência Rural**, v. 44(8), p.1348-1354, 2014.

SILVA, M. C. M.; CORDEIRO, A. G. M.; TIAGO, A. V.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, A. A. B. Levantamento e caracterização fenotípica de etnovarietades de mandioca cultivadas em assentamentos rurais no estado de Mato Grosso, Brasil. **Research, Society and Development**, v. 11, n.7. p. 01-15, 2022.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11(2), p. 33-40, 1962.

SOUZA, G. F.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; REIS, J. C.; DUARTE, G. S. D.; VELOSO, J. F. S. Conservação *on farm* da mandioca: etnobotânica e aspectos socioeconômicos na comunidade Rios dos Couros, Cuiabá, MT. **Agroecol**, Dourados, v.1, p. 01-15, 2016.

SOUZA, R. B.; SOUZA, E. A. Impactos sócioambientais das políticas do setor elétrico na bacia do rio Teles Pires em Sinop/MT. **Revista Equador (EFPI)**, v. 9, n.1, p. 334-357. 2020.

TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; PENA, G. F. Etnovarietades de mandioca cultivadas em Alta Floresta, MT: estudo de caso da Comunidade Vila Rural. In: **Embrapa Agrossilvipastoril: primeiras contribuições para o desenvolvimento de uma Agropecuária Sustentável**. Brasília, DF: Embrapa, 2019. PDF (825 p.).

TIAGO, A. V.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; SANTOS, L. L.; LIMA, J. A.; CARDOSO, E. S.; ROVEDA, A. P.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Phenotypic characterization of cassava ethno-varieties in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 19(2), p. 01-22, 2020.



VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; SILVA, M. S.; PAULA-MORAES, S. V.; CARVALHO, L. J. C. B. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34(2), p. 567-582, 2023.

**5.3 DIVERSIDADE GENÉTICA DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCAS
ORIUNDAS DA AMAZÔNICA LEGAL AVALIADAS MEDIANTE SEQUÊNCIAS DE
cpDNA**

Diversidade genética de etnovariedades de mandiocas oriundas da Amazônica Legal avaliadas mediante sequências de cpDNA

Genetic diversity of cassava landraces from the Legal Amazon assessed using cpDNA sequencing

Diversidad genética de etnovariedades de yuca de la Amazonia Legal evaluada mediante secuencias de cpDNA

DOI: 10.54033/cadpedv22n14-137

Originals received: 11/04/2025

Acceptance for publication: 11/25/2025

Luziane de Abreu Nachbar

Doutoranda em Biodiversidade e Biotecnologia da Amazônia Legal pelo Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia (PPG-BIONORTE)

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado (UNEMAT)

Endereço: Sinop, Mato Grosso, Brasil

E-mail: nachbar.luziane@gmail.com

Auana Vicente Tiago

Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia

Instituição: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)

Endereço: Sinop, Mato Grosso, Brasil

E-mail: auana_bio@hotmail.com

Eulália Soler Sobreira Hoogerheide

Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas

Instituição: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CPAO)

Endereço: Dourados, Mato Grosso do Sul, Brasil

E-mail: eulalia.sobreira@embrapa.br

Kelli Évelin Müller Zortéa

Doutora em Biodiversidade e Biotecnologia

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado (UNEMAT)

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: kellimullerz@gmail.com

Joyce Mendes Andrade Pinto

Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas

Instituição: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)

Endereço: Sinop, Mato Grosso, Brasil

E-mail: joyce.andrade@embrapa.br

Ana Aparecida Bandini Rossi

Doutora em Genética e Melhoramento

Instituição: Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado (UNEMAT)

Endereço: Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil

E-mail: anabanrossi@unemat.br

RESUMO

O conhecimento da diversidade genética de etnovariedades de mandiocas é importante para fins de conservação de recursos genéticos e uso em programas de melhoramento. A mandioca é uma espécie que apresenta múltiplas funcionalidades, é essencial em aspectos alimentares, culturais, ambientais e econômicos. Sua relevância ultrapassa as fronteiras nacionais, sendo um importante recurso para fins de segurança alimentar e desenvolvimento sustentável. Nesse estudo objetivou-se avaliar a diversidade genética de amostras de DNA desse tubérculo a partir de um marcador cloroplastidial. Foram avaliadas 96 etnovariedades oriundas de 16 municípios localizados nos estados do Mato Grosso e Amazonas, Brasil. Uma sequência das regiões *trnT-trnL* do genoma de cloroplasto foi analisada para estimar o número de haplótipos (H), a diversidade haplotípica (Hd), a diversidade nucleotídica (pi) e o número de sítios polimórficos (S). Os testes de neutralidade seguiram os métodos D de Tajima e Fs de Fu para o conjunto de dados. Uma rede de haplótipos e dendrograma (método UPGMA) foram elaborados. Os valores de diversidade genética apresentaram diversidade haplotípica e nucleotídica. Foram encontrados nove haplótipos formados a partir de dez sítios polimórficos. Os resultados indicam que as etnovariedades estudadas apresentam mutações que podem ser ocasionadas pela forma de reprodução da espécie, os testes de neutralidade apontam para uma recente expansão populacional o que evidencia a importância da conservação das variedades de mandiocas e estudos mais aprofundados utilizando o genoma cloroplastidial.

Palavras-chave: DNA de Cloroplasto. *M. esculenta*. Conservação. Diversidade Genética.

ABSTRACT

Knowledge of the genetic diversity of cassava landraces is important for conserving genetic resources and guiding their use in breeding programs. Cassava is a species with multiple functions and plays essential food, cultural, environmental, and economic roles. Its relevance transcends national borders, representing an important resource for food security and sustainable development. This study aimed to assess the genetic diversity of DNA samples

from this tuber using a chloroplast marker. Ninety-six landraces from 16 municipalities located in the states of Mato Grosso and Amazonas, Brazil, were evaluated. A sequence from the trnT-trnL regions of the chloroplast genome was analyzed to estimate the number of haplotypes (H), haplotypic diversity (Hd), nucleotide diversity (pi), and the number of polymorphic sites (S). Neutrality tests followed Tajima's D and Fu's Fs methods for the dataset. A haplotype network and a dendrogram (UPGMA method) were also constructed. Genetic diversity values revealed both haplotypic and nucleotide diversity. Nine haplotypes derived from ten polymorphic sites were identified. The results indicate that the landraces studied exhibit mutations that may be associated with the species' reproductive mode. Neutrality tests suggest a recent population expansion, highlighting the importance of conserving cassava varieties and conducting further studies using the chloroplast genome.

Keywords: Chloroplast DNA. *M. esculenta*. Conservation. Genetic Diversity.

RESUMEN

El conocimiento de la diversidad genética de las etnovariedades de yuca es importante para la conservación de los recursos genéticos y su uso en programas de mejoramiento. La yuca es una especie con múltiples funcionalidades y es esencial para la alimentación, la cultura, el medio ambiente y la economía. Su relevancia trasciende las fronteras nacionales, siendo un recurso importante para la seguridad alimentaria y el desarrollo sostenible. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la diversidad genética de muestras de ADN de yuca a partir de un marcador de cloroplasto. Se evaluaron un total de 96 etnovariedades de yuca de 16 municipios ubicados en los estados de Mato Grosso y Amazonas, Brasil. Se analizó una secuencia de las regiones trnT-trnL del genoma del cloroplasto para estimar el número de haplotipos (H), la diversidad haplotípica (Hd), la diversidad de nucleótidos (pi) y el número de sitios polimórficos (S). Las pruebas de neutralidad siguieron los métodos D de Tajima y Fs de Fu para el conjunto de datos. Se construyó una red de haplotipos y un dendrograma (método UPGMA). Os valores de diversidade genética apresentaram diversidade haplotípica e nucleotídica. Foram encontrados nove haplótipos formados a partir de dez sítios polimórficos. Os resultados indicam que as etnovariedades estudadas apresentam mutações que podem ser ocasionadas pela forma de reprodução da espécie, os testes de neutralidade apontam para uma recente expansão populacional o que evidencia a importância da conservação das variedades de mandiocas e estudos mais aprofundados utilizando o genoma cloroplastidial.

Palabras clave: ADN del Cloroplasto. *M. esculenta*. Conservación. Diversidad Genética.

1 INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é amplamente cultivada em todo o território brasileiro. O Brasil é o 5º maior produtor mundial, atrás da Nigéria, República Democrática do Congo, Tailândia e Gana (FAOSTAT, 2023). Essa cultura é reconhecida como fundamental e com potencial para contribuir significativamente para a oferta de alimentos, além de ajudar a reduzir a pobreza e a fome, especialmente em países em desenvolvimento (FAO, 2019), devido à sua tolerância às condições ambientais variáveis e por ser fonte de renda familiar para o pequeno produtor (Xavier *et al.*, 2020).

A mandioca apresenta uma ampla variabilidade genética. Em um mesmo local de cultivo, é possível encontrar diversas etnovarietades que oferecem recursos genéticos valiosos para a preservação e conservação da espécie. A manutenção da variabilidade genética dessa espécie é favorecida pelos agricultores familiares que as cultivam em suas propriedades rurais, bem como pela troca de propágulos entre si, o que contribui para a ampliação da variabilidade e consequentemente a conservação *on farm* (Tiago *et al.*, 2016; Oler; Amorozo, 2017). Tal variabilidade pode ser utilizadas em programas de melhoramento genético, com foco na transferência de genes (Lima *et al.*, 2021), além de promover a conservação da espécie.

O sucesso da mandioca como cultivo resulta da junção de sua rusticidade, adaptabilidade e diversidade. A ampla diversidade genética observada na cultura da mandioca é resultado da seleção natural por meio de sua evolução, do processo de domesticação, da polinização cruzada, dos altos níveis de heterozigosidade e da rápida dispersão dos frutos, resultando em uma produção contínua de diversas novas variedades (Fukuda; Guevara, 1998).

A diversidade genética de uma espécie pode ser estimada por meio de técnicas moleculares. Dentre essas técnicas, destacam-se as análises de sequências de DNA, principalmente do DNA de organelas como os cloroplastos e mitocôndrias, que são haploides. O DNA de cloroplastos (cpDNA) nas angiospermas é comumente herdado maternalmente, portanto, pode ser usado para estudos de genética de populações explicando processos históricos de

migração (Cloutier *et al.*, 2005). O sequenciamento do cloroplasto permitiu uma maior compreensão de vários aspectos biológicos, incluindo a maquinaria transcricional celular e questões evolutivas (Sanitá Lima *et al.*, 2016).

O DNA de cloroplastos quando comparado ao DNA nuclear é menos usado em pesquisas de diversidade genética, porém houve um aumento gradual ao longo dos anos no uso de sequências de cpDNA como marcadores para a análise da diversidade genética em estudos botânicos (Carvalho *et al.*, 2019). A existência de genes altamente conservados e suas características específicas, explicam o aumento das pesquisas com o genoma do cloroplasto em estudos de diversidade genética (Barros, 2022).

A taxa de mutação do DNA nuclear é relativamente maior que do cpDNA (Petit; Vendramin, 2007), porém a taxa de diversidade genética ou evolutiva de diferentes regiões do genoma do cloroplasto varia, sendo as regiões não codificantes do cpDNA as que apresentam sítios mais informativos e tendem a evoluir mais rápido do que as regiões codificantes (Tekpinar *et al.*, 2021; Zortéa, 2022). As regiões *trnT* (UGU)-*trnF* (GAA) são sequências não codificante do cpDNA, altamente conservadas e de rápida taxa de evolução que podem ser amplificadas usando *primers* universais e de boa estabilidade (Clong *et al.*, 2021).

A maioria das espécies para as quais existem dados de diversidade genética com base em sequências de cpDNA são nativas (Carvalho *et al.*, 2022). Atualmente, existem poucos trabalhos sobre diversidade genética baseados em sequências *trnT-trnF* da mandioca. O limitado conhecimento sobre a utilidade do genoma de cloroplastos para a diferenciação intraespecífica e a baixa diversidade observada em plantas cultivadas quando comparadas às plantas nativas podem contribuir para esse reduzido número de publicações (Rodrigues, 2022).

Diante disso, objetivou-se neste estudo avaliar a diversidade genética entre amostras de DNA de etnovariedades de mandiocas, oriundas dos estados do Mato Grosso e Amazonas, mantidas na UNEMAT, por meio do sequenciamento de duas regiões de cpDNA.

2 METODOLOGIA

2.1 ÁREA DE ESTUDO E AMOSTRAGEM

Foram estudadas 96 amostras de DNA de etnovarietades de mandiocas mantidas na Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Campus de Alta Floresta. Essas amostras foram coletadas em diferentes municípios do Estado de Mato Grosso e Amazonas (Tabela 1).

Tabela 1. Acessos de etnovarietades de mandiocas coletadas pela Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, Campus Alta Floresta, utilizadas no estudo molecular de sequenciamento cpDNA, 2025.

Nº	Código	Nome popular	Local	Nº	Código	Nome popular	Local
1	AP01	Amarela Minas	Apiacás/MT	49	MA04	Angelina	Maraã/AM
2	AP02	Liberata	Apiacás/MT	50	MT01	Branquinha	Matupa/MT
3	AP03	Manteiguinha	Apiacás/MT	51	MT02	Casca roxa 02	Matupa/MT
4	AF01	Cacau arara	Alta Floresta/MT	52	MT03	Castelinha	Matupa/MT
5	AF02	Cenoura	Alta Floresta/MT	53	NM01	Camanducaia	Nova Mutum/MT
6	AF03	Branca comum	Alta Floresta/MT	54	NM02	Paraná	Nova Mutum/MT
7	AF04	Branca do Baiano	Alta Floresta/MT	55	NM03	Cascatinha	Nova Mutum/MT
8	AF05	Amarela III	Alta Floresta/MT	56	NM04	Liberata	Nova Mutum/MT
9	AF06	Amarela da Bahia	Alta Floresta/MT	57	NM05	Mandioca sopa	Nova Mutum/MT
10	AF07	Folha roxa	Alta Floresta/MT	58	NM06	Amarelinha	Nova Mutum/MT
11	AF08	Mandioca 3 meses	Alta Floresta/MT	59	NM07	Talo avermelhado	Nova Mutum/MT
12	AF09	Pramuquem	Alta Floresta/MT	60	PX01	Cacau	Peixoto Azevedo/MT
13	AF10	Mandioca Bahia	Alta Floresta/MT	61	PX02	Vassourinha	Peixoto Azevedo/MT
14	AL01	Manteguinha	Alvarães/AM	62	PX03	Branquinha	Peixoto Azevedo/MT
15	AL02	João Gonçalo	Alvarães/AM	63	PC01	Brava	Poconé/MT
16	AL03	Catombinho	Alvarães/AM	64	PC02	Cacau	Poconé/MT
17	AL04	Catombo	Alvarães/AM	65	PC03	Brava	Poconé/MT
18	AL05	Macaxeira branca	Alvarães/AM	66	PC04	Não identificada	Poconé/MT
19	AL06	Catombo	Alvarães/AM	67	SH01	Mandioca roxa	Santa Helena/MT
20	CB01	Pão	Cuiabá/MT	68	SH02	Branca 4 meses	Santa Helena
21	CB02	Abóbora	Cuiabá/MT	69	SH03	Cacau branca	Santa Helena
22	CB03	Urubu	Cuiabá/MT	70	SP01	Talo roxo	Sinop/MT
23	CB04	Canela de ema	Cuiabá/MT	71	SP02	Mandioca pão	Sinop/MT
24	CB05	Osso	Cuiabá/MT	72	SP03	Talo vermelho	Sinop/MT
25	CB06	Juruti	Cuiabá/MT	73	SP04	Branca	Sinop/MT

Nº	Código	Nome popular	Local	Nº	Código	Nome popular	Local
26	CB07	Paraguainha	Cuiabá/MT	74	SP05	Amarelinha	Sinop/MT
27	CB08	Roxona	Cuiabá/MT	75	SR01	Amarela 02	Sorriso/MT
28	CB09	Guarapé	Cuiabá/MT	76	SR02	Branca	Sorriso/MT
29	CB10	Não identificada	Cuiabá/MT	77	SR03	Amarela alta	Sorriso/MT
30	CB11	Não identificada	Cuiabá/MT	78	SR04	Cacau	Sorriso/MT
31	CB12	Liberatinha	Cuiabá/MT	79	SR05	Amarelinha	Sorriso/MT
32	CB13	Pele roxa	Cuiabá/MT	80	TF01	Não identificada	Tefé/AM
33	IT01	Casca roxa	Itaúba/MT	81	TF02	Catombo	Tefé/AM
34	IT02	Mandioca pão	Itaúba/MT	82	TF03	Catombinho	Tefé/AM
35	IT03	Mandioca 6 meses	Itaúba/MT	83	TF04	Não identificada	Tefé/AM
36	IT04	Amarela	Itaúba/MT	84	TF05	Não identificada	Tefé/AM
37	IT05	Branca 02	Itaúba/MT	85	TF06	Não identificada	Tefé/AM
38	LC01	Amarela 01	Lucas Rio Verde/MT	86	TF07	Não identificada	Tefé/AM
39	LC02	Amarela 03	Lucas Rio Verde/MT	87	UR01	Manivão	Uarini/AM
40	LC03	Branca 01	Lucas Rio Verde/MT	88	UR02	Antinha preta	Uarini/AM
41	LC04	Branca 02	Lucas Rio Verde/MT	89	UR03	Vermelhinha	Uarini/AM
42	LC05	Folha roxa	Lucas Rio Verde/MT	90	UR04	Antinha branca	Uarini/AM
43	LC06	Mandioca de fritar	Lucas Rio Verde/MT	91	UR05	Catombo normal	Uarini/AM
44	LC07	Talo roxo	Lucas Rio Verde/MT	92	UR06	Antinha	Uarini/AM
45	LC08	Mandioca roxa	Lucas Rio Verde/MT	93	UR07	Catombo normal	Uarini/AM
46	MA01	Angelina	Maraã/AM	94	UR08	Catombo normal	Uarini/AM
47	MA02	Catombinho	Maraã/AM	95	UR09	Catombo direita	Uarini/AM
48	MA03	Baixotinha	Maraã/AM	96	UR10	Antinha	Uarini/AM

Fonte: Autores

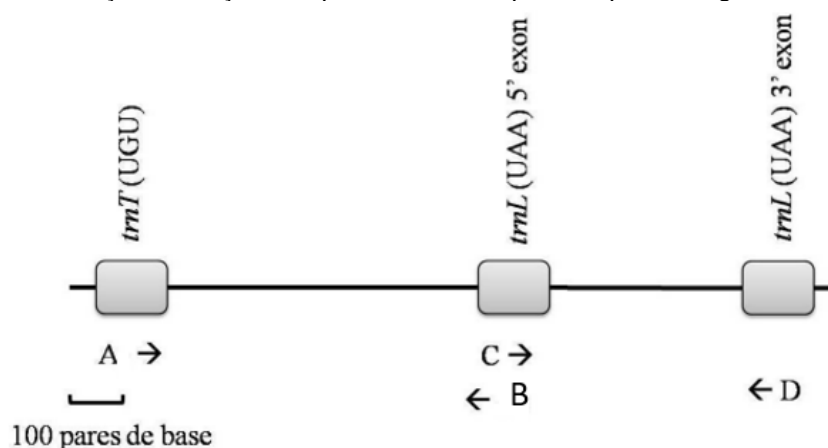
2.2 DNA DAS AMOSTRAS ANALISADAS

Amostras de DNA total conservadas em -80°C foram selecionadas e analisadas neste estudo. A qualidade desse material biológico foi avaliada por eletroforese em gel de agarose 1% e a concentração determinada em Espectrofotômetro Nanodrop-2000 (Thermo Scientific). A concentração das amostras foi padronizada para aproximadamente 10 ng/μL, utilizando água ultrapura Milli-Q e armazenadas a -20°C, para uso nas reações de amplificação.

2.3 AMPLIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO DO CPDNa

A região espaçadora entre os genes de RNA transportador de treonina e de leucina (*trnT-trnL*) do genoma de cloroplasto foi amplificada utilizando os iniciadores A (5'-CATTACAAATGCGATGCTCT-3') e B (5'-TCTACCGATTTCGCCATATC-3') de Taberlet *et al.* (1991). Esse par de iniciadores amplifica a região espaçadora intergênica entre o éxon 5' de *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA). A segunda reação foi conduzida com os primers C (5'-CGAAATCGGTAGACGCTACG-3') e D (5'-GGGGATAGAGGGACTTGAAC-3') para amplificação do íntron *trnL* (UAA) (Taberlet *et al.*, 1991) (Figura 1).

Figura 1. Posição e direção dos primers usados para amplificar regiões do cpDNA.



Fonte: Adaptado de Taberlet *et al.* (1991).

As reações em cadeia da polimerase (PCR) foram realizadas em volume final de 25 µL, contendo: 5µL de tampão IVB 5x (Phoneutria Biotecnologia e Serviços), 1,5µL de MgCl₂ (50mM), 2µL de dNTP's (2,5 mM), 2,5µL de cada primer (5µM), 1,25µL de DMSO, 0,25µL de Taq DNA polimerase, aproximadamente 10 ng/ µL de DNA e água ultrapura para completar o volume.

As amplificações foram conduzidas em termociclador BIO-RAD T100™. Para amplificar a região espaçadora intergênica entre o éxon 5' de *trnT-trnL* (região "AB") foi realizado um ciclo inicial de desnaturação a 94 °C por 5 minutos, seguido por 35 ciclos de 94 °C por 1 minuto, 53°C por 1 minuto, 72 °C por 1 minuto e 1 ciclo de extensão final de 72 °C por 5 minutos (Dardengo, 2017). A

região do íntron *trnL* (região “CD”) foi amplificada com um ciclo inicial de desnaturação a 94°C por 5 minutos, um programa *touchdown* de sete ciclos de 94°C por 1 minuto, 55°C por 1 minuto, 72°C por 2 minutos, seguidos por 28 ciclos de 94°C por 1 minuto, 52°C por 1 minuto, 72°C por 1,5 minutos e 1 ciclo de extensão final de 72°C por 7 minutos (Zortéa, 2022).

Os produtos de PCR foram aplicados em gel de agarose 1,5% para verificar a amplificação. Posteriormente as amostras foram purificadas e sequenciadas. A purificação das amostras amplificadas foi realizada utilizando o kit de enzimas Exo + SAP (Cellco Biotecnologia) na proporção 4 µl da enzima para 10 µl de reação. As reações foram incubadas em banho maria por 10 minutos à 37°C para degradar os nucleotídeos não incorporados e remanescentes de iniciadores e depois incubados à 80°C por 10 minutos para inativar a enzima Exo+SAP. O material foi armazenado à -80°C até o envio para sequenciamento no Instituto René Rachou (Fiocruz - Minas Gerais), utilizando o sequenciador automático ABI 3730 xL.

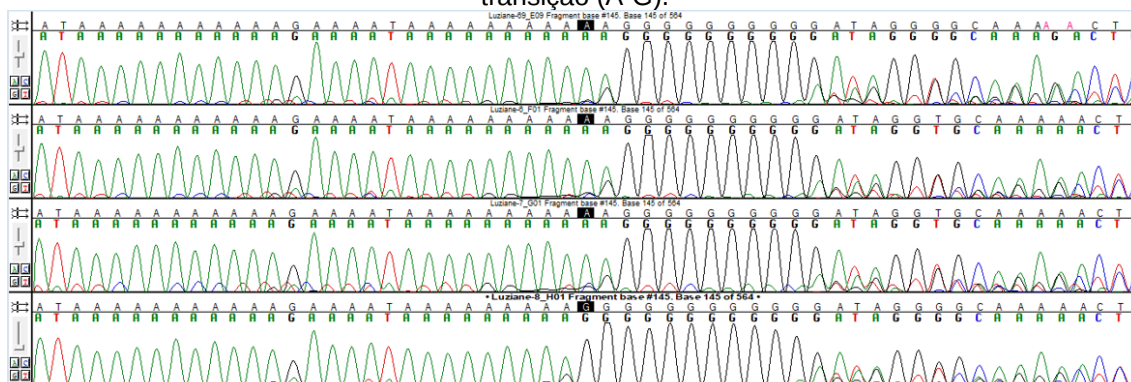
2.4 ANÁLISE DAS SEQUÊNCIAS DO CPDNA E ESTIMATIVA DA REDE DE HAPLÓTIPOS

As regiões *trnT-trnL* resultaram em dois fragmentos, que não se sobrepõem. As 96 sequências das duas regiões foram importadas para o software Sequencher versão 4.1.4 editadas e corrigidas manualmente (Figura 2). Os dois fragmentos amplificados foram unidos e elaborado uma matriz das amostras de cpDNA. O fragmento da junção das duas regiões do genoma cloroplastídico resultou nos haplótipos.

O alinhamento das sequências obtidas da união entre as regiões “AB” e “CD” foi realizado no MAFFT versão 7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) e o arquivo em formato Fasta foi exportado para o programa DnaSP v. 6 (Rozas *et al.*, 2017) para obter o número de haplótipos (H), a diversidade nucleotídica (pi), a diversidade haplotípica (Hd), o número de sítios polimórficos (S) e os testes de neutralidade pelos métodos Fs de Fu’s e D de Tajima. O agrupamento hierárquico pelo método UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic

mean) foi elaborado no software Past versão 4.09 (Hammer *et al.*, 2001) a partir do arquivo de alinhamento das sequências no formato Fasta usando o índice de Bray-Curtis.

Figura 2. Eletroferograma de quatro sequências da região espaçadora intergênica entre o éxon 5' de *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA) do genoma de cloroplasto de mandioca, analisados no software Sequencher versão 4.1.4, onde pode ser visualizada a presença de uma mutação pontual de transição (A-G).



Para determinar os haplótipos presentes no conjunto de dados foi usado o programa DnaSP (Rozas *et al.*, 2017) uma rede de haplótipos *Median-Joining* foi gerada através do programa PopArt (Bandelt *et al.*, 1999). A frequência dos haplótipos nos municípios foi plotada em um mapa, com auxílio do programa QGIS 3.28.10.

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 HAPLÓTIPOS DA REGIÃO ESPAÇADORA *TRNT-TRNL* DO GENOMA DE CLOROPLASTO

As regiões espaçadora intergênica entre o éxon 5' de *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA) e o íntron *trnL* (UAA) geraram dois fragmentos de 568 pares de bases (bp) e 418 bp, respectivamente. A união dos fragmentos das regiões espaçadora *trnT-trnL* (região “AB”) com o íntron *trnL* (região “CD”) alinhados resultaram em uma sequência de 984 pb e nove haplótipos.

O alinhamento dos 984 pares de bases das 96 amostras de mandioca revelou a presença de dez sítios polimórficos, caracterizados como substituições

de bases, sendo quatro do tipo transição e seis do tipo transversão. A maior parte dos sítios polimórficos ocorreram na região espaçadora intergênica entre o éxon 5' de *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA) com 8 sítios polimórficos e dois sítios polimórficos na região do íntron *trnL* (UAA) (Figura 3).

Figura 3. Alinhamento dos sítios polimórficos da região espaçadora *trnT-trnL* do genoma de cloroplasto que definem os nove haplótipos (HAP) em etnovarietades de mandioca oriundas do Mato Grosso e Amazonas. Cada fragmento combina 568 bp da região espaçadora intergênica entre o éxon 5' do *trnT* (UGU) e *trnL* (UAA) (segmento "AB") e 418 bp do íntron do *trnL* (segmento "CD"). Os números acima do alinhamento representam a posição do sítio polimórfico no alinhamento. Os pontos indicam similaridade ao Haplótipo A e # indica o número de ocorrências de cada haplótipo entre as 96 sequências analisadas.

	Base	#	001	004	005	018	132	137	147	148	153	362	461	576	984
HAP	A	88	A	A	A	C	G	T	A	A	G	T	T	A	C
	B	1	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.
	C	1	.	.	.	.	.	.	G	G	.	.	.	.	.
	D	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.
	E	1	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.
	F	1	.	C	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
	G	1	.	.	.	.	A	A	.	.	.	A	.	.	.
	H	1	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	A	.	.
	I	1	.	.	.	.	.	.	.	G	.	A	.	.	.
			AB										CD		

Fonte: Autores

Os índices de diversidade para a espécie de forma geral e para cada município amostrado estão representados na tabela 2. Não foi possível calcular os índices para os municípios de Apiacás, Cuiabá, Lucas do Rio Verde, Sorriso, Sinop, Nova Mutum, Santa Helena e Matupá no estado de Mato Grosso e os municípios de Alvarães, Marañ e Tefé no Amazonas, devido estes apresentarem apenas um haplótipo.

Os valores de diversidade haplotípica (Hd) e nucleotídica (Pi) total das populações estudadas foram 0,161 e 0,00027, respectivamente (Tabela 2). Ao analisar individualmente cada município esses valores foram superiores, com os municípios de Itaúba (Hd=0,700 e Pi=0,00204) e Peixoto de Azevedo (Hd=0,667

e $P_i=0,00136$) apresentando os maiores valores (Tabela 2). As diversidades haplotípica e nucleotídica quando comparadas podem definir a história demográfica de um grupo (Anvise, 2000).

Tabela 2. Diversidade haplotípica (H_d); diversidade nucleotídica (P_i) e total de indivíduos sequenciados por região cloroplastidial (N) considerando todas as amostras do DNA de etnovarietades de mandiocas oriundas do Mato Grosso e Amazonas.

Municípios	N	H	H_d	P_i	S	Tajima's	Fu'sFs
Todos	96	9	0,161	0,00027	10	-2,21597 ($P < 0.01$)	-4,17565 $P < 0.02$
Apiacás/MT	3	1	0,000	0,00	0	0,00	0,00
Alta Floresta/MT	10	3	0,378	0,00057	2	-0,69098	-0,42293
Poconé/MT	4	2	0,500	0,00051	1	-0,61237	-0,47871
Cuiabá/MT	13	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Uarini/AM	10	3	0,378	0,00041	2	-1,40085	-1,71902
Alvarães/AM	6	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Maraã/AM	4	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Tefé/AM	7	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Nova Mutum/MT	7	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Lucas do Rio Verde/MT	8	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Sorriso/MT	5	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Sinop/MT	5	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Itaúba/MT	5	3	0,700	0,00204	5	-1,12397	-1,71902
Santa Helena/MT	3	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00
Peixoto de Azevedo/MT	3	2	0,667	0,00136	2	-	-
Matupá/MT	3	1	0,00	0,00	0	0,00	0,00

N: Número amostral; H: Número de haplótipos; H_d : Diversidade haplotípica; P_i : Diversidade nucleotídica; S: Sítios polimórficos. (-) número insuficiente de sequências para análises (pelo menos 4 sequências). Fonte: Autores.

O presente estudo apresenta baixa diversidade de haplótipos e nucleotídeos, o que pode indicar, segundo Grant e Bowen (1998), a ocorrência de um gargalo populacional recente ou um efeito fundador, em que a população foi reduzida a uma única linhagem. Olsen e Schaal (2001), em estudo com cinco loci microssatélites, investigaram as origens evolutivas e geográficas da mandioca no sul da Amazônia e sugeriram que domesticação da espécie ocorreu a partir da seleção de poucos indivíduos selvagens que apresentavam características desejáveis, como maior produção de raízes, menor toxicidade e facilidade de propagação. Esse processo resultou em um gargalo genético, reduzindo significativamente a variabilidade da espécie cultivada em comparação às populações silvestres (Olsen; Schaal, 1999). A mudança da propagação sexual para a clonal por meio de estacas (reprodução vegetativa) mantém os genótipos selecionados ao longo do tempo, mas não favorece a recombinação genética, o que limita o surgimento de novas variações (McKey *et al.*, 2010).

Os testes de neutralidade D de Tajima e F_s de Fu foram negativos e significativos para análise do conjunto de dados (-2,21597 e -4,17565). Valores negativos para o conjunto de populações, sugere uma expansão recente ou seleção purificadora (Tajima, 1989). A seleção purificadora refere-se ao processo por quais variantes genéticas específicas ou desfavoráveis são eliminadas ao longo das gerações, preservando as características vantajosas ou essenciais para a sobrevivência e produtividade da planta (Palozzi *et al.*, 2018). Esse tipo de seleção é particularmente importante no contexto da mandioca, uma das principais culturas de subsistência e comerciais em regiões tropicais. A sua propagação por estacas reduz a variabilidade genética nas gerações subsequentes e seleciona indivíduos mais produtivos e adaptados, o que intensifica o impacto da seleção purificadora ao eliminar mutações deletérias que poderiam comprometer a planta (Alves, 2002).

3.2 DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DOS HAPLÓTIPOS

O haplótipo A apresentou maior frequência, presente em todos os municípios estudados (Tabela 3), representando 88 das 96 amostras sequenciadas; o que pode indicar que seja o mais antigo e que há um fluxo gênico entre essas localidades. Segundo a teoria da coalescência de Kingman (1982) os haplótipos mais antigos são aqueles que possuem maior frequência, apresentam amplas distribuições geográficas e estão no centro das redes de haplótipos (Freeland, 2005).

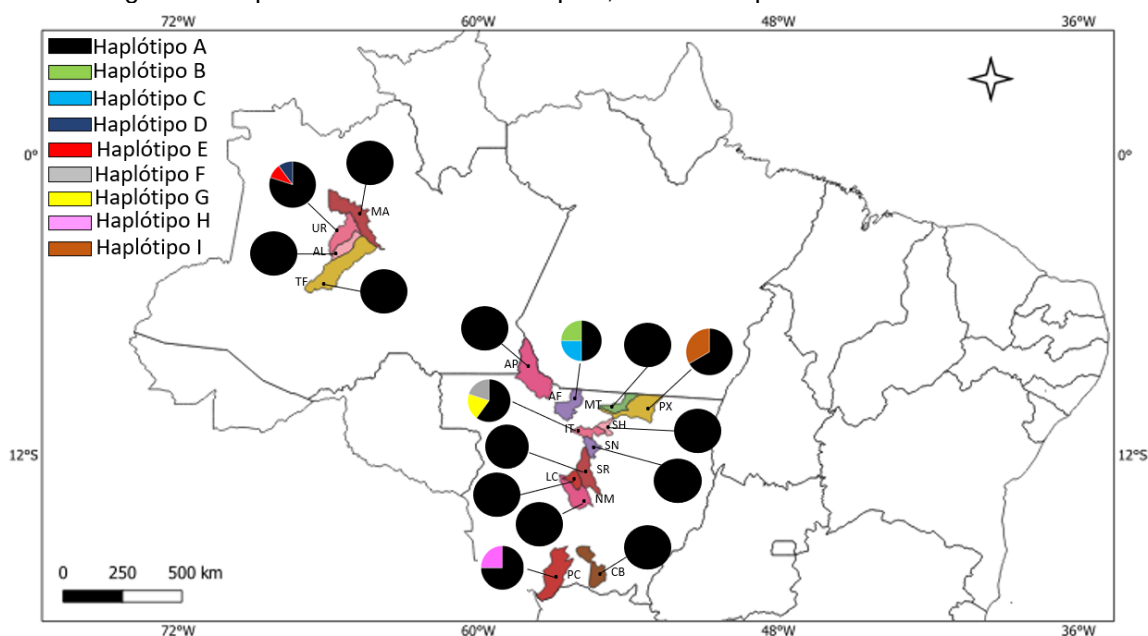
Os demais haplótipos B, C, D, E, F, G, H e I apareceram apenas uma vez. Nos municípios do Mato grosso (Alta Floresta com os haplótipos “B” e “C”; Itaúba “F” e “G”; Poconé haplótipo “H” e Peixoto de Azevedo o “I”). No Amazonas o município de Uarini com os haplótipos “D” e “E” (Tabela 3) e (Figura 4).

Tabela 3. Distribuição dos nove haplótipos referentes a região espaçadora *trnT-trnL* do genoma de cloroplasto obtidos a partir da análise de 96 amostras do DNA de etnovarietades de mandioca oriundas do Mato Grosso e Amazonas. O número de amostras de sequências analisadas (N) e o número total de haplótipos (NH) encontrados por regiões são indicados.

Municípios	Código	N	Distribuição dos Haplótipos									NH
			A	B	C	D	E	F	G	H	I	
Apiacás/MT	AP	3	3									1
Alta Floresta/MT	AF	10	8	1	1							3
Alvarães/AM	AL	6	6									1
Cuiabá/MT	CB	13	13									1
Itaúba/MT	IT	5	3					1	1			3
Lucas do Rio Verde/MT	LC	8	8									1
Maraã/AM	MA	4	4									1
Matupá/MT	MT	3	3									1
Nova Mutum/MT	NM	7	7									1
Peixoto de Azevedo/MT	PX	3	2								1	2
Poconé/MT	PC	4	3							1		2
Santa Helena/MT	SH	3	3									1
Sinop/MT	SP	5	5									1
Sorriso/MT	SR	5	5									1
Tefé/AM	TF	7	7									2
Uarini/AM	UR	10	8			1	1					3
Total		96	88	1	1	1	1	1	1	1	1	

Fonte: Autores.

Figura 4. Distribuição geográfica dos haplótipos das amostras de cpDNA de *M. esculenta*. As siglas no mapa referem-se aos municípios, conforme apresentado na tabela 1.



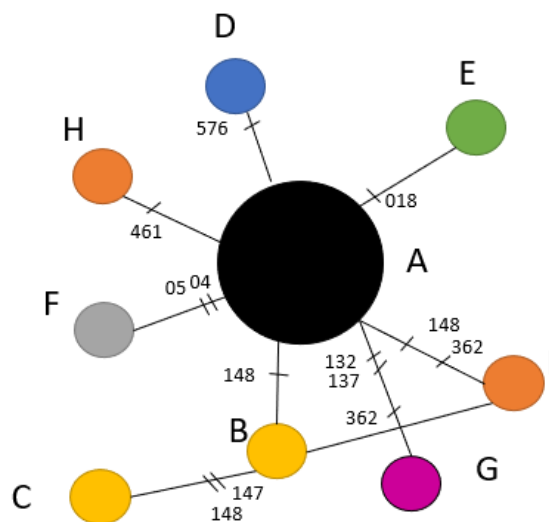
Fonte: autores

A rede de haplótipos criada na região *trnT-trnL* do genoma de cloroplasto da espécie estudada está apresentada na Figura 5. O formato de estrela da rede de haplótipos é um indicativo de aumento na população, sugerindo que a espécie

enfrentou um período de gargalo populacional, seguida por uma recente expansão populacional (Rodrigues, 2008) o que foi sustentado pelos testes de neutralidade e D de Tajima e Fs de Fu.

Os haplótipos B, C e I apresentam a mesma alteração de nucleotídeos na posição (148, A-G) e os haplótipos I e G na posição (362, T-A).

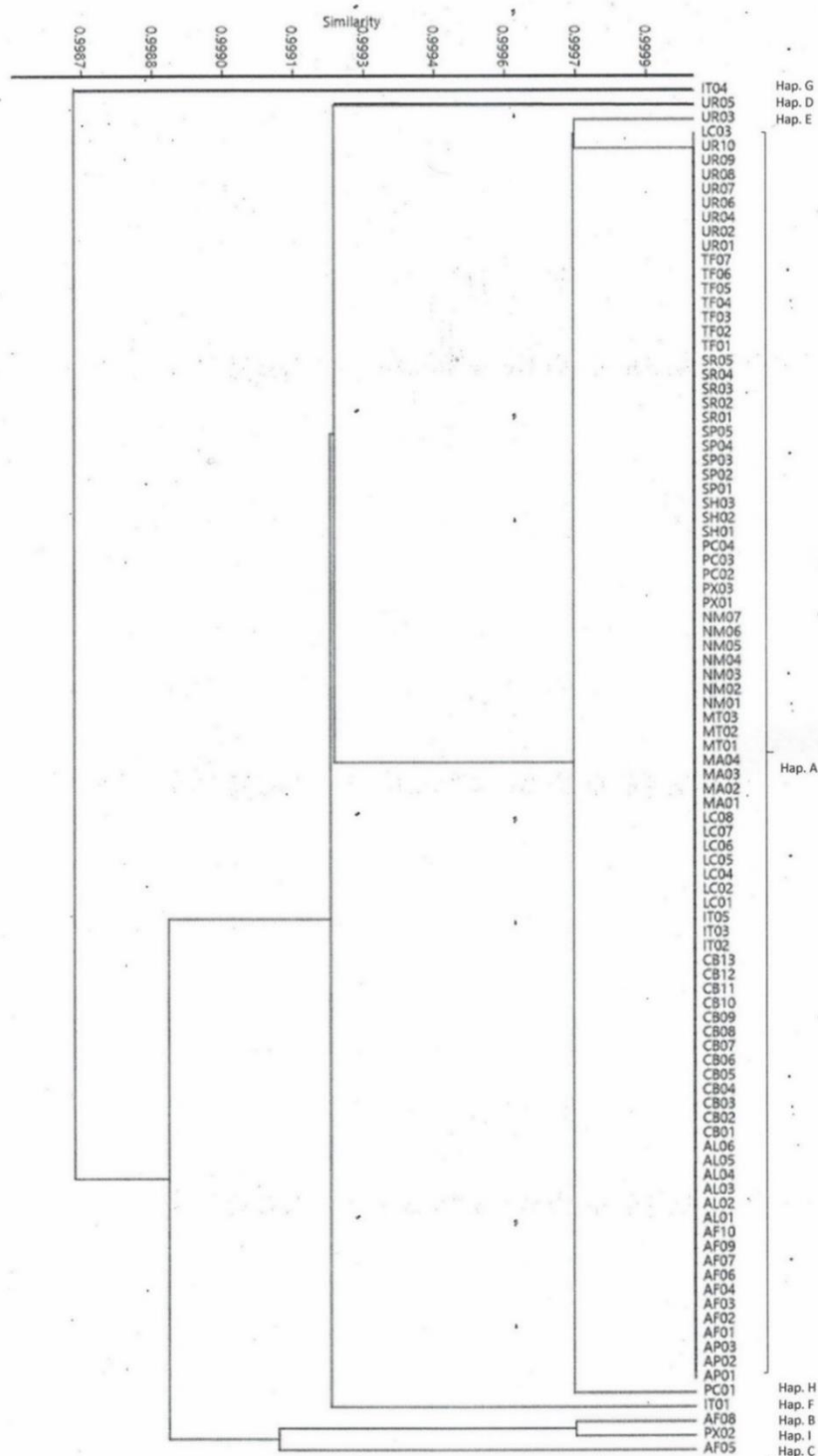
Figura 5. Rede de haplótipos Median-joining mostrando as relações entre os haplótipos de *trnT-trnL* em *Manihot esculenta*. Círculos representam haplótipos (codificados por letras), o tamanho do círculo é proporcional à frequência relativa do haplótipo e as cores dentro dos círculos denotam os haplótipos. As barras indicam o número de mutações e os números o local onde ocorreu mutação.



Fonte: Autores

O dendrograma (Figura 6) representa a similaridade entre as 96 amostras do cpDNA, observa-se a formação de nove grupos, o grupo do haplótipo G formado pela amostra IT04 é a mais divergente, nessa sequência ocorreram três substituições de bases nucleotídicas uma de transição (132, G-A) e duas transversões (137, T-A e 362, T-A). Os haplótipos B, C e I apresentam em comum uma substituição de bases de transição na posição (148, A-G).

Figura 6. Agrupamento hierárquico obtido a partir do índice de Bray-Curtis encontrada entre as 96 amostras avaliadas pelo método UPGMA. Coeficiente de Correlação Cofenética: 0.997. A identificação das amostras está baseada nos códigos apresentados na Tabela 1. Hap: Haplótipo.



Fonte: Autores

Ao correlacionar a rede de haplótipos com o dendrograma observa uma maior proximidade entre os haplótipos “B”, “C” (Alta Floresta) e “I” (Peixoto de Azevedo). Os haplótipos “C” e “I” estão a um passo mutacional do haplótipo “B”, demonstrando a pequena distância genética desses haplótipos. Esses haplótipos, provavelmente surgiram à medida que a população se recupera.

A troca de material de propagação (manivas) é um dos principais fatores que contribuem para o aumento da diversidade (Figueredo *et al.* 2019, Tiago *et al.* 2019), essa troca de manivas se estende para além dos municípios e até das regiões (Pedri *et al.*, 2021).

A mandioca é uma espécie alógama, monóica, diploide e altamente heterozigótica (Fukuda, 1999). Apesar da propagação vegetativa ser a forma mais comum de plantio praticada pelos agricultores, a planta não perdeu sua capacidade de reprodução sexual.

A propagação por sementes ainda ocorre principalmente na região Amazônica e no Cerrado, através de práticas agrícolas tradicionais (Kistler *et al.*, 2025). Os agricultores tradicionais geralmente cultivam na mesma área diferentes etnovariedades de mandiocas, que florescem e produzem sementes férteis (Rival; Mckey, 2008). As mudas espontâneas germinam e crescem juntamente com as plantas cultivadas, essas plantas ao atingirem o crescimento adequado são avaliadas pelos agricultores, podendo ser descartadas ou selecionadas para propagação vegetativa (Emperaire; Peroni, 2007; Peroni, 2007), surgindo novas combinações e, portanto, novas etnovariedades.

A recombinação da reprodução sexuada que ocorre de forma espontânea nas roças com a produção de flores e sementes pode contribuir para a formação de novos haplótipos. Segundo McCauley (1995) o fluxo gênico pode ser promovido pela dispersão de pólen e sementes, porém o cpDNA é maternalmente herdado na mandioca, assim como na maioria das angiospermas, ele é movido unicamente através da dispersão das sementes. A taxa de migração do cpDNA em angiospermas são menores do que as taxas de migrações dos genes nucleares que podem ser dispersos por pólen e sementes. Portanto, a incorporação de plântulas oriundas de sementes colabora

para aumentar a diversidade genética intraespecífica do cultivo da mandioca (Duputié *et al.*, 2009; Pereira, 2015).

4 CONCLUSÃO

A partir das análises realizadas com genomas de cloroplastos, é possível evidenciar a diversidade genética existente entre as amostras avaliadas. Os resultados obtidos indicam que a população de mandioca sofreu um gargalo genético, seguido por uma recente expansão populacional. A forma de propagação da espécie pode ser responsável por esse cenário. Ademais, observa-se uma variabilidade genética recente entre os haplótipos, a qual pode favorecer o surgimento ou preservação de características desejáveis para o consumo ou fins comerciais. A diversidade genética entre as variedades de mandiocas estudadas representa um fator importante para a preservação da espécie, além de seu uso em programas de conservação e melhoramento genético.

REFERÊNCIAS

- ALVES, A. A. C. Cassava botany and physiology. In: HILLOCKS, R. J.; THRESH, J. M.; BELLOTTI, A. C. (ed.). **Cassava: Biology, Production and Utilization**. Wallingford: CABI Publishing, p. 67–89, 2002.
- AVISE, J. C. **Phylogeography: the history and formation of species**. Cambridge: Harvard Univ. Press, 2000.
- BANDELT, H.; FORSTER, P.; RÖHL, A. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, v.16, n.1, p. 37–48, 1999.
- BARROS, G. C. C. **Desenvolvimento de recursos genômicos e transcricionais em *Quillaja brasiliensis***. Dissertação (Biologia Vegetal) – Ciências Biológicas- Universidade Estadual Paulista, Rio Claro, SP, 2022.
- CHONG, W.; JIAO, C.; YANG, X.; ZHANG, W.; JIAN, L.; CHAI, S.; WANG, L.; TIAN, X. H. Análise sequencial da diversidade genética do germoplasma da batata-doce. **Jornal da Agricultura do Sul**, v. 52, n.6, p. 1536-1544, 2021.
- CLOUTIER, D.; PÓVOA, J. S. R.; PROCOPIO, L. C.; LEÃO, N. V. M.; WADT, L. H. O.; CIAMPI, A. Y.; SCHOEN, D. J. Chloroplast DNA variation of *Carapa guianensis* in the Amazon basin. **Silva e Genética**, v. 54, n. 1-6, p. 270-274, 2005.
- DARDENGO, J. F. E. **Estrutura de populações e Filogeografia molecular de *Theobroma speciosum* Willd. ex. Spreng. (Malvaceae)**. Tese (Doutorado de Biodiversidade e Biotecnologia), Universidade do Estado de Mato Grosso, Alta Floresta, 2017.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small amounts of fresh leaf tissue. **Phytochem Bulletin**, v. 19, n. 1, p. 11-15, 1987.
- FAOSTAT - Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Produção global de mandioca**. Roma, 2023. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>>. Acesso em: 20 jun. 2024.
- FAO – Food and Agriculture Organization. **Save and grow: Cassava – A guide to sustainable production intensification**. Rome: FAO, 2013. Disponível em: <<http://www.fao.org/publications>>. Acesso em: 20 maio 2025.
- FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations (2019) **Participação dos continentes na produção de mandioca em 2019**. FAOSTAT Database Gateway— FAO. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 18 maio 2023.
- FREELAND, J. R. **Molecular Ecology**. John Wiley & Sons, Chichester, 2005.

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca** (*Manihot esculenta* Crantz). Cruz das Almas: CNPMF, 1998, 38p. Disponível em: <<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/638631>>. Acesso em: 21 maio 2023.

FUKUDA, W. M. G. Melhoramento de mandioca. In: BÓREM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 969 p., 1999.

GRANT, W. S.; BOWEN, B. W. Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: Insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. **The American Genetic Association**, v. 89, p. 415–426, 1998.

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. PAST: Paleontological Statistics software package for education and data analysis. **Paleontologia Electronica**, v. 4, n. 9, 9p, 2001.

KISTLER L. *et al.* Historic manioc genomes illuminate maintenance of diversity under long-lived clonal cultivation. **Science**, v. 387, Edição 6738, 2025.

LIMA, L. A.; XAVIER, A. R.; AMORIM, A. V.; VASCONCELOS, J. G. Saberes tradicionais, sustentabilidade cultural e caracterização de etnovarietades da mandioca: estudo em uma comunidade no interior do Ceará. Research, **Society and Development**, v. 10, n.13, 2021. ISSN 2525-3409 | DOI: <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i13.20941>

MCCAULEY, D. F. The use of chloroplast DNA polymorphism in studies of gene flow in plants. **Trends Ecol Evol.**, v. 10, p. 198-202, 1995.

MCKEY, D. *et al.* The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, London, v. 186, n. 2, p. 318–332, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03210.x>. Acesso em: 20 maio 2025.

MEZETTE, T. F.; BLUMER, C. G.; VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 510-518, 2013.

OLER, J. R. L.; AMOROZO, M. C. D. M. Etnobotânica e conservação *on farm* de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala no Estado de Mato Grosso, Brasil. **Interações**, v. 18, p. 137-153, 2017.

OLER, J. L. R.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; TIAGO, A. V.; PINTO, J. M. A. Etnobotânica e análise da diversidade genética de variedades de mandioca cultivadas em Poconé, Mato Grosso. In: SILVA, E. da. (org.). **Principais temas da pesquisa em ciências biológicas 2**. Ponta Grossa, PR: Atena, 2023.

OLSEN, K. M.; SCHAAL, B. A. Evidence on the origin of cassava: Phylogeography of *Manihot esculenta*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 96, n. 10, p. 5586–5591, 1999. Disponível em: <https://doi.org/10.1073/pnas.96.10.5586>. Acesso em: 20 maio 2025.

OLSEN, K. M.; SCHAAL, B. A. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, Euphorbiaceae) and its wild relatives: Further evidence for a southern Amazonian origin of domestication. **American Journal of Botany**, Saint Louis, v. 88, n. 1, p. 131–142, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.2307/2657133>. Acesso em: 20 maio 2025.

PALOZZI, J. M.; JEEDIGUNTA, S. P.; HURD, T. R. Mitochondrial DNA purifying selection in mammals and invertebrates. **Journal of Molecular Biology**. v. 430, n. 24, p. 4834-4848, 2018.

PETIT, R. J.; VENDRAMIN, G. G. Plant phylogeography based on organelle genes: an introduction. In: WEISS, S.; FERRAND, N. (Eds.). *Phylogeography of Southern European Refugia*. Dordrecht: **Springer**, 2007. DOI:10.1007/1-4020-4904-8_2

RODRIGUES, S. H.; SANTOS S. Low levels of genetic diversity depicted from mitochondrial DNA sequences in a heavily exploited marine fish (*Cynoscion acoupa*, Sciaenidae) from the Northern coast of Brazil. **Genet Mol Biol**. v. 31, n.2, p. 487-492, 2008.

RODRIGUES, M. S. **Lacunas e tendências em estudos de diversidade genética de espécies amazônicas**. Dissertação (Programa de Pós-graduação em Biodiversidade e Conservação), Universidade Federal do Pará, Altamira, 2022.

ROZAS, J.; FERRER-MATA, A.; SÁNCHEZ-DELBARRIO, J. C.; GUIRÃO-RICO, S.; LIBRADO, P.; RAMOS-ONSINS, S. E.; SANCHES-GRACIA, A. DnaSP v6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets. **Molecular Biology and Evolution**, v. 34, n. 12, p. 3299-3302, 2017. DOI: 10.1093/molbev/msx248

SANITÁ LIMA, M. *et al.* The (in) complete organelle genome: exploring the use and nonuse of available technologies for characterizing mitochondrial and plastid chromosomes. **Molecular Ecology Resources**, v. 16, n. 6, p. 1279-1286, 2016.

TABERLET, P.; GIELLY, L.; PANTAOU, G.; BOUVET, J. Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA. **Plant Molecular Biology**, v. 17, n. 5 p. 1105-1109, 1991.

TEKPINAR, A. D.; AKTAŞ, C.; KANSU, Ç; DUMAN, H.; KAYA, Z. Phylogeography and phylogeny of genus *Quercus* L. (Fagaceae) in Turkey implied by variations of trnT (UGU) -L (UAA) -F (GAA) chloroplast DNA Region.

Tree Genetics & Genomes, v. 17, n. 5, número do artigo 40, 2021. DOI:
<https://doi.org/10.1007/s11295-021-01522-x>

TIAGO, A. V. *et al.* Genetic diversity in cassava landraces grown *on farms* in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genetics and Molecular Research (GMR)**, v. 15, n. 3, p. 1-10, 2016.

TIAGO, A. V.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; PEDRI, E. C. M.; CARDOSO, E. D. S.; PINTO, J.; PENA, G.; ROSSI, A. Genetic diversity and population structure of cassava ethno-varieties grown in six municipalities in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-17, 2019.

ZOTÉA, K. E. M.; **Relações filogeográficas em populações de cambará (*Vochysia divergens* Pohl.) nativas dos biomas Amazônia, cerrado e Pantanal, Brasil**. Tese. (Biodiversidade e Biotecnologia). Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, 2022.

6 DISCUSSÃO INTEGRADORA

A mandioca é cultivada de maneira extensiva em todo território brasileiro, contudo vale destacar que seu cultivo é predominantemente realizado por agricultores familiares, em áreas ao entorno da agricultura convencional, devido à sua rusticidade e à habilidade de apresentar bom desempenho produtivo mesmo em condições adversas para outras culturas (SILVA, 2016).

O estado de Mato Grosso apresenta uma economia fortemente agrícola, destaca-se pela crescente expansão do agronegócio ao longo dos anos. Entretanto, esse crescimento pode trazer impactos significativos para a diversidade de outras culturas, como a mandioca (CARVALHO *et al.*, 2024).

Por ser considerado como um dos centros de origem da mandioca, Mato Grosso apresenta elevada diversidade da espécie (CARRASCO *et al.*, 2016), estudos voltados à caracterização da diversidade de etnovariedades são necessários para dar subsídios aos programas de conservação e, conseqüentemente, auxiliar na redução dos impactos decorrentes da perda de diversidade da mandioca na região. Dessa forma, utilizamos nesta pesquisa ferramentas para avaliar a diversidade do acervo, dentre elas o uso de marcadores morfológicos e/ou agronômicos e moleculares. Para direcionar os estudos sobre a caracterização fenotípica dessa pesquisa, utilizamos a cienciometria que possibilita mapear a produção científica referente a diversidade da mandioca, identificar tendências de pesquisa e evidenciar lacunas do conhecimento, contribuindo para o aprimoramento de estratégias de investigação e conservação da espécie (ARIA; CUCCURULLO, 2017).

Através do estudo cienciométrico identificamos o aumento de publicações após 2022, o Brasil e a instituição Embrapa destacaram-se nos números de artigos publicados, o que demonstra o fortalecimento das pesquisas voltadas à caracterização morfoagronômica da mandioca para fins de diversidade genética e conservação da espécie. A priorização de variedades locais e o uso recorrente de descritores qualitativos de raiz, folha e caule indicam tendência metodológica consolidada, direcionada à valorização da variabilidade fenotípica como ferramenta para compreender a diversidade genética.

Essas informações obtidas por meio do estudo cienciométrico contribuíram diretamente para orientar a pesquisa de caracterização fenotípica especialmente na definição das estratégias metodológicas adotadas, no qual a análise de variáveis qualitativas permitiu a identificação de 26 classes fenotípicas entre 78 etnovariedades, evidenciando ampla variabilidade no acervo mantido pelos agricultores nos assentamentos estudados. A formação de 12 grupos no dendrograma reforça a existência de estruturação genética entre os materiais avaliados, o que demonstra que os descritores morfoagronômicos, amplamente utilizados nos estudos

identificados através da cienciometria, são eficientes para agrupar variedades com características semelhantes e evidenciar a divergência genética entre os grupos revelando padrões de diversidade. Como verificado em trabalhos de Zanetti *et al.* (2020), Pedri *et al.*, (2021), Tiago *et al.*, (2023) e Wolf *et al.*, (2024) que utilizaram marcadores fenotípicos para avaliarem a diversidade genética de mandioca em diversas regiões do estado de Mato Grosso.

Assim, observa-se que o embasamento científico confirma os resultados experimentais: enquanto o estudo cienciométrico evidencia a relevância e a expansão das pesquisas com foco em variedades locais e descritores morfoagronômicos, o estudo da caracterização fenotípica, confirma na prática, que essas estratégias são capazes de detectar e organizar a variabilidade genética presente. Essa integração reforça a importância dos estudos de caracterização morfoagronômica não apenas para a conservação de recursos genéticos, mas também como subsídio para programas de melhoramento e para a valorização dos sistemas agrícolas tradicionais, especialmente aqueles mantidos por agricultores familiares.

Esse contexto é reforçado pelos resultados da caracterização molecular do cpDNA, que, embora realizada com outras amostras de DNA da mandioca oriundas de vários municípios de Mato Grosso, revelou padrões parecidos de diversidade genética. A identificação de dez sítios polimórficos e nove haplótipos, com predominância do haplótipo A em todas as localidades, sugere a existência de um ancestral comum e indica fluxo gênico entre os municípios avaliados (FREELAND, 2005). Além disso, o formato em estrela da rede de haplótipos aponta para uma possível expansão populacional (RODRIGUES, 2008), enquanto a formação de nove grupos no dendrograma, evidencia a presença de diferenciação genética entre os materiais.

A integração entre os dados fenotípicos e moleculares fortalece a interpretação da variabilidade da mandioca no estado de Mato Grosso, demonstrando que tanto os descritores morfoagronômicos quanto os marcadores moleculares são eficazes na identificação da diversidade genética. Mesmo considerando diferenças nas amostragens, os resultados assemelham-se ao indicar elevada diversidade e conectividade entre populações, o que pode estar associado à troca de material propagativo entre agricultores e à ampla adaptação da cultura. O estudo molecular amplia a confiabilidade das análises e reforça a importância da conservação e do uso sustentável das etnovariedades de mandioca.

6.1 Considerações finais

Os resultados deste estudo evidenciam a diversidade genética da mandioca em Mato Grosso, demonstrada tanto pela caracterização fenotípica quanto pela análise molecular do cpDNA. A abordagem cienciométrica contribuiu para orientar a seleção metodológica da

caracterização fenotípica, enquanto os dados obtidos confirmam a variabilidade entre as etnovariedades, com indícios de fluxo gênico entre municípios.

Apesar desses avanços, algumas limitações devem ser consideradas. O uso de amostras diferentes nos estudos de caracterização fenotípica e molecular limita a integração direta entre os resultados. Além disso, o uso do marcador molecular de cloroplasto (que é uniparental) pode reduzir os resultados da diversidade genética, sendo recomendável a inclusão de marcadores nucleares adicionais em estudos futuros. Também se destaca a necessidade de ampliar a representatividade amostral para melhor abrangência da variabilidade regional.

Dessa forma, conclui-se que, embora os resultados sejam consistentes e complementares, estudos futuros integrando amostragens mais amplas e múltiplas abordagens moleculares poderão aprofundar a compreensão da diversidade genética da mandioca e fortalecer estratégias de conservação e uso sustentável.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. Bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. **Journal of Informetrics**, v. 11, n. 4, p. 959-975, 2017.

CARRASCO, N. F.; OLER, J. R. L.; MARCHETTI, F. F.; CARNIELLO, M. A.; AMOROZO, M. C. M.; VALLE, T. L.; VEASEY, E. A. Growing Cassava (*Manihot esculenta*) in Mato Grosso, Brazil: **Genetic Diversity Conservation in Small – Scale Agriculture**. *Economic Botany*, v. 70, n. 1, p. 15-28, 2016.

CARVALHO, D.F.; TIAGO, A. V.; SILVA, V. Q. R.; HOOGERHEIDE, E. S. Diversidade genética no melhoramento participativo da mandioca para o norte do Mato Grosso. **XIII Jornada científica da Embrapa Agrossilvipastoril**, 1ª edição, pdf (77f), 2024. P. 18-14.

FREELAND, J. R. **Molecular Ecology**. John Wiley & Sons, Chichester, 2005

PEDRI, E. C. M.; SANTOS, L. L.; WOLF, M. S.; TIAGO, A. V.; CARDOSO, E. S.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Research, Society and Development**, v. 10, n.5, P. 1-18, 2021.

RODRIGUES, S. H.; SANTOS S. Low levels of genetic diversity depicted from mitochondrial DNA sequences in a heavily exploited marine fish (*Cynoscion acoupa*, Sciaenidae) from the Northern coast of Brazil. **Genetics and Molecular Biology**. v. 31, n.2, p. 487-492, 2008.

SILVA, A. R. Manejo e conservação do solo. In: MODESTO JUNIOR, M. de S.; ALVES, R. N. B. (ed.). **Cultura da mandioca: aspectos socioeconômicos, melhoramento genético, sistemas de cultivo, manejo de pragas e doenças e agroindústria**. Brasília, DF: Embrapa, 2016. cap. 2, p. 49-66

TIAGO, A.V.; WOLF, M. S.; PEDRI, E. C. M.; SANTOS, L. L.; SOUZA, S. A. M.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas no estado de Mato Grosso, Brasil. **Revista Principia**. v. 60, n. 2, p. 581-592, 2023

WOLF, M. S.; PEDRI, E. C. M.; TIAGO, A. V.; CUCHI, G.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas em assentamentos rurais no Mato Grosso. **Revista Thema**, v. 23, n.3, -. 678-695, 2024

ZANETTI, G. T.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; FIGUEREDO, P. E.; ROSSI, A. A. B.; RONDON, M. J. P. **Caracterização morfológica de mandiocas cultivadas na região periurbana de Sinop, norte do estado do Mato Grosso**. In: SILVA-MATOS, R. R. S. da; OLIVEIRA, P. S. T. de; PEREIRA, R. Y. F. (Org.). *Ciências agrárias: conhecimentos científicos e técnicos e difusão de tecnologias 3*. Ponta Grossa, PR: Atena, 2020. Cap. 8. p. 94-103.

8 CONCLUSÕES

O estudo cienciométrico proporcionou uma compreensão do cenário atual das pesquisas com uso de marcadores morfológicos e/ou agronômicos para trabalhos com diversidade e conservação da mandioca, sendo esses marcadores considerados essenciais na caracterização morfoagronômica e os descritores peso fresco, produtividade e cor do pecíolo foram os mais informativos nos artigos avaliados.

Os cultivos de etnovariedades de mandiocas nos assentamentos rurais estudados são importantes para a manutenção e conservação dos recursos genéticos por apresentarem diversidade genética. A rede de troca de manivas é um fator que contribui para o aumento da diversidade genética. Os agricultores familiares contribuem para a conservação e manutenção dos recursos genéticos, são mantenedores da agrobiodiversidade da espécie e do conhecimento tradicional associado.

As análises realizadas com genoma cloroplastidial de *M. esculenta* demonstram que a mandioca apresenta variabilidade genética, a diversidade de variedades locais nas roças de cultivos dos agricultores e o cruzamento espontâneo entre essas variedades é um fator que contribui para a diversidade e preservação da espécie.