



DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE ESPÉCIES SILVESTRES DE *MANIHOT*, MEDIANTE CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA.

Jucilene Silva Araújo¹, Carlos Alberto da Silva Ledo², Márcio Lacerda Lopes Martins, Ariana Silva Santos⁴.

¹ Estudante de Mestrado em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB – juccyaraajo@hotmail.com; ² Embrapa Mandioca e Fruticultura – Pesquisador - ledo@cnpmf.embrapa.br. ³ Professor – UFRB – marciollm@ufrb.edu.br ⁴ Estudante de Ciências Biológicas - UFRB ana.silva0491@hotmail.com;

Resumo: Por reunirem constituições genéticas de diferentes origens, os bancos de germoplasma são importantes fontes de genes para programas de melhoramento. Atividades de caracterização são importantes pontos de partida para o conhecimento dessa variabilidade, sendo indispensável para o manejo de coleções de germoplasma. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre os acessos de espécies silvestres de *Manihot*, por meio de caracteres morfológicos quantitativos e qualitativos. Foram avaliadas 10 características quantitativas e 22 qualitativas em 145 acessos de 02 espécies silvestres de *Manihot*: *M. anomala* e *M. esculenta* sub. *flabellifolia*. Foram realizadas análises de agrupamento considerando os descritores quantitativos e qualitativos simultaneamente, segundo o algoritmo de Gower. O agrupamento dos genótipos por meio do método de UPGMA possibilitou a formação de 03 grupos de dissimilaridade, evidenciando a presença de diversidade genética entre os genótipos avaliados. O estudo também demonstrou a eficiência dos descritores morfológicos para a caracterização e estudos relacionados à determinação da diversidade genética.

Palavras-chave: descritores morfológicos, *Manihot*, variabilidade genética

Introdução

Bancos ou coleções de germoplasma têm como finalidade principal preservar a variabilidade genética, seja de espécies silvestres ou cultivadas. Atividades de caracterização são importantes pontos de partida para o conhecimento dessa variabilidade, sendo indispensável para o manejo de coleções de germoplasma, já que visa à obtenção de dados para descrever, identificar e diferenciar acessos dentro de espécies, classes ou categorias, utilizando para isso descritores adequados (Vicente *et al.*, 2005).



A caracterização morfológica e produtiva de variedades de mandioca e espécies silvestres de *Manihot* pode ser uma ferramenta que vem a contribuir para o maior desenvolvimento da mandiocultura. Essa caracterização proporciona a identificação de genótipos, o intercâmbio de germoplasma, a determinação da divergência genética e a possível utilização do material em programas de melhoramento (Fukuda *et al.* 2003). O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética entre os acessos de espécies silvestres de *Manihot*, por meio de caracteres morfológicos quantitativos e qualitativos.

Material e Métodos

O trabalho foi realizado no banco de germoplasma de espécies silvestres de *Manihot* da Embrapa Mandioca e Fruticultura em Cruz das Almas - BA. Foram caracterizados por meio de 32 marcadores morfológicos, 145 acessos, sendo 65 pertencentes à *M. esculenta* sub. *flabellifolia* e 80 a *M. anomala* Pohl. Dentre os descritores utilizados na caracterização, 10 foram quantitativos: Largura do lóbulo central (cm), comprimento do lóbulo central (cm), comprimento do pecíolo (cm), altura da planta (cm), altura da primeira ramificação (cm), Comprimento sem folha, retenção foliar (%), Relação Comprimento/Largura do lóbulo, número de hastes, níveis de ramificação e 22 qualitativos: Comprimento da filotaxia; pubescência do broto apical; número de lóbulos; hábito de crescimento; hábito de ramificação; sinuosidade do lóbulo foliar; Forma do lóbulo central, cor da folha, cor do pecíolo, cor externa do caule, cor do corte, floração, cor da folha desenvolvida, cor da epiderme, cor dos ramos terminais, cor da nervura, posição do pecíolo, proeminência de cicatrizes foliares, tipo de planta, pólen, fruto, látex.

Foi realizada análise de agrupamento considerando os descritores quantitativos e qualitativos simultaneamente, segundo o algoritmo de Gower (GOWER, 1971). Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distância genética foram obtidos pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic*) e a matriz de distância genética utilizando o algoritmo de Gower foi obtida pelo programa (SAS 2006) e o dendrograma foi obtido pelo programa Statistica 7.1 (STATSOFT, 2005).

Para os descritores quantitativos foram calculadas as estatísticas descritivas: média, desvio padrão, valores mínimos e máximos e coeficiente de variação por meio do programa SAS (SAS, 2006). Para os descritores qualitativos foram calculadas as frequências percentuais

de cada categoria e o nível de entropia dos caracteres por meio do coeficiente de entropia de Renyi (RENYI, 1961).

Resultados e Discussão

Na Figura 1 é apresentado o dendrograma de dissimilaridade, construído com base em 10 descritores quantitativos e 22 descritores qualitativos avaliados a partir de acessos da coleção de espécies silvestres de *Manihot* da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Os grupos formados pelo método UPGMA a partir da matriz de distâncias de Gower, possibilitaram a divisão dos 145 genótipos de espécies silvestres em 03 grupos: Grupo I com 78 genótipos de *M. anomala* Pohl, Grupo II com 65 genótipos *M. esculenta* sub. *flabellifolia* e, Grupo III formado por 2 genótipos de *M. anomala* Pohl, demonstrando assim a presença de diversidade genética tanto intra como interpopulacional entre os genótipos analisados.

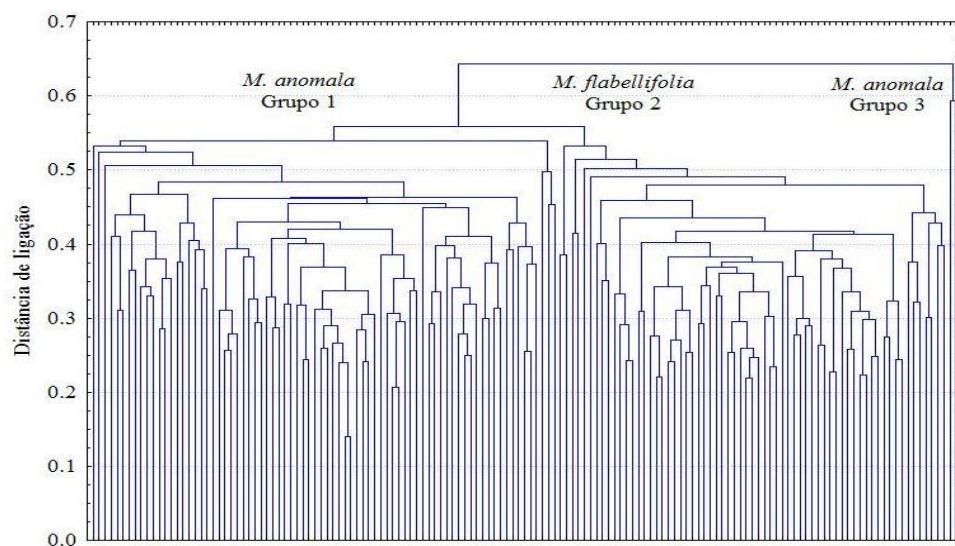


Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade baseado em 10 descritores quantitativos e 22 qualitativos avaliados em 145 acessos da coleção de espécies silvestres de *Manihot* da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, 2012.

A amplitude dos coeficientes de variação variou entre 16,83% a 83,20% para as variáveis comprimento do lóbulo central e altura da primeira ramificação, respectivamente. As maiores variações dentre as variáveis quantitativas observadas foram para a altura da planta (66,00 a 322,00 cm), com média de 187,39 cm; comprimento sem folha (11,00 a 200,00 cm), com média de 75,45 cm; e altura da primeira ramificação (2,00 a 154,00 cm),



com média de 29,96 cm. Estas variáveis estão diretamente relacionadas com o manejo da cultura, embora não existam relatos de qual seria o ideal, sabe-se que, plantas mais altas, com comprimento da haste sem folha e altura da primeira ramificação maiores são preferidas, pois facilitam a realização dos tratos culturais e a colheita.

Os descritores qualitativos que apresentaram os maiores níveis de entropia foram cor do pecíolo (1,31), forma do lóbulo (1.05), número de lóbulos (0,92), látex (0,87), posição do pecíolo (0,87). O nível de entropia pode ser utilizado para quantificar a variabilidade presente em descritores por meio da observação das freqüências relativas dos acessos classificados dentro das diversas categorias. Valores altos para o nível de entropia correspondem a não concentração de acessos em uma determinada classe fenotípica para um descritor.

Conclusão

As variáveis que apresentaram maiores entropias foram: cor do pecíolo, forma do lóbulo, número de lóbulos, látex, posição do pecíolo. O descritor quantitativo que apresentou a maior variação foi altura da planta.

Os 145 acessos foram divididos em 03 grupos distintos em função de dissimilaridade genética, evidenciando assim a presença de diversidade genética.

Essa variabilidade genética pode ser explorada na identificação de indivíduos que podem ser utilizados nos programas de melhoramento de mandioca visando à obtenção de cultivares comerciais superiores.

Bibliográficas

FUKUDA, W. M. G.; IGLESIAS, C.; SILVA, S. O. Melhoramento de mandioca. Cruz das Almas: CNPMF, 2003. 53p.

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

RENYI, A. **On measures of entropy and information.** Fourth Berkeley Symposium, Berkley, 1960. p. 547-561.1961.

SAS INSTITUTE. SAS Technical Report. **SAS/STAT software: Changes and Enhancement**, Release 9.1. 3, Cary NC: SAS Institute. 2006.

STATSOFT, Inc. **Statistica for Windows (data analysis software system)**, version7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.



VICENTE MC, GUZMÁN FA, ENGELS J, RAMANATHA RAOV (2005) Genetic Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: **The Role of Biotechnology**, 2005. Turin. **Proceedings....**, Turin: [s.n.], p. 121-128.