UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA POR MEIO DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR EM ANGOLA.

SANDRA DOMINGOS JOÃO AFONSO

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
JUNHO- 2018

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA POR MEIO DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICAS E MOLECULAR EM ANGOLA.

SANDRA DOMINGOS JOÃO AFONSO

Mestre em Recursos Genéticos Vegetais
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2013

Tese submetida ao Colegiado de Curso do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para obtenção do Grau de Doutora em Ciências Agrárias, (Área de Concentração: Fitotecnia).

Orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo
Coorientador: Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira
Coorientador: Prof. Dr. Pascoal António Muondo
Coorientador: Prof. Dr. Vanderlei da Silva Santos

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
JUNHO - 2018

FICHA CATALOGRÁFICA

A257d

Afonso, Sandra Domingos João.
Diversidade genética e seleção de genótipos de mandioca por meio de caracterização morfoagronômica e molecular em Angola / Sandra Domingos João Afonso._ Cruz das Almas, BA, 2018.
143f.; il.

Orientador: Carlos Alberto da Silva Ledo.
Coorientador: Ricardo Franco Cunha Moreira.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas.

1.Mandioca – Cultivo. 2.Mandioca – Variabilidade genética. 3.Marcadores moleculares – Análise. I.Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. II.Muondo, Pascoal António. III.Santos, Vanderlei da Silva. IV.Título.

CDD: 633.682

Ficha elaborada pela Biblioteca Universitária de Cruz das Almas – UFRB.
Responsável pela Elaboração – Antonio Marcos Sarmento das Chagas (Bibliotecário – CRB5 / 1615).
Os dados para catalogação foram enviados pela usuária via formulário eletrônico.

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA POR MEIO DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICAS E MOLECULAR EM ANGOLA.

COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE TESE DE
Sandra Domingos João Afonso

Realizada em 15 de Junho de 2018

Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia- UFRB
Examinador Interno (Orientador)

Profa. Dra. Simone Alves Silva
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Interno

Profa. Dra. Viviane Peixoto Borges
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB
Examinador Externo

Dra. Jamile da Silva Oliveira
Embrapa Agrocinco
Examinador Externo

Profa. Dra. Hellen Cristina da Paixão Moura
Universidade Estadual do Norte Fluminense- UENF
Examinador Externo

As meus pais, Mateus Afonso e Margarida Afonso (*in memorian)*, meus irmãos, Jesus, Africano, Mateus, Olávio, Tucha, Nela e em especial ao meu filho, Hermenegildo Marcelino(Helsandro), que esteve ao meu lado em todos os momentos, agradeço pelo amor, compreensão e acima de tudo o carinho.

Dedico

“Como é feliz o homem que acha sabedoria, o homem que obtém entendimento, pois a sabedoria é mais proveitosa do que a prata e rende mais do que o ouro. É mais preciosa do que rubis; nada do que você possa desejar se compara a ela. Na mão direita, a sabedoria lhe garante vida longa; na mão esquerda, riquezas e honra. Os caminhos da sabedoria são caminhos agradáveis, e todas as suas veredas são paz. A sabedoria é árvore que dá vida a quem a abraça.”

Provérbios 3.13-18

AGRADECIMENTOS

Durante a minha formação de doutorado, enfrentei muitos obstáculos, as quais tive a oportunidade de colher experiências, que contribuíram para o meu crescimento profissional.

Primeiramente agradeço a **Deus**, por tudo que tem feito em minha vida, pela presença constante, força e sabedoria, sem as quais nada seria possível.

Ao Instituto Superior Politécnico do Kwanza-Sul, na pessoa do Diretor Geral Professor Dr. Manuel Spínola, por apostar e acreditar no projeto de Doutorado, aos seus Adjuntos Professor Dr. Adérito Pais da Cunha, Professor Dr. António Domingos Gaspar e a MSc. Ana Figueira, pela amizade e incentivo.

À Universidade Federal de Recôncavo da Bahia, pela oportunidade de ingresso no Programa de Pós-graduação em Ciências Agrárias e consequente realização do curso de Doutorado.

À Embrapa, pela infraestrutura concedida para a realização do trabalho.

Aos meus pais, Mateus Afonso e Margarida Afonso (*in memoriam),* pela orientação e oportunidade concedida nesta vida.

Ao Instituto Nacional de Gestão de Bolsas de Estudo (INAGBE) de Angola, pela bolsa concedida.

À Companhia de Alimentos de Malanje (CAM), por ter permitido a realização do ensaio no seu campo experimental e, em especial, na pessoa do Eng.º Fernando Correia, Eng.º Francisco Marques, a Sra. Sónia Pinga, e a todos os funcionários.

Aos meus irmãos e primos, Afonso, Africano, Bruno, Conceição, Denise, Helena, Kaiolev, Nela, Mateus, Olávio, Tarciso, Tucha, que sempre me apoiaram incondicionalmente.

Ao meu orientador, Professor Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo, a minha sincera gratidão pela confiança ao aceitar me orientar e compartilhar seus conhecimentos.

Ao meu coorientador, Professor Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira, por toda a confiança, atenção, orientação, pelas oportunidades oferecidas, mas principalmente pela sua amizade, por não medir esforços para o meu bem-estar e equilíbrio, e acima de tudo, pela paciência na correção da tese. Dizer que és um exemplo a seguir como profissional e como pessoa.

Ao meu coorientador, Professor Dr. Pascoal António Muondo, pela amizade, incentivo, e ensinamentos durante o decorrer deste trabalho.
Ao meu coorientador, Professor Dr. Vanderlei da Silva Santos, por aceitar coorientar o trabalho e pela amizade.
Ao Professor Dr. Carlos Alfredo de Lopes de Carvalho, ex-coordenador do Curso de Pós-Graduação em Ciências Agrárias pela atenção e simplicidade.
Ao Professor Dr. Carlos Augusto Dórea Bragança, coordenador do Curso de Pós-Graduação em Ciências Agrárias pela atenção.
Aos colegas e técnicos (também colegas!) do Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, pela ajuda no laboratório, pelos ensinamentos, pelas discussões e também pelos momentos de amizade e descontração.
Aos meus queridos pastores da Igreja Batista do Brasil Jurandi do Carmo e Jeane Pereirra, pela amizade, incentivo e atenção.
Aos amigos que fiz em Cruz das Almas, em especial a Ana Peixoto, Édico Gomes, Helena Cardoso, Eliane Marques, Nadja Santos, Thamires Bomfim, Zozilene Teles, pela amizade e o incentivo.
Aos meus amigos, as quais a distância nunca irá nos separar e que sempre poderei contar com a amizade, apoio, carinho e dedicação: Prof. Dr. Raimundo Kwaya, Prof. Dr. Joel Eculica, Prof. Dr. Lourenço Lino, André Ndjamba, António Sapalo, Austreségilo Yoba, Carlos Dias, Conceição Malite, Dadalgiza Gando, Denise Figueiredo, Dolina Miguel, Dolvira Francisco, Hélder Marcelino, Hérdel Pedro, Isabel Chambingo, Lafayete Fernandes, Laurinda da Conceição, Leonardo Samunga, Luzia Baptista, Kuama Berline, Miguel Lengo André, Maricela Gaspar, Mateus Sili, Mónica Mbui Martins, Nico Dumbo, Óscar Morais, Rosalina Carlos e Rossana Monteiro.
A todos que contribuíram direta ou indiretamente para o desenvolvimento deste trabalho, os meus sinceros agradecimentos**.** Que o Senhor Deus, Todo Poderoso, abençoe a cada um de vocês. MUITO OBRIGADA.

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA POR MEIO DE CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICAS E MOLECULAR EM ANGOLA.

Autora: Sandra Domingos João Afonso
Orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo
Coorientador: Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira
Coorientador: Prof. Dr. Pascoal António Muondo
Coorientador: Prof. Dr. Vanderlei da Silva Santos

RESUMO: A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é considerada a mais brasileira das culturas, por ser originária do Brasil e cultivada em todos países tropicais. Sua exploração, basicamente é feita por pequenos produtores, em áreas marginais de agricultura, devido a sua rusticidade e a capacidade de produzir relativamente bem em condições em que outras espécies sequer sobreviveriam. Sendo assim, objetivou-se avaliar a estrutura de populações, a diversidade genética e a seleção de genótipos de mandioca em Angola por meio de caracteres agronômicos e marcadores moleculares. O experimento de campo foi conduzido nos anos agrícolas de 2015-2016 e 2017-2018, em Malanje, Angola, com quarenta genótipos de mandioca no delineamento blocos ao acaso com 4 repetições. Cada parcela foi constituída por cinco linhas de 10 plantas em espaçamento de 0,90 x 0,90 m. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, quando significativo, e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. Foram estimados níveis de entropia dos caracteres, estrutura de população, coeficientes de correlação de Pearson, análise conjunta de variáveis quantitativas, qualitativas, índice de seleção de Mulamba e Mock e índices para determinar os primers ISSR mais informativos como o conteúdo de informação polimórfica, o índice do marcador e poder de resolução. A caracterização morfoagronômicas dos genótipos avaliados demonstrou a existência de materiais promissores que podem ser utilizados na diversificação do plantio de mandioca em Angola. As variedades de mandioca mais promissoras são Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda, Vermute, Jaca Vermelha, Jaca Branca. A caracterização molecular revelou que há diversidade

genética dentro de cada população estudada. Os índices utilizados para determinar os primers mais informativos possibilitaram a discriminação de primers diferentes, que poderão ser utilizados em futuro estudos de populações de mandioca. Houve estruturação genética entre as populações estudadas. Existe variabilidade genética a partir das características morfoagronômicas nas variedades de mandioca avaliadas.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz, descritores morfológicos e agronômicos, variabilidade genética, métodos estatísticos.

GENETIC DIVERSITY AND SELECTION OF CASSAVA GENOTYPES BY MORPHAGRONOMIC AND MOLECULAR CHARACTERIZATION IN ANGOLA

Author: Sandra Domingos João Afonso
Advisor: Carlos Alberto da Silva Ledo
Co-advisor: Ricardo Franco Moreira Cunha
Co-advisor: Pascoal António Muondo
Co-advisor: Vanderlei da Silva Santos

ABSTRACT: Manihot *(Manihot esculenta* Crantz) is considered the most Brazilian of the cultures, being native to Brazil and cultivated in all tropical countries. Its exploitation is basically made by small producers in marginal areas of agriculture because of their rusticity and the ability to produce relatively well under conditions where other species would not even survive. The objective of this work was to evaluate the population structure, genetic diversity and selection of cassava genotypes of Angola by means of agronomic characteristics and molecular markers. The field experiment was conducted in the agricultural years of 2015-2016 and 2017-2018 in Malanje, Angola, with forty cassava genotypes in the randomized block design with 4 replicates and each plot consisted of five lines of 10 plants with one spacing of 0.90 x 0.90 m. The data were submitted to analysis of individual and joint variance, when significant, the means were grouped by the Scott-Knott test. Character entropy levels, population structure, Pearson correlation coefficients, pooled analysis of quantitative, qualitative variables, Mulamba and Mock index for selection and indices were determined to determine the most informative ISSR primers such as polymorphic information content, marker index and resolution power. The morphoagronomic characterization of the evaluated genotypes indicates the existence of promising materials that can be used in the diversification of cassava planting in Angola. The most promising cassava varieties are Tio Jojo, Ngana Yuculu and Kimbanda. The molecular characterization revealed that there is genetic diversity within each studied population. The indices used to determine the most informative primers allowed the discrimination of different primers, which could be used in future studies of cassava populations. There was genetic structuring among the populations studied. There is genetic variability from the morphoagronomic characteristics of the varieties of cassava evaluated.

Key word: *Manihot esculenta* Crantz, morphological and agronomic descriptors, genetic variability, statistical methods

ABREVIAÇÕES E SIGLAS

CAM	Companhia de Alimentos de Malanje
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agro-pecuária
ERRNET	East African Root Crops Research Nework
FAO	Fundo das Nações Unidas para Alimentação
IIA	Instituto de Investigação Agronômica
IDA	Instituto de Desenvolvimento Agrário
INAMET	Instituto Nacional de Meteorologia
IGCA	Instituto Geógrafo e Cadastral de Angola
IITA	Instituto Internacional da Agricultura Tropical
IPAD	Instituto Português de Apoio ao Desenvolvimento
NPK	Nitrogênio, Fósforo e Potássio
MIAA	Missão de Inquéritos Agrícolas de Angola
Pág.	Página
PNIRT	Programa Nacional de Investigação de Raízes e Tubérculos
SARRNET	South African Root Crops Research Network

Sumário

Página

RESUMO

ABSTRACT

Referencial Téorico……...19

1. Origem e Domesticação……19

2. Aspecto botânico e morfológico 20

3. História da Mandioca em África..…….……24

4. Importância da Mandioca.....26

5. Descritores botânicos, morfológicos e agronómicos..……..32

6. Marcador Molecular ISS.....33

7. Caracterização de germoplasma. 34

8. Diversidade genética 36

9. Estrutura genétiga de populações.....39

10. Índice de selecção..……..…….....42

ARTIGO 1

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MANDIOCA DE ANGOLA BASEADA NA ANÁLISE CONJUNTA DA CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E MOLECULAR……...57

1.Introdução……..60

2. Material e métodos……..62

3. Resultados e Discussão…….66

4. Conclusões 77

5. Referências bibliográficas..……78

ARTIGO 2

ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE MANDIOCA (*manihot esculenta* Crantz) EM ANGOLA POR MEIO DE MARCADORES ISSR……..……..…… 83

1. Introdução……...……85

2. Material e métodos……..87

3. Resultados e Discussão....…….....92

4. Conclusões 104

5. Referências bibliográficas 105

ARTIGO 3

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA EM ANGOLA A PARTIR DE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS…….....111

1. Introdução…….....114

2. Material e métodos.……...117

3. Resultados e Discussão……...122

4. Conclusões 139

5. Referências bibliográficas 140

CONSIDERAÇÕES FINAIS.....143

INTRODUÇÃO

A República de Angola é um país da costa ocidental da África (Sudoeste), sendo um dos mais ricos em recursos naturais como petróleo e diamantes, além de possuir maior potencial agrícola, contribuindo para o desenvolvimento do continente africano. Localizado ao sul do Equador e ao norte do Trópico de Capricórnio, apresenta como coordenadas geográficas limítrofes os paralelos 4° 22' e 18° 02' sul e os meridianos 11º 41' e 24º 05' leste, com uma superfície total de 1.246.700 km^2. É o sexto país de maior dimensão da África, de forma que sua capital é a maior cidade, denominada Luanda. O seu território é limitado ao norte pela República Democrática do Congo, ao leste pela República da Zâmbia, ao sul pela República da Namíbia e a oeste pelo Oceano Atlântico. E, apresenta 4.837 km de fronteiras secas e 1.650 km de litoral (CARVALHO, 2014).

A mandioca se tornou uma das principais culturas alimentares de grande parte da população africana. Desde a introdução e difusão da mesma, entre os séculos XVI e XVII, foi integrada rapidamente na cadeia alimentar de seus povos, sendo fonte de hidratos de carbono Em Angola, a mandioca é cultivada em mais de 60% do território destinado à agricultura, sendo consumidas as suas raízes e folhas. As regiões Norte e Leste são as zonas onde se concentram as maiores produções da cultura no país (MUONDO, 2013).

Atualmente, o maior produtor mundial de mandioca é a Nigéria , seguido por Tailândia, Brasil, Indonésia, República Democrática do Congo, Gana e Angola. Juntos, esses países representam mais de 60% da produção mundial. O Brasil ocupa a terceira posição com uma produção de 21,0 milhões de toneladas e Angola a nona posição, com produçãode 10 milhões de toneladas em 2016 (FAOSTAT, 2018). A mandioca é a base de matéria-prima para uma série de produtos, o que pode aumentar a demanda pela planta e contribuir para a transformação agrícola e crescimento econômico nos países em desenvolvimento (FAO, 2017). Entretanto, os potenciais de produtividade e qualidade das raízes, somente são maximizados em plantações bem conduzidas e com materiais genéticos superiores (BARBIERO, 2018).

A diversidade genética é muito importante, pois o sucesso de qualquer programa de melhoramento fundamenta-se na presença de variabilidade para a característica que se deseja melhora. A diversidade genética da mandioca é

ampla, concentrado principalmente na América Latina e no Caribe (NASSAR, 2006). O gênero *Manihot* apresenta variabilidade genética natural, o que favorece os projetos de pesquisa que visam o melhoramento genético com a mandioca cultivada (NASSAR; GRATTAPAGLIA, 1986), buscando aumentar os rendimentos das raízes tuberosas, conteúdo cianogênico, priorizando a tolerância à seca, baixas condições de fertilidade do solo e resistência a uma ampla gama de doenças (EL-SHARKAWY, 2004).

Partindo para o conhecimento do germoplasma, é importante avaliar, identificar e descrever diferenças entre acessos (CHIORATO et al., 2006; COSTA et al., 2009). Por isso, diferentes características são utilizadas neste trabalho, destacando-se as agronômicas, as morfológicas e a molecular. Como resposta, espera-se que os resultados permitam a separação dos acessos, a identificação de duplicatas e acessos com características relevantes e de interesse para os programas de melhoramento e desenvolvimento na cultura da mandioca.

Os descritores morfológicos têm sido usados por pesquisadores para a caracterização de germoplasma (BUTTOW et al., 2010; MARIOT; BARBIERE, 2010), e embora existam técnicas mais avançadas como a caracterização molecular, a descrição morfológica é mais acessível e antecede outras técnicas, permitindo a orientação do trabalho a ser realizado com marcadores mais sofisticados, como os marcadores moleculares (RITSCHEL et al., 2011).

A caracterização molecular atualmente tem sido utilizada para complementar dados fenotípicos, principalmente em função de eles não sofrerem influência do ambiente e por permitirem a obtenção de uma grande quantidade de informação referente ao genoma da espécie em estudo (CARVALHO; ACHAAL, 2001; ZACARIAS et al., 2004; VIEIRA et al., 2008; VIEIRA et al., 2010).

Nos programas de melhoramento da mandioca, os bancos de germoplasma e as coleções de trabalho exercem um papel de extrema importância na conservação da variabilidade genética da espécie, que se encontra disponível para o uso imediato aos melhoradores da espécie (AFONSO, 2013).

O presente estudo teve como objetivo avaliar a estrutura de populações, a diversidade genética e a seleção de genótipos de mandioca em Angola por

meio de caracteres agronômicos e marcadores moleculares.

Referencial Téorico

1. Origem e domesticação

O Brasil é considerado como centro de origem e diversidade da espécie *Manihot esculenta* (ALLEM, 1994; VIEIRA et al., 2011; COIMBRA, 2013), no qual já foram catalogados cerca de 4000 acessos, que se encontram em coleções e bancos de germoplasma em todo o país (FUKUDA; SILVA, 2002). Nassar (2000) definiu quatro centros de diversidade para essas espécies: México e Nordeste, Centro e Sudeste do Brasil.

Considerando que a mandioca tenha sido domesticada a partir das espécies silvestres, Allem (1994) sugere que a *Manihot esculenta* Crantz ssp. *flavellifolia* (Pohl) e a Peruviana (*Mueller argoviensis)* tenham sido os possíveis ancestrais da mandioca. Posteriormente, Allem (1999) considerou a *M. pruinosa* como um outro possível ancestral da mandioca, tendo em vista dados de cruzamentos e marcadores moleculares gerados por Second et al. (1997).

Na opinião de Hershey (1992) após o descobrimento da América ocorreu uma rápida dispersão da mandioca, de modo que, no final do século XVI os portugueses levaram estacas de mandioca para a Costa Ocidental da África. Em seguida, essa cultura foi introduzida na Costa oriental da África, sendo seu cultivo difundido por todo o Continente Africano, onde se constitui em uma das principais fontes de carboidratos da população. Assim, comerciantes e conquistadores levaram as espécies de mandioca da Costa Ocidental da Mesoamérica às Filipinas e daí para o Sudeste Asiático. Por volta de 1800 foi feita a introdução dessa cultura no Sul da Índia.

Diante do exposto, pode-se afirmar que a importância da mandioca nesses continentes passou a ser reconhecida a partir do século XIX, quando chegou a ser amplamente cultivada como fonte alimentar e devido a sua tolerância aos fatores abióticos, especialmente no que se refere ao estresse hídrico (HERSHEY; AMAYA, 1982; COCK, 1985; HERSHEY, 1992).

2. Aspectos botânicos e morfológicos

De acordo com a sitemática botânica de classificação hierárquica, a mandioca é uma planta dicotiledônea pertencente à família Euphorbiaceae, composta por mais de 1700 espécies, envolvendo plantas herbáceas de importância econômica, tais como à mamona (*Ricinus comunis),* e lenhosas como a seringueira (*Hevea* spp.). Dentre esses, existem espécies de valor medicinal e ornamental (AFONSO, 2013).

As raízes são tuberosas e amiláceas, apresentando uma película externa finíssima que se destaca com facilidade e que pode apresentar diversas cores, sendo importante na caracterização das variedades. Ressalta-se que as raízes tuberosas consoante as variedades podem apresentar diferentes conformações, como por exemplo: cônicas, cilíndricas, fusiformes, estranguladas, tortuosas ou também globulosas.

As plantas de mandioca reproduzidas por via sexual apresentam uma raiz primária resultante da abertura da testa das sementes, que forma um ângulo de 90º e se aprofunda no solo. Essa raiz, do tipo pivotante, ao atingir um centímetro de comprimento dá origem a quatro ou mais raízes secundárias (CARVALHO; FUKUDA, 2006). De acordo com Viégas (1976), a raiz principal, se for deixada crescer, torna-se um órgão de reserva, ereto, fusiforme, vertical e contínuo à haste.

Nas plantas de mandioca reproduzidas por estacas, o número de raízes é variável, sendo originadas dos bordos onde se forma o calo resultante da cicatrização dos cortes da estaca e das cicatrizes deixadas pelas estípulas e gemas (LEÓN, 1987). Em uma estaca de mandioca são formadas de 1 à 10 raízes tuberosas, cuja distribuição e profundidade dependem do genótipo. Essas raízes podem apresentar pedúnculos com comprimentos variados em função do clone, como também diversos tipos de forma, comprimento, presença de constrições e facilidade de se destacar da estaca-semente (CARVALHO;FUKUDA, 2006).

A planta de mandioca possui caule subarbustivo, ereto, com nós e gemas que permitem a propagação vegetativa (maniva). O caule pode ser dicotômico, tricotômico, tetracotômico, ramificado em quatro hastes e indiviso ou não,

podendo apresentar ramificação, frequentemente observado em materiais silvestres (CÂMARA; GODOY 1998; CONCEIÇÃO, 1987; NASSAR, 2000). O talo da mandioca, estrutura de sustentação da planta é responsável pela altura e largura que varia em forma, número e ângulo de ramificação (DOMÍNGUEZ, 1984).

A cor do caule é uma característica que varia entre os diversos genótipos e com a idade da planta. Nas regiões mais jovens se apresenta com diferentes tonalidades de verde, vermelho claro, pardo e outras, aparecendo manchas de tonalidades distintas à medida que a haste vai se tornando madura, variando também a depender do material analisado, (CARVALHO; FUKUDA, 2006).

O caule da mandioca, ao ser ferido, libera um látex branco e leitoso que em contato com o ar é coagulado, tornando-se pardacento. O látex é produzido em toda a planta, sendo mais observado por meio de cortes no caule (CARVALHO; FUKUDA, 2006).

As folhas da mandioca são decíduas e duram de um a dois meses no caule, dependendo da variedade, das condições climáticas e fitossanitárias. Também, são constituídas por pecíolos e limbos, apresentando o pecíolo comprimento variável, podendo ser muito reduzido em alguns genótipos e ser encontrado com diversas inclinações em relação à haste, sendo mais comuns as formas inclinadas para cima, horizontal e inclinada para baixo. Outra característica marcante é a coloração do pecíolo, que é variável, apresentando distintas tonalidades, que vão desde a verde-amarelada, verde e vermelha até a roxa (CARVALHO; FUKUDA, 2006).

O limbo é partido, originando lóbulos em número de 3 a 11, com elevada diversidade em forma, bordos, largura, cor e comprimento. Essas características são de interesse taxonômico e importante na caracterização de variedades. A forma do lóbulo central é de grande interesse, por se tratar de um descritor relevante na caracterização morfológica de variedades, bem como a cor da folha desenvolvida e das nervuras, que podem se apresentar nas cores verde, amarela ou vermelha, podendo ser igual ou diferente nos dois lados da folha (EMBRAPA, 2006).

As flores da mandioca são compostas na extremidade superior por hastes, geralmente onde acontece a ramificação das mesmas. São panículas

com 5 a 15 cm de comprimento em média, apresentando brácteas basais curtas e agudas, com coloração que varia a depender do genótipo. Em uma mesma inflorescência, pode-se encontrar, em média, 50 flores estaminadas na parte superior e 6 pistiladas na região inferior (CARVALHO; FUKUDA, 2006).

A flor masculina da mandioca é estaminada, encontrada na parte superior da inflorescência da mandioca. É monoclamídea, sendo o perianto reduzido apenas ao cálice, formado por cinco sépalas imbricadas e medindo de 6 a 8 mm de comprimento, com variação de acordo com o genótipo. A coloração é geralmente uniforme, na qual predomina a cor verde ou levemente amarela, embora possa apresentar franjas no centro e nos bordos. Essa coloração depende do genótipo em estudo e pode variar, mesmo na própria flor (EMBRAPA, 2006).

Segundo Viégas (1976), no centro da flor masculina se encontra um ovário rudimentar circundado por um disco urceolado com lobos, de modo que cada um deles é bilobado. Esse disco é intraestaminal e apresenta nectários, sendo que seus lobos se opõem às partes do cálice. Dez estames em dois ciclos de cinco estão inseridos sob o disco, em uma disposição em que os mais internos se alternam com peças do cálice e os externos apresentam seus filetes mais desenvolvidos. Na extremidade de cada filete há anteras birrimosas e introrsas direccionadas para o eixo da flor. Estas produzem pólen em grande quantidade, na cor amarela, com grãos esféricos e vários poros.

Enquanto a flor masculina apresenta o pedicelo reto e curto, na feminina este é curvo e comprido. Essas flores, encontradas na porção basal da inflorescência, são voltadas inicialmente para cima e pêndulas após a fecundação, sendo maiores que as estaminadas, apresentando um cálice com tamanho que varia entre 10 a 12 mm. As sépalas são divididas até a base (CARVALHO; FUKUNDA, 2006).

No centro da flor pistilada se encontra um disco bem desenvolvido, amarelo ou avermelhado, sobre o qual está o ovário elipsoidal, com seis aristas longitudinais bem definidas. O ovário é súpero, trilocular, com um óvulo em cada lóculo. Os estiletes, três no total, são curtos e presos entre si. Nas extremidades dos mesmos se encontra o estigma, que é bem desenvolvido, largo, carnoso, trilobado e ondulado. Enquanto na flor masculina há um ovário muito atrofiado,

na feminina são encontrados, na maioria das vezes, estaminódios, não funcionais. Em todas as partes da flor se encontram canais de látex associados ao floema (EMBRAPA, 2006).

A planta possui mecanismo que favorece a alogamia, dicogamia protogínica, isto é, na mesma inflorescência de uma mesma planta, as flores masculinas amadurecem uns dias depois das flores femininas. (EMBRATER 1979; FARIAS et al., 2006; BERNARDES *et al.,* 2009). Para Soto, 2015, a plantas são altamente heterozigotas e possuem forte depressão endogâmica ocasionada pelas autofecundações.

Para Carvalho e Fukuda (2006), as descrições dos frutos das plantas da família Euphorbiaceae nem sempre são elucidativas, uma vez que, em muitos casos, os classificadores não dispuseram dessas estruturas para completar suas diagnoses. As descrições de algumas espécies podem ter sido desenvolvidas sem o conhecimento das flores femininas e seus frutos. Em *Manihot* verifica-se o fruto esquizocarpáceo, com a formação de cocas e a presença do carpóforo (coluna central), que persiste na planta após a deiscência do fruto. São frutos com mais de 1,5 cm de comprimento, com cocas não esquinadas e que apresentam dorso alado, coluna central robusta, não partida (BARROSO, 1991).

O fruto é uma cápsula contendo três sementes, designando-se por isso tricoca, com deiscência loculicida e septicida, abrindo-se em seis válvulas, quando amadurece ou se encontra seco (EMBRATER, 1979). Já as sementes são pequenas, carunculadas acinzentadas, “providas de testa e tegumento, micrópila, hilo, rafe e chalaza” (CONCEIÇÃO, 1987).

A maturação dos frutos dura em torno de cinco meses após os quais se abrem e expulsam as sementes. Estas apresentam cerca de 10 mm de comprimento e, em média, 5 mm de largura, sendo a testa dura e brilhante, coberta por manchas escuras. No ápice é possível encontrar a carúncula, a qual se apresenta branca e carnosa. Internamente tem-se o embrião entre as duas bases das folhas cotiledonares, rodeado por uma massa grossa de endosperma (CARVALHO; FUKUDA, 2006).

Todas as plantas de mandioca apresentam compostos tóxicos, sendo a variação da sua concentração nas suas raízes. O composto tóxico da planta é a presença de glicosídeos cianogênicos conhecidos como linamarina e

lotaustralina (proporção de 93:7), os quais sob ação de ácidos e enzimas sofrem hidrólise e liberam acetona, glicose e ácido cianídrico (HCN). Segundo Cagnon et al., (2002) o HCN constitui-se num produto tóxico que inibe a atividade das enzimas da cadeia respiratória dos seres vivos.

A mandioca classifica-se segundo seus conteúdos HCN/kg de raízes frescas: I) não venenosas, menos de 50mg de HCN/kg da raiz fresca; II) pouco venenosa, de 50mg a 80mg de HCN/kg de raiz fresca; III) venenosa, de 80mg a 100mg de HCN/kg da raiz fresca; IV) muito venenosa mais de 100mg de HCN/kg de raiz fresca (OLIVEIRA ,1986).

Com relação ao valor nutritivo, a mandioca é uma ótima fonte de energia, visto que cada 100g de sua parte comestível fornece 149 K cal. São encontradas vitaminas B1 (Tiamina – fator antineurítico), B2 (Riboflavina – fator crescimento) e PP (Ácido Nicotínico ou Niacina) nas raízes frescas (SARMIENTO, 1993).

3. História da Mandioca na África.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) foi introduzida do Brasil, seu país de origem, para as áreas tropicais da África, Extremo Oriente e Caribe pelos portugueses durante os séculos XVI e XVII (JONES, 1959). Na Costa do Ouro (atual Gana), os portugueses cultivavam a safra em torno de seus portos comerciais, fortalezas e castelos e era um dos principais alimentos consumidos tanto por portugueses quanto por escravos. Na segunda metade do século XVIII, a mandioca havia se tornado a cultura mais amplamente cultivada e usada pelos povos das planícies costeiras (ADAMS, 1957).

A disseminação da mandioca da costa para o interior foi muito lenta. Chegou a Ashanti (Brong Ahafo) e ao norte de Gana, principalmente ao redor de Tamale em 1930. Até o início da década de 1980, os akans do cinturão florestal preferiam banana-da-terra, inhame, sorgo e milho no norte. A mandioca ficou firmemente estabelecida na maioria das áreas após a grave seca que ocorreu no anos de 1982 a 1983, quando todas as outras colheitas falharam completamente (KORANG-AMOAKOH et al., 1987). A mandioca e as suas várias preparações, incluindo fufu, gari e konkonte, são agora alimentos muito

populares em todo o Gana e não apenas nas regiões costeiras, como aconteceu há 20 anos.

Durante os séculos XVI e XVII ocorreu a introdução da mandioca em Angola, de modo que esta se tornou uma das principais culturas alimentares de grande importância para os seus habitantes (MUONDO, 2013).

Ao chegar na África, a mandioca passou primeiro por São Tomé e Príncipe após o seu reconhecimento como cultura alimentar. Hoje, é capaz de substituir os cereais, assim como ser utilizada no fabrico do pão, verificou-se rapidamente a sua difusão por todo mundo tropical, podendo-se admitir, também, que após as descobertas esta pode ter sido uma das primeiras plantas de origem americana introduzida na África (FICALHO, 1947).

De acordo com registros, a mandioca foi introduzida pelos portugueses em 1558 na bacia do Congo, tendo sido difundida rapidamente pelos territórios limítrofes (JONES, 1959). No entanto, os navegadores portugueses e árabes levaram a mandioca para Madagáscar apenas no século XVIII (CAMARGO, 2007).

Na República Democrática do Congo onde a cultura foi introduzida, o milho, a banana e o inhame eram os alimentos tradicionais, mas os agricultores adotaram a mandioca, porque fornecia uma fonte mais confiável de alimentos durante a seca, durante a época de fome e a cultura apresentava maior resistência ao ataque de gafanhotos. Embora houvesse algum comércio local de mandioca, a produção era principalmente para consumo doméstico e a mandioca era preparada da maneira mais simples, isto é, cortada e fervida (JONES, 1959).

Segundo Carter (1993), as primeiras introduções da mandioca aconteceram pela seguinte ordem: Bioko, na Guiné Equatorial; São Tomé e Príncipe; Serra Leoa e na costa angolana entre Luanda e o rio Zaire. Outros autores fazem referência que entre a introdução e a expansão desta cultura se passaram cerca de 250 anos (MUONDO, 2013). Assim sendo, a mandioca, a partir das costas angolanas, penetrou-se para o coração da África Central, desempenhando, desde então, papel relevante na história agrária destas sociedades (MAESTRI FILHO, 2007).

A mandioca foi introduzida na Nigéria no final do século XVIII, pelo comerciantes portugueses e exploradores de Fernando-Po para Warri no então Centro-Oeste da Nigéria (ADENIJI et al., 2005). No início do século XIX a introdução da mandioca espalhou-se para Lagos, Badagry, Abeokuta e Ijebu, por escravos retornando das Índias Ocidentais e Serra Leoa que se estabeleceu nessas cidades (AGBOOLA, 1979). Nesses locais, a mandioca era processada em gari, lafun e iwa-panya (assada) para ser consumida. Produtos de mandioca foram posteriormente introduzidos no leste da Nigéria ao longo da costa das cidades de Calabar e Yenagoa por comerciantes do ocidental da Nigéria. Assim, a mandioca pode ter sido introduzida na Nigéria para diferentes regiões há cerca de 330 anos (AGBOOLA,1979).

Neste contexto, verifica-se que, ainda hoje, não há conformidade entre os diversos autores quanto à origem e expansão desta cultura em território africano. Contudo, a mandioca é o produto agrícola que mais influenciou e transformou a fisionomia da agricultura da África dentre todas as espécies de origem americana.

4. Importância da mandioca

De acordo com a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO), Nigéria, Tailândia, Brasil, Indonésia, República Democrática do Congo, Gana, Vietnam, Camboja, Angola e Moçambique são os principais países produtores de mandioca, de foma que apontam esta cultura como sendo de grande importância econômica e social. O consumo *per capita* de mandioca está intimamente relacionado com o nível econômico. Os maiores consumidores *per capita* de mandioca em raiz foram registrados em Congo com 273 kg/habitante ano, Moçambique 234/kg, Gana 200 kg e no Brasil 44 kg (FAO, SEAB/DERAL, 2016).

A mandioca é rica em carboidratos, principalmente amido, produzido em mais de 80 países, sendo a África responsável por 56,8% da produção mundial; a Ásia por 32,2%; e a América Latina por 10,9%. O maior cultivo dessa cultura na África está ligado à facilidade de adaptação da cultura, bem como a sua menor exigência em tecnologia de produção (FAO, 2018).

A mandioca é o quarto alimento fornecedor de calorias no mundo, superado pelo arroz, trigo e milho. Porém, a importância que possui na segurança alimentar, especialmente para os agricultores de subsistência e comunidades carentes, é capaz de aumentar ainda mais com o efeito do aquecimento global. A mandioca, é muito usada na produção de aditivos alimentares orgânicos, como cerveja orgânica, colas especiais, xaropes, papéis, rações e, crescentemente, para a produção de etanol. Ainda, é usada para produção de derivados como chips, farinha, fécula, etc. Vale destacar, ainda, que a mandioca na África é transformada em diversos produtos, como gari, chikwangue, cascas, fufu, tapioca, etc (SOUZA, 2013).

Em Angola, as folhas de mandioca, além de serem consumidas como vegetais verdes e as raízes como alimento básico, também são utilizadas para consumo *in natura* pelos animais, sob a forma de silagem e feno, pura ou misturada com outros alimentos. No entanto, a mandioca possui potencialidades para integrar outros mercados alternativos. Além disso, tradicionalmente, o amido da mandioca é empregado na indústria alimentícia, na construção, no setor cosmético, indústria farmacêutica, metalúrgica, mineração, papel e papelão, têxtil, etc (CEREDA, 1989; CARDOSO et al., 2006).

Retomando à África, o processamento da mandioca é utilizado tradicionalmente por muitos produtores, pois estes vendem o produto sob a forma de raízes frescas, folhas, farinha crueira e bebidas alcoólicas em pequena escala. Geralmente, as mulheres estão mais envolvidas nesta prática, sendo as responsáveis pela maior parte da colheita de mandioca e ajudando diretamente no processamento e transporte. No entanto, como o processamento tem se tornando cada vez mais mecanizado, os homens estão assumindo essas atividades (NEWEKE, 1994).

Na mandioca estão presentes compostos químicos, designado por glicosídeos cianogênicos, (a linamarina e a lotaustralina, presentes nas proporções de 93-95% e 5-7%, respectivamente), as quais podem geram o ácido cianídrico (HCN), a substância tóxica da raiz da mandioca. Por isso, é importante que haja o controle no processamento da planta, pois, no preparo de alguns alimentos oriundos da mandioca, os resíduos tóxicos podem não ser removidos totalmente. Também, destaca-se que as raízes da mandioca são altamente

perecíveis, e portanto, devem ser processadas o mais rápido possível. São estabilizadas as raízes frescas no processamento, assim como os compostos cianogênicos são reduzidos a níveis seguros, a fim de tornar os alimentos palatáveis, alterando-se a textura e o sabor do produto (POULTER et al.,1989).

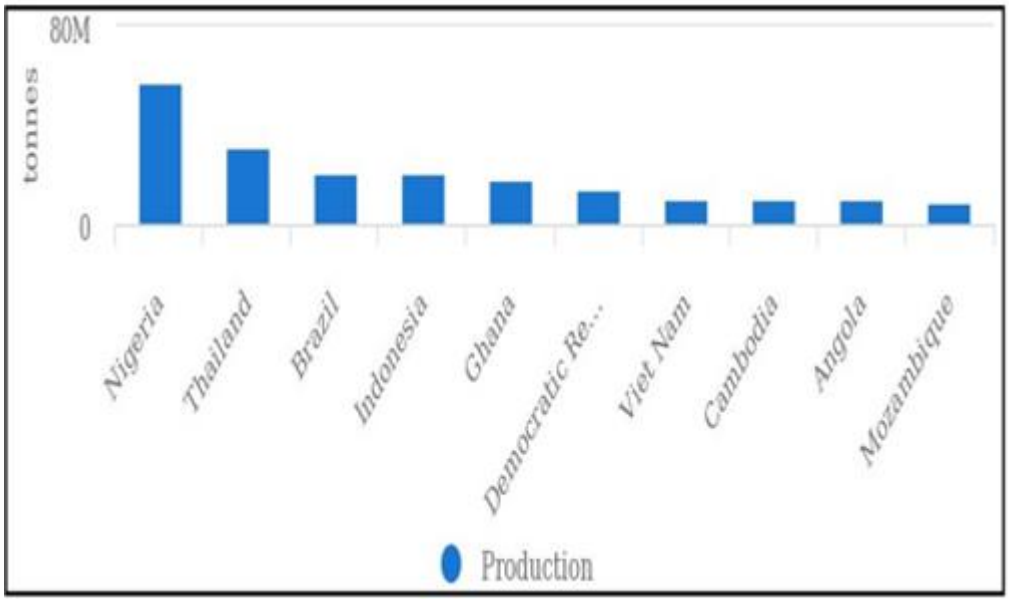
Os níveis de glicosídeos cianogênicos definem dois tipos de variedades de mandioca: a "brava" ou "amarga" e a "mansa" ou "doce". De acordo com a FAO (FAO/WHO, 2012), é considerada mansa a mandioca cujos teores de compostos cianogênicos é de até 50 $mg.kg^{-1}$. Entretanto, no Brasil, Lorenzi et al. (1993) avaliaram 206 clones, coletados em 126 propriedades, quanto aos teores de compostos cianogênicos nas raízes, e verificaram que 42,2% dos clones tinham entre teores de compostos cianogênicos entre 50 e 100 $mg.kg^{-1}$, e em 33% dos casos, os teores foram maiores que 100%. Por essa razão, desde então, no Brasil, o limite que define se uma cultivar de mandioca é mansa ou não é de 100 $mg.kg^{-1}$. Atualmente, as mandiocas mansas são conhecidas como variedades de mesa por possuírem baixo teor de cianeto e por não apresentarem sabor amargo. Essas raízes podem ser consumidas com ou sem qualquer processamento ou, ainda, após o preparo doméstico simples, como fritas, cozidas ou assadas (VALLE et al., 2004).

As variedades bravas ou venenosas, cujos níveis glicosídeos cianogênicos se concentram na raiz fresca acima de 100 mg kg^{-1}, são impróprias para o consumo fresco. Além disso, a liberação de ácido cianídrico (HCN) confere sabor amargo às raízes (BOLHUIS, 1954). Apesar disto, não há qualquer característica morfológica da planta que permita distingui-las entre as variedades (VALLE et al., 2004).

A produção mundial de mandioca continua com um ritmo de crescimento relevante, porém com maior destaque durante os anos de 2010 e 2014 quando registrou um aumento de 13% e passou de 243 milhões para 270 milhões de toneladas de raiz. (FAO, 2018). Esta se disseminou rapidamente depois que ocorreu a sua inserção no continente Africano, que hoje detém grande parte da produção mundial. Dos dez maiores produtores mundiais em 2016, cinco se encontram no continente Africano, seguido pela Ásia, com quatro países. A América do Sul possui um representante.

A Nigéria continua a ser o maior produtor mundial com 57,1 milhões de toneladas, seguido pela Tailândia (31,2 milhões), Brasil (21,1 milhões), Indonésia (20,7 milhões), Gana (17,8 milhões), Congo (14,7 milhões), Vietnam (11,0 milhões), Cambodia (10,3 milhões), Angola (10,0 milhões) e Moçambique (9,1 milhões) de toneladas/ano (FAOSTAT, 2018).

Na Figura 1 são apresentados os dez países que estão no rol de maiores produtores de mandioca no mundo:



Fonte: FAOSTAT, 2018.

Figura 1: Os Dez Maiores Produtores de Mandioca no Mundo

Em 1994 foi criado em Angola o Programa Nacional de Investigação de Raízes e Tubérculos (PNIRT), cujo objetivo era aumentar a produtividade da cultura de forma que todos os itens importantes fossem envolvidos: introdução e adaptação de variedades de alta produtividade e resistentes às principais pragas, melhoramento genético e transferência de tecnologias. Atualmente está em curso o Projeto de Desenvolvimento Rural em Malanje, que é uma parceria entre o Instituto de Desenvolvimento Rural de Angola e o Instituto Superior de Agronomia de Portugal. É importante salientar que o Governo de Angola e o Instituto Português de Apoio ao Desenvolvimento (IPAD) são os financiadores do mesmo, os Governos Provinciais desenvolvem também iniciativas com

programas que têm como prioridade a multiplicação e distribuição de material vegetativo de mandioca de qualidade (MUONDO, 2013).

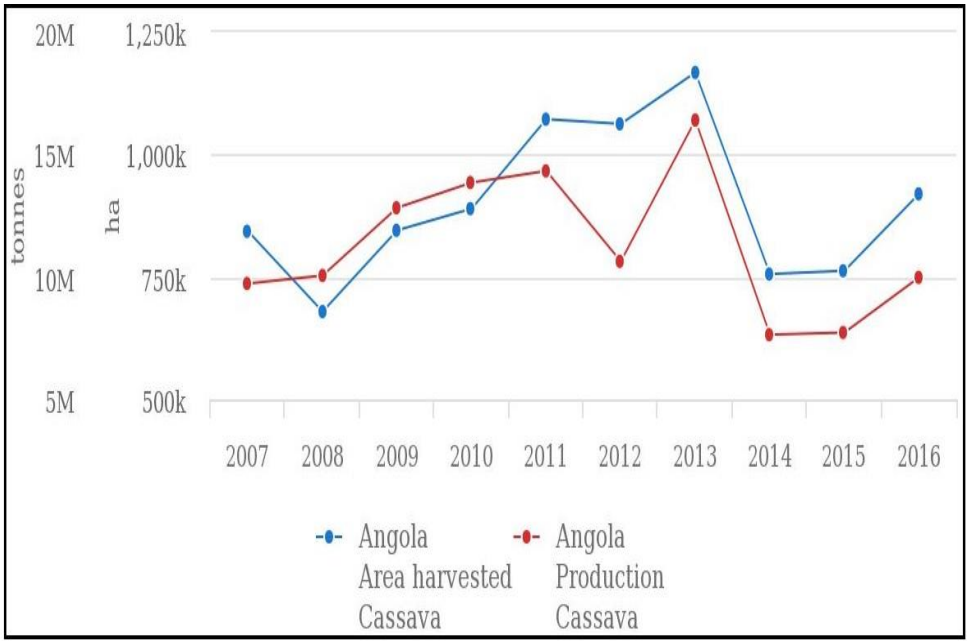
O Instituto Internacional da Agricultura Tropical (IITA), com sede em Ibadan, Nigéria, com dois grupos de trabalho (o da zona Leste e Sul da África, respectivamente, a East African Root Crops Research Network - ERRNET - e a South African Root Crops Research Network - SARRNET) foi criado na África com o intuito de melhorar a produção da mandioca. Angola faz parte deste desde o ano de 1994.

Com o fim do conflito armado em todo território angolano, a cultura da mandioca tem sido expandida, pois, a mesma é um elemento fundamental para a segurança alimentar em Angola, constituindo-se em alimento base de cerca de 40 a 50% da população, seguido pelo milho. Assim sendo, é uma cultura que representa o sustento para muitas famílias camponesas, contribuindo para a resolução dos vastos problemas socioeconômicos das mesmas, no que tange à educação, bem-estar e a saúde. A comercialização, normalmente, é efetuada de forma fresca, haja vista as raízes das variedades doces e folhas das duas categorias possuírem um mercado muito diversificado (MUONDO, 2013).

No geral, as variedades amargas só são comercializadas depois do processamento. No entanto, a mandioca doce pode ser consumida fresca, assada, frita, cozida, ou ainda, depois de um processamento tecnológico simples. Geralmente, as comercializações frescas se destinam principalmente para as empresas de processamento de farinha torrada e “musseque” e em grandes quantidades (MUONDO, 2013).

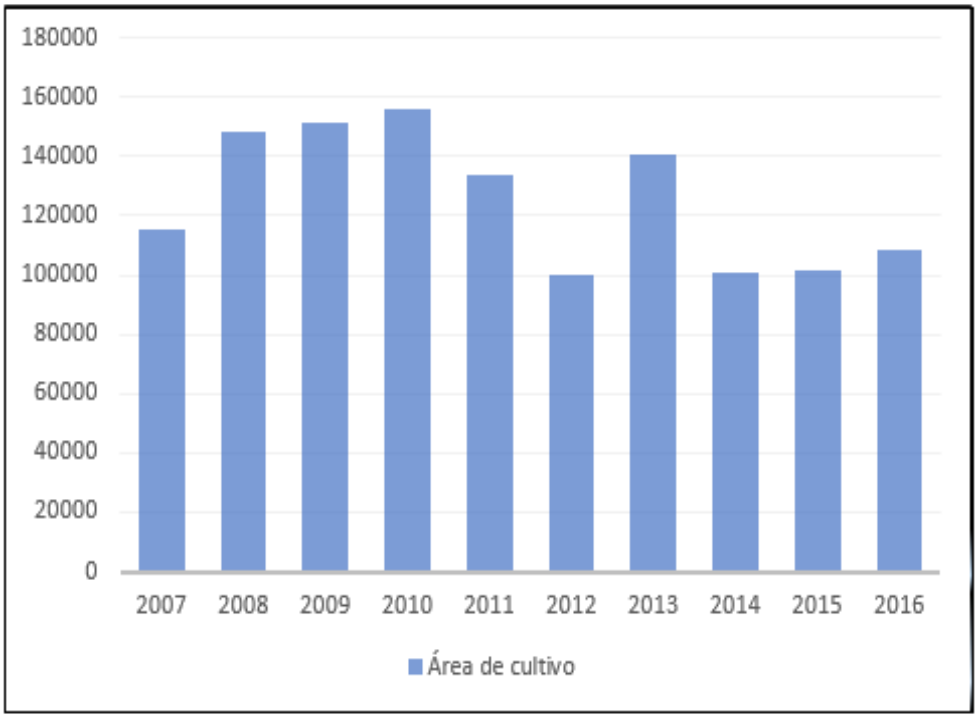
Com o fim do conflito armado, a partir de 2002, o governo angolano teve a iniciativa do reassentamento das populações nas suas áreas de origem e com a implementação do Plano Nacional de Fomento da Mandioca, objetivou-se na minimização dos problemas de segurança alimentar e dar resposta às questões das alterações climáticas, que também têm influenciado a produção agrícola devido à irregularidade das chuvas e muitas vezes à sua escassez em algumas regiões do país (MUONDO, 2013). Assim, verificaram-se maiores acréscimos da produção e das áreas cultivadas, que em 2013 eram de 16,4 milhões de toneladas e 1,2 milhões de ha respectivamente, segundo dados do Gabinete do

Plano do Ministério da Agricultura, editados pela FAOSTAT em 2018, conforme as Figuras 2 e 3.



Fonte: FAOSTAT, 2018.

Figura 2: Evolução da Produção de Angola em 10 Anos (t).



Fonte: FAOSTAT, 2018.

Figura 3: Evolução das Áreas Cultivadas em Angola (ha).

5. Descritores botânicos, morfológicos e agronómicos

Na identificação de cultivares de mandioca, os descritores botânicos, morfológicos e agronômicos, são de extrema importância, proporcionando informações essenciais sobre parentais com potencial para serem usados em cruzamentos e evitarem variedades duplicadas no germoplasma, exibindo caracteres fenotípicos importantes para o melhoramento da mandioca, (FUKUDA; GUEVARA, 1998). A caracterização pode também ser empregada para estimar a proximidade ou divergência genética entre variedades do germoplasma, (AFONSO, 2013). Desta maneira, Ramos (2007) mencionou que as características que mais contribuem para distinção de genótipos da mandioca são cor do pecíolo, do córtex, externa do caule, externa das raízes, da polpa da raíz, da folha desenvolvida, proeminência das cicatrizes foliares, hábito de ramificação e tipo de planta. Ademais, a avaliação desses descritores reduz a possibilidade de uma mesma variedade apresentar nomes diferentes em regiões distintas, facilitando sua identificação e fornecendo informações a pesquisadores e produtores sobre o potencial produtivo das variedades, auxiliando na escolha do material a ser cultivado.

Os descritores morfológicos têm sido usados por diversos pesquisadores para a caracterização de germoplasma (TEXEIRA et al., 2002; BUTTOW et al., 2010; MARIOT; BARBIERE, 2010). Embora existam técnicas mais avançadas como a caracterização molecular, a descrição morfológica é mais acessível e antecede outras técnicas, permitindo a orientação do trabalho a ser realizado com marcadores mais sofisticados, como os moleculares (RITSCHEL et al., 2011).

Os descritores vegetativos e reprodutivos da *Manihot* são fundamentais nos trabalhos de descrição botânica e da genética da espécie (CEBALLOS, 2002), pois o modo de reprodução sexuada da mandioca tem extrema importância na classificação da espécie do gênero *Manihot*, bem como no estudo da inflorescência, forma e função das flores, aspectos da polinização, biologia floral e produção de sementes.

Os descritores do germoplasma de mandioca podem ser divididos em mínimos, principais e secundários, agronômicos preliminares e complementares

(FUKUDA; GUEVARA, 1998). Os principais: cor da folha desenvolvida, número de lóbulos, comprimento e largura do lóbulo, relação comprimento/largura do lóbulo central, crescimento do pecíolo, cor da epiderme do caule, hábito de crescimento do caule, cor dos ramos terminais das plantas adultas, altura da planta, altura da primeira ramificação, níveis de ramificação e constituição da raiz (FUKUDA; GUEVARA, 1998).

Os descritores classificados como secundários são: cor da nervura, posição do pecíolo, proeminência de cicatrizes foliares, comprimento das estipulas, margem das estipulas, hábito de ramificação, época da primeira ramificação, sinuosidade do lóbulo foliar, forma da raiz e tipo de planta (FUKUDA; GUEVARA 1998).

Com a caracterização de germoplasma, é possível a quantificação da variabilidade por meio da avaliação de variáveis quantitativas (agronômicas) e qualitativas (morfológicas e moleculares). O uso de técnicas multivariadas é um dos elementos que tem permitido a obtenção de resultados mais apurados nos estudos sobre diversidade genética entre genótipos. Vários métodos multivariados podem ser aplicados, e a escolha dependerá da precisão desejada pelo pesquisador, facilidade de análise e forma com que os dados são obtidos (CRUZ et al., 1994).

6. Marcador Molecular ISSR

Como alternativa eficiente para a caracterização de genomas complexos, tem-se utilizado comumente o marcador ISSR, conhecido como sequências simples repetitivas internas - Inter Simple Sequence Repeat (ISSR). Este permite a detecção de polimorfismos em regiões flanqueadas por DNA microssatélite, sem que haja a necessidade de isolar e sequenciar fragmentos específicos de DNA (BORBA et al., 2005).

Esta técnica tem sido aplicada com a finalidade de diferenciar rapidamente os indivíduos aparentados devido o seu elevado grau de polimorfismo, reprodutibilidade e custo relativamente baixo. Referente ao seu grau elevado de polimorfismo, os marcadores ISSR teve grande aplicabilidade em estudos genéticos. Almeida (2006) ressalta que foram avaliadas com esse marcador, culturas de maior importância econômica no que tange à variabilidade

genética de acessos e espécies silvestres visando resultados que auxiliem em programas de melhoramento para estas espécies.

Assim, os marcadores ISSR são recomendados em análises de espécies relacionadas evolutivamente, de forma que se espera obter, com esses, resultados confiáveis devido sua abundância e dispersão no genoma. Possuem alta reprodutibilidade, locos polimórficos em quantidades satisfatórias e rapidez em seus resultados, de modo que os custos, conforme dito anteriormente, são razoavelmente menores em comparação aos outros marcadores (RODRIGUES, 2010).

Neste sentido, esses marcadores de DNA contribuem com programas de melhoramento vegetal para seleção de genótipos a serem usados no futuro como genitores de novas cultivares, apresentando-se entre os mais utilizados atualmente para várias espécies de plantas. Ainda, são aplicados em estudos de diversidade genética, “fingerprinting” e seleção assistida (COSTA, 2010).

É importante ressaltar também que as culturas de maior importância econômica têm sido avaliadas com marcadores como os supracitados. Isso porque, em relação à variabilidade genética de acessos e espécies silvestres, os resultados obtidos auxiliam em programas de melhoramento para estas espécies (ALMEIDA, 2006).

Silva et al. (2011), avaliando a diversidade genética intra e interespecífica de acessos de *Manihot* por meio de marcadores ISSR verificaram que houve divergências genéticas intra e interespecíficas entre os acessos de espécies de *Manihot* avaliados, o que identifica, como eficiente, o uso do marcador molecular ISSR.

7. Caracterização de germoplasma

Sobre o melhoramento genético de plantas, pode-se afirmar que este se relaciona diretamente ao grau de variabilidade genética que há nas populações de interesse, sendo o seu papel fundamental nas etapas de cruzamento e selecção (IORCZESKI et al., 2011) . Tendo em vista, que os padrões de distribuição da variabilidade genética estão relacionados ao sistema reprodutivo, torna-se relevante conhecer a forma como essa variabilidade está distribuída

entre as populações e o comportamento reprodutivo das mesmas (FARALDO et al., 2002).

Geralmente, os bancos de germoplasma são constituídos por variedades consideradas antigas, cuja denominação são etnovariedades; variedades modernas, consideradas melhoradas; e variedades silvestres, que possuem o mesmo gênero da cultura. Por reunirem ao mesmo tempo constituições genéticas de origens diferentes e também por possuírem níveis de melhoramento diversificados, podem se constituir em excelentes fontes de genes para os programas de melhoramento genético. Contudo, é preciso que o pesquisador conheça os aspectos do germoplasma disponível em relação à variabilidade e ao desempenho agronômico para que toda essa variabilidade possa ser usada com eficiência e frequência (VIEIRA et al., 2008).

Sendo a caracterização do germoplasma o ponto inicial para que o pesquisador determine os acessos que serão incluídos na etapa de avaliação agronômica, este deve realizar uma caracterização mais ampla. Posteriormente, pode definir de forma mais objetiva os acessos que serão submetidos à etapa de avaliação agronômica. Nesta etapa, os acessos são avaliados em experimentos mais elaborados, permitindo novas informações acerca do desempenho dos genótipos em relação aos caracteres de interesse principais (HIDALGO, 2003).

Assim, a caracterização do germoplasma pode ser feita por meio do emprego de caracteres fenotípicos (agronômicos e descritores morfológicos), bem como dados de passaporte e marcadores moleculares, sendo que, dentre estas ferramentas, a que possui utilização mais fácil e de menor custo é a caracterização por meio dos dados de passaporte. Contudo, é importante destacar que estas informações devem estar disponíveis, fato que não ocorre na maioria dos acessos de boa parte dos bancos de germoplasma (VIEIRA et al., 2008).

Depois dos anos 2000, foi crescente a utilização de marcadores moleculares na caracterização de germoplasma de mandioca, em especial porque esses não sofrem influência do ambiente e possibilitam a geração de uma boa quantidade de informação referente ao genoma da espécie (MUHLEN et al., 2000; COLOMBO et al., 2000; CARVALHO; SCHAAL (2001), ELIAS et al.,

(2001). Porém, essa metodologia ainda possui um custo alto, sendo este o principal obstáculo para a utilização em larga escala. Nesta perspectiva, aumenta a relevância da utilização dos descritores morfológicos na caracterização do germoplasma. Isso porque são relativamente fáceis de aferir, além de possuírem menor custo e de serem menos influenciados pelo ambiente.

Oliveira et al. (2014), em seus estudos de seleção de descritores morfoagronômicos mais informativos para germoplasma de mandioca, selecionaram 32 descritores dos 51 estudados. Os resultados obtidos demonstraram que os 32 descritores selecionados da mandioca apresentaram mais de 90% da variabilidade total sem perdas significativas para a caracterização preliminar do germoplasma de mandioca. Por sua vez, Silva et al. (2017), em seus estudos, observaram que dos 21 descritores utilizados na caracterização de mandioca, dez contribuíram com mais de 90% da variabilidade total. Já Zago et al. (2017) avaliaram 38 características de 158 acessos, verificaram que 37 tiveram variabilidade genética, exceto o hábito de crescimento do caule. Nessa mesma linha, Afonso et al. (2014) fizeram a caracterização morfológica de 200 genótipos de mandioca, utilizando 35 descritores, destes o comprimento do pecíolo foi o que apresentou a maior porcentagem de contribuição para a divergência genética (43,94%).

8. Diversidade genética

Segundo Mkumbira et al. (2003) e Nick et al. (2008), os caracteres fenotípicos qualitativos e quantitativos, em associação com as técnicas de análise multivariada, também vêm sendo utilizados na quantificação da divergência genética em mandioca. Entre os caracteres fenotípicos que podem ser utilizados, os mais influenciados pelo ambiente são os quantitativos por serem governados por vários genes. Entretanto, esses caracteres são fundamentais na avaliação de acessos, uma vez que vão refletir o real potencial produtivo dos acessos e a possibilidade de sua utilização de forma direta ou no melhoramento genético (SANTANA, 2014).

Características diversas dos genótipos de mandioca podem fornecer informações para se estimar a diversidade existente entre os genótipos

encontrados nos bancos de germoplasma. Destacam-se caracteres moleculares, morfológicos e químicos (teor de compostos cianogênicos, carotenoides e amido, etc), além dos agronômicos que irão subsidiar as estratégias dos programas de melhoramento genético (VIEIRA, et al.; 2013, SANTANA, 2014).

Os caracteres qualitativos têm importância na caracterização de germoplasma por serem de menor custo e menos influenciados pelo ambiente e por serem relativamente de fácil aferição (VIEIRA, et al.; 2013).

Por sua vez, os marcadores moleculares, em relação aos caracteres fenotípicos, apresentam a vantagem de não sofrerem influência do ambiente, encontra partida, apresentam a desvantagem de acessarem o genoma como um todo e não somente as regiões responsáveis pela manifestação dos caracteres de interesse. Dentre os marcadores moleculares, o RAPD (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso) , ISSR (sequências simples repetitivas internas) merecem destaque, pelo baixo custo, pela rápida e fácil execução e pelo fato de não exigir a síntese de iniciadores específicos e estão entre os mais utilizados para determinação da divergência genética (LEAL et al.; 2010, VIEIRA, et al.; 2013). Dessa forma vêm sendo amplamente utilizados na caracterização de germoplasma de mandioca (CARVALHO; SCHAAL, 2001; ASANTE; OFFEI, 2003; ZACARIAS et al.; 2004; VIEIRA et al.; 2008a)

BENESI et al. (2008), avaliaram genótipos de mandioca de Malawi, com objetivo de determinar o efeito do local sobre os genótipos e a estação do ano, em relação a produção e acúmulo de amido pelas raízes, buscando, assim, determinar o melhor momento para a colheita. Os resultados obtidos demonstraram que o maior efeito sobre a produção e o teor de amido das raízes ocorreu em função dos genótipos avaliados, demonstrando que existe grande variabilidade entre genótipos de mandioca.

Vieira et al. (2013), avaliando a caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central, por meio de caracteres quantitativos, qualitativos e marcadores moleculares de forma isolada e conjunta, bem como estimar a correlação entre as estimativas obtidas com base em cada grupo de caracteres. Os resultados obtidos demonstraram que houve fraca associação entre essas

medidas indicando que a melhor estratégia para orientar ações de conservação e uso de germoplasma de mandioca de indústria é por meio de estudos de divergência genética com o emprego de marcadores moleculares, caracteres qualitativos e caracteres quantitativos de forma conjunta e complementar.

A diversidade genética pode ser estimada avaliando-se a dissimilaridade ou similaridade por meio de técnicas biométricas, seja pela quantificação da heterose em estudos envolvendo análises dialélicas, seja pelo uso de métodos preditivos, que se baseiam em informações fenotípicas e genotípicas, acessadas pela observação de diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, após sua quantificação, a diversidade genética pode ser melhor evidenciada por meio da aplicação de técnicas de estatística multivariada (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

De acordo com Cruz e Carneiro, (2003), no cálculo das distâncias das variáveis multicategóricas em geral se utilizam os índices de dissimilaridade, mediante com a sua conversão em dados binários. Os caracteres fenótipos são quantificados pela atribuição de valores ás sua classes fenotípicas, ou seja são conhecidos por caracteres qualitativos, recebendo valores (1,2,3,4,5…), conforme os critérios determinados pelo pesquisador. No entanto, as classes fenotípicas de um carácter são convertidas em informações tipo ausência (0) ou presença (1) em relação todas as classes e genótipos.

Os mesmos autores realçam que diversos coeficientes são propostos na determinação das distâncias a partir das informações dos dados binários, entre eles os mais utilizados são o coeficiente de coincidência simples, Nei e Li e Jaccard. Embora o coeficiente de coincidência simples seja idêntico ao quadrado da distância euclidiana média, apresenta desvantagem de considerar o fato similaridade de coincidência do tipo (0-0) categoria ausente nos dois genótipos. Já nos índices de Nei e Li e Jaccard são excluídos esses tipos de coincidência, no entanto, considerados apenas a coincidência do tipo (1-1), presença da categoria em ambos os genótipos. Ademais, o coeficiente de Jaccard difere de Nei e Li por considerar que a coincidência do tipo (1-1) seja menos esperada (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Em estudos em que a frequência de coincidências do tipo (1-1) esperada é baixa, recomenda-se o uso do coeficiente de Nei e Li, sendo em geral utilizada em trabalhos de diversidades genética de populações naturais da mesma espécie. Recomenda-se o índice de Jaccard em populações

onde a coincidência de ocorrência do tipo (1-1) pode ser admitida como fenônimo esperado, por exemplo de avaliações de genótipos de determinada variedade agronómica (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

9. Estrutura genétiga de populações

A estrutura genética de uma espécie pode-se definir como a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações (BROWN 1978, LOVELESS; HAMRICK, 1984). A estrutura genética resulta da combinação entre mutação, migração, seleção e deriva genética, que por sua vez definem a distribuição da variabilidade genética nas populações. A distribuição da variabilidade genética em populações naturais é influenciada pelo modo de reprodução, sistema de acasalamento, tamanho da população, distribuição geográfica e fluxo gênico (HAMRICK, 1982), além de ser estruturada no tempo e no espaço.

De acordo com Hamrick (1994) os parâmetros mais utilizados para quantificar a variação genética são as proporções de locos polimórficos dentro de espécies (Pe) e dentro de populações (Pp) e a diversidade geral de espécie (He) e de populações (Hp). Contudo, há outros métodos desenvolvidos para estimar a variação genética e a estrutura genética das populações com aplicações variadas. Geralmente, podem ser utilizadas três metodologias para avaliar a estrutura genética das populações: estatísticas-F (F_{ST}) de Wright (WRIGHT, 1951), Diversidade Genética ou Estatística G_{ST} de Nei (NEI, 1973) e Coeficiente de Coancestria (θ) (WEIR, COCKERHAM, 1984). Esses métodos possuem uma base genética semelhante e as estimativas obtidas por elas são análogas (HOLSINGER, WEIR, 2009). Além desses existem outros parâmetros que também são utilizados para medir o grau de estruturação genética (R_{ST}, Φ_{ST} e Q_{ST}). O G_{ST} está mais relacionado com o F_{ST}, e é utilizado como uma medida da diferenciação genética entre populações. No entanto, G_{ST} é um parâmetro adequado de diferenciação genética apenas quando a contribuição de deriva genética para as diferenças entre as populações não é de interesse (HOLSINGER; WEIR, 2009). Em contraste, R_{ST} (para dados de microssatélites) e Φ_{ST} (para dados de sequência moleculares) são úteis numa grande variedade

de contextos em que é importante para ter em conta as distâncias mutacionais entre os alelos, e Q_{ST} é útil na análise de dados de características quantitativas (HOLSINGER; WEIR, 2009).

Segundo Wright (1931) o fluxo gênico ou a dispersão de pólen e sementes entre populações estabelecidas reduz a diferenciação genética entre elas, assim sendo um dos mecanismos responsáveis pela introdução de novas variações genéticas na população receptora. A taxa de fluxo gênico pode ser mensurada em termos do número equivalente de migrantes que se move de uma população a outra (SILVERTOWN; DOUST, 1993).

O fluxo gênico pode ser estimado por métodos indiretos ou diretos. Slatkin (1987) recomendou o uso dos dois métodos conjuntamente (indiretos ou directos), por gerarem informações diferentes e complementares. Os métodos indiretos usam as frequências alélicas ou medidas de diferenças genéticas para estimar o fluxo gênico, já os métodos diretos utilizam-se de estimativas das distâncias de dispersão e do sucesso no estabelecimento de imigrantes. Hamrick e Loveless (1989) verificaram alta correlação no dados calculados pela variação entre populações (G_{ST}), no que refere ao potencial para o movimento de genes e valores de fluxo gênico.

A deriva genética é outro fator que afeta a estrutura genética de uma população e apresenta efeitos contrários ao fluxo gênico. Segundo Wright; (1969) a deriva genética se refere a mudanças nas frequências alélicas devido à amostragem aleatória de gametas, levando à perda de diversidade genética. A comparação da importância relativa da deriva genética com outras forças evolutivas diz respeito ao tamanho efetivo da população (Ne).

De acordo com Silvertown e Doust, (1993) o tamanho efetivo da população é definido como o número efetivo de indivíduos reprodutivos que poderá ser encontrados dentro de uma área de vizinhança genética. No entanto, o tamanho da população é uma característica fundamental a ser considerada quando se avalia o efeito da deriva genética, pois a perda de diversidade genética, por causa da deriva, será maior em populações de menor tamanho, enquanto que este efeito, em populações grandes, passa a ser baixo (WADT, 2001).

Para Barret e Kohn, (1991) após uma redução no tamanho da população, seu número de indivíduos for recuperado rapidamente, o efeito da deriva será menor do que se a população for mantida constantemente pequena. Já Crawford (1984), ressalta que, em muitos casos, o tamanho da população (N) é menor que o tamanho efetivo da população (N_e) devido principalmente a: flutuações no tamanho da população; variação no sucesso reprodutivo dos indivíduos; distribuição diferenciada de sexo e sobreposição de gerações. A taxa Ne/N varia entre 0,25 e 1,00 para animais (NUNNEY; CAMPBELL, 1993), enquanto que, em plantas, essa taxa tem sido menor por causa da condição séssil dos vegetais; dispersão limitada de pólen e sementes; e autofecundação parcial ou total (CRAWFORD, 1984). Estimativas do tamanho efetivo da população, assumem a existência de uma população discreta, porém em condições naturais nem sempre é possível delimitar um grupo discreto de indivíduos. Assim, o tamanho da população é estimado pelo tamanho da vizinhança (N_b), o qual é definido como um grupo equivalente a uma unidade panmítica dentro de uma distribuição contínua de indivíduos (CRAWFORD, 1984) . No entanto, as estimativas de N_e variam em função do método e poucas são as espécies *Manhiot* em que foram estimados os valores de N_e. As estimativas de N_b baseiam-se no número efetivo de imigrantes (N_m) por geração, em uma população, e são obtidas a partir da estatística F_{ST} de Wright (SLATKIN; BARTON, 1989).

A utilização de estatísticas descritivas é comum nos estudos de populações, uma vez que dão uma idéia inicial do polimorfismo genético de uma população. Parâmetros como: Conteúdo de informação polimórfica (PIC), MI (índice do marcador), RP (poder de resolução), número de alelos por loco ou total, número de alelos efetivos, raros, exclusivos, heterozigosidade observada e esperada, coeficiente de fixação/ endogamia (f), riqueza genotípica (Índice Shannon), entre outros são alguns dos descritores que ajudam a caracterizar uma população (SÁNCHEZ, 2008).

10. Índice de selecção

Na seleção ao considerar vários caracteres simultaneamente, reduz-se o ganho sobre o caráter de interesse, porém esta redução é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres (CRUZ; REGAZZI, 1994). Os diferentes índices de seleção representam diferentes alternativas de ganhos e identificam, de maneira rápida e eficiente, genótipos que podem ser mais adequados para os propósitos do melhoristas(CRUZ; REGAZZI, 1994). Para Resende (2002) os índices de seleção consideram, simultaneamente, todos os caracteres de interesse, gerando uma variável adicional que resulta da ponderação dos caracteres por meio de coeficientes pré-estabelecidos.

O uso de índices de seleção em melhoramento de plantas, iniciou com Smith em 1936, e posteriormente foi adaptado ao melhoramento animal por Hazel (1943). Segundo Baker (1986) esse índice vem sofrendo modificações, avaliações críticas e comparações com outros métodos de selecção para múltiplas características. De acordo com SMITH (1936) e HAZEL (1943) para o estabelecimento do índice de seleção é necessário determinar o valor econômico relativo de cada característica, bem como obter as estimativas das variâncias genotípicas e fenotípicas e das covariâncias fenotípicas e genotípicas entre cada par de características. Este índice de seleção, por ter sido um dos primeiros a ser utilizado, ficou propalado como Índice Clássico.

O índice de Mulamba e Mock (1978), refere-se a uma técnica multivariada não paramétrica, pois, constitui-se na ordenação de genótipos de modo hierárquico, em princípio são atribuídos valores absolutos mais elevados aos genótipos de melhor performance para cada variável são somados, obtendo-se a soma dos postos ou “ranks”, que por sua vez determina a classificação final dos genótipos ou seja, quanto menor for a soma, melhor é o desempenho do genótipo em relação as múltiplas variáveis (RANGEL et al. 2011; SILVA; VANIA, 2012). O índice de soma de postos de Mulamba; Mock (1978), elimina a necessidade de se estabelecer pesos económicos e a de estimativas de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas.

Lessa et al.; (2017) ao avaliarem oito genótipos de mandioca com base em 10 características agronómicas, por meio de três índices de seleção, concluíram que o índice de Mulamba e Mock proporcionou uma classificação mais coerente em relação os outros índeces utilizado na pesquisa.

Para Falkenhager (1986), índice de seleção para múltiplas características é a combinação da genética quantitativa e regressão múltipla, e a estimação do valor aditivo do indivíduo pode ser obtida através da herdabilidade da característica.

O índice multiplicativo foi desenvolvido por Elston (1963), que não requer o uso de pesos econômicos e estimativas de parâmetros genéticos. Esse índice classifica os genótipos para todos os caracteres ao mesmo tempo, permitindo depois de efetuar a seleção exclusivamente com base em um único valor, com a vantagem de prescindir de estimativas e pesos, nem sempre existente (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999).

Lessa et al. (2017), ao avaliarem oito genótipos de mandioca com base em 10 características agronômicas, por meio de três índice de selecção (índices multiplicativo, de soma de classificação e distância genótipo-ideótipo) concluíram que o índice de Mulamba e Mock e da distância genótipo-ideótipo proporcionaram uma classificação mais coerente em relação ao índice multiplicativo.

O índice com base na distância entre cada genótipo e um ideótipo, (SCHWARZBACH, 1972, *apud*, WRICKE; WEBER, 1986), consiste em fixar um valor ideal para cada caráter, criando desse modo, um genótipo ideal, ou ideótipo, que pode nem existir na população. Feito isso, obtém-se a diferença entre a média de cada caráter e o valor atribuído ao ideótipo, e finalmente, calcula-se, para cada genótipo, uma distância em relação a esse ideótipo, sendo essa distância o próprio índice.

Lessa et al. (2010), ao avaliarem a selecção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos, a fim de orientar a seleção e aumentar o aproveitamento da variabilidade existente no Banco de Germoplasma de Bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, verificaram que os três índices apresentaram uma boa correspondência entre o desempenho geral dos híbridos e a sua classificação, os índices multiplicativo e

de soma de classificação propiciaram classificação mais adequada desses híbridos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADAMS, CD. Activities of Danish Botanists in Guinea 1738–1850. Transactions of the Historical Society of Ghana III, 1957.

ADENIJI, A.A.; EGA, L.A.; AKORODA, M.O.; A.A. ADENIYI; B.O. UGWU; A. DE BALOGUN. "Cassava Development in Nigeria". Department of Agriculture Federal Ministry of Agriculture and Natural Resources Nigeria, 2005.

AFONSO, S. D. J.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F. C.; SILVA, S. de O.; LEAL, V. D. de J.; CONCEIÇÃO, A. L. da S. Selection of descriptors in a morphological characteristics considered in cassava accessions by means of multivariate techniques. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science (IOSR-JAVS)**, India, v.7, n. 1 p.13-20, 2014.

AGBOOLA S. A. An Agricultural Allas of Nigeria. Oxford University Press. pp. 58-64, 1976.

ALLEM, A. C. **The origin of *Manihot esculenta* Crantz** (Euphorbiaceae). **Genet. Resources**. Crop. Evol. 41, 133–150. 1994.

_____.; A new species of *Manihot* (Euphorbiaceae) from the Brazilian Amazon. **Journal Plant Science**, Chicago, v.160, n.1,p. 181-187, 1999.

ALMEIDA, C. M. A. de. Diversidade genética em populações de Aechmea fulges Brong. (Bromeliaceae) na Mata Atlântica de Pernambuco. Recife: UFRPE. 55p (Tese mestrado), 2006.

ARAÚJO, D. G. Caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro (*Theobromagrandiflorum* WilldexSprengSchum) utilizando descritores de fruto. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 26, p.13-21, 2002.

ASANTE, I. K.; OFFEI, S. K. RAPD-based genetic diversity study of fifty cassava (Manihot esculenta Crantz) genotypes. Euphytica, Wageningen, v. 131, n. 1,p. 113-119, 2003.

BAKER, R.J. Selection indices in plant breeding. Boca Raton: CRC Press, 162p, 1986.

BARBIERO, N. Z.; , ARRUDA, V. C. ;CARIAS, C. M. DE O. M.; GUILHEN, J. H.S.; CARVALHO, M. S.; OLIVEIRA, E. J.; FERREIRA, M. F. S. F.; FERREIRA, A. Caracterização morfológica de genótipos de mandioca. XXI Encontro Latino Americano de Iniciação Científica, XVII Encontro Latino Americano de Pós-Graduação e VII Encontro de Iniciação à Docência – Universidade do Vale do Paraíba, 2017.

BARBIERO, N. Z. Variabilidade genética de genótipos de mandioca no estado do Espírito Santo. (Dissertação) Mestrado em Genética e Melhoramento. Centro

de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo, 2018.

BARROSO, G. M. **Sistemas de Angiospermas no Brasil.** Viçosa: UFV, 1991. v.2, 378p, 1991.

BARRETT, S.C.H.; KOHN, J.R. Genetic an evolutionary consequences os small population size in plants: implications for conservation. In: FALK, D.A. & HOLSINGER, K.E. (Eds) Genetics and conservation of rare plants. New York: Oxford Univ. Press, p.3-30, 1991.

BENESI, I.R.M.; LABUSCHAGNE, M.T.; HERSELMAN, L.; MAHUNGU, N.M.; SAKA, J.K. The effect of genotype, location and season on cassava starch extraction. Euphytica, v.160, n.1, p.59–74, 2008.

BERNARDES, M.; PEIXOTO, C.V.; CÂMARA, G.M.S. Mandioca. Departamento de Produção Vegetal. ESALQ. Piracicaba. 2009

BOLHUIS, G.G. The toxicity of cassava roots. **Netherlands Journal of agricultural Science, Wageningen,** v.2, n.3, p. 176-185, 1954.

BORBA, R. DA S.; GARCIA, M. S.; KOVALLESKI, A.; OLIVEIRA, A. C.; ZIMMER, P. D.; BRANCO, J. S. C.; MALONE, G. Dissimilaridade genética de linhagens de Trichogramma Westwood (Hymenoptera: Trichogrammatidae) através de marcadores moleculares ISSR. Neotropical Entomology 34: 565-569, 2005.

BROWN, A. H. D. Isozymes, plant populations genetics structure and genetic conservation. Theoretical and Applied Genetics, New York, v. 52, n. 4, p. 145-157, 1978.

BUTTOW, M. V. BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F. I. F. de. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural,** Santa Maria, v.40, n.6, p.1264-1269, 2010

CARDOSO, C. E. L.; SOUZA, J. da S.; GAMEIRO, A. H. **Aspectos económicos e mercado da mandioca.** Embrapa: aspectos socioeconómicos e agronómicos da mandioca. Cruz das Almas – BA, 2006.

CÂMARA, G. M. S.; GODOY, O. P. I. Desempenho vegetativo e produtivo de cultivares de mandioca (Manihot esculenta Crantz) a partir de manivas com diferentes diâmetros. Scientia Agricola, v.55, p. 326-333, 1998.

CAMARGO, MARIA THEREZA L. DE A. Estudo etnobotânico da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz – Euphorbiaceae) na diáspora african. In: **Herbarium** estudos de etnofarmacobotânica, 2007.

CAGNON, J. R.; CEREDA, M. P.; PANTAROTTO, S. Cultura de tuberosas amiláceas latino-americanas. São Paulo: Fundação Cargill, ago/2002. v.2 (Culturas de tuberosas amiláceas latino-americanas) 1 CD-ROM.

CARTER, S. E. Introduction and diffusion of cassava in Africa. IITA Research Guide 49, 1993.

CARVALHO, L. J. C. B.; ACHAAL, B. A. Assessing genetic diversity in the cassava (Manihot esculenta Crantz) germplasm collection in Brazil using PCR-based markers. *Euphytica, Dordrecht*, v. 120, n.1, p.130-140, 2001.

CARVALHO, P. C. L. Biossistemática de *Manihot*. In: SOUZA, L. da S.; FARIAS, A. R. N.; MATOS, P. L. P. de; FUKUDA, W. M. G. (Org.). **Aspectos Socioeconômicos e Agronômicos da Mandioca.** 1 (Ed.) Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, v. I, p. 112-125, 2006.

CARVALHO, A. M. L. A economia do petróleo angolano do pós – guerra: o papel da Sonangol China, o novo parceiro estratégico. Lusíada. Política Internacional e Segurança, n.º 4, 2014.

CRAWFORD, T.J. What is a population? In SHORROCKS, B. (ed.) Evolutionary Ecology. Oxford: Blackwell Sci., p.135-174, 1984.

CEBALLOS, H. **Taxonomia e morfologia de la Yuca**. In: OSPINA, I.A.; CEBALLOS, H. La Yuca en el tercer milenio. Cali: CIAT, Publicacion. 327, p. 17-33, 2002.

CEREDA, M. P. **Alternativas de uso industrial para fécula de mandioca.** Revista Brasileira de Mandioca, Cruz das Almas, BA, v.8, n1, p.63-71, 1989.

CLEMENT, C. R.; ROCHA, S. F. R.; COLE, D. M.; VIVAN,J. L. **Conservação 14 *on farm.*** In: Nass, L. (ed.). Conservação de recursos genéticos vegetais. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p 247-277, 2006.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; DIAS, L. A. S.; MOURA, R. R.; CHIAVEGATA, M. B.; COLOMBO, C. A. Identification of common bean (*Phaseolus vulgaris*) duplicates using agromorphological and molecular data. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, n. 1. P. 105 – 111, 2006.

COIMBRA, T. S. Mandioca a cultura, a sua análise econômica e a respectiva cadeia produtiva no Brasil. Portugal. (Dissertação) mestrado em Agronomia Tropical e Desenvolvimento Sustentável no Instituto Superior de Agronomia da Universidade de Lisboa, 2013.

COLOMBO, C.; VALLE, T. J. AFLP and RAPD markers for study the genetic diver- sity characterization of cassava cultivars (*Manihot esculenta* Crantz). *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.17, p.14, 1998. Suplemento.

_____.; SECOND, G.; VALLE, T.L.; CHARRIER, A. Genetic diversity characterization of cassava cultivars (*Manihot esculenta* Crantz). I) RAPD markers. *Genetic and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 21, p. 105-113, 1998.

_____.; SECOND, G.; CHARRIER, A. Diversity within American cassava germ plasm based on RAPD markers. *Genetics and Molecular Biology,* Ribeirão Preto, v.23, n.1, p.189- 199, 2000.

CONCEIÇÃO, A.J. da. A Mandioca. São Paulo: Ed. Nobel, 382p, 1983.

_____.; A mandioca. São Paulo: Nobel, 382p. PMid:3129762. 1987.

COCK, J. H. **Cassava new potencial for a neglected crop.** London: Westview. 192p, 1985.

COSTA, F. R.; PEREIRA, T. N. S.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R. Marcadores RAPD e caracteres morfoagronómicos na determinação da diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões. Ciência Rural, Santa Maria, v.39, n.3, p.696-704, 2009.

COSTA, J.L.; OLIVEIRA, E.J.; JESUS, O.N.; OLIVEIRA, G.A.F.; NEVES, C.G. Marcadores moleculares como ferramenta para estruturação da diversidade genética em genótipos de maracujazeiro. *Jornada Científica* – Embrapa Mandioca e Fruticultura. 2010.

CURY, R. Dinâmica evolutiva e caracterização de germoplasma de mandioca (Manihot esculenta Crantz) na agricultura autóctone do Sul do Estado de São Paulo. 1993. 103p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, 1993.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R.; CARVALHO, S.P. de. Estudos sobre divergência genética. III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres,** Viçosa-MG, v. 41, n. 234, p. 191-201, 1994.

_____.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: Imprensa universitária, p. 390, 1994.

DIAS, L.A.; KAGEYAMA, P.Y. Multivari- able genetic of divergence and hybrid per- formance of caçao (*Theobroma cacao* L.). *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.20, n.1, p. 63-70, 1997.

DOMÍNGUEZ, E.C.; CEBALLOS, L.F.; FUENTES, C. **Morfologia de la planta de yuca.** DOMÍNGUEZ, C.E. (Ed.) Yuca: investigation, production y utilization. Cali: CIAT, 1984. p.29-49.

ELIAS, M.; McKEY, D.; PANAUD, O.; ANSTETT, M. C.; ROBERT, T. Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): Perspectives for on-far conservation of crop genetic resources. *Euphytica, Dordrecht*, v.120, n.1, p.143-157, 2001.

EL-SHARKAWY, M. A. Cassava biology and physiology. Plant Molecular Biology, v. 56, p. 481-501, 2004.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. Biometrics, Tucson, v. 19, p. 85-97, 1963.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical. 1ª Ed. Cruz das Almas – BA, 2006.

EMBRATER. Manual Técnico: Cultura da Mandioca. Brasília. 1979.

FAO. Cassava. Disponível em Acesso em: 28 Mar. 2012.

FAO (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATION). 2016. Statistics of production. Disponivel em: . Acesso em: out. 2017.

FAO. **Agricultural production – Crops primary.** Disponível em: www.faostat.fao.org/faostat/collect. Acessado em: Abril/2018

FAO (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATION). http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize. Acesso em: julho. 2018.

FALKENHAGEN, E. R. Understanding multiple trait index selection and its problems. South African Forestry Journal, Pretoria, n. 137, p. 26-32, 1986.

FARALDO, M.I.F.; SILVA, R.M. da; ANDO, A.; MARTINS, P.S. Variabilidade genética de etnovariedades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. *Scientia Agrícola*, Piracicaba, v.57, n.37, p.499-505, 2000.

FARALDO, M. I. F.; SILVA, R. M.; VERASEY, E. .A. Marcadores moleculares em mandioca. In: _____.*Agricultura:* tuberosas amiláceas Latino Americano. Pinacicaba: Fundação Cargil, 2002. Cap6,p. 100-115.

FARIA, G.A.; COSTA. M.A.P. de CARVALHO.; JUNGHANS, T.G.; LEDO, C.A. da SILVA.; SOUZA, A. DA SILVA. Efeito da sacarose e sorbitol na conservação in vitro de passiflora giberti N.E. Brown. In: Revista Brasileira Fruticultura, Jaboticabal. São Paulo v.2. p.21-38. 2006.

FICALHO (CONDE), FRANCISCO DE MELO. Plantas úteis da África Portuguesa, Lisboa, Divisão de Publicações de Publicações e Biblioteca/ Agência Geral das Colônias, **MCMXLVII.** p.253, 1947.

FUKUDA, C. In: CURSO INTENSIVO NACIONAL DE MANDIOCA: DOENÇAS DA MANDIOCA, 4., 1986. Cruz das Almas. Centro Nacional de Pesquisa em Mandioca e Fruticultura – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, p. 27, 1986.

FUKUDA, W. M. G. *Mandioca*: *estratégia para um programa de melhoramento genético*. Cruz das Almas: EMBRAPA- CNPMF, 1996. 35p. (EMBRAPA-CNPMF. Documentos, 71).

_____.; SILVA, S.O.E. Melhoramento de mandioca no Brasil. In: Cereda, M. P. (Ed.). **Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargill, p. 242-257, 2002.

GARCIA, A.A.F.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v.58, p.253-267, 1999.

HAMRICK, J.L.; LOVELESS, M.D. The genetic estructure of tropical tree population: associations with reproductive biology. In: BOCK, J. & LINHART, Y.B. (Eds) Evolutionary ecology of plants. Boulder: Westview, p.129-146, 1989

_____.; Genetic diversity and conservation in tropical forest. In: DRYSDALE, M.; JOHN, S & YAPA, A.C. (eds) Proc. Int. Symp. Genetic Conservation Production of Tropical Forest Tree Seed. Asean-Canada Forest Tree Seed Center, p.1-9, 1994.

_____.; Distribuition of genetic whitin and among natural forest population. In: CHAMBERS, S.M.; MACBIDE, B. & THOMAS, W.L. (Eds.) Shonewald-cox. 1982.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, Austin, v. 28, p. 476-490, 1943.

HERSHEY, C. H.; AMAYA, A. Genética, estrutura floral e técnicas de hibridación de la yuca. In: DOMÍNGUEZ, C. E. (Ed.). **Yuca:** investigación, produción y utilización. Cali: Pnud / Cali, p. 113-126, 1982.

HERSHEY, C.; IGLESIAS, C.; IWANAGA. M.; TOHME, J. Definition of core collection for cassava. In report of the first meeting of the International Network for Cassava Genetic Resources, Aug 18-23, IPGRI, CIAT, 1992.

_____.; ***Manihot*** **genetic diversity.** In: INTERNATIONAL NETWORK FOR CASSAVA GENETIC RESOURCES, 1., Cali. Report… Cali: Ciat, p.111-134, 1992.

HIDALGO, R. Variabilidad genética y caracterización de espécies vegetales. In: FRANCO, T. L.; HIDALGO, R. (Eds.). *Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos.* Cali: IPGRI, p. 86, 2003.

HOLSINGER, K.E. and WEIR, B.S. Genetics in Geographically Structured Populations: Defining, Estimating and Interpreting FST. Nature Reviews Genetics, 10, 639-650, 2009.

IORCZESKI, E.J., ALBUQUERQUE, A.C.S., BONOW, S., CONSOLI, L., TORRES, G.A.M., BRAMMER, S.P. Pré-melhoramento de cereais de inverno:

uma abordagem para ampliar a base genética. In: Lopes MA, Fávero AP, Ferreira MAJ da F, Faleiro FG, Folle SM, Guimarães EP. Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, p. 379-400, 2011.

JONES, W.O. Manioc in Africa. Food Research Institute, Stanford University, Stanford, USA, 1959.

KORANG-AMOAKOH, S., CUDJOE, R.A.; ADAMS, E**.** Biological control of cassava pests in Ghana. Prospects for the integration of other strategies, 1987.

LEAL, A. A. et al. Efficiency of RAPD versus SSR markers for determining genetic diversity among popcorn lines. Genetics and Molecular Research, v. 9, n. 01, p. 9-18, 2010.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S. Seleção de genótipos de mandioca com índices não paramétricos. **Revista Raízes e Amidos tropicais**, v. 13, nº 1, p. 1-17, 2017.

_____.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S.; SILVA, S. O.; PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diplóides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. Bragantia vol.69 nº.3 Campinas 2010.

LEÓN, J. **Botânica de los cultivos tropicales**. San José: IICA, p. 445,1987.

LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. Ann. Rev. Ecol. Syst. v.15, p.65-95, 1984.

LUCENA, R. S.; DANTAS, J. L. L. Divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos de linhagens e híbridos de mamoeiro. Magistra, v. 27, n. 1, p. 101-109, 2017.

MAESTRI FILHO,M.J. **Agricultura Africana nos Seculos XVI e XVII no litoral de Angola.** Maestri, M. J. Notes sur les populations des Bassins du Kasai de la Lukenieet du Lac Leopold II, Bruxelles, p. 57, 2007.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F1 hy- brids. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.3, p. 453-460, 1983.

MARIOT, M.P.; BARBIERI, R.L. Divergência genética entre acessos deespinheira-santa (*Maytenus ilicifolia* Mart. ex Reissek e *M. aquifolium* Mart.) com base em caracteres morfológicos e fisiológicos. **Revista Brasileira de Plantas Medicinais**. v. 12, n. 3, Botucatu, 2010.

MKUMBIRA, J.; CHIWONA KARLTUN, L.; LAGERCRANTZ, U.; MAHUNGU, N.M.; SAKA, J.; MHONE, A.; BOKANGA, M.; BRIMER, L.; GULLBERG, U.; ROSLING, H. Classification of cassava into “bitter” and “cool” in Malawi: from

farmer's perception to characterization by molecular markers. Euphytica, v.132, p.7-22, 2003.

MUHLEN, G. S.; MARTINS, P. S.; ANDO, A. Variabilidade genética de etnovariedades de mandioca, avaliada por marcadores de DNA. *Scientia Agrícola*, Piracicaba, v.57, n.2, p.319- 328, 2000.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the ETO blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Cairo, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

MUONDO, P. A. Culturas intercalares e agricultura familiar em angola. Caso: mandioca/cajanus; mandioca/leucaena. Tese (Doutorado em Engenharia Agronômica) – Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa, 2013.

NASSAR, N.M.A. Mandioca: Uma opção contra a fome estudos e lições do Brasil e do mundo. Ciência hoje, v. 39, n. 231, p. 31-34, 2006.

_____.; GRATTAPAGLIA, D. Variabilidade de clones de mandioca em relação a fertilidade e aspectos morfológicos. Turrialba, v.36, p.555-559, 1986.

_____.; Wild cassava Manihot spp.: biology and potentialities for genetic improvement. Genetics and Molecular Biology, v.23, p.201-212, 2000.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceendings of the National Academy of Sciences of the USA**, v. 70, n. 12, p. 3321- 3323, 1973.

NEWEKE, F. I. Processing potential for cassava production growth in sub-Saharan Africa Collaborative Study of cassava in Africa COSCA working Paper Nº 11 International Institute of Tropical Agriculture (IITA)- Ibadan, Nigeria, 1994.
NICK, C.; CARVALHO, M.; ASSIS, L.H.B.; CARVALHO, S.P. Genetic dissimilarity in cassava clones determined by multivariate techniques. Crop Breeding and Applied Genetics, v.8, p.104-110, 2008.

NICK, C.; CARVALHO, M.; ASSIS, L.H.B.; CARVALHO, S.P. Genetic dissimilarity in cassava clones determined by multivariate techniques. **Crop Breeding and Applied Genetics**, v.8, p.104-110, 2008.

NUNNEY, L. & CAMPBELL, K.A. Assessing minimum viable population size: demography meets population genetics. Trends Ecol. Evol., v.8, p.234-243. 1993.

OLIVEIRA, F. N. S. Considerações sobre os princípios tóxicos da mandioca. Brasília: Embrapa- UEPAE Rondônia, 14p, 1986.

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

PEREIRA, A.V. Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). 1989. 180p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, 1989.

PERONI, N.; MARTINS, P.S.; ANDO, A. Diversidade inter-e intra-especifica e uso de análise multivariada para morfologia da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz): um estudo de caso. *Scientia Agrícola*, Piracicaba, v.56, n.3., p. 587-595, 1999.

POULTER, N. Préface. In: EGBE, T.A.; BRAUMAN, A.; GRIFFON, D.; TRECHE, S. Transformation alimentaire du manioc. Paris: Orstom Éditions, 1995. p. 9-13. (Collection Colloques et Séminaires). **Composición química de seis variedades de yuca (Manihot esculenta Crantz) en distintas etapas do desarrollo.** Agricultura Técnica en México, México, v.10, n.1, p.316-321, 1989.

RANGEL, R. M. et al. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho-pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. Revista Ciência Agronômica, v. 42, n. 2, p. 473- 481, 2011.

RAMOS, P. A. S. **Caracterização morfológica e produtiva de nove variedades de mandioca cultivadas no Sudoeste da Bahia**, 60p, Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa – MG, 2007.

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

RITSCHEL, P. S.; LOPES, C. A.; HUAMÁN, Z.; FERREIRA, M. E.; FRANÇA, F. H.; MENÊZES, J. E.; TEIXEIRA, D. M. C.; TORRES, A .C.; CHARCHAR, J. M.; THOMAZELLI, L. **Organização do Banco Ativo de Germoplasma de batata-doce:** situação atual e perspectivas. 2011. Disponível em http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livrorg/batatadoce.pdf. Acesso em: 26 de junho.

RODRIGUES, J. F. Delimitação de espécies e diversidade genética no complexo Cattleya coccínea Lindl. e C. Mantiqueirae (Flowie) Van der Berg (Orchidaceae) baseada em marcadores moleculares *ISSR.* Dissertação de Mestrado, 81p. ESALQ/USP. Piracicaba, 2010.

SANTANA, F. A. ESTUDOS GENÉTICOS DO GERMOPLASMA DE MANDIOCA (*Manihot* esculenta Crantz) PARA QUALIDADE DA RAIZ. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal de Recôncavo da Bahia, 2014.

SANTOS, F.S., AMARAL JUNIOR, A.T., FREITAS JUNIOR, S.P., RANGEL, R.M., PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. Bragantia, 66:389-396, 2007.

SÁNCHEZ, C. F.B. Diversidade entre e dentro de populações simuladas sob deriva genética. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2008.

SARMIENTO, F. M. Z. Utilização de farinha de macaxeira (*Manihot esculenta* Crantz) obtida pelo método HEIM em panificação. 1993. 71f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

SECOND, G.O.; ALLEM. A. C.; EMPERAIRE, L.; INGRAM, C.; COLOMBO, C.; MENDES, R. A.; CARVALHO, L. J. C. B. Molecular markers (AFLP) based *Manihot* and cassava genetic struture analysis and numerical taxonomy in progress: implications for their dynamic conservation and genetic mapping. **African Journal of Root and Tuber Crops**, v. 2, p. 140-147, 1997.

SILVA, K. V. P.; ALVES, A. A.C.; MARTINS, M. I. G.; MELO; C. A. F.; CARVALHO, R. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR . Pesquisa Agro-pecuária Brasil, Brasília, v.46, n.9, p.1082-1088, 2011.

SILVA, M. G. M.; VIANA, A. P. Alternativas de seleção em população de maracujazeiro-azedo sob seleção recorrente intrapopulacional. **Revista Brasileira de Fruticultura,** Jaboticabal, v. 34, n. 2, p. 525-531, 2012.

SILVA, R. S.; MOURA, E. F.; FARIAS NETO, J. T.; LEDO, C. A.; SAMPAIO, J. E. Selection of morphoagronomic descriptors for the characterization of accessions of cassava of the Eastern Brazilian Amazon. Genetics and Molecular Research, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 1-11, 2017.

SILVERTOWN, J. W.; DOUST, J. L. Intraspecific interactions. In: INTRODUCTION to plant population biology. Oxford: Blackwellp. 51-71, 1993.

SCHWARZBACH, E. Einige Anwendungsmöglichkeiten Elektronischer Datenverarbeitung (EDV) fur die Beurteilung von Zuchtmaterial. Arb. Tag. Oesterr. Pflanzenz. Gumpenstein, p. 277-287, 1972.

SLATKIN, M.; BARTON, N. H. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. Evolution, Washington, v. 43, n. 7, p. 1349-1368, Nov. 1989.

SLATKIN, M. Gene flow and geographic structure af nature populations. Science, v.236, p.787-792, 1987.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. Annals of Eugenics, London, v. 7, p. 240-250, 1936.

SOTO, J. C.; ORTIZ, J. F.; JIMÉNEZ, L. P.; VÁSQUEZ, A. X.; BECERRA, L. A. L. L.; MATHEW, B.; LÉON, J.; BERNAL, A. J.; BALLVORA, A.; LÓPEZ, C. E. A genetic map of cassava (Manihot esculenta Crantz) with integrated physical mapping of immunity-related genes. BMC Genomics, v. 16, p. 190, 2015.

SOUZA C. C. **Evolução da produção e suprimento mundial de mandioca.** Agronegócio 2013.

TEIXEIRA, F. F.; ANDRADE, R. V. DE; OLIVEIRA, A. C. DE; FERREIRA, A. DA S.; SANTOS, M. X. DOS. Diversidade no germoplasma de milho coletado na região nordeste do brasil. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 1, n. 03, 2002.

VALLE, T. L.; CARVALHO, C.R.L.; RAMOS, M.T.B.; MÜHLEN, G.S.; VILLELA, O.V. Conteúdo cianogênico em progênies de mandioca originadas do cruzamento de variedades mansas e bravas. **Bragantia**, v. 63, n.2, p.221-226, 2004.

VIÉGAS, A. P. **Estudos sobre a mandioca**. São Paulo: IAC: Brascan Nordeste, 214p, 1976.

_____.;FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVAL FIALHO, J. F. ; SILVA, S. M.; FUKUDA, W. M. G.; FALEIRO, F. G. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. Científica, Jaboticabal, v.36, n.1, p.56 - 67, 2008.

_____.;FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S.; MORAES, S. V. P.; FILHO, M. O. S. S., SILVA, K. N. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1707-1715, 2008a.

_____.;FIALHO, J. D., FALEIRO, F. G., BELLON, G., FONSECA, K. G., CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M.S. Caracterização molecular e variabilidade genética de acessos elite de mandioca para fins industriais. Ciência Rural, v. 40, n. 12, p. 2467- 2471, 2010.

_____.; FIALHO, J. D., FALEIRO, F. G., BELLON, G., FONSECA, K. G., CARVALHO, L. J. C. B. Caracterização molecular de acessos de mandioca açucarados e não açucarados. Ciência Agrotecnologia, v. 35, n. 3, p. 455-461, 2011.

_____.; FILHO, J. F.; FALEIRA, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G.; SILVA, M. S. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 34, n. 2, p. 567-582, 2013.

WADT, L. H. O. Estrutura genética de populações naturais de pimenta longa (*piper hispidinervum* c.dc.) visando seu uso e conservação. Tese (doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2001.

WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F-statistics for the abalyses of population structure. Evolution, Washington, v. 38, n. 6, p. 1358-1370, 1984.
WRICKE, G.; WEBER, W.E. Quantitative genetics and selection in plant breeding. New York: Walter de Gruyter, p.406, 1986.

WRIGHT, S. Evolution and genetics of populations: the theory of gene frequences. Chicago: Univ. Chicago Press, 1969.

_____.; The genetical structure of populations. Annals of Eugenic, New York, v. 15, p. 395-420, 1951.

_____.; Evolution in Mendelian populations. Genetics, Austin, v. 16, p. 97-159, 1931.

ZACARIAS, A. M.; BOTHA, A. M.; LABUSCHAGNE, M. T.; BENESI, I. R. M. Characterization and genetic distance analysis of cassava (*Manihot* esculenta Crantz) germplasm form Mozambique using RAPD fingerprinting. Euphytica, Wageningen, v. 138, n. 1, p. 49-53, 2004.

ZAGO, B. W., BARELLI, M. A. A., HOOGERHEIDE, E. S. S., CORREA, C. L., DELFORNO, G. I. S., & DA SILVA, C. J. Morphological diversity of cassava accessions of the south-central mesoregion of the State of Mato Grosso, Brazil. Genetics and Molecular Research, v. 16, n. 3, 2017.

CAPÍTULO I

Diversidade genética entre genótipos de mandioca de Angola baseada na análise conjunta da caracterização morfoagronômica e molecular [1]

[1]Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial do periódico científico Acta Agronômica, em versão na língua inglesa.

Diversidade genética entre genótipos de mandioca de Angola baseada na análise conjunta da caracterização morfoagronômica e molecular.

RESUMO: A análise conjunta de variáveis qualitativas e quantitativas é uma ferramenta útil na estimativa da diversidade genética entre diferentes genótipos. Com isso, objetivou-se com este estudo avaliar a diversidade genética de genótipos de mandioca em Angola, a partir de caracteres morfoagronômicos e molecular, a fim de identificar grupos divergentes para direccionar trabalhos de hibridação e posterior seleção. Foram avaliadas 10 características quantitativas, 12 qualitativas e 18 primer ISSR em 40 genótipos de mandioca. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela constituída por cinco linhas de 10 plantas, totalizando 50 plantas por parcela, dispostas no espaçamento de 0,90 metros entre linhas e 0,90 metros entre as plantas. A amplitude dos coeficientes de variação (CV), variou de 16,21 % a 80,87%, demonstrado variação entre os resultados e uma variabilidade e heterogeneidade dos genótipos. As maiores entropias foram encontradas nos descritores, cor externa do caule (1,26), cor da folha terminal (0,99), cor do córtex da raiz, (0,95), hábito de ramificação (0,88) e cor do pecíolo (0,82). Pelo Método UPGMA, formam-se três grupos baseando-se nos descritores quantitativos e qualitativos, três grupos na análise conjunta e dois grupos com base nos dados oriundos de marcadores moleculares. Foi verificada variabilidade genética a partir de analise conjunta de características morfoagronômicas e moleculares nos genótipos de mandioca.

PALAVRAS-CHAVE: *Manihot*, distância genética, variabilidade genética, análise multivariada

Genetic diversity among cassava genotypes from Angola based on the joint analysis of morphoagronomic and molecular characterization.

ABSTRACT: The joint analysis of qualitative and quantitative variables has been pointed out as a useful tool in the estimation of genetic diversity among accessions of germplasm collections. Thus, the objective of this study was to evaluate the genetic diversity of cassava genotypes in Angola, from morphoagronomic and molecular characters, in order to identify divergent groups to direct hybridization work and subsequent selection. Ten quantitative, 12 qualitative and 18 ISSR characteristics were evaluated in 40 cassava genotypes. The statistical design was a randomized block design with four replications, each plot consisting of five lines of 10 plants, totaling 50 plants per plot, spaced 0.90 meters between rows and 0.90 meters between plants. The amplitude of the coefficients of variation (CV) ranged from 16.21% to 80.87%, indicating variation among the results, presenting a variability and heterogeneity of the varieties. The largest entropies were found in the descriptors, external stem color (1.26), terminal leaf color (0.99), root cortex color (0.95), branching habit (0.88), and color of the petioles (0.82). By the UPGMA Method, three groups are formed based on the quantitative and qualitative descriptors, three groups in the joint analysis and two groups based on the data derived from molecular markers. Genetic variability was verified from a joint analysis of morphoagronomic and molecular characteristics in cassava genotypes.

.

KEY WORDS: *Manihot*, genetic distance, genetic variability, multivariate analysis

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é considerada um alimento básico para mais de um bilhão de pessoas nos países tropicais (CHETTY et al., 2013). Angola é o nono maior produtor mundial da mandioca (10,0 milhões de toneladas), sendo esta a segunda fonte mais importante de calorias, fornecendo diariamente um quarto das calorias consumidas diariamente no país. Atualmente, a Nigéria continua a ser o maior produtor mundial de mandioca com 57,1 milhões de toneladas, seguido pela Tailândia (31,2 milhões), Brasil (21,1 milhões) e Indonésia (20,7 milhões) segundo dados da FAO para o ano de 2016 (FAOSTAT, 2018).

Em Angola a mandioca é cultivada em mais de 60% do território, desde a província de Cabinda até a Cunene, sob as mais diferentes condições de solo,clima e sistema de cultivo. Desde os séculos XVI e XVII, quando ocorreu a sua introdução, a mandioca foi integrada na dieta alimentar do povo angolano, tornando-se uma das principais culturas alimentares de grande parte da população (MUONDO, 2013).

A mandioca é a base da matéria-prima para uma série de produtos, aumentando a demanda pela planta e contribuindo para a transformação agrícola e crescimento econômico nos países em desenvolvimento (FAO 2017). Contudo, a qualidade das raízes e os potenciais de produtividade, são maximizados apenas em plantações bem conduzidas e com utilização de cultivares superiores (BARBIERO, 2018).

A diversidade genética, é uma das subdivisões da biodiversidade, esta tem como principal objetivo conservar os recursos genéticos, entre eles, plantas que tenham importância tanto naquele momento, quando futuramente. Para se ter informações suficientes, deve-se realizar coleta, caracterizar, avaliar e conservar os acessos de uma determinada cultura (OLIVEIRA et al., 2012).

Na caracterização de germoplasma, o número de descritores é um fator importante, considerando o tempo gasto, mão de obra requerida e qualidade na coleta das informações. Em geral, o aumento no número de descritores contribui para melhorar as informações de divergência genética entre os acessos em estudo (FUKUDA et al.; 2010).

Para Fukuda et al.; (2010), o uso de descritores morfológicos permite que haja a caracterização de acessos que se encontram em bancos de germoplasma de forma confiável, tendo como vantagem, ainda, o fato de uma grande parte desses caracteres apresentarem uma alta herdabilidade, sofrendo pouca ou nenhuma influência do meio ambiente. Sabendo-se que o sucesso de qualquer programa de melhoramento está relacionado directamente na presença de variabilidade para a característica que se deseja melhorar (MAGRO REIS et al.; 2015). Desta forma, é indispensável que se realize o estudo de diversidade genética nos programas de melhoramento a fim de avaliar e caracterizar os recursos genéticos disponíveis. No estudo da diversidade genética pode-se agrupar genótipos semelhantes utilizando-se técnicas multivariadas, obtendo-se informações sobre genitores que são diferentes geneticamente, estes sendo mais desejáveis para os programas de melhoramento devido ao efeito heterótico, que gatante uma maior variabilidade genética (CRUZ et al.; 2011).

Assim, objetivou-se com este estudo avaliar a diversidade genética de genótipos de mandioca em Angola, a partir de caracteres morfoagronômicos e molecular, a fim de identificar grupos divergentes para direccionar trabalhos de hibridação e posterior seleção.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no campo experimental da Companhia de Alimentos de Malanje, durante duas safras consecutivas (2015/16 e 2017/18). Foram avaliados 40 genótipos de mandioca provenientes do banco de germoplasma do Instituto de Investigação Agronômico (IIA) da Estação Experimental Agrícola de Malanje, e da IDA do Cuanza Norte e Uíge, (Tabela 1), localizada na Província de Malanje, com 368 metros de altitude, 8º 49' latitude Sul e 13º 13' de longitude (IGCA, 2016), com uma área total de 8960 m^2. O solo do local foi classificado como Fersialíticos (DINIZ, 1973). O clima, conforme a classificação do (INAMET, 2004) é subtropical úmido, com temperatura média anual de 26º C, com uma amplitude térmica de 14º C, umidade relativa entre 80 e 85 %, precipitações médias anuais entre 1000 e 1200 mm, bem distribuídas.

Tabela 1. Relação dos genótipos de mandioca pertencentes ao banco de germoplasma de mandioca do Instituto de Investigação Agronômica de Malanje e da Companhia de Alimentos de Malanje.

N/O	Local de origem	Província	Genótipos
01	Kalandula - Luxilu de cima	Malanje	Waticamana
02	Kalandula - Luxilu de cima	Malanje	Maria dia Pedro
03	Kalandula - Luxilu de cima	Malanje	Hoto
04	Kalandula - Luxilu de cima	Malanje	Mata Capim
05	Kalandula - Luxilu de cima	Malanje	Kambaxi
06	Quizenga	Malanje	Paco Vermelho
07	Ndalatando	Cuanza Norte	Tio Jojo
08	Quizenga	Malanje	Verdinha
09	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Mukoto ua Nguadi (Pé de perdiz)
10	Ndalatando	Cuanza Norte	Paco branco
11	Ndalatando	Cuanza Norte	Munenga
12	Ndalatando	Cuanza Norte	Kimbanda
13	Ndalatando	Cuanza Norte	Suzi
14	Ndalatado	Cuanza Norte	Jaca Branca
15	Ndalatando	Cuanza Norte	Jaca Vermelha
16	Ndalatando	Cuanza Norte	Kalazula
17	Dange Kitexi – Quitoque	Uíge	Ngana Rico 1 (Uíge)

18	Uíge – Aldeia Kiongua	Uíge	TMS3
19	Uíge – Aldeia Kiongua	Uíge	Mandioca Banana
20	Uíge – Aldeia Kiongua	Uíge	Rio Dange
21	Uíge – Aldeia Kiongua	Uíge	Cassandi
22	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Vermute
23	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Guita
24	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Chico dia kombe
25	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Precoce de Angola
26	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Kalami
27	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Baco
28	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Katenda
29	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Malanje
30	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Ngana Rico2 (Malanje)
31	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Kalawenda
32	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Gonçalo
33	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Mundele Paco
34	Malanje - Aldeia Santa Maria	Malanje	Suingui
35	Malanje - Aldeia Santa Maria	Malanje	NganaYuculu
36	Cacuso - Comuna do Lombe	Malanje	Muringa
37	Cacuso - Comuna do Lombe	Malanje	Kinzela
38	Dange Kitexi - Aldeia Quitoque	Uíge	Mpelo
39	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Gueti
40	Malanje - Aldeia Cambondo do Kuige	Malanje	Kapumba

As manivas para o plantio foram obtidas de plantas com 12 meses de idade e possuíam tamanho aproximado de 14 cm, com pelo menos quatro gemas presentes. Estas manivas foram plantadas de forma mecanizada e dispostas horizontalmente nos sulcos à 0,10 m de profundidade, utilizando-se estacas sadias dos 40 genótipos de mandioca, com o suporte de um trator de 80 cavalos, acoplado à uma plantadora de mandioca (bazuca 1) de duas linhas. Cada genótipo foi disposto em parcela constituída por cinco linhas de 10 plantas, totalizando 50 plantas por parcela e cada linha tendo 10 metros de comprimento, dispostas no espaçamento de 0,90 metros entre linhas e 0,90 metros entre as plantas com delineamento experimental em blocos casualizados com quatro repetições. A adubação de plantio foi realizada, 350 kg ha^{-1} do adubo formulado 12-24-12 e no sexto mês fez-se a adubação de cobertura com uma dose de 250 kg/ha^{-1} de NPK (16-8-12). A aplicação dos herbicidas Capizade e Flumioxazina

foi realizada no início do plantio, visando evitar a ocorrência de plantas daninhas no crescimento inicial da mandioca.

As estacas, antes da plantio, foram banhadas durante cinco minutos em solução de Maconzebe 80% (1kg), Fipronil 80% (1kg), Boro (1L), Manganês (1L), em 15000L de água. Os tratos culturais foram efetuados, com base nas exigências da cultura, utilizando-se o método manual de controle das ervas daninhas, usando enxadas e sachas, em diferentes fases e etapas do desenvolvimento da cultura.

Nos dias 02 de dezembro de 2016 e 21 de fevereiro de 2018 realizou-se os cortes. Colheu-se todas as plantas das cincos linhas de cada parcela. Avaliou-se o número de hastes (NH): obtido pela razão entre a soma do número de brotações das manivas-mãe e o respectivo número de plantas submetidas à avaliação; altura de plantas (AP, em cm): obtida a partir do nível do solo até a extremidade mais distal; diâmetro do caule (DC, em cm): medido com paquímetro a10 cm do nível do solo; distância do entrenó (DE, em cm), obtida pela mensuração das distâncias entre os nós dos caules das plantas; altura da primeira ramificação (APR, em cm), obtida a partir do nível do solo até a inserção da primeira ramificação; número de raízes (NR): obtido pela razão entre o número de raízes das manivas-mãe e o respectivo número de plantas submetidas à avaliação; diâmetro das raízes (DR, em cm), obtido pela mensuração do diâmetro de 10 raízes amostradas aleatoriamente em cada parcela experimental; comprimento das raízes(CR, em cm), obtido pela mensuração do comprimento de dez raízes amostradas aleatoriamente em cada parcela experimental; produção da parte aérea (PPA, em kg), obtida pela pesagem da parte aérea de todas as plantas úteis das parcelas experimentais; e produção de raízes (PR, em kg), obtida pela pesagem das raízes de todas as plantas úteis das parcelas experimentais. As variáveis qualitativas foram: Cor do pecíolo, pubescência da folha jovem, cor da folha apical, cor da folha adulta, cor externa do caule, hábito de ramificação, textura da epiderme da raiz, cor do córtex da raiz, cor da polpa da raiz, cor externa da raiz, constrições da raiz, presença de pedúnculo na raiz.

A colheita foi feita de forma mecanizada, antecedida pelo corte das plantas após culminar o ciclo vegetativo da cultura, com a utilização de um

afofador (P900) (Implemento agrícola do formato de um sulcador, destinado para colheita de raízes e tubérculos), acoplado ao trator.

Os dados foram submetidos à análise de variância, para a seleção dos descritores quantitativos foi efetuada a análise de agrupamento com o emprego da distância euclidiana média. Esta análise envolveu todos os caracteres e foi executada com base na média das medidas tomadas de cada descritor, a partir da matriz de correlação, utilizando-se o procedimento PRINCOMP do SAS, versão 9.0 (SAS INSTITUTE, 2004) e o programa computacional GENES (CRUZ, 2013). Para a construção do dendrograma baseado na distância euclidiana e método de agrupamento UPGMA utilizou-se o programa Statistica 7.1 (STATSOFT, 2005).

Em relação a diversidade genética, foram calculados os valores mínimos, máximos, média, desvio padrão, coeficiente de variação nos descritores quantitativos, utilizando-se o software estatístico SAS (SAS INSTITUTE, 2004).

A seleção dos descritores qualitativos foram realizadas por meio do nível de entropia dos caracteres (H), proposto por Renyi (1961), de acordo com o seguinte modelo:

$$H = -\sum_{i=1}^{s} p_i \ln p_i$$

Onde a Entropia é uma medida da frequência da distribuição de (n) acessos $P = (p_1, p_2 \ldots p_s)$, sendo: $p_1 = f_i/n$ e $(p_1 + p_2 + \ldots + p_s = 1)$ desde que $(n = f_1 + f_2 + \ldots + f_s)$, onde $f_1, f_2, \ldots f_n$, são as contagens de cada uma das classes (s) no descritor considerado. Esta estimativa da entropia foi realizada com o auxílio do programa SAS – Statistical Analysis System (SAS INSTITUTE, 2004). Foram considerados como variáveis descartadas todas aquelas que apresentaram nível de entropia inferior a 0,60.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base na Tabela 2 da estatística descritiva, verifica-se que a amplitude dos coeficientes de variação (CV), foi de 16,21 % a 80,87 % para as variáveis relacionadas a distância do entrenó (DE) e produção da parte aérea (PPA), respectivamente, indicando que dentre as variáveis analisadas, a distância do entrenó apresenta menor grau de dispersão e a produção da parte aérea o maior. Os valores encontrados para o CV indicaram variação entre os resultados, demonstrando assim, uma variabilidade e heterogeneidade das características avaliadas. Oliveira (2011), estudando a relação entre caracteres morfológicos e agronômicos de híbridos interespecíficos entre *M*. *esculenta* e espécies silvestres de *Manihot*, verificaram que a amplitude dos CV foi de 11,88 % a 73,36 % para as variáveis número de hastes e altura da primeira ramificação, o que corrobora com resultado deste estudo. Já Afonso et al.; (2014) em estudo sobre a seleção de descritores morfológicos e divergência genética em mandioca, observaram amplitude para o CV de 5,57 % a 42,37 % para as variáveis teor de amido da raiz e número de raízes por planta, no

Observou-se que as maiores variações ocorreram nas variáveis altura das plantas (113,82 a 325,65 cm), apresentando uma média de 193,82 cm; número de raízes (10,5 a 242,0), com média de 95,32; produção da parte aérea (4 a 146,00 kg), com média de 32,26 kg; produção de raízes (5,50 a 128,0 Kg), com média de 46,02 kg e altura da primeira ramificação (12,54 a 113,03 cm), com média de 46,68 cm. As variáveis produção da parte aérea, número de hastes e o peso das raízes por planta estão ligadas à arquitetura da planta e, embora não existam relatos de qual seria o ideal, sabe-se que estes descritores são importantes, pois facilitam a realização dos tratos culturais (AFONSO et al.; 2014).

Em contrapartida, as menores variações foram detectadas para o diâmetro do caule (4,45 a 19,58 cm), com média de 8,98 cm; distância do entrenó (DE) (5,41 a 12,25cm), apresentando uma média de 8,33 cm e número de hastes (1,29 a 6,86), com uma média de 2,35.

Em relação ao desvio padrão, verificou-se valores de 45,31 para o número de raízes, 40,89 para altura das plantas, indicando que foram as variáveis que

mais apresentaram dispersão em relação à média, enquanto o número de hastes e o diâmetro do caule com valores respectivos de 0,71 e 2,71, foram as variáveis que apresentaram menor dispersão em relação à média (Tabela 2).

Tabela 2. Estatísticas descritivas para os descritores quantitativos utilizados na caracterização de 40 genótipos de mandioca, na Província de Malanje, Angola, 2018.

Descritores quantitativos	Mínimo	Máximo	Média	Desvio padrão	CV (%)
Número de hastes	1,29	6,86	2,35	0,71	30,46
Altura das plantas (cm)	113,82	325,65	193,87	40,89	21,11
Diâmetro do caule (cm)	4,45	19,58	8,98	2,71	30,19
Distância do entrenó (cm)	5,41	12,25	8,33	1,35	16,21
Altura da primeira ramificação (cm)	12,54	113,03	46,68	16,13	34,55
Número de raízes	0,54	7,65	2,63	1,29	49,24
Diâmetro das raízes (cm)	9,70	35,20	21,94	3,69	16,82
Comprimento das raízes(cm)	15,20	62,60	30,44	7,00	23,01
Produção da parte aérea (kg)	4,00	146,00	32,26	26,09	80,87
Produção de raízes (kg)	5,50	128,00	46,02	24,51	53,25

Na tabela 3, estão apresentados os descritores qualitativos, suas classes fenotípicas, frequência percentual dos acessos em cada uma das classes e o nível de entropia. Foram considerados como variáveis descartadas todas aquelas que apresentaram nível de entropia inferior a 0,60.

O nível de entropia pode ser utilizado para quantificar o poder discriminante de um determinado descritor qualitativo, por meio da observação das frequências relativas das classes para cada variável avaliada (LEDO et al.; 2011). Trabalhos relacionados a nível de entropia têm sido desenvolvidos em diversas culturas, como mandioca (VIEIRA et al., 2007; OLIVEIRA, 2011; AFONSO et al.; 2014, EBERTZ; PALOMINO, 2017), Tabaco (CONCEIÇÃO, 2015), Banana (BRANDÃO, 2011, LEAL, 2016) e Mamoeiro (NOBRE, 2016).

Para o descritor morfológico cor do pecíolo, houve dispersão entre as classes assegurando maior frequência para as de coloração roxo (72,50 %) e verde avermelhado (17,50 %). Como esse descritor não apresenta interesse econômico é provável que esta característica tenha sido pouco visada durante o processo de seleção, permitindo uma grande variabilidade entre as categorias. Em relação à cor do pecíolo, Barbosa (2013) obteve dados nas classes cor do

pecíolo vermelho (18,52%) e verde avermelhado (29,63%), diferindo dos dados obtidos por Ebertz; Palomino (2017), obtiveram dados para a coloração do pecíolo de verde avermelhado (28,63%). O descritor pubescência da folha jovem, apresentaram ampla variação, sendo 75,0% poucos pêlos, 22,50% muitos pêlos e 2,50 pouco pêlos.

Para o descritor morfológico cor da folha apical foi observada, as classes, roxo (52,50%) e verde arroxeada (37,50%). Vieira et al. (2008) ao avaliarem 356 acessos de mandioca do banco de germoplasma da Embrapa Cerrados, observaram frequência para o descritor na classe verde arroxeada (44%), e Barbosa (2013); obteve frequência nesta mesma classe (62,97%) na caracterização de 27 clones no estado da Bahia. Quando a cor da folha adulta foi avaliada, maior frequência (90%) foi observada para a coloração verde.

A cor externa do caule apresentou ampla variação as classes assegurando laranja 5%, verde amarelado 7,50%, marrom claro 47,50%, prateado 32,50 % e marrom escuro 7,50 %. Dentre os caracteres avaliados por Vieira et al.; (2005), a cor externa do caule apresentou elevada entropia. Justifica-se pelo fato desta característica ser pouco relacionada com caracteres de interesse agronômicos , o que contribuiu provavelmente para que a mesma fosse pouco visada no processo de seleção, de acordo com parâmetros específicos ou ao acaso. Segundo Barbosa (2013), para o produtor rural, essa característica é de grande importância, uma vez que poderá utilizar dessa variação de cor para diferenciar as manivas das diferentes cultivares durante o processo de instalação da lavoura.

Para o descritor hábito de ramificação, a maior parte dos genótipos apresentou hábito de ramificação dicotômico (62,50%) ou tricotômico (27,50%). Os hábitos de ramificação dicotômico e tricotômico dos genótipos, contribuem para a produção de um maior número de estacas, por apresentarem uma maior quantidade de ramos, que poderão ser utilizadas para a implantação de uma nova lavoura. O equilíbrio entre o crescimento da raiz e o crescimento da parte aérea é determinado pelo potencial de crescimento da parte aérea, que é, em grande parte, determinado pelo padrão de ramificação (LIAN; COCK, 1979).

Tabela 3. Descritores qualitativos, classes fenotípicas, frequência percentual e nível de entropia em 40 genótipos de mandioca, na Província de Malanje, Angola, 2018.

Descritores qualitativos	Classes	Frequência absoluta	Frequência percentual	Nível de entropia
Cor do pecíolo	Verde	3	7,50	0,82
	Verde avermelhado	7	17,50	
	Vermelho esverdeado	1	2,50	
	Roxo	29	72,50	
Pubescência da folha jovem	Sem pêlos	1	2,50	0,64
	Poucos pêlos	30	75,00	
	Muitos pêlos	9	22,50	
Cor da folha apical	Verde claro	1	2,50	0,99
	Verde escuro	3	7,50	
	Verde arroxeado	15	37,50	
	Roxo	21	52,50	
Cor da folha adulta	Verde	36	90,00	0,33
	Verde- arroxeado	4	10,00	
Cor externa do Caule	Laranja	2	5,00	1,26
	Verde amarelado	3	7,50	
	Marrom claro	19	47,50	
	Prateado	13	32,50	
	Marrom escuro	3	7,50	
Hábito de ramificação	Ereto	4	10,00	0,88
	Dicotômico	25	62,50	
	Tricotômico	11	27,50	
Textura da epiderme da raiz	Lisa	20	50,00	0,69
	Rugosa	20	50,00	
Cor do córtex da raiz	Branco ou creme	1	2,50	0,95
	Amarelo	2	5,00	
	Rosado	19	47,50	
	Roxo	18	45,00	
Cor externa da raiz	Branco ou creme	26	65,00	0,65
	Amarelo	14	35,00	
Cor da polpa da raiz	Creme	2	5,00	0,31
	Branco	37	92,50	
	Amarelada	1	2,50	
Constrições da raiz	Poucas ou nenhuma	40	100,00	0,00
Presença de pedúnculo na raiz	Pedunculada	30	75,00	0,56
	Misto	10	25,00	

Os mesmos autores realçam que quando a ramificação do caule é tardia (seis meses ou mais tarde), há um aumento na quantidade de carboidratos disponíveis para as raízes, com três ramos em cada ponto da ramificação. Farnsworth e Niklas (1995) ressaltam que é necessário que haja um equilíbrio entre a superfície fotossintética máxima (área foliar) e um investimento mínimo de energia (ramos) para que a produtividade seja potencialmente aumentada.

No descritor textura da epiderme da raiz, foram observadas as classes lisa (50%) e rugosa (50%). Em relação à cor do córtex da raiz, a maioria dos genótipos apresentou a coloração rosado, havendo, entretanto, um equilíbrio entre as colorações branco ou creme, amarelo e roxo. Segundo Barbosa (2013), este equilíbrio seria um reflexo de não ter havido clara preferência quanto à cor do córtex das raízes por parte dos povos que domesticaram a cultura. Atualmente, cultivares de mandioca selecionadas para a indústria apresentam raízes com córtex branco (VIEIRA et al.; 2008).

Para a cor externa da raiz foi observada maior frequência, as classes branco ou creme (65%) e menor amarelo (35%). Vieira et al. (2008), observaram maior frequência para o descritor cor externa da raiz na classe marrom escuro (45%).

A cor da polpa da raiz foi branca para 92,50% dos genótipso avaliados. Nas regiões de Malanje, Uíge e Cuanza Sul, os agricultores e consumidores têm preferência pelas plantas de polpa branca. Vieira et al. (2008), ao avaliarem 356 acessos de mandioca do banco de germoplasma da Embrapa Cerrados, também encontraram maior frequência para o descritor cor de polpa branco (79%), resalta-se que esse descritor é de grande importância para o melhoramento.

Para o descritor constrições nas raízes, toda a população avaliada apresentou constrições. Vieira et al.; (2008) obtiveram genótipos com poucas constrições de 84 %. A constrição nas raízes também é um descritor de grande importância para o melhoramento.

Em relação a presença de pedúnculo nas raízes, o ideal são fenótipos com pedúnculo curto, e 75% dos genótipos evidenciam a presença de pedúnculos.

Os descritores que apresentaram baixa entropia foram a constrições da raiz (0,00), cor da polpa da raiz (0,31), cor da folha adulta (0,33), presença de pedúnculo na raiz (0,56). Baixos valores para entropia estão associados a uma

menor quantidade de classes fenotípicas para o descritor aplicado e a uma maior instabilidade na proporção entre a frequência das distribuição dos acessos nas diferentes classes fenotípicas (OLIVEIRA, 2011).

Afonso et al., (2014) encontraram em acessos de *Manihot* baixa entropia para os descritores: cor da folha adulta, floração, proeminência das cicatrizes foliares, pubescência das folhas jovens, superfície da película da raiz, presença de cintas na raiz, facilidade de desprendimento da raiz, destaque da película da raiz e pedúnculo da raiz. Deve-se ressaltar também que Vieira et al., (2007), caracterizando germoplasma de mandioca encontraram baixa entropia para os descritores: hábito de crescimento do caule, floração, textura da epiderme da raiz e constrições da raiz. Os descritores selecionados são úteis na caracterização de germoplasma de mandioca, onde disponibilizam informações primordiais para o melhoramento genético dos acessos em estudo e para a espécie.

Os descritores que apresentaram maiores entropias foram cor externa do caule (1,26), cor da folha terminal (0,99), cor do córtex da raiz, (0,95), hábito de ramificação (0,88), cor do pecíolo (0,82), textura da epiderme da raiz (0,69), cor externa da raiz (0,65), pubescência da folha jovem (0,64), uma vez que possuem elevado número de classes, aliado a um equilíbrio maior entre a frequência dos genótipos nas diferentes classes fenotípicas, o que revela variabilidade genética entre os genótipos estudados.

Vieira et al., (2007) avaliando germoplasma de mandioca encontraram, as maiores entropias para os descritores cor externa do caule, cor do pecíolo, forma do lóbulo central e cor da folha apical. Também em estudo realizado em germoplasma de *Manihot* por Oliveira (2011), as maiores entropias foram encontradas para os descritores cor do pecíolo, forma do lóbulo central, cor externa do caule e número de lóbulos.

Na Figura 1 está representado o dendrograma de dissimilaridade obtido utilizando os descritires quantitativos para os acessos de mandioca em estudo. O coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi de 0,73**, o ponto de corte foi sugerido pelo critério do pseudo-t2. Verificou-se a formação de três grupos.

O grupo I foi constituído pelos genótipo oito (verdinha) e 30 (Ngana Rico 2) que possuem plantas com número de haste que variam de um a oito, altura de planta variando de 110 a 290 cm.

O genótipo mais divergente foi o 29 (Malanje), que formou um grupo unitário. O genótipo Malanje é caracterizado por plantas que possuem número de raízes que variam de quatro a sete. Já o grupo III foi constituído de 37 genótipos, sendo o maior grupo.

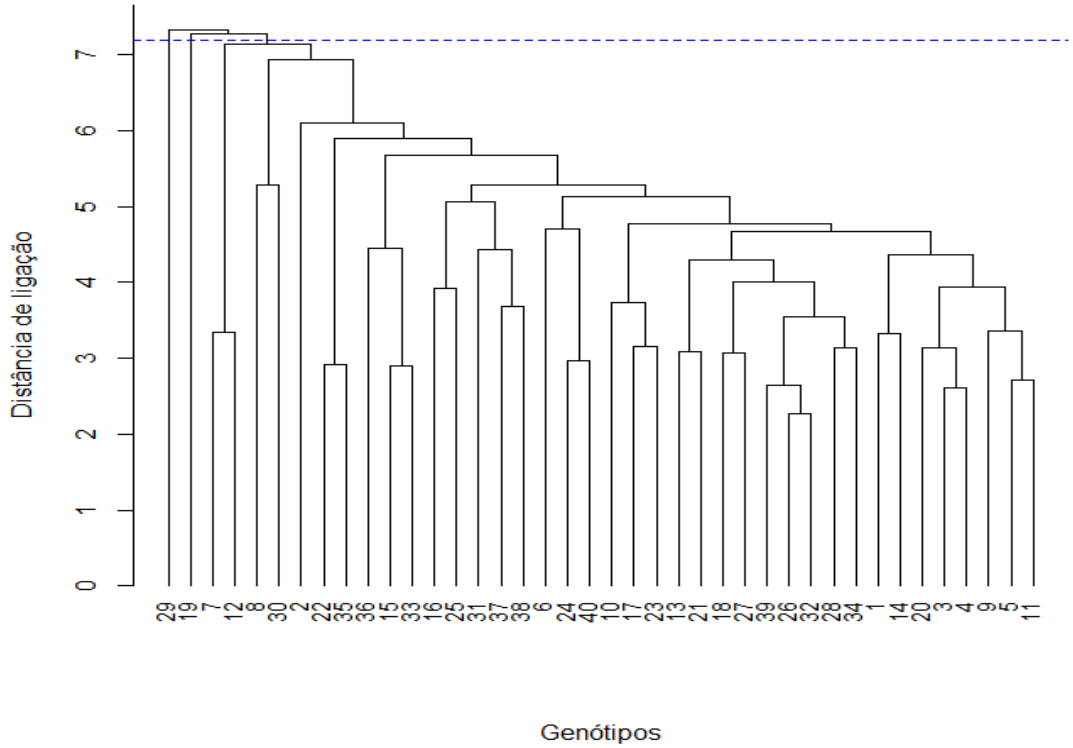


Figura 1. Dendrograma baseado na distância de Mahalanobis e método de agrupamento UPGMA para os descritores quantitativo, utilizados na avaliação dos 40 genótipos de mandioca em Angola, 2018.

Com base nos 12 descritores qualitativos, foi obtido o dendrograma com formação de três grupos e coeficiente de correlação cofenético de 0,80** (Figura 2). Pode-se constatar que o grupo I foi formado por 12 genótipos, sendo os caracteres mais comuns a presença de poucos pêlos na pubescência da folha jovem, cor da folha verde arroxeado, presença de pedúnculo nas raiz pedunlada, hábito de ramificação dicotômico, e a cor da polpa da raiz creme.

O Grupo II foi composto por um genótipo, tendo alguns dos caracteres em comum, não diferenciando de alguns grupos, cor do córtex da raiz branco ou creme, hábito de ramificação ereto e textura da epiderme da raiz lisa. O Grupo III foi formado por 27 genótipos, tendo em comum e diferente dos demais a cor externa do caule prateado, cor externa da raiz amarelada e presença de pedúnculo nas raízes mista e pedunculada. O genotipo 36 (Muringa) mostrou-se bastante divergente dos demais, visto que formou um grupo exclusivo na análise (Figura 2).

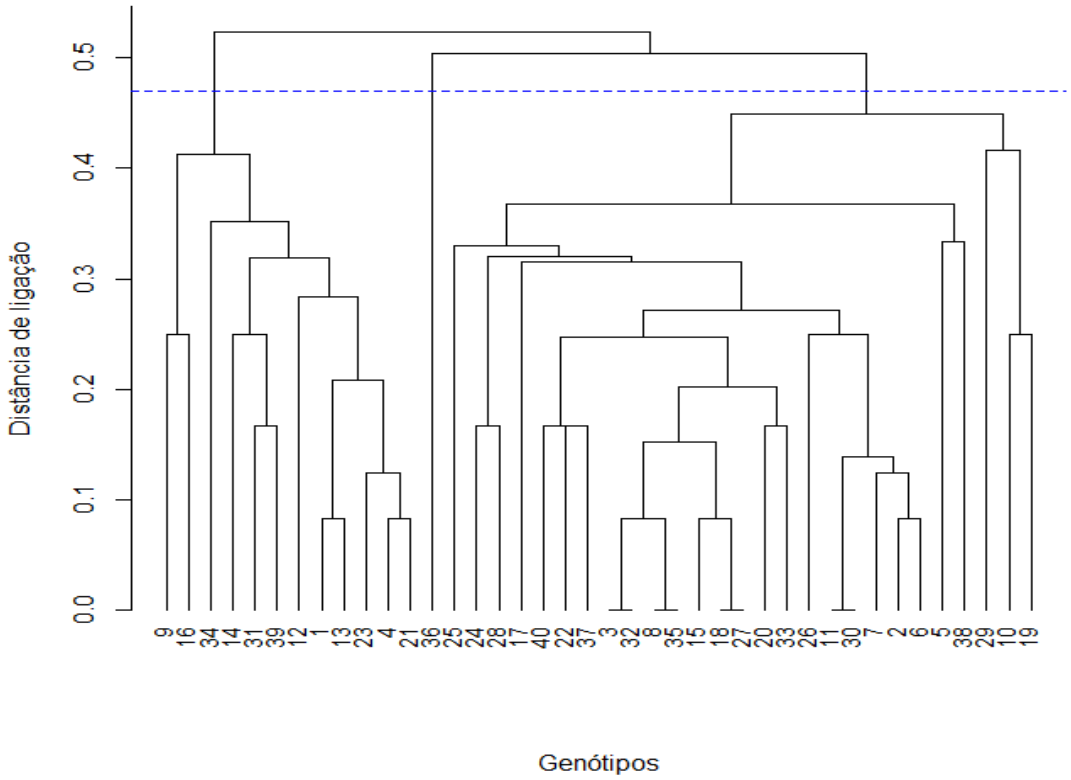


Figura 2. Dendrograma baseado no complemento do coeficiente de similaridade e método de agrupamento UPGMA para os descritores qualitativos categóricos utilizados na avaliação dos 40 genótipos de mandioca em Angola, 2018.

O agrupamento hierárquico com base no descritores qualitativos categóricos (Figura 3) apresentou valor para a correlação cofenética (r = 0,73**) altamente significativo. Observa-se que houve a formação de dois grupos: O grupo I, constituído apenas pelo genótipo 39 (Gueti), que possui planta de hábito

de crescimento reto, e com o hábito de ramificação tricotómico. A cor da polpa da raiz é creme, com cor do pecíolo roxo e cor externa da raiz amarelo.

O grupo II foi constituído pelo maior número de genótipos, totalizando 39. No entanto, esse grupo inclui plantas com hábito de crescimento zig –zag e reto, com a cor da folha apical que varia de verde escuro, verde arroxeado e roxo, Cor externa do Caule variando de prateado, marrom claro.

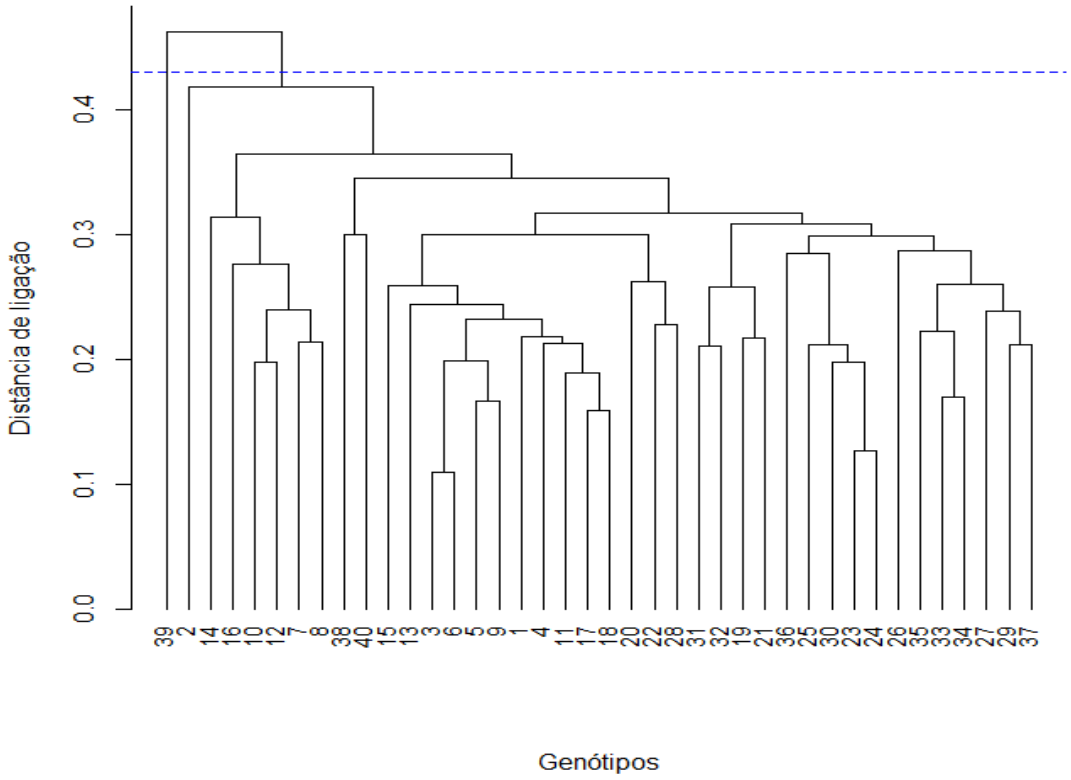


Figura 3. Dendrograma baseado no complemento do índice de similaridade de Jaccard e método de agrupamento UPGMA para os dados oriundos de marcadores moleculares, utilizados na avaliação dos 40 genótipos de mandioca em Angola, 2018.

A análise simultânea pelo algoritmo de Gower foi utilizada para representar graficamente a variabilidade dos genótipos de mandioca pela sua maior eficiência em quantificar as diferenças entre eles (Figura 4). Pelo critério do pseudo-t2, pode se observar que o ponto de máximo foi atingido no passo da formação de 2 grupos (correlação cofenética 0,71**), indicando que este ponto está relacionado com a menor probabilidade de significância do teste e,

consequentemente, indica a interrupção do processo de agrupamento. Observa-se que o grupo I foi composto por 13 genótipos e o grupo II por 27 genótipos. Outras pesquisas com coqueiro, bananeira, umbu-cajazeira e maracujá, indicaram o mesmo padrão na formação de pequenos grupos (SANTANA, 2010; BRADÃO, 2011; MATTOS et al.; 2010, AZEVEDO, 2014; LEAL, 2014; MACHADO et al., 2011).

Conforme sugerem Bussab et al. (1990), na análises de agrupamento são aceitáveis valores de coeficiente de correlação cofenético a partir de 0,80. Entretanto, é importante ressaltar que há na literatura coeficientes de correlação cofenético, com valores a partir de 0,60 (BUSATO et al., 2004; BEZERRA NETO et al., 2010). Coeficientes com valores compreendidos entre 0,60 e 0,80 podem ser consequência do pequeno número de variáveis utilizadas, o tipo e a quantidade de variáveis, bem como a qualidade dos dados obtidos, podem influenciar os resultados (OLIVEIRA, 2011).

A distância proposta por Gower foi também utilizada por Oliveira (2011) para estudar a avaliação da divergência genética espécies silvestres e híbridos interespecíficos de *Manihot* (*euphorbiaceae* - *magnoliophyta*) entre 16 acessos de mandioca determinaram um coeficiente de correlação cofenético de 0,67**, e o agrupamento dos genótipos pelo método de UPGMA possibilitou a formação de três grupos de dissimilaridade, para as análises baseadas nos dados quantitativos e qualitativos simultaneamente. Com a análise conjunta dos dados, a autora conseguiram demonstrar a diversidade e o valor dos acessos estudados para o melhoramento da cultura.

Em outro estudo de divergência realizado com 14 espécies silvestres de *Manihot* revelou que a análise simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas promoveu a formação de cinco grupos(LEDO et al., 2009).

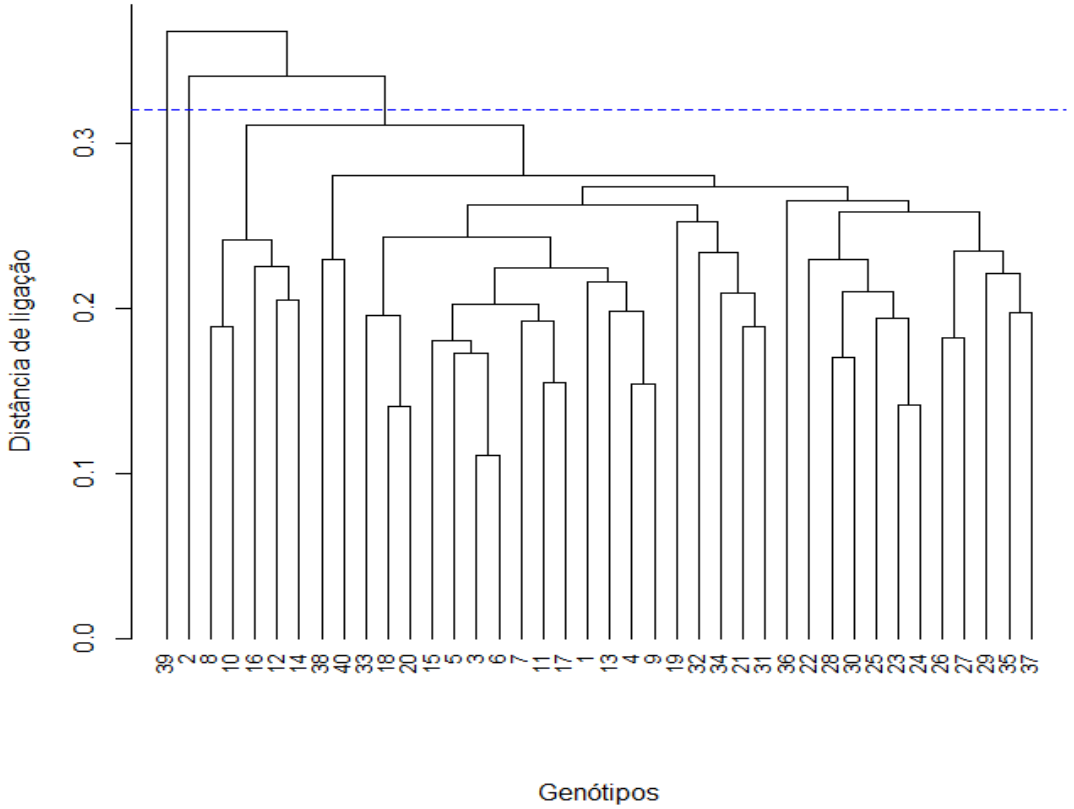


Figura 4. Dendrograma baseado na distância de Gower e método de agrupamento UPGMA para os descritores quantitativos e qualitativo, utilizados na avaliação dos 40 genótipos de mandioca em Angola, 2018.

CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética nos genótipos de mandioca em Malanje, a partir das características morfoagronômicas e molecular avaliadas.

Os descritores qualitativos que mais contribuem para a divegência genética entre os genótipos de mandioca são cor externa do caule, cor da folha terminal, cor do córtex da raiz, hábito de ramificação e cor do pecíolo.

A análise conjunta de dados quantitativos e qualitativos proporciona maior eficiência no conhecimento da divergência existente entre os genótipos de mandioca, e permite direcionar futuros estudos de hibridações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AFONSO, S.D.J.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F.C.; SILVA, S. de O.; LEAL, V. D. de J.; CONCEIÇÃO, A. L. da S. Selection of descriptors in a morphological characteristics considered in cassava accessions by means of multivariate techniques. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science (IOSR-JAVS)**, India, v.7, n. 1 p.13-20, 2014.

AZEVEDO, C. D. O. Diversidade genética de populações de coqueiro (*cocos nucifera* l.) via marcadores SSR. CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ. (Dissertação) Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2014

BARBIERO, N. Z. Variabilidade genética de genótipos de mandioca no estado do espírito santo. (dissertação) Mestrado em genética e melhoramento. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre, 2018.

BARBOSA, G. M. Caracterização morfofisiológica de clones de mandioca em Cândido Sales-BA. Vitória da Conquista, BA: UESB, 2013. 141 p

BEZERRA NETO, F. V. et al. Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. Revista Ciência Agronômica. v. 41, n. 2, p. 294-299, 2010.

BRANDÃO, L. P. Seleção de descritores morfoagronômicos em bananeira por meio de procedimentos uni e multivariados. Cruz das Almas- Bahia, 2011, 36-41 p.(Dissertação) Mestrado em Recurso Genético Vegetais. Universidade Federal de Recôncavo, 2011.

BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. Introdução à Análise de Agrupamentos. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p.,1990.

BUSATO, G. R. et al. Análise da estrutura e diversidade molecular de populações de Spodoptera frugiperda (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) associadas às culturas de milho e arroz no Rio Grande do Sul. Neotropical Entomology. v. 33, n. 6, p. 709-716, 2004.

CHETTY, C.C.; ROSSIN, C.B.; GRUISSEM, W.; VANDERSCHUREN, H.; REY, M.E. Empowering biotechnology in southern Africa: establishment of a robust transformation platform for the production of transgenic industry-preferred cassava. New Biotechnology, v. 30, p. 136–143, 2013.

CONCEIÇÃO, A. L. DA S. (2015). Seleção de descritores e análise de agrupamento em acessos de tabaco. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura. CRUZ DAS ALMAS – BAHIA, MARÇO – 2015, p.140

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CAMEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.2, Viçosa: Editora UFV, 585p, 2013.
Cruz, C.D. Programa genes (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2013.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

DINIZ, A. C. Características mesológicas de Angola Nova Lisboa: Missão de Inquéritos Agrícolas de Angola, 482p. il. 27, 1973.

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

FAO (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATION). 2017. Statistics of production. Disponivel em: . Acesso em: 15 out. 2017.

FAO. **Agricultural production – Crops primary.** Disponível em: www.faostat.fao.org/faostat/collect. Acesso em: Abril/2018

FARNSWORTH, k. d.; NIKLAS, K. J. Theories of optimization, form and function in branching architecture in plants. Fuctional Ecology, vol. 9, n. 3, 1995.

FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L.; KAWUKI, R.; FERGUSON, M.E. Selected morphological and agronomic descriptors for the caracterization of cassava. Iban: International Institute of Tropical Agriculture, 2010. 19p.

GOWER JC. A general coefficient of similarity and some of its properties. Biometrics 27: 857-874, 1971.

INSTITUTO GEÓGRAFO E CADASTRAL DE ANGOLA (IGCA). **Folha Cartográfica de Angola**. Província de Malanje, 2016.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA (INAMET). **Dados estatísticos. Serviços Centrais de Meteorologia**. Luanda, Ministério do Ambiente, 2004.

LEAL, V. D. Seleção de descritores morfoagronômico e análise de dissimilaridade genética em acessos de bananeira (Musa spp.). Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Cruz das Almas,103f. 2014.

LEDO, C. A. S da.; ALVES, A. A. C.; SILVEIRA, T. C. da.; OLIVEIRA, M. M. de.; SANTOS, A. S.; TAVARES FILHO, L. F. de Q. Caracterização morfológica da coleção de espécies silvestres de *Manihot* (Euphorbiaceae – Magnoliophyta) da Embrapa Mandioca e Fruticultura**. Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.53, dezembro, 2011

LEDO, C. A da S.; TAVARES FILHO, L.F.de Q.; OLIVEIRA, M. M de., SILVEIRA, T.C da, SANTOS, A. S.; ALVES, A. A. C.; GONÇALVES, L.S.A. Análise de agrupamento utilizando variáveis quantitativas e qualitativas para o estudo da diversidade genética em genótipos de mandioca silvestre. **XIII Congresso Brasileiro de Mandioca.** Botucatu, SP, 591-595, 2009.

LIAN, T. S.; COCK, J. H. Branching habit as a yield determinant in cassava. Field Crops Research, vol. 2, p. 281-289, 1979.

MACHADO, C. de F.; JESUS, F. N. de. LEDO, C. A. da.S. Divergência genética de acessos de maracujá utilizando descritores quantitativos e qualitativos. Rev. Bras. Fruticultura, Jaboticabal - SP, v. 37, n. 2, p. 442-449, Junho 2015.

MAGRO REIS, M. V., CORRÊA DAMASCENO JUNIOR, P., DE OLIVEIRA CAMPOS, T., PEREIRA DIEGUES, I., CORDEIRO DE FREITAS, S. Variabilidade genética e associação entre caracteres em germoplasma de pinhão-manso (Jatropha curcas L.). Revista Ciência Agronômica, v. 46, n. 2, 2015.

MATTOS, L. A.; AMORIM, E. P.; AMORIM, V. B. O.; COHEN, K. O.; LEDO, C. A. S.; SILVA, S. O. Agronomical and molecular characterization of banana germplasm . Pesquisa agropecuária do brasil, Brasília, v.45, n.2, p.146-154, fev. 2010.

MUONDO, P. A. Culturas intercalares e agricultura familiar em angola. Caso: mandioca/cajanus; mandioca/leucaena. Tese (Doutorado em Engenharia Agronômica) – Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa, 2013.

OLIVEIRA, M, M. Diversidade genética em espécies silvestres e híbridos interespecíficos de manihot (euphorbiaceae - magnoliophyta). Cruz das Almas-Bahia, 2011, 34-35p.(Dissertação) Mestrado em Fitotecnia. Universidade Federal de Recôncavo, 2011.

OLIVEIRA, V. R. et al. Recursos genéticos e aproveitamento da biodiversidade no semiárido brasileiro. Semiárido brasileiro: Pesquisa, desenvolvimento e inovação. Brasília: SCT, p. 91-123, 2010.

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, Cary NC: SAS Institute. 2004.

STATSOFT. **Inc. *Statistica for Windows (data analysis software system)*, version 7.1.** Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.

VIEIRA, E. A. FIALHO, J. de F.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G. Variabilidade

genética para caracteres morfológicos entre clones do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados. In: XI Congresso Brasileiro de Mandioca. Campo Grande, MS. Anais. 2005.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G. Variabilidade genética do banco ativo de germoplasma de mandioca do cerrado acessada por meio de descritores morfológicos. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 15p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 129).

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; SILVA, M. S.; FUKUDA, W. M. G.; FALEIRO, F. G. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. Científica, Jaboticabal, v. 36, n. 1, p. 56-67, 2008.

CAPÍTULO II

Estrutura genética de populações de mandioca (*Manihot Esculenta* Crantz) oriundas de Angola por meio de marcadores ISSR [2]

[2] Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial do periódico científico African Journal of Agricultural Research, em versão na língua inglesa.

Estrutura genética de populações de mandioca (*Manihot Esculenta* Crantz) oriundas de Angola por meio de marcadores ISSR

RESUMO: Dezoito primers ISSR (Entre Sequências Simples Repetidas) foram utilizados para estimar a diversidade genética de populações de mandioca de Angola, visando identificar variabilidade genética e o potencial para serem utilizados na diversificação do plantio de mandioca em Angola. Para isso, foram analisadas três populações provenientes de três províncias de Angola (Cuanza Sul, Uíge e Malanje) no total de quarenta genótipos. Um total de 116 bandas foram amplificadas, com uma percentagem de 93,24 % de polimorfismo e média de 6,4 marcadores por primer ISSR. Os índices de diversidade gênica de Nei (H) e de Shannon (I) para os acessos analisados apresentaram valores que variaram de H = 0,20 a 0,24 e I = 0,29 a 0,50, considerados valores intermediários. A diversidade gênica total (HT) foi de 0,3113, o que demonstra elevada heterozigosidade nas populações de *Manihot*, indicando que as mesmas apresentaram variabilidade genética. A AMOVA revelou 10,41% da variância total entre as populações e 89,59% dentro delas. A caracterização molecular revelou que há diversidade genética dentro de cada população estudada, também observou-se estruturação genética entre as populações.

Palavras-chave: Diversidade genética, marcadores moleculares, fluxo gênico, polimorfismo.

Genetic structure of cassava populations (*Manihot Esculenta* Crantz) from Angola using ISSR markers

ABSTRACT : Eighteen ISSRs (Inter Repeated Simple Sequences) were used for the genetic identification of cassava individuals from Angola. For this, it was moist accesses, distributed in three populations. A total of 116 bands were amplified, with a percentage of 93.24% polymorphism and a mean of 6.4 markers per primer ISSR. In relation to the number of alleles observed (Na), the populations presented values ranging from 1.48 to 1.93, and the effective number of alleles (Ne) ranged from 1.37 to 1.59. The indices of Nei gene diversity (H) and Shannon (I), the accessions are retrospective values ranging from 0.20 to 0.24 and I = 0.29 to 0.50, considered intermediate values. The total genetic diversity (HT) was 0.3113, which demonstrates the heterozygosity in the *Manihot* populations, indicating that the genetic variability simulations. The AMOVA 10.41% of the total variance between the parties and 89.59% within them. The basis of genetic improvement of any species its genetic diversity. The molecular characterization revealed that there is genetic diversity within each studied population, also it was observed genetic structuring between the populations.

Key words: Genetic diversity, molecular markers, gene flow, polymorphism.

INTRODUÇÃO

Na África, Ásia e América Latina a mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é a terceira fonte de calorias mais importante, após o arroz e o milho, sendo caracterizada como cultura de segurança alimentar nestas regiões, pois, os pequenos agricultores são os que realizam a maior parte do cultivo, muitas vezes em terras marginais (FAO, 2014). Em Angola a mandioca é cultivada em mais de 60 % do território, destinado à agricultura (MUONDO, 2013). A mandioca faz parte também do contexto histórico brasileiro, nos planos alimentar, social, econômico e cultural, como cultura de subsistência, em especial na agricultura familiar da vasta região semiárida do Nordeste, mitigando a fome das populações mais pobres do Brasil (AFONSO et al., 2014).

A mandioca tem potencial de se tornar a matéria-prima base para uma série de produtos processados da parte aérea e raiz, que podem aumentar a demanda por esta planta e contribuir para a transformação da agricultura e do crescimento econômico nos países em desenvolvimento (FAO, 2018). Na África, é comum consumir-se além da raiz, também as folhas jovens. Em Angola, essa comida se chama quizaca, em Moçambique é conhecida como matapa e é uma das mais populares da culinária moçambicana. Também no Brasil as folhas são consumidas em prato chamado maniçoba (AFONSO et al., 2014), além do consumo da raiz cozida, frita, assada e da farinha em farofas, recheios e pirões (OLIVEIRA, 2011).

A estrutura genética de uma espécie pode-se definir como a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações (BROWN 1978, LOVELESS; HAMRICK, 1984). Para Hamirick (1982) a estrutura genética se refere à distribuição heterogênea dos alelos e genótipos, no espaço e no tempo, que resulta da ação de processos evolutivos (migração, mutação, seleção e deriva genética), que atuam sobre cada espécie e população. Cruz et al. (2011), ressaltam que o conhecimento da estrutura genética de uma população permite prever, senão esclarecer, os fenômenos ecológicos e genéticos atuantes nela.

Em estudos de diversidade genética de populações, os marcadores podem ser usados em diversos fins como, na avaliação do potencial dos recursos genéticos disponíveis, na construção de mapas de ligação e na detecção de locos de características quantitativas (“quantitative traits loci”, QTLs)

nas suas associações com características agronômicas (BENKO-ISEPPON et al., 2003) e principalmente, para detectar polimorfismo entre genótipos no auxílio aos programas de melhoramento de plantas (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 2008).

Entre os vários marcadores genéticos existentes, os marcadores microssatélites e os alozímicos apresentam um mecanismo de herança mendeliana e mostram expressão codominante, o que permite identificar os genótipos heterozigóticos e homozigóticos dos indivíduos analisados e constitui, geralmente, na informação fundamental para a estimativa dos diversos parâmetros genéticos de interesse (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998; GRATTAPAGLIA, 2001; SOUZA, 2001). Contudo, entre as duas categorias de marcadores a diferença mais importante refere-se aos seus níveis de polimorfismo. Para Estoup et al. (1998) os marcadores microssatélites são mais polimórficos do que as isoenzimas em populações naturais, com mais alelos, e heterozigosidade em geral superior a 0,5.

O conhecimento do conteúdo de informação polimórfica (PIC), que é a probabilidade de um parental ser heterozigoto num locus e o outro parental ter um genótipo diferente seria de grande utilidade na determinação do número e tamanho de famílias para mapear QTL. Pode ser baseada na heterozigosidade dos parentais a escolha das famílias, a fim de aumentar a informatividade dos marcadores, selecionando os marcadores mais informativos (ZHU et al., 2001).

Neste contexto e, considerando a escassez de informações relativas aos estudos de estrutura genética de populações de mandioca em Angola, objetivou-se com o presente trabalho estimar a diversidade genética de populações de mandioca de Angola, por meio de marcadores moleculares ISSR, visando identificar variabilidade genética e o potencial para serem utilizados na diversificação do plantio de mandioca em Angola.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram coletadas amostras foliares de 40 genótipos representantes de três populações de *Manihot*, localizado na Estação Experimental da Companhia de Alimentos de Malanje em Angola, a 368 metros de altitude, 8º 49' de latitude Sul e 13º 13' de longitude Oeste (IGCA, 2016), com uma área total de 8960 m^2.

Segundo a classificação do INAMET, 2004, o clima da região é subtropical úmido, com temperatura média anual de 26º C, com uma amplitude térmica de 14º C, umidade relativa entre 80 e 85 %, precipitações médias anuais entre 1000 e 1200 mm.

Foram considerados como uma população os genótipos coletados em cada uma das três províncias (Estados), nomeadamente: Cuanza Norte (Ndalatando), Malanje e Uíge, conforme mostra a Tabela 1 e a Figura 1 (mapa geográfioco).

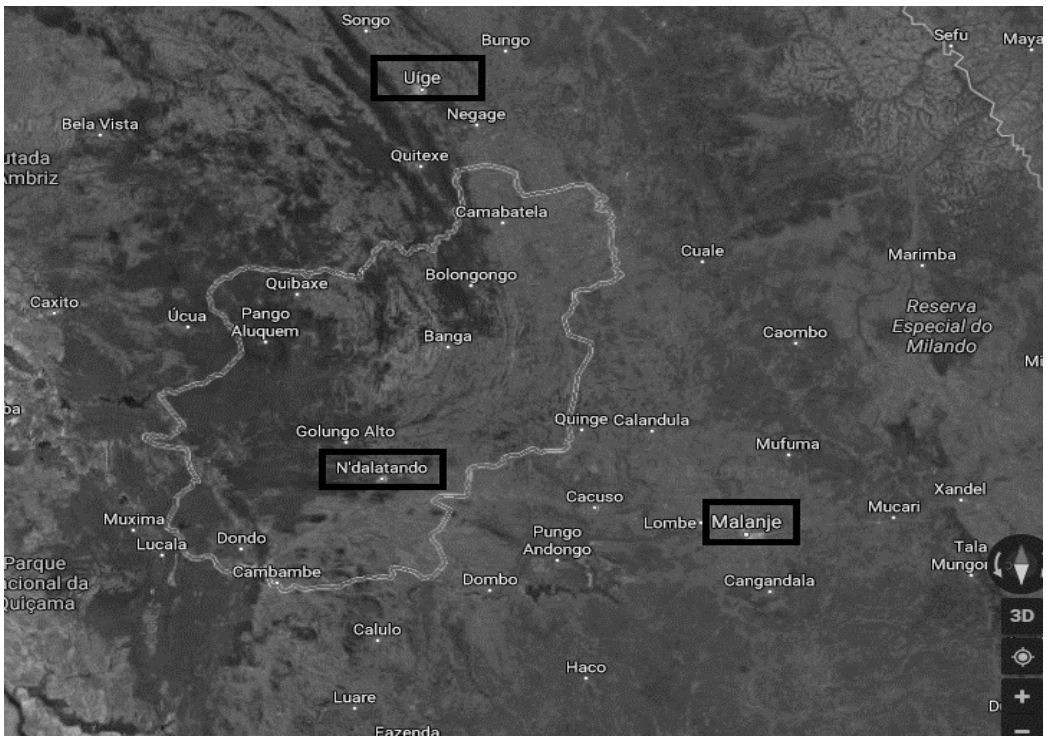


Figura 1. Mapa geográfico mostrando os locais de colecta dos 40 acessos de mandioca.

Tabela 1. Número dos acessos (N), Província (Estado), Município e a sua respectiva coordenada geográficas.

Província	N	Município	Coordenada Geográfica
Cuanza Norte	8	Ndalatando	07° 49’ 27.3” S 015° 01’ 24.1 ”O
Malanje	26	Malanje- aldeia Cambondo do Kuige	09° 39’ 44.6” S 16° 19’ 46.0 ” O
Uíge	6	Kiongua	07° 49’ 02.8” S 015° 03’ 0.31 ” O

As amostras coletadas foram acondicionadas em papel alumínio, identificadas, e encaminhadas ao Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Mandioca e Fruticultura , localizado na cidade de Cruz das Almas, Estado da Bahia, Brasil. Em seguida estas foram armazenadas em freezer sob temperatura a - 20ºC, até o momento da extração do DNA.

O DNA foi extraído pelo método de CTAB de Doyle & Doyle (1987), com modifcações. No protocolo, utilizou-se 0,1 M de Tris pH 8,0; 1,7 M de NaCl a 5M; 20 mM de EDTA a 0,5 M; 2,4 % CTAB; 2,0 % (p/v) PVP-40 e 0,4 % (v/v) de β-mercaptoetanol pré-aquecido a 65ºC em banho maria. Após a extração, o DNA estoque foi armazenado em freezer a - 20° C. A concentração de DNA total foi estimada em gel de agarose 1 % corados com Blue Juice. Em seguida o DNA foi diluído e mantido em geladeira até o momento do uso. Posteriormente, realizou-se a reação da polimerase em cadeia (PCR), utilizando 32 primers ISSR da EMBRAPA. O mix de PCR (kit Promega) foi constituído de 2,5 mM MgCl2 (25 mM); 200mM dNTP (2,5 mM); 1,0 X Go Taq 5X ; primer (0,4 µM); 2,0 U Taq (1U/ 0,2 µl); DNA (15 ng) e água milli-Q, em um volume fnal de 15 µL por amostra. As reações de PCR foram feitas em termociclador automático *Applied Biosystems* com bloco de 96 poços, no qual as amostras, inicialmente, foram desnaturadas a 94º C, por três minutos, seguidas por 39 ciclos de amplifcação, tendo cada ciclo submetido às amostras a 94º C, por 40 segundos, em seguida a 72º C, por

um minuto e, por fim, a 72ºC, por cinco minutos. Após os ciclos, o processo foi finalizado a 72ºC, por cinco minutos e resfriamento a 4º C.Os produtos da PCR foram submetidos à eletroforese em cuba horizontal, em gel de agarose 3 % (p/v), em tampão e corados com brometo de etideo (1,5 ng/ µL), e tampão de reação, 15 ng de DNA, 0,4 primer, 200 mM dNTP 2,5 mM, 1,0 X Go Taq 5X, 2,5 mM $MgCl_2$ 25 mM, 2,0 U Taq (1U/ 0,2 µL) e água milli-Q para completar o volume da reação a uma voltagem de 100 V, por três horas e meia. Foi utilizado o marcador (Ladder Invitrogen Norgen) de peso molecular de 1 Kb. Decorrido o tempo de eletroforese, os géis foram retirados da cuba e fotografados com a incidência de luz ultravioleta, revelando os fragmentos de DNA corados com Blue Juice. Os primers com maior número de fragmentos e boa resolução foram selecionados, descartando-se os resultados dos primers que apresentaram bandas com fraca intensidade ou baixa definição. Uma matriz binária foi elaborada a partir da presença (1) e da ausência (0) dos locos.

Inicialmente, o potencial dos marcadores para estimativa da variabilidade genética dos genótipos foi examinado medindo-se a informatividade do marcador por meio da contagem de bandas. As características de bandas dos indicadores, tais como número totais de bandas (NTB), número de bandas polimórficas (NBP) e percentagem de bandas polimórficas (NPBP) foram obtidas.

Foram utilizados três índices para determinar os primers ISSR mais informativos sendo: o PIC (conteúdo de informação polimórfica), o MI (índice do marcador) e RP (poder de resolução).

Conteúdo de informação polimórfica (PIC)

Os valores de PIC para cada loco de ISSR foram computados como:

$$PICi = 2\mathit{fi}\ (1 - \mathit{fi})$$

Onde: PICi é o conteúdo de informação polimórfica do primer *i*, f*i* é a sequência dos locos amplificados (presença de bandas), e 1-f*i* é a frequência dos alelos nulos (ROLDAN-RUIZ et al., 2000).

Índice do Marcador (MI)

O MI foi calculado de acordo com Varshney et al. (2009), onde:

$$MI = PIC \times EMR$$

A relação efetiva múltipla (EMR) foi calculada da seguinte maneira:

$$EMR = n \times \beta,$$

Sendo:

n = total de fragmentos de amplificação do indicador / n° total de fragmentos analisados;

β = número de fragmentos polimórficos / número de total de fragmentos amplificados.

Poder de resolução (RP)

O RP foi calculado de acordo com Prevost; Wilkinson (1999):

$$RP = \sum I_b,$$

Onde I_b representa os locos polimórficos. O Ib pode ser transformado em uma escala de 0-1 usando a fórmula:

$$I_b = 1 - (2 \times |0.5 - p|)$$

Onde, *p* é a proporção dos genótipos que contém o loco.

Para seleção dos 10 melhores primers ISSR para estudos genéticos em Mandioca, primeiramente foram identificados os 10 primers que apresentaram valores mais altos para cada um dos índices calculados (PIC, MI e RP). Após esta identificação foram selecionados os primers utilizando os seguintes critérios: 1 - primers que coincidiram estarem entre os 10 melhores para os três índices (PIC, MI e RP); 2 - primers que coincidiram estarem entre os 10 melhores para dois índices (MI e RP); 3 - primers que apresentaram maiores valores para RP; 4 - primers que apresentaram os maiores valores para MI.

Os parâmetros de diversidade genética, tais como, número de alelos efetivos (Ne), número de alelos observados (Na), diversidade genética de Nei (H) e índice de Shannon (I) foram calculados usando-se o programa POPGENE v.1.32 (YEH et al., 1997). A análise da variância foi realizada para verificar a relação genética existente entre as populações e entre os acessos dentro de

cada população da coleção de *Manihot*. Esta análise foi computada com os dados da matriz binária. O teste de significância da análise da variância (AMOVA) foi conduzido com 1000 permutações calculadas com o software ARLEQUIN Ver. 3.1 (EXCOFFIER; LISCHER, 2005).

A análise de agrupamento Baeysiano foi realizada no software STRUCTURE v. 2.3.4 (PRITCHARD et al., 2000) sendo inferido o número de grupos genéticos. O número de K testado foi de um a 10. Para encontrar o melhor K foi usado o método ΔK de Evanno et al. (2005), como implementado no Structure Havervester (EARL; VONHOLDT, 2011).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir das amplificações dos marcadores ISSR foram realizadas análises descritivas entre as populações de *Manihot esculenta*. Foram testados trinta e dois *primers*, dos quais dezoito foram selecionados para o estudo de diversidade genética (Tabela 2), por serem mais informativos (altos índices de polimorfismo e resolução adequada para as análises).

Os *primers* selecionados geraram um total de 116 bandas, variando entre quatro a 10 bandas, perfazendo uma média de 6,4 (93,24 %) bandas por *primers*, indicando elevada variabilidade genética (Tabela 2). Tiago et al. (2015), encontraram 23 bandas polimórficas (67,65 %) ao selecionar 34 *primers* ISSR para mandioca com variação de um a 10, obtendo a média de 5,75 bandas por *primers*. Turyagyenda et al. (2012) encontraram 154 bandas polimórficas ao selecionar 26 primers SSR para mandioca de Uganda com variação de três a 11, obtendo a média de 5,92 bandas por *primers*.

Os primers 11 e 27 foram os mais informativos com 100% e 90% de polimorfismo respectivamente, e com maior número de bandas (10). Os que apresentaram menore número de bandas foram os primers 42 e 46 com quatro bandas cada (Tabela 2). Hu et al. (2010), em estudo de diversidade genética entre 13 populações de *Rheum tanguticum* (ruibarbo-palmado) da China com 13 marcadores ISSR, também observaram alto polimorfismo e relativa diferenciação entre as populações, com associação das distâncias genética e geográfica. Assim como Costa (2010), avaliando as técnicas moleculares aplicadas ao gênero *Hypericum*, encontrou alto polimorfismo genético, utilizando marcadores ISSR.

Tabela 2. Descrição dos 32 primers ISSR, utilizados neste estudo com seus respectivos parâmetros em mandioca de Angola, produto de amplificação (PA), temperatura de anelamento T (C°), número total de bandas (NTB), número de banda polimórfica (NBP),número de banda monomórfica (NBM), número de banda polimórfica percentual NBPP (%),conteúdo de informação polimórfica (PIC), relação multipla efetiva (EMR), índice do marcador (MI) e o poder de resolução do primer (RP).

Nº de primer	Primer	PA	T (C°)	NTB	NBP	NBM	% P	PIC	EMR	MI	RP
6	DiCA5'CR	✓	55,0	6	6	0	100	0.24	0,17	0,04	5,18
7	DiCA5'CY	✓	55,0	6	6	0	100	0.47	0,22	0,10	4,13
11	DiGA3'C	✓	46,8	10	10	0	100	0,59	0,46	0,02	5,45
26	DiGT5'CR	✓	54,3	9	9	1	100	0,50	0,33	0,31	6,13
27	DiGT5'CY	✓	54,3	10	9	2	90	0,62	0,49	0,41	4,13
31	TriCAC5'CR	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
34	TriCAG3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
35	TriCAG3'YC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
36	TriCAG5'CR	✓	59,0	6	5	1	83,3	0,66	0,32	0,00	1,95
39	TriGTG3'RC	✓	57,9	6	6	0	100	0,41	0,21	0,09	4,23
40	TriGTG3'YC	✓	57,9	6	6	0	100	0,50	0,22	0,11	4,05
42	TriGTG5'CY	✓	57,7	4	3	1	75	0,60	0,14	0,02	1,63
44	TriTGT3'YC	✓	46,6	5	5	0	100	0,08	0,13	0,00	4,80
45	TriTGT5'CR	✓	46,4	5	5	0	100	0,81	0,34	0,00	1,83
46	TriTGT5'CY	✓	46,8	4	4	1	100	0,48	0,16	0,00	2,48
47	TriTGT5'CY	✓	46,4	6	6	0	100	0,39	0,19	0,07	4,70
48	TriAAT 3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
52	TriATT3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
53	TriATC3'RC	✓	44,5	5	5	0	100	0,28	0,15	0,00	4,23
54	TriATG3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
55	TriACA3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
72	TriTGA3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
74	TriTGA3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
79	TriCAC3'RC	✓	58,1	8	7	1	87,5	0,33	0,22	0,02	5,60
83	TriCTG3'RC	✓	58,8	8	5	2	62,5	0,39	0,17	0,00	3,75
86	TriCGA3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
87	TriCGT3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
90	TriGAA3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
91	TriGAT3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
93	TriGAG3'RC	✓	57,3	5	4	1	80	0,12	0,11	0,00	3,75
96	TriGTC3'RC	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
98	TriGTC3'RC	✓	57,3	7	7	0	100	0,50	0,30	0,17	4,15
Total			-	116	108	10	-	-	-	-	-
Média			-	6,4	6	-	93,24	0,44	0,24	0,12	3,78

✓com amplificação **-** sem amplificação

O PIC atingiu o valor médio de 0,44, com variação de 0,08 (*primer* 44) a 0,81 *(primer* 45) (Tabela 2). Este índice, segundo Roldan-Ruiz et al (2000), representa a probabilidade de se encontrar o marcador em seus dois estados, de ausência e de presença. O valor do PIC para marcadores que são considerados pouco informativos varia de 0 a 0,25, para marcadores moderadamente informativos de 0,25 a 0,5 e para marcadores que apresentam alto conteúdo informativo é acima de 0,5 (XIE et al., 2010). Este valor auxilia na classificação dos primers segundo a eficiência na detecção do polimorfismo, servindo de parâmetro para a seleção dos primers (COSTA et al., 2015). Assim, no presente estudo, pode-se considerar que a eficiência dos primers em indicar polimorfismo entre os genótipos foi moderada.

Resultados semelhantes ao presente trabalho foram encotrados por Gonçalves et al. (2017) ao observarem valor de PIC moderado (0,408) em populações de mandioca doce utilizando marcador SSR. Kawuki et al. (2009) observaram valores de PIC variando entre 0,358 a 0,759 com uma média de 0,571 ao usar marcador SSR em germoplasma de mandioca da África, Ásia e América. No estudo de populações nativas de *Prunus armeniaca* L. (Rosaceae) no nordeste da China, Li et al. (2013), encontraram valores de PIC variando entre 0,15 e 0,27, com a média de 0,21 ao usar marcador ISSR; sendo os primer considerados como pouco informativos. Costa et al., (2015) estudando populações naturais de mangaba (Hancornia speciosa Gomes), ao usar marcador ISSR , encontraram valores de PIC variando entre 0,26 a 0,44, sendo que, os primers foram considerados como moderadamente informativos. No presente estudo, os primers que apresentaram valores de PIC moderados (*primer*: 7, 26, 39, 40 , 46 ,47, 53, 79, 83 e 96) são os mais recomendados para futuros estudos de populações de mandioca.

Para o cálculo do índice do marcador (MI), os valores do conteúdo de informação polimórfica (PIC) são levados em consideração e são multiplicados pelo índice que considera a relação efetiva múltipla (EMR). Os valores de MI dos primers utilizados neste trabalho variaram de 0,00 (primer 36) a 0,41 (*primer* 27) com média de 0,12 (Tabela 2). Os primers que apresentaram valores mais altos de MI (*primer*: 26 e 27). Embora o *primer* (27) tenha obtido o maior valor de MI, não foi selecionado neste trabalho nos valores de PIC moderados. Segundo

Tatikonda et al. (2009) não há um valor específico ideal para MI, assim pode-se analisar os resultados desse índice comparando os valores de cada primer utilizado no estudo, os melhores serão sempre os que apresentarem os maiores valores.

Poder de resolução (RP) é uma medida que indica o poder discriminatório do marcador (TATIKONDA et al, 2009). Os valores de RP variaram de 1,63 (*primer* 36) a 6.13 (*primer* 26). Os *primers* que apresentaram valores mais altos de RP (*primer*: 6, 7, 11, 26, 27, 36, 39, 44, 53 e 79). Assim como o MI, não existe valor máximo para RP, pois, trata-se de um somatório de valores. Foi observado que os *primers* que apresentam os melhores valores de RP apresentam também maior número de fragmentos. Isso acontece porque a fórmula utilizada para calcular estes índices leva em consideração a somatória dos valores de I_b. Assim sendo, um *primer* que amplifique grande número de bandas tenderá a possuir maior RP do que outro que amplifique um menor número de bandas.

Observa-se que o primer 26, também apresentou valores altos em PIC e MI indicando que este marcador é muito informativo para mandioca.

O *primer* 26 destacou-se com valor alto para PIC, MI e PR. Os valores mais altos para MI e RP foram observados nos *primers* 26 e 27, confirmando serem os *primers* mais informativos. Assim, a discriminação de todos os acessos pode ser realizada por um número menor de primers, utilizando apenas os mais informativos (*primers* 26 e 27). A redução do número de primer acarreta não apenas redução do tempo utilizado para as análises, mas também redução dos custos (VARSHNEY et al., 2007).

Os valores estimados dos índices de diversidade genética nas populações de *Manihot esculenta* são apresentados na Tabela 3. A percentagem de locos polimórficos (P) foi alta, variando de 48,15 % na população de Uíge, 61,11 % em Cuanza Norte e 92,59 % em Malanje. Segundo Smith e Pham (1996), as estimativas de diversidade genética utilizando marcadores dominantes são algumas vezes menores do que as estimativas por marcadores co-dominantes. No entanto, Ge e Sun (2001) afirmam que o padrão geral é detectar maiores níveis de diversidade genética por meio de marcadores dominantes em comparação com marcadores co-dominantes.

Tabela 3. Sumário dos parâmetros de diversidade genética obtidos na avaliação de três populações de *Manihot* de Angola com base em 18 primers ISSR.

População	Na	Ne	H	I	Nº de loci Polimórfico	% de loci Polimórfico (P)
Cuanza Norte	1,61 (± 0, 50)	1,41 (± 0,39)	0,24 (±0,21)	0,35 (± 0,30)	66	61,11
Malanje	1,92 (± 0,26)	1,59 (±0,32)	0,34 (± 0,16)	0,50 (± 0,21)	100	92,59
Uíge	1,48 (± 0,50)	1,37 (± 0,42)	0,20 (± 0,22)	0, 29 (± 0,31)	52	48,15

Número de alelos observados (Na), número de alelos efetivos (Ne),diversidade genética de Nei (H), índice de diversidade de Shannon (I), Desvio padrão (± SD)

Em relação ao número de alelos observados (Na) nas populações analisadas, os valores que oscilaram de 1,48 a 1,92, sendo que o número efetivo de alelos (Ne) variou de 1,37 a 1,59. Agre et al. (2017), observaram valores de Na variando entre 0,23 a 1,0 com uma média de 0,66 ao usar marcador SSR em mandioca da República do Benin. O índice de Shannon (I) variou de 0,29 a 0,50 (Tabela 3), considerados valores intermediários, uma vez que os índices de Shannon (I) variam de 0 a 1, sendo 0 considerado diversidade gênica nula e 1 diversidade gênica máxima (GIUSTINA et al., 2014). Estudando a diversidade genética estimada com marcadores microssatélites em cultivos comerciais de Cupuaçuzeiro, Silva et al. (2016), observaram valores inferiores para diversidade de Nei 0,11 e para o índice de Shannon (I) 0,17, quando comparados com os valores obtidos no presente trabalho. Em relação ao índice de diversidade genética de Nei (H), os valores variaram de 0,20 a 0,24 .Pádua (2011), estudando uma população de *Eremanthus erythropappus* com o uso de marcadores ISSR, obteve índices de diversidade genética que variaram de 0,26 a 0,38.

A distribuição da variabilidade genética entre e dentro das populações foram calculadas de acordo com Nei (1973) (Tabela 4). A divergência genética foi de 0,1690, demonstrando que 16,90% da variabilidade genética se encontra entre populações e 83,10% dentro das populações. Portanto, a diversidade

encontrada dentro das populações avaliadas neste trabalho (83,10%) está de acordo com a afirmação de HAMRICK (1991), de que existe maior diversidade intraespecífica do que interespecífica, devido a fatores que afetam a distribuição geográfica.

Tabela 4. Parâmetros genéticos populacionais de *Manihot esculenta* Crantz

	H_T	H_S	G_{ST}	Nm
Média	0,3113	0,2587	0,1690	2,4585
Desvio padrão	0,0219	0,0183		

Heterozigosidade total (HT); diversidade genética média dentro (HS); divergência genética entre populações (G_{ST}) e número de imigrantes (Nm)

A diversidade genética ou a heterozigosidade é a mais utilizada para estimar a variabilidade genética por ser menos sensível às variações no tamanho da amostra o que faz dela a medida mais importante, quando comparada com outras medidas, como a percentagem de locos polimórficos e o número médio de alelos por locos. Além de possuir fácil interpretação em termos genéticos (BROWN *et al*.,1983). A diversidade genética total (HT), pelo índice de Nei (1973), atingiu uma média estimada de 0,3113 (Tabela 4), o que demonstra elevada heterozigosidade nas populações de *Manihot*. Tais valores são considerados altos, indicando que a variabilidade entre e dentro das populações contribuíra com 31,13% e 68,87%, respectivamente, valor próximo ao encontrado nos estudos de Teixeira et al., (2012) trabalhando com populações de Campomanesia sp utilizando o marcador ISSR. Este autores observaram uma média de 0,365, o que confirma que as populações apresentam variabilidade genética.

Segundo Loveless; Hamrick (1984) se o fluxo gênico for restrito, as populações apresentam alta divergência. O valor observado neste trabalho 2,4585 demonstrou que entre as três populações estudadas o fluxo gênico é restrito. Este valor não é suficiente para contrapor os efeitos da deriva genética. Pois, para que o efeito homegeinizador do fluxo gênico se sobreponha a deriva gênica, este valor deveria ser maior do que quatro migrantes por geração (Nm> 4) (SLATKIN, 1987, HART; CLARK, 1997).

Wright (1931) afirma que valores de fluxo gênico inferiores a 1 indicam isolamento genético. Segundo Wright (1951), valores de fluxo gênico superiores

a 1 são suficientes para impedir perdas aleatórias de alelos dentro de populações (efeitos de deriva).

A análise de variância molecular (AMOVA) das três populações confirmou que a maior parte de variação genética se encontra dentro de populações (89,59%), sendo 10,41% da variação genética entre populações (Tabela 5). Houve diferenciação genética significativa (P<0,001) entre as populações. Fernandes (2008), estudando população de *Caryocar brasiliense* observou 86,97% de variabilidade genética dentro das populações estudadas. Brandão et al.; (2011), em estudo realizado com a população de *Myrcia Splendens,* observaram 96,46% de variabilidade dentro de populações.

Tabela 5. Análise de variância molecular (AMOVA) das três populações de *Manhiot esculenta*, estudadas a com base em 18 marcadores ISSR.

Fonte de Variação	GL*	SQ*	CV*	VT %*	Valor de P*
Entre Populações	2	59,15	1,56	10,41	<0,000
Dentro Populações	37	498,13	13,46	89,59	
Total	39	557,28	15,02		

Grau de Liberdade (GL), Soma dos Quadrados (SQ), Coeficiente de Variância (CV), Variância Total (VT) e P são as probabilidades de ter um coeficiente de variância maior que os valores observados ao acaso. As probabilidades foram calculadas por 1023 permutações ao acaso. F_{ST} = 0,10409.

O valor G_{ST} mostrou que houve maior variação dentro das populações do que entre populações, confirmando os resultados da AMOVA.

O valor de divergência genética interpopulacional (F_{TS}) observado no presente trabalho (Tabela 5) foi de 0.1041. Valores de F_{ST} entre 0.05 e 0.15 sugerem moderada diferenciação genética entre as populações (WRIGHT, 1978).

A distribuição geográfica e a história evolutiva exercem importante papel na distribuição da variação genética entre e dentro das populações (HAMRICK et al., 1992). Contudo, essa variação pode depender da presença ou ausência de certos alelos em regiões geográficas. Espera-se que quanto maior for à distribuição geográfica, maior será a diversidade dessa espécie (BOZZA, 2009).

A análise das coordenadas principais (PCoA) foi calculada a partir dos coeficientes de dissimilaridade e é graficamente apresentado na Figura 2. As coordenadas foram calculadas para os dois primeiros eixos com valores Eigen negativo. Os dois eixos representaram 51 % da variação total, sendo o primeiro eixo (PCoA1) representando por 28,54% e segundo (PCoA2) por 22,46%. O agrupamento dos indivíduos por localidade geográfica indica que, apesar de terem sido originados a partir de diferentes locais, pode-se verificar que nas coordenadas (PCoA1 e PCoA2) houve presença dos indivíduos pertencentes as três populações com exceção a primeira coordenada que foi representada por indivíduos da população de Malanje e Cuanza Norte e na segunda com indivíduos das populações de Malanje, Uíge e Cuanza Norte. Resultado semelhante ao presente trabalho foi encotrado por Turyagyenda et al. (2012) ao observarem valor de PCoA1 e PCoA2 que variaram de 23,56 % a 20.06 % respectivamente com uma variação total de 43,62 % em mandioca de Uganda utilizando marcador SSR.

A análise de componentes principais representa graficamente as relações entre os indivíduos de diferentes áreas geográficas com a particularidade de que o maior número de indivíduos corresponde a Malanje. Esta análise mostrou uma ampla dispersão dos indivíduos, evidenciando ampla distribuição da variabilidade genética. Os resultados mostraram ainda que a maioria dos indivíduos estudados compartilhou uma parte importante de sua informação genética. Pode-se observar que houve alguns indivíduos das três populações que distanciaram entre si, demonstrando serem os que mais contribuíram na variabilidade genética.

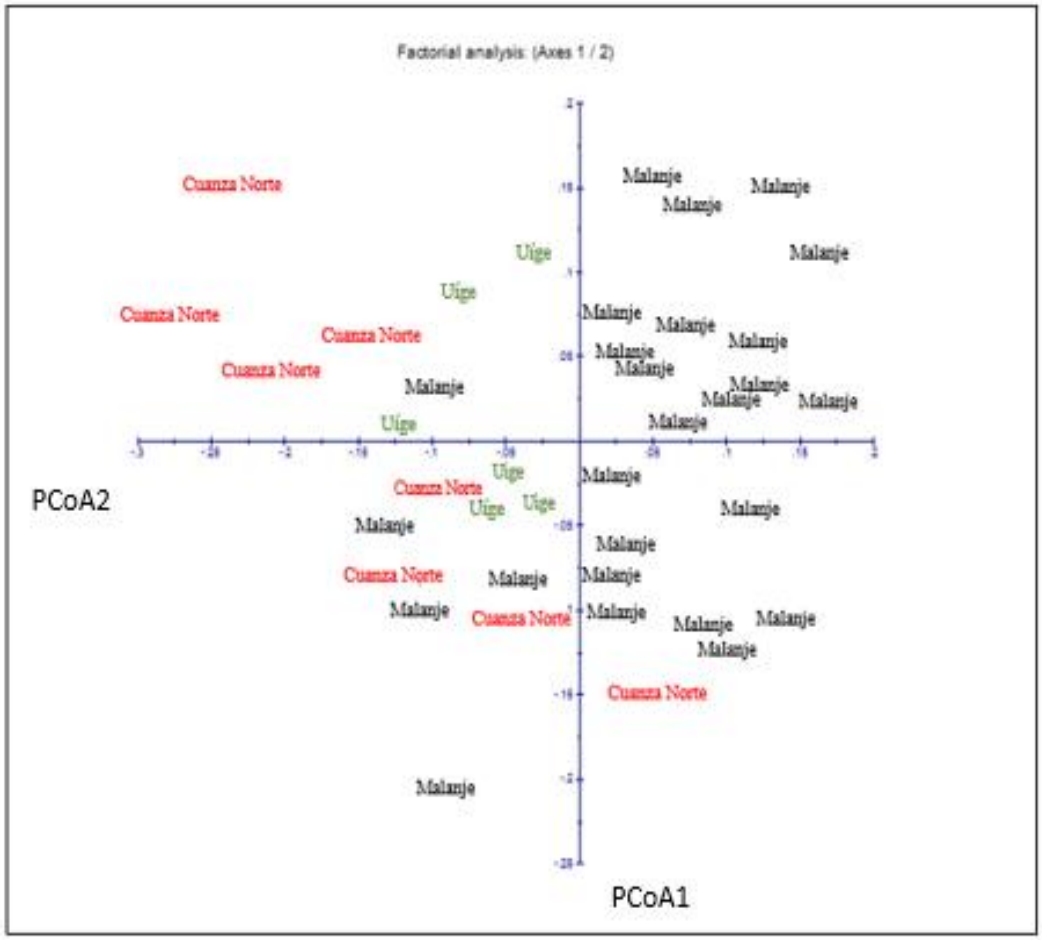


Figura 2. Gráfico de dispersão das três populações de mandioca avaliadas.

O número de subpopulações de acordo com o valor de ΔK foi o de três agrupamentos genéticos na coleção de genótipos de acordo com Evanno et al. (2005) (Figura 3).

A estrutura genética das populações em *M. esculenta* foi caracterizada por meio de análise Bayesiana. Essa análise considera a separação do número total de indivíduos em agrupamentos (clusters), atribuindo-os um número K de populações e assumindo que está em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Foram calculados ΔK para cada valor de K (EVANNO et al., 2005), o que permite a fácil interpretação de qual K é mais provável para representar o número de grupos na matriz de dados. De acordo com Vigouroux et al. (2008), se uma variedade tiver valor maior que o limite arbitrário de 80% do seu genoma em um agrupamento então pertence a esse agrupamento.

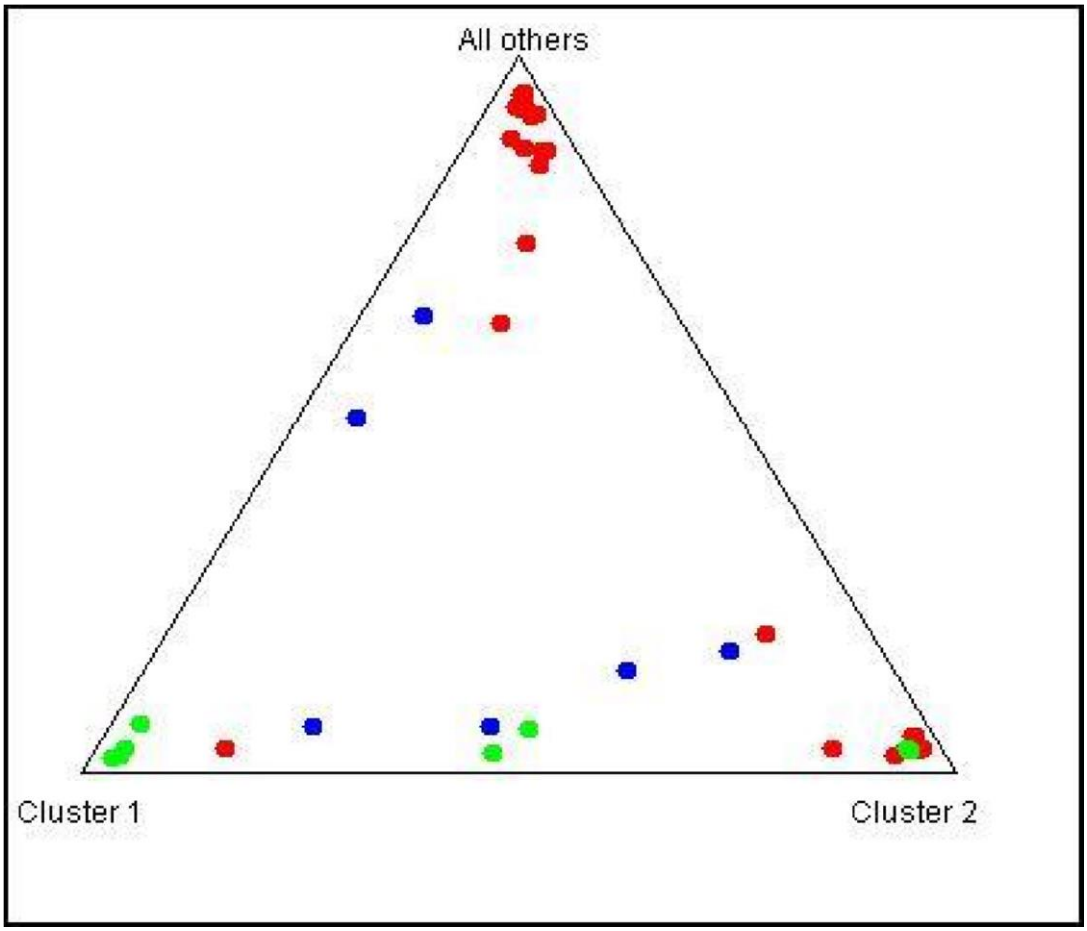


Figura 3. Valor de ΔK de possíveis agrupamentos de 40 variedades de mandioca angolana obtidos de dez simulações de análise da estrutura.

O conhecimento de estrutura genética das populações é importante para o uso eficiente dos recursos genéticos, bem como para uma melhor compreensão de sua história evolutiva (VENCOVSKY et al., 2007; CLEMENT et al., 2010).

Conforme observado na Figura 4, quando K= 1 os genótipos das regiões Cuanza Norte, Malanje e Uíge foram formados por três grandes grupos

ancestrais basicamente o verde , azul e o vermelho. Os materiais do município Ndalatando pertecendo ao grupo verde, para o grupo azul formado pelos municípios de Kalandula, Quizenga e da aldeia de Cambondo, enquanto as aldeias Quitoque e Kiongua pertencendo ao grupo vermelho. Observa-se que o grupo verde foi formado por oito genótipos, o grupo azul por doze e o vermelho por cinco genótipos.

Quando K=2 observa-se que a população da região de Malanje permanece basicamente em um grupo pertencente ao Azul, formado por oito genótipos.

Para K=3, existe riqueza alélica, apesar do marcador ser dominante, observa-se que há compartilhamento de alelos entre um ou demais populações. Esse grupo foi constituído por genótipos da região de Malanje e Uíge, podendo observar a formação de dois grupos ancestrais basicamente o azul e o vermelho. Os materiais da aldeia Cambondo do kuige, Comuna do Lombe e aldeia Santa Maria pertencendo apenas ao grupo azul, enquanto o genótipo Mpelo pertecendo a aldeia Quitoque ao grupo de cor vermelho. Contudo, a aldeia Cambondo do kuige e a comuna do Lombe foram formados por dois genótipos Gueti (39), Kapumba (40) e Muringa (36), Kinzela (37) respectivamente, enquanto que as aldeias de Santa Maria e Quitoque por um genótipo NganaYuculu (35) e Mpelo (38).

Esses resultados sugerem grupos geneticamente definidos, correspondendo a grupos regionais predefinidos, onde agricultores selecionam variedades de mandioca para diferentes propósitos, mas também mostra a troca de material ou fluxo de genes entre as aldeais, e principalmente na direcção Malanje, sendo mais heterogênea dentro do grupo.

Muhlen et al. (2012) utilizando marcadores microssatélites mostraram agrupamentos separando as variedades de mandioca doce e mandioca amarga semelhantes aos resultados de Emperaire et al. (2003) e Elias et al. (2004) que detectaram estruturação geográfica em variedades de mandioca.

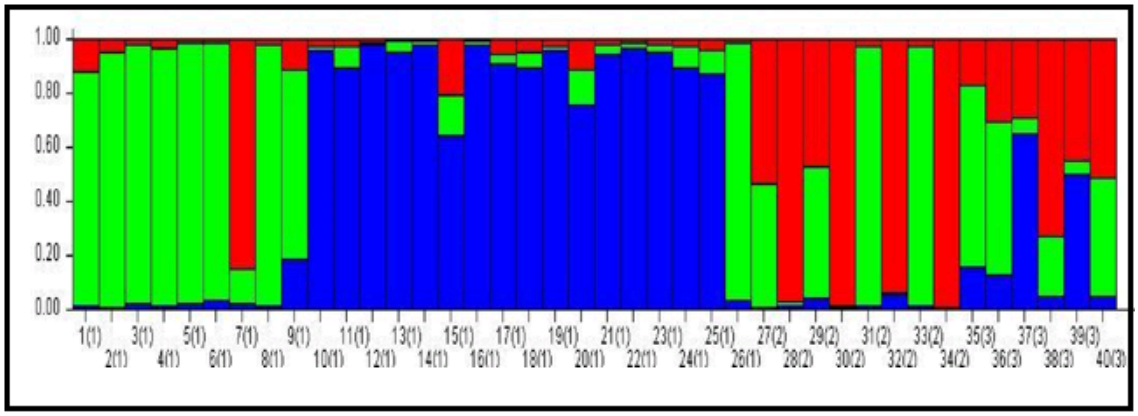


Figura 4. Representação do número de grupos K para os 40 indivíduos de mandioca nas três populações estudadas, segundo dados moleculares ISSR, utilizando o programa Structure (três grupos, K = 3).

Com esta análise foi possível prever a estrutura das populações e a ascendência dos indivíduos, contribuindo no desenvolvimento de novas variedades. A maior concentração da variabilidade genética nas regiões de Malanje e Cuanza Norte estão possivelmente relacionados com a ocorrência da troca ou introdução de material nas roças. A variabilidade encontrada pode ser explicada pela adaptação da espécie em diferentes ambientes. Tendo observado baixo valor do fluxo gênico (Tabela 4) e ampla distribuição da variabilidade genética dentro das populações (Tabela 5), pode-se confirmar que houve estruturação genética entre as populações estudadas. De acordo com Bozza (2009), quanto maior for à distribuição geográfica, maior será a diversidade dessa espécie.

CONCLUSÃO

A caracterização molecular revelou que há diversidade genética dentro de cada população estudada.

A divisão do Structure em três grupos principais revelou o compartilhamento de informações genéticas e as consequentes inserções de indivíduos da população de Malanje no grupo de Cuanza Norte e, por meio das análise de PCoA, nos direciona à conexão evolutiva destas áreas. A maior concentração da variabilidade genética nas regiões de Malanje e Cuanza Norte estão possivelmente relacionados com a ocorrência da troca ou introdução de material nas roças.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AFONSO, S.D.J.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F.C.; SILVA, S. de O.; LEAL, V. D. de J.; CONCEIÇÃO, A. L. da S. Selection of descriptors in a morphological characteristics considered in cassava accessions by means of multivariate techniques. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science (IOSR-JAVS)**, India, v.7, n. 1 p.13-20, 2014.

AGRE,A. P.; BHATTACHARJEE, R.; RABBI, I. Y.; ALABA, O. A.; UNACHUKWU, N. N.; AYENAN, M. A. T.; LOKO, Y. L.; BAUCHET, G. J.; DANI, A. Classification of elite cassava varieties (*Manihot esculenta* Crantz) cultivated in Benin Republic using farmers' knowledge, morphological traits and simple sequence repeat (SSR) markers. Genetic Resources and Crop Evolution , 2017.

BRANDÃO, M. M.; VIERA, F. A.; CARVALHO.D. Estrutura genética em Microescala Espacial *Myrcia Splendens* (Myrtaceae). Revista Arvóre; Viçosa-MG, v.35,n.5,p. 957- 964, 2011.

BENKO-ISEPPON, A.M.; WINTER, P.; HÜTTEL, B.; STAGGINUS, C.; MUHLBAUER, F.; KAHL, G. Molecular markers closely linked to Fusarium resistance genes in chickpea show significant alignments to pathogenesis-related genes located on Arabidopsis chromosomes 1 and 5. Theoretical and Applied Genetics, v.103, p.379-386, 2003.

BOZZA, A. F. O. Determinação de metais essenciais na polpa do fruto Butia purpurascens Glassman e sua utilização em mistura em pó para bolo. Dissertação de Mestrado, Universidade Católica de Goiás, 2009.

BROWN, A. H. D.; WEIR, B. S. Measuring genetic variability in plant populations. In: TANKSLEY, S. D.; ORTON, T. J. (Eds.). Isozymes in plant genetics and breeding. Part A. Amsterdan: Elsevier Science Publishers, p.73-86, 1983.

CLEMENT, C.R.; CRISTO-ARAÚJO, M.; COPPENS D'EECKENBRUGGE, G.; PEREIRA, A.A.; PICANÇO-RODRIGUES, D. Origin and domestication of native Amazonian crops. Diversity, Basel, v. 2, p. 72-106, 2010.

COSTA, S.R.de A.G.da. Técnicas de estudo micromorfológico e molecular aplicadas ao gênero Hypericum. Dissertação (Mestrado – Área de Concentração em Proteção de Plantas),Universidade Técnica de Lisboa, Lisboa, 76p. 2010.

COSTA, D. F.; VIEIRA, F. A.; FAJARDO, C. G.; CHAGAS, K. P. T. Diversidade genética e seleção de iniciadores issr em uma população natural de mangaba (*hancornia speciosa*gomes) (apocynaceae). Revista Brasileira de Fruticultura vol.37 no.4 Jaboticabal Oct./Dec. 2015.

CRUZ C. D.; FERREIRA F.M.; PESSONI L.A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética 1.ed. Suprema Gráfica Editora, Minas Gerais, 2011.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v.12, p.13-15, 1987.

EARL, D. A.; VONHOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources, Netherlands, v. 4, n. 2, p. 359-361, 2011.

ELIAS, M., MULLEN, G.S., MCKEY, D., ROA, A.C., TOHME, J. Genetic diversity of traditional South American landraces of cassava (Manihot esculenta Crantz): an analysis using microsatellites. Econ. Bot. 58:242-256, 2004.

EMPERAIRE, L., MUHLEN, G.S., FLEURY, M. Approche comparative de la diversité génétique et de la diversité morphologique des maniocs em Amazonie (Brésil et Guyanes). Les Actes du Bureau des Ressources Génétiques. 4: 247-267, 2003.

ESTOUP, A.; ROUSEET, F.; MICHALAKIS, y.; CORNUET, J. M.; ADRIAMANGA, M.; GUYOMARD, R. Comparative analysis of microsatellite and allozyme markers: a case study investigating microgeographic differentiation in brown trout (*Salmo trutta*). Molecular Ecology, v. 7, p.339-353, 1998

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology, v. 14, p. 2611-2620, 2005.

EXCOFFIER, L. G. L.; SCHNEIDER, S. ARLEQUIN ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. **Evolutionary Bioinformatics Online,** v.1, p.47-50, 2005.

FAO (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATION). 2014. Statistics of production. Disponivel em: . Acesso em: 15 out. 2014.

FAO. **Agricultural production – Crops primary.** Disponível em: www.faostat.fao.org/faostat/collect. Acesso em: Abril/2018

FERNANDES, R. C. Diversidade e estrutura genética em populações naturais de pequizeiro (*Caryoca brasiliense* Camb) noNorte de Minais Gerais. 2008. 73p. Dissertação(Mestrado em Engenharia Florestal)-Universidade Federal de Lavras, Lavras ,2008.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3.ed. Brasília: Embrapa Cenargen (Embrapa Cenargen. Documentos, 20), 220p, 2008.

GRATTAPAGLIA, D. Marcadores moleculares em espécies florestais: Eucalyptus como modelo. In Recursos genéticos e melhoramento – plantas (L.L. Nass, A.C.C. Valois, I.S. Melo & M.C. Valadares-Inglis, eds.). Fundação MT, Rondonópolis, p.967-993, 2001.

GE, X. J.; SUN, M. Population genetic struture of Ceriops tagal (Rhizophoraceae) in Thailand and China. Wetlands Ecology and Management v.9, p. 203-209, 2001

GIUSTINA, L.D. et al. Population structure and genetic diversity in natural populations os Theobroma speciosum Willd. Ex Spreng (Malvaceae). Genetics and molecular Research, v.13, n.5, p.47-53, 2014.

GONÇALVES, T. M.; FIHLO, P. S. V.; VIDIGAL, M. C. G.; FERREIRA, R. C. U.; ROCHA, V. P. C.; ORTIZ, A. H. T. ; MOIANA, L.; KVITSCHAL, M. V. Genetic diversity and population structure of traditional sweet cassava accessions from Southern of Minas Gerais State, Brazil, using microsatellite markers. **African Journal of Biotechnology**. Vol. 16(8), pp. 346-358, 2017.

HAMRICK, J. L. Plant population genetics and evolution. American Journal of Botany, v. 69, n. 10, p. 1685-1693, 1982.

_____.; GODT, M. J. W.; MURAWSKI, D. A.; LOVELESS, M.D. Correlations between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology. *In*: D. A. Falk and K. E. Holsinger (eds.), Genetics and Conservation of Rare Plants. Oxford University Press, New York, pp. 75-86. 1991

_____.; GODT, M.J.W.; SHERMANBROYLES, S.L. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. New Forests 6: 95-124, 1992.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. Principles os population genetics. Sunderland: Sinauer associetes, 3ªed. 542p, 1997.

HU, Y.; WANG, L.; XIE, X.; YANG, J.; LI. Y.; ZHANG, H. Genetic diversity of wild population of *Rheum tanguticum* endemic to China as revealed by ISSR analysis. Biochemical Systematics and **Ecology**, **Oxford**, v.38, n.12,p. 264- 274, Dec.2010.

KAWUKI, S.R., MORAG, F., MARYKE LABUSCHAGNE, LIEZEL HERSELMAN AND DONG-JIN KIM. Identification, characterisation and application of single nucleotide polymorphisms for diversity assessment in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). Molecular Breeding 23(4): 669-684, 2009.

INSTITUTO GEÓGRAFO E CADASTRAL DE ANGOLA (IGCA). **Folha Cartográfica de Angola**. Província de Malanje, 2016.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA (INAMET). **Dados estatísticos. Serviços Centrais de Meteorologia**. Luanda, Ministério do Ambiente, 2004.

LI, M.; ZHAO, Z.; MIAO, X. J. Genetic variability of wild apricot (Prunus armeniaca L.) populations in the Ili Valley as revealed by ISSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution, Dordrecht, n.60, p. 2293-2302, 2013.

LOVELESS, M.D.; HAMRICK, J.L. Ecological determinants of genetic structure in plant populations. Ann. Rev. Ecol. Syst. v.15, p.65-95, 1984.

MUHLEN, G., ALVES-PEREIRA, A., CLEMENT, C.R., VALLE, T. Genetic diversity and distribution of manioc (Manihot esculenta) in Brazil evaluated with microsatellite markers. 2nd International Meeting of Amazonian Archaeology, Manaus, AM. 2012.

MUONDO, P. A. Culturas intercalares e agricultura familiar em angola. Caso: mandioca/cajanus; mandioca/leucaena**.** Tese (Doutorado em Engenharia Agronómica) – Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa, 2013.

NEI, M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. **Proceendings of the National Academy of Sciences of the USA**, v. 70, n. 12, p. 3321- 3323, 1973.

OLIVEIRA, M. V. C.; BALIZA, D. P.; SOUZA, G. A.; CARVALHO, S. P.; ASSIS L. H. B. Caracterização de clones de mandioca utilizando marcadores microssatélites. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 1, p. 170-176, 2012.

OLIVEIRA, M, M. Diversidade genética em espécies silvestres e híbridos interespecíficos de m*anihot* (euphorbiaceae - magnoliophyta). Cruz das Almas-Bahia, 2011, 34-35p.(Dissertação) Mestrado em Fitotecnia. Universidade Federal de Recôncavo, 2011.

PÁDUA, J. A. R. Genética da paisagem: áreas prioritárias para manejo e a conservação de Eremanthus erythropappus (DC.) Macleish no Estado de Minas Gerais. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2011. 80 p. Dissertação Mestrado.

PREVOST, A., WILKINSON, M.J. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars, Theorical Applied Genetics. n.98, p.107–112, 1999.

PRITCHARD, J. K., STEPHENS, M., AND DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155:945–959, 2000.

ROLDÁN-RUIZ. I.; DENDAUW. J.; BOCKSTAELE, E.V.; DEPICKER, A.; LOOSE, M.DE. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (Lolium spp.). Molecular Breeding, p. 125-134, 2000.

SILVA, B. M.; ROSSI, A. A. B.; DARDENGO J. F. E.; ARAUJO, V. A. A. C.; ROSI F. S.; OLIVEIRA L. O.; CLARINDO, W. R. Diversidade genética estimada com marcadores entre sequências simples repetidas em cultivos comerciais de Cupuaçuzeiro. Ciência Rural, Santa Maria, v.46, n.1, p.108-113, jan, 2016

SLATKIN, M.; BARTON, N.H. A comparison of three indirect methods for estimating average levels of gene flow. Evolution, Boulder, v.43, p.1349-1368, 1989.

SMITH, J. F.; PHAM, T. V. Genetic diversity of the narrow endemic Allium aaseae (Alliaceae). American Journal of Botany, colombus, V.83,n.6, p. 717-726, Dec. 1996.

SOUZA, A. P. Biologia molecular aplicada ao melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. Recursos genéticos e melhoramento –plantas. Rondonópolis: Fundação MT, Cap. 29, p. 939-966, 2001.

TATIKONDA, L.; WANI, S.P.; KANNAN, S.; BEERELLI, N.; SRUDEVI, T.K.; HOISINGTON, D.A.; DEVI, P.; VARSHNEY, R.K. AFLP-based molecular characterization of an elite germplasm collection of Jatropha curcas L. biofuel plant. Plant Science. Vol. 176, pag. 505-513. 2009.

TEIXEIRA, L. M.; FREITAS, D. V.; REIS, E. F.; PINTO, J. .F. N. Estrutura genética em populações naturais de Campomanesia spp. na região Centro Oeste, Brasil. IX CONPEEX, Goiânia. 2012

TIAGO, A. V. ; ROSSI, A. A. B. ; TIAGO, P. V. ; SILVA, B. M. ; SOUZA, S. A. M.; HOOGERHEIDE, E. S. S. ; ROSSI, F. S. Diversidade genética entre genótipos de mandioca por meio de marcadores moleculares issr. Congresso Brasileiro de melhoramento de plantas. Centro de convenções de Goiânia, 2015

TURYAGYENDA, L. F.; KIZITO, E. B.; FERGUSON, M. E.; BAGUMA, Y.; HARVERY, J. W.; P.; GIBSON, P.; WANJALA, B. W.; OSIRU, D. S. O. Genetic diversity among farmer-preferred cassava landraces in Uganda L.F. African Crop Science Journal, Vol. 20, Issue Supplement s1, pp. 15 – 30, 2012

VARSHNEY, R.K.; CHABANE, K.; HENDRE, P.S.; AGGARWAL, R.K.; GRANER, A. Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. Plant Science, Ottawa, v.17, p.638-649, 2007.

VENCOVSKY, R.; NASS, L.L.; CORDEIRO, C.M.T.; FERREIRA, M.A.J.F. Amostragem em recursos genéticos vegetais. In: NASS, L.L. (Ed.). Recursos Genéticos Vegetais. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. p. 231-280, 2007.

VIGOUROUX, Y.; GLAUBITZ, J.C.; MATSUOKA, Y. Population structure and genetic diversity of New World maize races assessed by DNA microsatellites. American Journal of Botany, v. 95, p. 1240-1253, 2008.

XIE,W.; ZHANG, X.; CAI, H., LIU,W.; PENG, Y. Genetic diversity analysis and transferability of cereal EST-SSR markers to orchardgrass (Dactylis glomerata L.). Biochemical Systematics and Ecology, Oxford, v. 38, p. 740–749, 2010.

WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. Genetics, v.16, p.97-159, 1931.

_____. The genetical structure of populations. Ann. Eugenics v.15, p.323-354, 1951.

_____. Evolution and the Genetics of Populations. Variability within and among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago. Vol. 4, 1978.

YEH FC, YANG RC, BOYLE TBJ, YE ZH, MAO JX. *POPGENE,* the user-friendly shareware for population genetic analysis. Molecular Biology and Biotechnology Center, University of Alberta, Edmonton, Alberta, Canada, 1997.

ZHU, J. J. LILLEHOJ, H. S.; CHENG, H. H.; POLLOCK, D.; SADJADI, M.; EMARA , M. G. Screening for highly heterozygous chickens in outbred commercial broiler lines to increase detection power for mapping quantitative trait loci, Poultry Science, v. 80, n. 1, 6-12, 2001.

CAPÍTULO III

Seleção de genótipos de mandioca em Angola a partir de caracteres morfoagronômicos[3]

[3] Artigo a ser ajustado para posterior submissão ao Comitê Editorial do periódico científico African Journal of Agricultural Research, em versão na língua inglesa.

Seleção de genótipos de mandioca em Angola a partir de caracteres morfoagronômicos

RESUMO: Objetivou-se no presente estudo, selecionar genótipos de mandioca superiores a partir de caracteres morfoagronômicos, utilizando três índices não paramétricos e correlacionar-los para verificar o grau de concordância entre eles. Os genótipos foram avaliados com base nas características: número de hastes, altura de plantas, diâmetro do caule, distância do entrenó, altura da primeira ramificação, número de raízes, diâmetro das raízes, comprimento das raízes, produção da parte aérea e produção de raízes em experimento realizado na Fazenda Experimental da Companhia de Alimentos de Malanje, localizada na Província de Malanje. Os dados aferidos foram submetidos à análise de variância e ao teste de agrupamento de Scott & Knott e as médias aos índices multiplicativo, de soma de classificação e distância genótipo-ideótipo. A caracterização agronômica dos genótipos avaliados indica a existência de genótipos promissores que podem ser utilizados na diversificação do plantio de mandioca em Angola. O índice de Soma de Postos (I_{MM}), classificou os genótipos Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda, Jaca Vermelha, Vermute e Jaca Branca na primeira, segunda, terceira, quarta, quinto, sétimo lugares, respectivamente. O índice multiplicativo classificou os genótipos Tio Jojo, Kimbanda, Vermute, Jaca Vermelha, Jaca Branca, Ngana Yuculu em primeiro, segundo, quarto, quinto, sexto, sétimo respectivamente. O índice distância genótipo-ideótipo não apresentou correlação entre os índices multiplicativo e soma de classificação. Os índices multiplicativo e soma de classificação apresentaram elevado grau de correspondência, com correlações de Spearman acima de 80%. Assim, os genótipos Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda, Vermute, Jaca Vermelha, Jaca Branca, apresentam potencial para incorporação no plantio de mandioca em Angola.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*, Índice multiplicativo, Índice soma de classificação, Índice distância genótipo-ideótipo, Variabilidade

Selection of cassava genotypes in Angola from morphoagronomic characters

ABSTRACT: The objective of this study was to select superior cassava genotypes from morphoagronomic characters using three non-parametric indices and to correlate them to verify the degree of agreement between them. The genotypes were evaluated based on the following characteristics: number of stems, plant height, stem diameter, distance of the stem, height of the first branch, number of roots, root diameter, root length, shoot production and root production in an experiment carried out at the Experimental Farm of the Malanje Food Company, located in the Province of Malanje. The measured data were submitted to analysis of variance and the Scott & Knott grouping test and the means to the multiplicative indexes, sum of classification and distance genotype-ideotype. The agronomic characterization of the evaluated genotypes indicates the existence of promising genetic constitutions that can be used in the diversification of cassava planting in Angola. The index of Sum of Posts (*IMM*), classified the genotype Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda and Jaca Vermelha, Vermute and Jaca Branca in the first, second, third, fourth, fifth, seventh places, respectively. The multiplicative index classified the genotypes Tio Jojo, Kimbanda, Vermute, Jaca Vermelha, Jaca Branca, Ngana Yuculu in first, second, fourth, fifth, sixth, seventh respectively. The distance index genotype-ideotype did not present correlation between the multiplicative indices and sum of classification. The multiplicative index and sum of classification showed a high degree of correspondence, with Spearman correlations above 80%. Thus, the genotypes Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda, Vermute, Jaca Vermelha, Jaca Branca, present potential for incorporation in the cassava planting in Angola.

Keywords: *Manihot esculenta*, Multiplicative index, Index sum classification, Index distance genotype-ideotype, Variability

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura de alta rusticidade e baixas exigência em fertilidade do solo o que permite seu cultivo em áreas adversas (NASSAR, 2008). É empregada na alimentação humana e animal (FUKUDA et al., 2005) além de ser utilizada como matéria-prima em inúmeros produtos industriais. A produção mundial no ano de 2016 foi de 277,1 milhões de toneladas (FAO, 2018), sendo Angola o nono maior produtor, com aproximadamente 10,0 milhões de toneladas.

Em Angola, as regiões Norte e Leste são as zonas onde se concentram as maiores produções da cultura, consumindo as suas raízes e folhas. Além do mais, em algumas regiões a mandioca pode substituir o pão e os cereais, por ser uma cultura de subsistência e por ter uma tecnologia de produção relativamente simples e pela grande habilidade em adaptar-se a variadas condições de clima e solo.

Vale ressaltar que alguns agricultores em Angola insistem em utilizar o mesmo material propagativo que já usavam os seus antepassados, fazendo com que a cultura seja pouco produtiva, seja por erosão genética ou aumento da susceptibilidade a pragas (MUONDO, 2013). Para diversificar os genótipos cultivados em Angola torna-se necessário a realização de estudos de caracterização de diferentes genótipos para verificar o potencial agronômico dos mesmos. Embora esses estudos sejam importantes, poucos trabalhos do gênero têm sido realizados em Angola.

Para Garcia e Souza Júnior (1999), a obtenção de genótipos com médias aceitáveis em características de interesse não é fácil, contudo, necessita de métodos que auxiliem o melhorista na tomada de decisão. Os índices de seleção foram desenvolvidos para facilitar a seleção de genótipos superiores, os quais se constituem num carácter adicional, estabelecido por meio da combinação ótima de várias características, de forma a permitir, de maneira eficiente, a seleção simultânea (LESSA et al., 2010; ROCHA et al., 2012), tendo como objetivo melhorar o valor fenotípico da população sob seleção. Smith (1936) propôs a teoria do índice de seleção, amplamente empregado no melhoramento de plantas. Os demais índices desenvolvidos posteriormente, para uso em situações específicas (GARCIA; SOUZA JÚNIOR, 1999; LIN, 1978; PESEK;

BAKER, 1969) requerem estimativas de parâmetros genéticos, sendo denominados de índices paramétricos. Esses índices são empregados geralmente em populações ou quando os genótipos formam uma amostra aleatória. Há ainda, os índices de seleção não paramétricos. Esses não necessitam de estimativas de parâmetros genéticos e podem ser aplicados tanto em amostras aleatórias, quanto em genótipos selecionados, ou seja, amostras fixas (LESSA et al., 2010).

O índice multiplicativo foi proposto por Elston (1963) que considera todos os caracteres com o mesmo peso econômico. Segundo Garcia; Souza Júnior (1999), esse índice por não requerer estimativas de parâmetros e não pressupor a existência de um valor genotípico populacional a ser melhorado, adapta-se tanto a programas de seleção recorrente como a etapas finais de programas de melhoramento.

O índice baseado em soma e ranks foi proposto por Mulamba; Mock (1978) esse índice que classifica os genótipos em relação a cada um dos caracteres em ordem favorável ao melhoramento. Após isso, soma-se o número de ordem apresentado em cada carácter. Nesse caso, quanto menor o valor da soma, melhor é o desempenho do genótipo, na seleção.

O índice baseado na distância genótipo-ideótipo (SCHWARZBACH, 1972; WRICKE; WEBER, 1986), possibilita definir os valores ótimos para cada caráter, criando desse modo, um genótipo ideal ou ideótipo. Nesse índice podem-se utilizar as medidas da distância euclidiana ou de Mahalanobis para o cálculo das dissimilaridades. Assim sendo, os genótipos que apresentarem os menores valores na matriz com relação ao ideótipo são selecionados. O emprego de índices de seleção no melhoramento genético da cultura da mandioca poderia auxiliar o melhorista na tomada de decisões mais adequadas quanto à seleção de genótipos que agreguem no mesmo indivíduo alta produção e outras características de interesse (LESSA et al., 2017).

Considerando o exposto, o objetivo deste estudo foi selecionar genótipos de mandioca superiores a partir de caracteres morfoagronômicos, utilizando três índices não paramétricos e correlacionar-los para verificar o grau de concordância entre eles.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi realizado no campo experimental da Companhia de Alimentos de Malanje e conduzido durante duas safras consecutivas (2015/16 e 2017/18). Foram avaliados 40 genótipos de mandioca provenientes do banco de germoplasma do Instituto de Investigação Agronômico (IIA) da Estação Experimental Agrícola de Malanje, e da IDA do Cuanza Norte e Uíge, (Tabela 1), localizada na Província de Malanje, com 368 metros de altitude, 8º 49' latitude Sul e 13º 13' de longitude (IGCA, 2016), com uma área total de 8960 m^2. O solo do local foi classificado como Fersialíticos (DINIZ, 1973). O clima, conforme a classificação do (INAMET, 2004) é subtropical úmido, com temperatura média anual de 26º C, com uma amplitude térmica de 14º C, umidade relativa entre 80 e 85 %, precipitações médias anuais entre 1000 e 1200 mm, bem distribuídas.

Tabela 1. Relação dos genótipos de mandioca pertencentes ao banco de germoplasma de mandioca do Instituto de Investigação Agronômica de Malanje e da Companhia de Alimentos de Malanje.

Nº	Nome da variedade	Província	Município / Aldeia	Altitude(m)	Latitude (S)	Longitude (W)
01	Waticamana	Malanje	Kalandula - Luxilu de cima	790	07° 49' 02.8"	015° 03' 0.31 "
02	Maria dia Pedro	Malanje	Kalandula - Luxilu de cima	790	07° 49' 02.8"	015° 03' 0.31 "
03	Hoto	Malanje	Kalandula - Luxilu de cima	790	07° 49' 02.8"	015° 03' 0.31 "
04	Mata Capim	Malanje	Kalandula - Luxilu de cima	790	07° 49' 02.8"	015° 03' 0.31 "
05	Kambaxi	Malanje	Kalandula - Luxilu de cima	653	07° 40' 27.3"	014° 58' 710'
06	Paco Vermelho	Malanje	Quizenga	653	07° 40' 27.3"	014° 58' 710'
07	Tio Jojo	Cuanza Norte	Ndalatando	676	07° 49' 27.3"	015° 01' 24.1 "
08	Verdinha	Malanje	Quizenga	1126	07° 38' 30.8"	015° 10' 48.3 "
09	Mukoto ua Nguadi (Pé de perdiz)	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1126	07° 38' 30.8"	015° 10' 48.3 "
10	Paco branco	Cuanza Norte	Ndalatando	1126	07° 38' 30.8"	015° 10' 48.3 "
11	Munenga	Cuanza Norte	Ndalatando	1126	07° 38' 30.8"	015° 10' 48.3 "
12	Kimbanda	Cuanza Norte	Ndalatando	1126	07° 38' 30.8"	015° 10' 48.3 "

13	Suzi	Cuanza Norte	Ndalatando	1126	07°	38’	30.8”	015°	10’	48.3 ”
14	Jaca Branca	Cuanza Norte	Ndalatado	1126	07°	38’	30.8”	015°	10’	48.3 ”
15	Jaca Vermelha	Cuanza Norte	Ndalatando	62	05°	36’	11.2”	012°	15’	56.4 ”
16	Kalazula	Cuanza Norte	Ndalatando	62	05°	36’	11.2”	012°	15’	56.4 ”
17	Ngana Rico 1 (Uíge)	Uíge	Dange Kitexi – Quitoque	1161	09°	02’	31.4”	015°	53’	41.0 ”
18	TMS3	Uíge	Aldeia Kiongua	1161	09°	02’	31.4”	015°	53’	41.0 ”
19	Mandioca Banana	Uíge	Aldeia Kiongua	1161	09°	02’	31.4”	015°	53’	41.0 ”
20	Rio Dange	Uíge	Aldeia Kiongua	1161	09°	02’	31.4”	015°	53’	41.0 ”
21	Cassandi	Uíge	Aldeia Kiongua	1161	09°	02’	31.4”	015°	53’	41.0 ”
22	Vermute		Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
23	Guita	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
24	Chico dia kombe	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1168	09°	31’	51.1”	016°	18’	02.3 ”
25	TMS 4025 (precoce de Angola)	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1168	09°	31’	53.3”	016°	18’	08.1 ”
26	Kalami	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	145	11°	15’	33.5”	013°	51’	59.8 ”
27	Baco	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	145	11°	15’	33.5”	013°	51’	59.8 ”
28	Katenda	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1072	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
29	Malanje	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
30	Ngana Rico 2 (Malanje)	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
31	Kalawenda	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
32	Gonçalo	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
33	Mundele Paco	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
34	Suingui	Malanje	Aldeia Santa Maria	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
35	NganaYuculu	Malanje	Aldeia Santa Maria	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
36	Muringa	Malanje	Cacuso - Comuna do Lombe	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
37	Kinzela	Malanje	Cacuso - Comuna do Lombe	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
38	Mpelo	Uíge	Aldeia Quitoque	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”

39	Gueti	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”
40	Kapumba	Malanje	Aldeia Cambondo do Kuige	1070	09°	39’	44.6”	16°	19’	46.0 ”

O delineamento experimental utilizado, foi o de blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela constituída por cinco linhas de 10 plantas, totalizando 50 plantas por parcela e cada linha tendo 10 metros de comprimento, dispostas no espaçamento de 0,90 metros entre linhas e 0,90 metros entre as plantas. O ensaio ocupou uma área de aproximadamente um hectare, avaliando um total de 160 parcelas.

Foi realizado o preparo convencional do solo com aragem e gradagem antes do plantio. A adubação de plantio foi realizada, 350 kg ha^{-1} do adubo formulado 12-24-12 e no sexto mês fez-se a adubação de cobertura com uma dose de 250 kg/ha^{-1} de NPK (16-8-12). O plantio foi realizado de forma mecanizada, utilizando-se estacas sadias dos 40 genótipos de mandioca (Tabela 1), com o suporte de um trator de 80 cavalos, acoplado à uma plantadora de mandioca (bazuca 1) de duas linhas e foram utilizadas estacas com 13,5 cm de comprimento, dispostas horizontalmente nos sulcos à 0,10 m de profundidade.

Figura 1: Plantação mecânica da mandioca (Utilização do trator, acoplado a uma plantadora de mandioca de duas linhas), no dia 02 de Dezembro de 2015.

As estacas, antes da plantação foram banhadas durante cinco minutos em uma solução de Maconzebe 80% (1kg) e Fipronil 80% (1kg), Boro (1L), Manganês (1L), em 15000L/água. Os tratos culturais foram efetuados, com base nas exigências da cultura, utilizando-se o método manual de controle das ervas

daninhas, usando enxadas e sachas, em diferentes fases e etapas de desenvolvimento da cultura. A aplicação dos herbicidas Capizade e Flumioxazina foi realizada no início do plantio, visando evitar a ocorrência de plantas daninhas no crescimento inicial da mandioca.

Figura 2: Solução de Maconzebe 80% (1kg) e Fipronil 80% (1kg), Boro (1L), Manganês (1L), em 15000L/água.

Nos dias 02 de dezembro de 2016 e 21 de fevereiro de 2018 realizaram-se os cortes. Colheu-se todas as plantas das cincos linhas de cada parcela. Avaliou-se o número de hastes (NH): obtido pela razão entre a soma do número de brotações das manivas-mãe e o respectivo número de plantas submetidas à avaliação; altura de plantas (AP, em cm): obtida a partir do nível do solo até a extremidade mais distal; diâmetro do caule (DC, em cm): medido com paquímetro a10 cm do nível do solo; distância do entrenó (DE, em cm), obtida pela mensuração das distâncias entre os nós dos caules das plantas; altura da primeira ramificação (APR, em cm), obtida a partir do nível do solo até a inserção da primeira ramificação; número de raízes (NR): obtido pela razão entre o número de raízes das manivas-mãe e o respectivo número de plantas submetidas à avaliação; diâmetro das raízes (DR, em cm), obtido pela mensuração do diâmetro de dez raízes amostradas aleatoriamente em cada parcela experimental; comprimento das raízes(CR, em cm), obtido pela mensuração do comprimento de dez raízes amostradas aleatoriamente em cada parcela experimental; produção da parte aérea (PPA, em kg), obtida pela pesagem da parte aérea de todas as plantas úteis das parcelas experimentais;

e produção de raízes (PR, em kg), obtida pela pesagem das raízes de todas as plantas úteis das parcelas experimentais.

As colheitas foram feitas de forma mecanizada, antecedida pelo corte das plantas após culminar o ciclo vegetativo da cultura, com a utilização de um afofador (P900) (Implemento agrícola do formato de um sulcador, destinado para colheita de raízes e tubérculos), acoplado ao tractor.

Figura 3: Afofador (P900)

Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância individual e conjunta, considerando o delineamento em blocos casualizados. As médias dos genótipos foram agrupados pelo teste de Scott-Knott. A análise de variância foi conclusiva para a média das épocas, sendo essas, comparadas pelo teste F da ANAVA, ambos a 5% de significância. Foram também estimados coeficientes de correlação de Pearson para as variáveis e suas significâncias testada pelo teste t a 5% de significância. As análises foram realizadas com auxílio do programa estatístico R (R Core team, 2018).

O índice multiplicativo (ELSTON, 1963), dado pela expressão $I_{Ei} = \log \prod_{j=1}^{m} (x_{ij} - k_j) = \log [(x_{i1} - k_1)(x_{i2} - k_2)\dots (x_{in} - k_n)]$, em que I_{Ei} denota o índece multiplicativo, x_{ij} é a média do carácter *j*, mensurado no genótipo *i*, e *k*, é o menor valor selecionável $\left[K_j = \frac{n\,(min.\ xif) - máx.\ xif}{n-1} \right]$; n é o número de genótipos, e mín. x_{ij} e máx. x_{ij} são, respectivamente, a menor e a maior média do carácter *j*.

O índice de soma de classificação (MULAMBA; MOCK, 1978), dado pela expressão$\left[\text{I}_{\text{MM}} = \sum_{j=1}^{m} n^{ij}\right]$, no qual I_{MM} é o índice de soma de classificação, e n_{ij} é o número de classificação do genótipo *i* com relação ao carácter *j*.

No índice baseado na distância genótipo- ideótipo (SCHWARZBACH, 1972; WRICKE; WEBER, 1986), adotou-se a distância euclidiana $\left(D_{ij} = \sqrt{\sum_{j=1}^{m} d^{ij}}^{2}\right)$, em que D_{ij} é a distância euclidiana entre o genótipo *i* e o ideótipo *I*, e d*ij* é o desvio padronizado entre a média do carácter *j*, mensurado no genótipo *i* (x_{ij}), e o valor atribuído ao ideótipo nesse carácter (x_{ij}), ou seja, $d_{ij} = (x_{ij} - x_{ij})/\sigma_j$. A padronização evita que caracteres medidos em unidade maiores exerçam uma influência maior que os demais sobre o valor do índice, e consequentemente, sobre a classificação dos genótipos de mandioca.

Para definir o ideótipo necessário para o cálculo da distância genótipo-ideótipo, optouse por considerar o valor fenotípico ideal, as maiores médias no caso dos caracteres AP, NR, PR e PPA, e as médias aritméticas dos demais caracteres. Seguem os valores atribuídos ao ideótipo: NH= 2,32; AP = 193,88 cm; DC= 8,98 cm; DE= 8,33 cm; APR = 46,68 cm; NR = 2,63; DR = 21,95 cm; CR = 30,44 cm; PPA = 32,26 kg; PR = 46,02 kg .

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os quocientes obtidos por meio da relação entre o maior e menor quadrado médio dos resíduos das análises individuais para as 10 características avaliadas em Malanje nos experimentos dos anos 2016 e 2018, constataram valores inferiores a sete, indicando a existência de homogeneidade nas variâncias dos erros experimentais, portanto, fez-se a análise conjunta (Tabelas 2). Trabalhos relacionados a análises de variância individual têm sido desenvolvidos em diversas culturas, como: mandioca (VIEIRA et al., 2015a; VIEIRA et al., 2015b; VIEIRA et al., 2016; FERNANDES et al., 2016), tomate (COSTA et al., 2015), espécie arbórea (OLIVEIRA et al., 2014).

A análise de variância conjunta em relação a todas as características, revelou não haver diferença significativa para a interação (genótipos x época), indicando que os genótipos apresentaram comportamento coincidente nos dois anos de avaliação para as características avaliadas, porém, a não diferenciação pode estar associada a variância excessiva observada em determinados tratamentos, podendo ter mascarado as reais diferenças que existam entre os acessos (Tabela 3).

Almeida et al. (2014a), estudando a avaliação morfológica e produtiva de amendoim produzido por pequenos agricultores do Recôncavo da Bahia não observaram diferença significativa na interação (genótipos x dias após a emergência) (DAE) para nenhuma das variáveis avaliada no estudo.

O coeficiente de variação experimental da análise de variância conjunta variou de 12,76 % (AP) a 49,02 % (PPA). Estes resultados corroboram com os resultados encontrados por Oliveira (2011), que, ao avaliar a caracterização morfológica e agronômica de híbridos interespecíficos de *M. esculenta,* verificou variação do CV de 12,79 % comprimento x largura do lóbulo central (CLLC) a 57,08 % diâmetro da raíz (DIAR) com exceção da variável DIAR, que foi encontrado um valor superior ao presente estudo.

Na Tabela 4, encontram-se as médias das variáveis analisadas nos 40 genótipos de mandioca, com suas respectivas comparações. Observa-se que

não foram encontradas diferenças significativas entre os genótipos para o diâmetro do caule (DC), altura da primeira ramificação (APR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR) e produção da parte aérea (PPA).

Sabe-se que a produção da parte aérea**,** é uma variável de extrema relevância na cultura da mandioca, por representar a quantidade de matéria verde produzida pela planta, uma vez que pode ser utilizada na alimentação humana, na produção de forragem animal e, principalmente, na obtenção de manivas para o novo plantio (FERNANDES et al., 2016). O diâmetro da raiz também é importante no cultivo de mandioca. As raízes mais espessas são preferidas em relação as mais finas, pois, menores diâmetros dificultam o manuseio na operação de descasque, não servindo para o processamento, em geral, essas raízes são aproveitadas para alimentação animal e em alguns casos rejeitadas e deixadas no campo (MUONDO, 2013). Vale ressaltar, que a altura da primeira ramificação é uma variável que contribui para a realização do manejo da cultura com maior facilidade. Conforme Vieira et al., (2013) as variedades preferidas são aquelas que apresentam maior altura da primeira ramificação ou que não apresentem ramificação e que apresentem elevada altura de planta, por se relacionarem diretamente com a facilidade de tratos culturais, disponibilidade de ramas para novos plantios, facilidade de plantio mecanizado e facilidade de colheita.

No que concerne a característica número de hastes (NH), que influencia significativamente no rendimento de raízes, os genótipos denominados Verdinha, Ngana Rico 2, Kinzela, Waticamana, Mpelo, Kalawenda, Cassandi, Jaca Branca, Gonçalo e Guita diferiram estatisticamente dos demais ($p < 0,01$), apresentando valores mais elevados 3,40; 2,96; 2,75; 2,65; 2,65; 2,64; 2,59; 2,58; 2,55 e 2,51, respectivamente.

Tabela 2. Resumo das análises de variância individuais das variáveis número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR) em 40 genótipos de mandioca, para os anos de 2016 e 2018, na Província de Malanje, Angola, 2018.

FV	GL	QM									
		NH	AP	DC	DE	APR	NR	DR	CR	PPA	PR
						2016					
Blocos	3	0,37^{ns}	359,72^{ns}	19,60*	2,54^{ns}	445,60^{ns}	4,73^{ns}	46,52**	188,79**	30,54^{ns}	926,12*
Genótipos	39	1,00*	683,69^{ns}	1,13^{ns}	2,06^{ns}	390,80^{ns}	1,36^{ns}	10,81^{ns}	51,64^{ns}	34,26^{ns}	463,89*
Resíduo	117	0,64	644,67	1,05	1,77	338,02	1,19	7,99	43,79	31,41	299,98
Média geral		2,59	162,48	6,70	8,46	48,03	2,38	22,85	28,91	13,35	39,57
CV (%)		30,83	15,63	15,33	15,73	38,28	45,78	12,37	22,89	41,99	43,77
						2018					
Blocos	3	4,81*	1238,39^{ns}	20,59**	1,19^{ns}	570,27**	5,06*	179,60**	321,11**	6518,54**	15560,93**
Genótipos	39	0,09^{ns}	1130,39**	2,97^{ns}	2,25^{ns}	226,16*	2,71*	9,86^{ns}	31,45^{ns}	593,11^{ns}	556,38^{ns}
Resíduo	117	0,10	583,12	2,37	1,61	134,59	1,60	14,21	42,79	468,67	460,74
Média geral		2,10	225,27	11,25	8,20	45,34	2,88	21,04	31,97	51,17	52,47
CV (%)		14,87	10,72	13,69	15,49	25,59	44,00	17,92	20,46	42,31	40,91

** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo teste F. ^{ns} não significativo a 5% de significância.

Tabela 3. Resumo das análises de variância conjuntas das variáveis número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR) em 40 genótipos de mandioca, na Província de Malanje, Angola, 2018.

FV	GL	QM									
		NH	AP	DC	DE	APR	NR	DR	CR	PPA	PR
Blocos (Épocas)	6	2,59**	799,06^{ns}	20,10**	1,87^{ns}	507,93*	4,89**	113,06**	254,95**	3274,54**	8243,53**
Genótipos	39	0,64**	1197,82**	2,18^{ns}	2,43^{ns}	329,87^{ns}	2,72**	10,57^{ns}	41,74^{ns}	325,01^{ns}	679,39**
Épocas	1	18,88**	315350,22**	1661,07**	5,69^{ns}	577,84^{ns}	19,82**	262,99**	748,41**	14439,54**	13312,80**
Gen. x Épocas	39	0,45^{ns}	616,25^{ns}	1,92^{ns}	1,88^{ns}	287,10^{ns}	1,35^{ns}	10,10^{ns}	41,34^{ns}	302,36^{ns}	340,88^{ns}
Resíduo	234	0,37	613,90	1,71	1,69	236,31	1,39	11,10	43,29	250,04	380,36
Média geral		2,35	193,87	8,98	8,33	46,68	2,63	21,94	30,44	32,26	46,02
CV (%)		25,84	12,78	14,58	15,62	32,93	44,93	15,18	21,61	49,02	42,38

** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo teste F. ^{ns} não significativo a 5% de significância.

Para a variável altura de planta destacaram-se Tio Jojo, Kimbanda, Precoce de Angola, NganaYuculu, Banana, Jaca Vermelha, Malanje, Mundele Paco, Kalazula, Rio Dange, Vermute, Kambaxi, Munenga, Kalawenda, Kinzela; Kapumba, Muringa, Mata Capim, Hoto, Pé de perdiz, com valores variando de 194,13 cm a 224,11cm. Mesmo não existindo relatos acerca da altura ideal de plantas de mandioca alguns autores, como Devide et al., (2009) e Guimarães (2013), acreditam que o manejo e tratos culturais tendem a ser facilitados quando existem plantas mais altas, principalmente em áreas com colheita mecanizada, além de facilitar o consórcio com outras culturas, como feijão e milho.

A altura de planta não deve apresentar valor excessivo (superior a 3 m), uma vez que poderá propiciar acamamento de plantas em áreas com solos férteis e sujeitas a ventos fortes, como relatado por Otsubo et al. (2009), ao avaliarem cultivares de mandioca de indústria em área de Cerrado no Mato Grosso do Sul. O resultado encontrado neste trabalho não corrobora com Foloni et al., (2010), onde, ao avaliarem cultivares de mandioca na região oeste do Estado de São Paulo, a variável altura de planta não apresentou diferença significativa. A variação encontrada na altura de plantas deve-se a influência do ambiente e de componentes genotípicos. Tal fato foi também relatado por Vidigal Filho et al.; (2000), Rimoldi et al.; (2003), Rimoldi et al.; (2006), Otsubo et al. (2009), bem como por Vieira et al.; (2015) que avaliaram o desempenho agronômico de acessos de mandioca de mesa em área de Cerrado em Minas Gerais, onde a maior altura de planta observada foi de 252 cm.

Para a variável distância do entrenó (DE), destacaram-se os genótipos Mata Capim, Tio Jojo, Kimbanda, Jaca Branca, Jaca vermelha, Banana, Malanje, Mundele Paco e Muringa. Os maiores valores para número de raízes (NR) foram encontrados nos genótipos Maria dia Pedro,Tio Jojo, Verdinha, Jaca Branca, TMS3, Banana, Baco, Vermute, Chico dia kombe, precoce de Angola, Kalami, Baco, Katenda, Ngana Rico 2, NganaYuculu e Muringa. Sabe-se que nas fases iniciais de desenvolvimento da planta de mandioca é definido pelo número de raízes. Esses resultados indicam que o número de raízes foi bem constituído nas fases iniciais de desenvolvimento desses genótipos (Tabela 4).

Tabela 4. Agrupamento de médias das variáveis, número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR) em 40 genótipos de mandioca, na Província de Malanje, Angola, 2018.

Genótipos	NH	AP	DC	DE	APR	NR	DR	CR	PPA	PR
Waticamana	2,65 a	189,04 b	8,80 a	8,51 b	50,75 a	2,59 b	20,75 a	32,93 a	30,13 a	56,08 a
Maria dia Pedro	2,20 b	178,03 b	8,34 a	7,88 b	46,12 a	3,06 a	21,08 a	34,50 a	20,56 a	32,40 b
Hoto	2,20 b	194,99 a	8,34 a	8,38 b	49,13 a	2,41 b	21,94 a	30,20 a	30,38 a	41,11 b
Mata Capim	2,20 b	195,58 a	8,79 a	8,76 a	44,87 a	1,91 b	22,91 a	30,99 a	37,13 a	43,53 b
Kambaxi	2,14 b	200,49 a	9,37 a	8,33 b	41,21 a	1,99 b	20,73 a	30,19 a	22,00 a	54,95 a
Paco Vermelho	2,18 b	178,45 b	9,03 a	8,45 b	38,17 a	2,69 b	19,64 a	30,20 a	42,50 a	36,33 b
Tio Jojo	2,13 b	224,11 a	9,21 a	9,09 a	61,24 a	2,86 a	21,99 a	31,01 a	36,06 a	66,72 a
Verdinha	3,40 a	187,44 b	8,52 a	7,90 b	50,30 a	3,84 a	20,64 a	30,85 a	34,50 a	44,40 b
Pé de perdiz	2,39 b	194,13 a	8,96 a	8,26 b	54,77 a	2,01 b	20,50 a	28,46 a	27,63 a	45,24 b
Paco branco	2,07 b	180,61 b	8,07 a	8,07 b	36,11 a	2,29 b	23,58 a	27,84 a	34,94 a	45,02 b
Munenga	2,37 b	199,14 a	9,06 a	8,03 b	40,86 a	2,43 b	21,24 a	27,61 a	26,19 a	48,29 a
Kimbanda	2,39 b	218,79 a	8,72 a	10,02 a	57,88 a	2,48 b	22,44 a	30,09 a	31,13 a	64,09 a
Suzi	2,45 b	190,95 b	9,90 a	7,80 b	42,62 a	2,20 b	22,96 a	29,36 a	25,69 a	36,67 b
Jaca Branca	2,58 a	190,09 b	9,09 a	8,77 a	55,24 a	2,86 a	22,58 a	31,41 a	23,75 a	46,06 b
Jaca Vermelha	2,34 b	207,36 a	9,44 a	9,05 a	41,69 a	2,40 b	23,46 a	31,31 a	33,31 a	41,54 b
Kalazula	2,28 b	202,28 a	9,65 a	8,24 b	52,11 a	2,52 b	21,61 a	27,71 a	39,63 a	52,80 a
Ngana Rico 1	2,45 b	174,05 b	8,04 a	8,11 b	47,67 a	1,92 b	21,98 a	29,18 a	23,13 a	44,05 b
TMS3	2,10 b	188,37 b	9,68 a	8,22 b	43,60 a	3,05 a	22,94 a	33,06 a	25,13 a	37,56 b
Banana	2,25 b	210,65 a	9,95 a	8,97 a	48,90 a	3,93 a	20,63 a	35,51 a	19,00 a	36,78 b
Rio Dange	2,05 b	201,38 a	8,67 a	8,15 b	49,31 a	1,95 b	23,38 a	28,87 a	28,25 a	40,50 b
Cassandi	2,59 a	183,99 b	9,72 a	8,22 b	38,94 a	2,21 b	22,46 a	30,30 a	32,38 a	51,91 a
Vermute	2,05 b	201,18 a	9,16 a	8,20 b	43,41 a	3,90 a	22,68 a	32,15 a	40,56 a	54,73 a
Guita	2,51 a	177,96 b	8,31 a	7,81 b	37,17 a	2,00 b	22,75 a	29,18 a	31,38 a	52,62 a
Chico dia kombe	1,87 b	191,08 b	9,32 a	8,39 b	40,17 a	2,89 a	20,31 a	27,84 a	27,63 a	33,74 b
P. de Angola	2,26 b	212,84 a	8,59 a	7,84 b	59,91 a	3,12 a	20,14 a	28,36 a	37,38 a	52,34 a
Kalami	2,35 b	180,52 b	8,90 a	7,60 b	48,54 a	2,88 a	22,99 a	30,14 a	35,00 a	48,36 a
Baco	2,12 b	179,49 b	8,83 a	8,03 b	46,72 a	3,16 a	21,53 a	32,54 a	30,69 a	36,46 b
Katenda	2,28 b	190,49 b	8,76 a	8,29 b	50,77 a	2,99 a	21,25 a	30,68 a	32,75 a	60,79 a
Malanje	2,09 b	207,10 a	9,34 a	9,59 a	42,97 a	2,54 b	21,18 a	24,13 a	47,00 a	40,51 b
Ngana Rico 2	2,96 a	175,37 b	8,46 a	8,41 b	47,53 a	3,71 a	23,91 a	30,40 a	32,25 a	60,31 a
Kalawenda	2,64 a	198,37 a	9,17 a	7,76 b	54,74 a	2,52 b	21,81 a	28,85 a	27,94 a	33,76 b
Gonçalo	2,55 a	181,06 b	9,13 a	7,64 b	41,01 a	2,59 b	22,96 a	31,70 a	32,00 a	49,84 a
Mundele Paco	2,15 b	205,02 a	9,73 a	9,29 a	36,33 a	2,13 b	23,31 a	32,63 a	36,50 a	33,36 b
Suingui	2,16 b	183,94 b	8,54 a	8,17 b	50,15 a	2,11 b	22,43 a	32,95 a	32,38 a	50,85 a
NganaYuculu	2,17 b	210,73 a	9,59 a	7,61 b	49,09 a	3,57 a	23,41 a	32,43 a	40,00 a	58,85 a
Muringa	2,27 b	196,10 a	9,04 a	8,99 a	40,81 a	2,77 a	20,54 a	34,96 a	40,63 a	36,45 b
Kinzela	2,75 a	197,53 a	8,26 a	7,90 b	52,87 a	2,09 b	20,48 a	27,73 a	38,31 a	52,95 a
Mpelo	2,65 a	186,34 b	8,05 a	8,34 b	48,56 a	1,65 b	22,99 a	28,76 a	36,00 a	41,24 b
Gueti	2,32 b	193,07 b	9,20 a	7,62 b	44,27 a	2,45 b	22,76 a	31,78 a	39,38 a	43,35 b
Kapumba	2,29 b	196,92 a	9,34 a	8,48 b	40,84 a	2,46 b	20,95 a	28,88 a	29,19 a	34,41 b

Médias seguidas pelas mesmas letras nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância.

Pode-se visualizar que para a variável produção de raízes (PR) os seguintes genótipos apresentaram médias superiores: Waticamana, Kambaxi, Tio Jojo, Munenga, Kimbanda, Kalazula, Cassandi, Vermute, Guita, Precoce de Angola, Kalami, Katenda, Ngana Rico 2, Gonçalo, Suingui, NganaYuculu e Kinzela. Vieira et al. (2015) ao avaliarem oito genótipos industriais de mandioca , observaram que o genótipo BGMC 996 foi o único que se destacou quanto ao caráter produção da raiz (PR).

Os valores médios das variáveis analisadas nas duas épocas de plantio encontram-se na Tabela 5. Observa-se variação significativa entre as épocas de plantio para as variáveis NH, AP, DR, CR, PPA, PR, indicando efeito do período de plantio nestas características, que são fortemente influenciadas pelo ambiente.

Tabela 5. Valores médios para as variáveis número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR) em 40 genótipos de mandioca, nas duas épocas de plantio (2016 e 2018) na Província de Malanje, Angola, 2018.

Épocas	NH	AP	DC	DE	APR	NR	DR	CR	PPA	PR
2016	2,59 a	162,48 b	6,70 a	8,46 a	48,03 a	2,38 b	22,85 a	28,91 b	13,35 b	39,57 b
2018	2,10b	225,27 a	11,25 a	8,20 a	45,34 a	2,88 a	21,04 b	31,97 a	51,17 a	52,47 a

Médias seguidas pelas mesmas letras nas colunas não diferem estatisticamente entre si pelo teste de F a 5% de significância.

Para Vencovsky e Barriga (1992), as correlações fenotípicas determinadas entre caracteres são atribuídas a fatores genéticos e ambientais, pois são estimadas com o propósito de mensurar a alteração em um carácter quando se altera outro. No presente estudo, as estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson de 10 variáveis entre 40 genótipos de mandioca são apresentadas na Tabela 6. Observou-se que a variável altura da planta (AP) se correlacionou significativamente com todas as variáveis aferidas. Esta variável apresentou forte correlação positiva e altamente significativa com a variável DC (r = 0,81**) e com magnitude moderada com a variável PPA (r = 0,57**).

A altura da planta está intimamente relacionada com a capacidade de produção de manivas das variedades e com a facilidade dos tratos culturais. Essa variável apresenta uma grande facilidade de mensuração. Os dados de AP variaram de 194,13 cm a 224,11cm, o que demonstra a grande variação desse parâmetro nos 40 genótipos de mandioca, na Província de Malanje, Angola (Tabela 4).

Verifica-se que o NH teve correlação positiva e altamente significativa com a variável APR (r = 0,18**) e correlação negativa e altamente significativa com as variáveis AP (r = - 0,27**), DC (r = - 0,30**), PPA (r = - 0,26**). Observou-se ainda correlação negativa significativa com PR (r = -0,11*) e não houve correlações significativas com as variáreis DE, NR, DR e CR (Tabela 6).

Observou-se que a variável DC se correlacionou significativamente com todas as variáveis analisadas, exceto com DE. A variável altura da primeira ramificação (APR) não se correlacionou com nenhuma variável. Os resultados de correlações obtidos indicam que as variáveis AP, DC e PPA foram as que mais refletiram o potencial agronômico dos genótipos avaliadas. Outro aspecto a ser considerado é que estas informações evidenciam que essas variáveis possuem grande importância na diferenciação dos genótipos de mandioca, sendo de grande importância em estudos de caraterização da cultura.

AFONSO et al. (2014), em seus estudos sobre a seleção de descritores morfológicos e divergência genética em acessos de mandioca, observaram correlação positiva e altamente significativa entre a varável altura de planta (AP) e o peso das hastes e cepas por plantas (RCW) (r = 0,49**), pois, também verificaram correlação positiva e altamente significativa nas variáveis DC e AP (r = 0,46**).

Tabela 6. Correlação de Pearson entre as variáveis número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR) em 40 genótipos de mandioca, na Província de Malanje, Angola, 2018.

	AP	DC	DE	APR	NR	DR	CR	PPA	PR
NH	-0,27**	-0,30**	0,02	0,18**	-0,07	-0,03	-0,09	-0,26**	-0,11*
AP		0,81**	0,21**	0,11*	0,16**	-0,16**	0,19**	0,57**	0,21**
DC			0,06	-0,14*	0,20**	-0,18**	0,19**	0,61**	0,20**
DE				0,11*	0,06	-0,05	-0,11*	-0,08	-0,02
APR					0,05	0,01	0,04	-0,04	0,14
NR						0,03	-0,03	-0,03	0,34**
DR							0,20	-0,19**	0,07
CR								0,15**	0,07
PPA									0,38**

** e * significativo a 1 e 5%, respectivamente, pelo teste t. ^{ns} não significativo a 5% de significância.

Na tabela 7 estão apresentadas as médias e postos das variáveis para o cálculo do Índice de Soma de Postos (I_{MM}), que classificou o genótipo Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda e Jaca Vermelha na primeira, segunda, terceira e quarta posição de ranqueamento, respectivamente. O Vermute, Ngana Rico 2, Jaca Branca e Banana foram classificados em quinto, sexto, sétimo e oitavo respectivamente, conforme ordem de classificação do índice (Tabela 7).

O genótipo Tio Jojo apresentou a primeira colocação para altura das plantas (AP), altura da primeira ramificação (APR) e produção de raízes (PR), a quarta colocação na distância do entrenó (DE), décimo segunda na produção da parte aérea (PPA), décimo terceiro no diâmetro do caule (DC) e número de raízes (NR), décimo quinto no comprimento das raízes (CR), vigésimo no diâmetro das raízes (DR) e a menor número de hastes (NH). Observou-se que o genótipo Tio Jojo foi classificado, conforme o índice de soma de classificação, em primeiro (Tabela 7), semelhante a classificação do índice multiplicativo (Tabela 8). Esse resultado positivo apresentado pela variedade Tio Jojo, também foi observado na caracterização agronómica (Tabela 4), onde esta destacou-se nas variáveis altura da planta, diâmetro do entrenó, número de raízes e produção

de raízes, demonstrando se tratar de um genótipo promissor, que pode ser indicado em próximos plantios.

O Ngana Yuculu, classificado em sétimo pelo índice sugerido por Elston (1963), classificou-se em segundo no índice de soma de classificação. Segundo Garcia; Souza Júnior, (1999) a utilização deste índice de soma de classificação é simples, não sendo necessário sequer de ajustes de médias, como ocorre com o índice multiplicativo, que para se obter o menor valor selecionável (kj), necessita-se de ajuste das unidades dos caracteres, portanto, metodologicamente este é o fator que os diferencia e, possivelmente, influenciou na mudança da classificação dos genótipos. Foram observados nos genótipos Kimbanda, Jaca Vermelha, Banana, Jaca Branca, Ngana Rico 2 e Vermute, essa mesma alteração na classificação (Tabela 7).

O genótipo Ngana Yuculu e Ngana Rico 2, classificados em segundo e sexto, respectivamente, pelo índice de soma de classificação apresentaram a quinta e quarta colocação, respectivamente, nos caracteres NR (3,5 e 3,7), PR (58,8 kg e 60, kg), PPA (40,0 kg). Contudo, a baixa classificação do genótipo Ngana Rico 2 na característica produção da parte aérea não inviabiliza uma possível recomendação dos genótipos.

O índice multiplicativo classificou os genótipos Tio Jojo, Kimbanda, Vermute e o Kalazula em primeiro, segundo, terceiro e quarto, respectivamente. Já os genótipos Jaca Vermelha, Jaca Branca, Ngana Yuculu e Waticamana, foram classificados em quinto, sexto, sétimo e oitavo, segundo a ordem de classificação dos escores ou médias centradas (x*i* - k*j*) do índice (Tabela 8).

O genótipo Tio Jojo, classificado em primeiro lugar pelo índice multiplicativo, mostra-se um material genético passível de seleção, apresentando as melhores médias nos caracteres AP (224,11 cm), APR (61,24 cm), PR (66,72 kg) características essas, importantes na seleção de um genótipo superior.

O Kimbanda, classificado em segundo lugar pelo índice multiplicativo, apresentou o segundo melhor desempenho nos caracteres AP (218,79 cm), APR (57,88 cm) e PR (64,09 kg) e primeiro no DE (10,02 cm). A elevada produção da parte aérea indica o potencial multiuso (alimentação humana e animal) do genótipo Kimbanda (Tabela 8).

Tabela 7. Médias originais ($\bar{x}$) e posto das variáveis para o cálculo do índice de Soma de Postos (I_{SP}) em genótipos de mandioca de Angola, 2018.

Genótipos	NH		AP		DC		DE		APR		NR		DR		CR		PPA		PR		I_{SP}
	$\bar{x}$	Post	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	$\bar{x}$	Posto	
Waticamana	2.6	4	189.0	26	8.8	25	8.51	10	50.7	10	2.5	17	20.7	31	32.9	6	30.1	27	56.0	6	162 (10)
Maria dia Pedro	2,2	25	178,0	37	8,3	34	7,88	32	46,1	22	3,0	8	21,0	29	34,5	3	20,5	39	32,4	40	269 (37)
Hoto	2,2	26	194,9	19	8,3	35	8,38	15	49,1	14	2,4	26	21,9	22	30,2	21	30,3	26	41,1	27	231 (28)
Mata Capim	2,2	27	195,5	18	8,7	26	8,76	9	44,8	23	1,9	39	22,9	12	30,9	16	37,1	10	43,5	23	203 (20)
Kambaxi	2,1	32	200,4	12	9,3	9	8,33	17	41,2	30	1,9	36	20,7	32	30,1	23	22,0	38	54,9	7	236 (30)
Paco Vermelho	2,1	28	178,4	36	9,0	21	8,45	12	38,1	37	2,6	16	19,6	40	30,2	22	42,5	2	36,3	35	249 (35)
Tio Jojo	2,1	33	224,1	1	9,2	13	9,09	4	61,2	1	2,8	13	21,9	20	31,0	15	36,0	12	66,7	1	113 (1)
Verdinha	3,4	1	187,4	28	8,5	32	7,90	30	50,3	11	3,8	3	20,6	33	30,8	17	34,5	16	44,4	21	192 (14)
Pé de perdiz	2,3	13	194,1	20	8,9	22	8,26	19	54,7	5	2,0	34	20,5	36	28,4	33	27,6	31	45,2	19	232 (29)
Paco branco	2,0	37	180,6	33	8,0	38	8,07	27	36,1	40	2,2	28	23,5	2	27,8	35	34,9	15	45,0	20	275 (38)
Munenga	2,3	15	199,1	13	9,0	19	8,03	28	40,8	32	2,4	25	21,2	27	27,6	39	26,1	33	48,2	17	248 (34)
Kimbanda	2,3	14	218,7	2	8,7	28	10,0	1	57,8	3	2,4	22	22,4	18	30,0	25	31,1	24	64,0	2	139 (3)
Suzi	2,4	11	190,9	23	9,9	2	7,80	35	42,6	28	2,2	30	22,9	9	29,3	26	25,6	34	36,6	32	230 (27)
Jaca Branca	2,5	8	190,0	25	9,0	18	8,77	8	55,2	4	2,8	14	22,5	16	31,4	13	23,7	36	46,0	18	160 (7)
Jaca Vermelha	2,3	17	207,3	6	9,4	8	9,05	5	41,6	29	2,4	27	23,4	3	31,3	14	33,3	17	41,5	25	151 (4)
Kalazula	2,2	20	202,2	9	9,6	6	8,24	20	52,1	8	2,5	20	21,6	24	27,7	38	39,6	6	52,8	10	161 (9)
Ngana Rico 1	2,4	12	174,0	40	8,0	40	8,11	26	47,6	19	1,9	38	21,9	21	29,1	27	23,1	37	44,0	22	282 (40)
TMS3	2,1	35	188,3	27	9,6	5	8,22	21	43,6	25	3,0	9	22,9	11	33,0	4	25,1	35	37,5	30	202 (19)
Banana	2,2	24	210,6	5	9,9	1	8,97	7	48,9	16	3,9	1	20,6	34	35,5	1	19,0	40	36,7	31	160 (8)
Rio Dange	2,0	38	201,3	10	8,6	29	8,15	25	49,3	13	1,9	37	23,3	5	28,8	30	28,2	29	40,5	29	245 (33)
Cassandi	2,5	7	183,9	30	9,7	4	8,22	22	38,9	36	2,2	29	22,4	17	30,3	20	32,3	19	51,9	13	197 (17)
Vermute	2,0	39	201,1	11	9,1	16	8,20	23	43,4	26	3,9	2	22,6	15	32,1	10	40,5	4	54,7	8	154 (5)
Guita	2,5	10	177,9	38	8,3	36	7,81	34	37,1	38	2,0	35	22,7	14	29,1	28	31,3	23	52,6	11	267 (36)
Chico dia kombe	1,8	40	191,0	22	9,3	12	8,39	14	40,1	35	2,8	11	20,3	38	27,8	36	27,6	32	33,7	38	278 (39)
P. de Angola	2,2	23	212,8	3	8,5	30	7,84	33	59,9	2	3,1	7	20,1	39	28,3	34	37,3	9	52,3	12	192 (15)
Kalami	2,3	16	180,5	34	8,9	23	7,60	40	48,5	18	2,8	12	22,9	7	30,1	24	35,0	14	48,3	16	204 (22)
Baco	2,1	34	179,4	35	8,8	24	8,03	29	46,7	21	3,1	6	21,5	25	32,5	8	30,6	25	36,4	33	240 (32)
Katenda	2,2	21	190,4	24	8,7	27	8,29	18	50,7	9	2,9	10	21,2	26	30,6	18	32,7	18	60,7	3	174 (11)
Malanje	2,0	36	207,1	7	9,3	10	9,59	2	42,9	27	2,5	19	21,1	28	24,1	40	47,0	1	40,5	28	198 (18)
Ngana Rico 2	2,9	2	175,3	39	8,4	33	8,41	13	47,5	20	3,7	4	23,9	1	30,4	19	32,2	21	60,3	4	156 (6)
Kalawenda	2,6	6	198,3	14	9,1	15	7,76	36	54,7	6	2,5	21	21,8	23	28,8	31	27,9	30	33,7	37	219 (25)
Gonçalo	2,5	9	181,0	32	9,1	17	7,64	37	41,0	31	2,5	18	22,9	10	31,7	12	32,0	22	49,8	15	203 (21)
Mundele Paco	2,1	31	205,0	8	9,7	3	9,29	3	36,3	39	2,1	31	23,3	6	32,6	7	36,5	11	33,3	39	178 (12)
Suingui	2,1	30	183,9	31	8,5	31	8,17	24	50,1	12	2,1	32	22,4	19	32,9	5	32,3	20	50,8	14	218 (24)
NganaYuculu	2,1	29	210,7	4	9,5	7	7,61	39	49,0	15	3,5	5	23,4	4	32,4	9	40,0	5	58,8	5	122 (2)
Muringa	2,2	22	196,1	17	9,0	20	8,99	6	40,8	34	2,7	15	20,5	35	34,9	2	40,6	3	36,4	34	188 (13)
Kinzela	2,7	3	197,5	15	8,2	37	7,90	31	52,8	7	2,0	33	20,4	37	27,7	37	38,3	8	52,9	9	217 (23)
Mpelo	2,6	5	186,3	29	8,0	39	8,34	16	48,5	17	1,6	40	22,9	8	28,7	32	36,0	13	41,2	26	225 (26)
Gueti	2,3	18	193,0	21	9,2	14	7,62	38	44,2	24	2,4	24	22,7	13	31,7	11	39,3	7	43,3	24	194 (16)
Kapumba	2,2	19	196,9	16	9,3	11	8,48	11	40,8	33	2,4	23	20,9	30	28,8	29	29,1	28	34,4	36	236 (31)

[1] valores entre parênteses indicam a classificação final do genótipo, número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância média do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR).

Tabela 8. Médias originais ($\bar{x}$) e centradas (x_i - k_j) das variáveis para o cálculo do índice multiplicativo (I_M) em genótipos de mandioca Angola,2018

Genótipos	NH		AP		DC		DE		APR		NR		DR		CR		PPA		PR		I_M
	$\bar{x}$	xij -	$\bar{x}$	xij - kj	$\bar{x}$	xij -	$\bar{x}$	xij -	$\bar{x}$	xij - kj	$\bar{x}$	xij -	$\bar{x}$	xij -	$\bar{x}$	xij - kj	$\bar{x}$	xij - kj	$\bar{x}$	xij - kj	
Waticamana	2.65	0.82	189.04	16.27	8.80	0.81	8.51	0.97	50.75	15.28	2.59	1.00	20.75	1.22	32.93	9.09	30.13	11.85	56.08	24.56	5.71 (8)[1]
Maria dia Pedro	2.20	0.37	178.03	5.26	8.34	0.35	7.88	0.34	46.12	10.65	3.06	1.47	21.08	1.55	34.50	10.66	20.56	2.28	32.40	0.88	2.08 (39)
Hoto	2.20	0.37	194,99	22,22	8,34	0,35	8,38	0,84	49,13	13,66	2,41	0,82	21,94	2,41	30,20	6,36	30,38	12,10	41,11	9,59	4,68 (19)
Mata Capim	2.20	0.37	195.58	22.81	8.79	0.80	8.76	1.22	44.87	9.40	1.91	0.32	22.91	3.38	30.99	7.15	37.13	18.85	43.53	12.01	5.13 (12)
Kambaxi	2,14	0,31	200,49	27,72	9,37	1,38	8,33	0,79	41,21	5,74	1,99	0,40	20,73	1,20	30,19	6,35	22,00	3,72	54,95	23,43	4,15 (33)
Paco Vermelho	2.18	0.35	178.45	5.68	9.03	1.04	8.45	0.91	38.17	2.70	2.69	1.10	19.64	0.11	30.20	6.36	42.50	24.22	36.33	4.81	2.66 (36)
Tio Jojo	2,13	0,30	224,11	51,34	9,21	1,22	9,09	1,55	61,24	25,77	2,86	1,27	21,99	2,46	31,01	7,17	36,06	17,78	66,72	35,20	7,02 (1)
Verdinha	3.40	1.57	187.44	14.67	8.52	0.53	7.90	0.36	50.30	14.83	3.84	2.25	20.64	1.11	30.85	7.01	34.50	16.22	44.40	12.88	5.38 (11)
Pé de perdiz	2,39	0,56	194,13	21,36	8,96	0,97	8,26	0,72	54,77	19,30	2,01	0,42	20,50	0,97	28,46	4,62	27,63	9,35	45,24	13,72	4,59 (21)
Paco branco	2.07	0.24	180.61	7.84	8.07	0.08	8.07	0.53	36.11	0.64	2.29	0.70	23.58	4.05	27.84	4.00	34.94	16.66	45.02	13.50	2.11 (38)
Munenga	2,37	0,54	199,14	26,37	9,06	1,07	8,03	0,49	40,86	5,39	2,43	0,84	21,24	1,71	27,61	3,77	26,19	7,91	48,29	16,77	4,46 (23)
Kimbanda	2.39	0.56	218.79	46.02	8.72	0.73	10.02	2.48	57.88	22.41	2.48	0.89	22.44	2.91	30.09	6.25	31.13	12.85	64.09	32.57	6.85 (2)
Suzi	2.45	0.62	190.95	18.18	9.90	1.91	7.80	0.26	42.62	7.15	2.20	0.61	22.96	3.43	29.36	5.52	25.69	7.41	36.67	5.15	4.25 (29)
Jaca Branca	2,58	0,75	190,09	17,32	9,09	1,10	8,77	1,23	55,24	19,77	2,86	1,27	22,58	3,05	31,41	7,57	23,75	5,47	46,06	14,54	5,91 (6)
Jaca Vermelha	2.34	0.51	207.36	34.59	9.44	1.45	9.05	1.51	41.69	6.22	2.40	0.81	23.46	3.93	31.31	7.47	33.31	15.03	41.54	10.02	5.93 (5)
Kalazula	2,28	0,45	202,28	29,51	9,65	1,66	8,24	0,70	52,11	16,64	2,52	0,93	21,61	2,08	27,71	3,87	39,63	21,35	52,80	21,28	5,94 (4)
Ngana Rico 1	2,45	0,62	174,05	1,28	8,04	0,05	8,11	0,57	47,67	12,20	1,92	0,33	21,98	2,45	29,18	5,34	23,13	4,85	44,05	12,53	1,85 (40)
TMS3	2.10	0.27	188.37	15.60	9.68	1.69	8.22	0.68	43.60	8.13	3.05	1.46	22.94	3.41	33.06	9.22	25.13	6.85	37.56	6.04	4.87 (16)
Banana	2.25	0.42	210.65	37.88	9.95	1.96	8.97	1.43	48.90	13.43	3.93	2.34	20.63	1.10	35.51	11.67	19.00	0.72	36.78	5.26	4.83 (18)
Rio Dange	2,05	0,22	201,38	28,61	8,67	0,68	8,15	0,61	49,31	13,84	1,95	0,36	23,38	3,85	28,87	5,03	28,25	9,97	40,50	8,98	4,35 (27)
Cassandi	2.59	0.76	183.99	11.22	9.72	1.73	8.22	0.68	38.94	3.47	2.21	0.62	22.46	2.93	30.30	6.46	32.38	14.10	51.91	20.39	5.07 (15)
Vermute	2,05	0,22	201,18	28,41	9,16	1,17	8,20	0,66	43,41	7,94	3,90	2,31	22,68	3,15	32,15	8,31	40,56	22,28	54,73	23,21	6,08 (3)
Guita	2.51	0.68	177.96	5.19	8.31	0.32	7.81	0.27	37.17	1.70	2.00	0.41	22.75	3.22	29.18	5.34	31.38	13.10	52.62	21.10	3.01 (35)
Chico dia kombe	1,87	0,04	191,08	18,31	9,32	1,33	8,39	0,85	40,17	4,70	2,89	1,30	20,31	0,78	27,84	4,00	27,63	9,35	33,74	2,22	2,51 (37)
P. de Angola	2.26	0.43	212.84	40.07	8.59	0.60	7.84	0.30	59.91	24.44	3.12	1.53	20.14	0.61	28.36	4.52	37.38	19.10	52.34	20.82	5.11 (13)
Kalami	2,35	0,52	180,52	7,75	8,90	0,91	7,60	0,06	48,54	13,07	2,88	1,29	22,99	3,46	30,14	6,30	35,00	16,72	48,36	16,84	4,37 (26)
Baco	2.12	0.29	179.49	6.72	8.83	0.84	8.03	0.49	46.72	11.25	3.16	1.57	21.53	2.00	32.54	8.70	30.69	12.41	36.46	4.94	4.18 (31)
Katenda	2.28	0.45	190.49	17.72	8.76	0.77	8.29	0.75	50.77	15.30	2.99	1.40	21.25	1.72	30.68	6.84	32.75	14.47	60.79	29.27	5.69 (9)
Malanje	2.09	0.26	207.10	34.33	9.34	1.35	9.59	2.05	42.97	7.50	2.54	0.95	21.18	1.65	24.13	0.29	47.00	28.72	40.51	8.99	4.34 (28)
Ngana Rico 2	2,96	1,13	175,37	2,60	8,46	0,47	8,41	0,87	47,53	12,06	3,71	2,12	23,91	4,38	30,40	6,56	32,25	13,97	60,31	28,79	5,55 (10)
Kalawenda	2.64	0.81	198.37	25.60	9.17	1.18	7.76	0.22	54.74	19.27	2.52	0.93	21.81	2.28	28.85	5.01	27.94	9.66	33.76	2.24	4.38 (25)
Gonçalo	2,55	0,72	181,06	8,29	9,13	1,14	7,64	0,10	41,01	5,54	2,59	1,00	22,96	3,43	31,70	7,86	32,00	13,72	49,84	18,32	4,42 (24)
Mundele Paco	2.15	0.32	205.02	32.25	9.73	1.74	9.29	1.75	36.33	0.86	2.13	0.54	23.31	3.78	32.63	8.79	36.50	18.22	33.36	1.84	4.21 (30)
Suingui	2.16	0.33	183.94	11.17	8.54	0.55	8.17	0.63	50.15	14.68	2.11	0.52	22.43	2.90	32.95	9.11	32.38	14.10	50.85	19.33	4.84 (17)
NganaYuculu	2,17	0,34	210,73	37,96	9,59	1,60	7,61	0,07	49,09	13,62	3,57	1,98	23,41	3,88	32,43	8,59	40,00	21,72	58,85	27,33	5,90 (7)
Muringa	2,27	0,44	196,10	23,33	9,04	1,05	8,99	1,45	40,81	5,34	2,77	1,18	20,54	1,01	34,96	11,12	40,63	22,35	36,45	4,93	5,08 (14)
Kinzela	2.75	0.92	197.53	24.76	8.26	0.27	7.90	0.36	52.87	17.40	2.09	0.50	20.48	0.95	27.73	3.89	38.31	20.03	52.95	21.43	4.48 (22)
Mpelo	2,65	0,82	186,34	13,57	8,05	0,06	8,34	0,80	48,56	13,09	1,65	0,06	22,99	3,46	28,76	4,92	36,00	17,72	41,24	9,72	3,07 (34)
Gueti	2.32	0.49	193.07	20.30	9.20	1.21	7.62	0.08	44.27	8.80	2.45	0.86	22.76	3.23	31.78	7.94	39.38	21.10	43.35	11.83	4.68 (20)
Kapumba	2,29	0,46	196,92	24,15	9,34	1,35	8,48	0,94	40,84	5,37	2,46	0,87	20,95	1,42	28,88	5,04	29,19	10,91	34,41	2,89	4,17 (32)
Ki	1,83		172,77		7,99		7,54		35,47		1,59		19,53		23,84		18,28		31,52		

[1] valores entre parênteses indicam a classificação final do genótipo, número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância média do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR).

Para os demais caracteres, o Kimbanda apresentou classificação variando de sétimo a décimo sexto colocado. Porém, tais classificações, não limitariam a seleção do genótipo, sendo que o mesma destacou-se nos caracteres de maior importância.

O Vermute, classificado em terceiro lugar pelo índice multiplicativo, apresentou a décima primeira média na característica AP, vigésima sexta APR, e oitava PR (Tabela 8). O vermute foi classificado ainda, em quarto na característica PPA (40,56 cm). Porém, o genótipo apresentou ainda, a segunda maior média no carácter NR (3,90).

O Kalazula apresentou a quarta colocação, segundo a classificação do índice multiplicativo, sendo classificado em sexto nos caracteres PPA (39,63 Kg) e DC (9,65 cm), oitavo na característica APR (52,11 cm) e na décima colocação para PR (52,80 kg). O Kalazula apresentou ainda, a nona média no carácter AP (201,28 cm). Para as demais características, a variedade apresentou médias intermediárias. Embora não estando entre os seis genótipos mais produtivos, é importante ressaltar que as médias observadas no genótipo estão acima da média nacional, o que não inviabiliza uma possível seleção.

O genótipo Jaca Vermelha, classificado em quinto pelo índice multiplicativo, apresentou a sexta maior média para AP (207,36 cm), vigésimo nono para APR (41,69 cm), vigésimo quinto para PR (41,54 kg). O Jaca Vermelha foi classificado ainda, em quarta na característica DE (9,05 cm), terceiro para DR (23,46 cm). Contudo, o baixo desempenho do genótipo Jaca Vermelha nas demais características, resultou na baixa classificação da mesma pelo índice multiplicativo (Tabela 8).

O genótipo Jaca Branca, classificado em sexto pelo índice multiplicativo, apresentou a quarta maior média para APR (55,24 cm), oitavo para NH (2,58) e sétimo DE (8,77). Vale ressaltar que o baixo desempenho do Jaca Branca nas demais características, resultou na baixa classificação do mesmo pelo índice multiplicativo.

O Ngana Yuculu, classificado em sétimo lugar pelo índice multiplicativo, apresentou a quarta média nas características AP, DR, quinta para PPA, PR e NR. O genótipo Ngana Yuculu foi classificado ainda, na sétima colocação para DC (9,59), nona CR (32,43). Por último o genótipo Waticamana, classificado em

oitavo pelo índice multiplicativo, apresentou o seguinte desempenho: 5º em NH, 6º em CR, PR, 9º em DE e 10º em APR.

Alguns autores (ALMEIDA et al., 2014b; LESSA et al., 2010; PEDROZO et al., 2009), verificaram que o índice multiplicativo foi eficiente em estimar ganhos na seleção, de maneira semelhante aos índices propostos por Mulamba e Mock (1978), Pesek e Baker (1969), Smith (1936) e Hazel (1943). Ao testar a eficiência de diferentes índices na seleção de genótipos superiores em cana-de-açúcar, Pedrozo et al. (2009) observaram que o índice multiplicativo apresentou uma maior eficiência na seleção, quando comparado com o índice de soma de postos (MULAMBA; MOCK, 1978) e o clássico (HAZEL, 1943; SMITH, 1936).

Na tabela 9 estão representados os valores do índice da distância genótipo-ideótipo. Observou-se que não houve correlação significativa deste índice entre os Índice de Soma de Postos (I_{MM}) e índice mulamba multiplicativo.

Neste índice, os valores atribuídos ao ideótipo, com exceção dos caracteres AP, NR, PR e PPA que foram as maiores médias observadas, foram as respectivas médias gerais das características. Assim, houve ocorrência de desvios positivos e negativos em algumas variáveis. Ou seja, um desvio negativo significa que o valor atribuído ao ideótipo foi maior que a média daquele caráter no genótipo considerado ($x_{Ij} > x_{ij} \rightarrow d_{ij} = (x_{ij} - x_{Ij}) < 0$).

O índice da distância genótipo-ideótipo classificou o genótipo Hoto, Mata Capim, Katenda e Gueti na primeira, segunda, terceira e quarta posição de ranqueamento, respectivamente. O Kalami, Munenga , Kapumba e Suingui foram classificados em quinto, sexto, sétimo e oitavo respectivamente, conforme ordem de classificação do índice (Tabela 9).

Outro ponto a ser observado é que, o genótipo precoce de Angola é um dos preferidos dos agricultores de Malanje por ser muito bem adaptado as condições edafoclimáticas do país e pela tradição de manter o plantio do mesmo material utilizado pelos antepassados. A avaliação do índice Mulamba e Mock, classificou-o na décima quinta posição, do índice multiplicativo em décimo terceiro e do índice baseado na distância genótipo-ideótipo em trigésimo primeiro.

Tabela 9. Médias originais ($\bar{x}$) e desvios (d_{ij}) das variáveis para o cálculo da distância euclidiana do genótipo ao ideótipo (D_{ij}) em genótipos de mandioca de Angola, 2018.

Genótipos	NH		AP		DC		DE		APR		NMR		DMR		CMR		PMPA		PMR		*Dij*
	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	$\bar{x}$	dij	
Waticamana	2,65	1,08	189,04	-0,40	8,80	-0,34	8,51	0,33	50,75	0,63	2,59	-0,07	20,75	-1,04	32,93	1,09	30,13	-0,33	56,08	1,09	2,35 (11)[1]
Maria dia Pedro	2,20	-0,52	178,03	-1,30	8,34	-1,22	7,88	-0,81	46,12	-0,09	3,06	0,74	21,08	-0,75	34,50	1,78	20,56	-1,84	32,40	-1,48	3,73 (33)
Hoto	2,20	-0,52	194,99	0,09	8,34	-1,22	8,38	0,09	49,13	0,38	2,41	-0,37	21,94	0,00	30,20	-0,11	30,38	-0,29	41,11	-0,53	1,56 (1)
Mata Capim	2,20	-0,52	195,58	0,14	8,79	-0,36	8,76	0,78	44,87	-0,28	1,91	-1,23	22,91	0,84	30,99	0,24	37,13	0,76	43,53	-0,27	2,01 (2)
Kambaxi	2,14	-0,73	200,49	0,54	9,37	0,75	8,33	0,00	41,21	-0,85	1,99	-1,09	20,73	-1,06	30,19	-0,11	22,00	-1,61	54,95	0,97	2,82 (20)
Paco Vermelho	2,18	-0,59	178,45	-1,26	9,03	0,10	8,45	0,22	38,17	-1,33	2,69	0,11	19,64	-2,01	30,20	-0,11	42,50	1,61	36,33	-1,05	3,39 (29)
Tio Jojo	2,13	-0,77	224,11	2,47	9,21	0,45	9,09	1,38	61,24	2,27	2,86	0,40	21,99	0,04	31,01	0,25	36,06	0,60	66,72	2,25	4,42 (36)
Verdinha	3,40	3,73	187,44	-0,53	8,52	-0,87	7,90	-0,78	50,30	0,56	3,84	2,08	20,64	-1,14	30,85	0,18	34,50	0,35	44,40	-0,18	4,66 (38)
Pé de perdiz	2,39	0,16	194,13	0,02	8,96	-0,03	8,26	-0,13	54,77	1,26	2,01	-1,06	20,50	-1,26	28,46	-0,87	27,63	-0,73	45,24	-0,09	2,37 (12)
Paco branco	2,07	-0,98	180,61	-1,08	8,07	-1,73	8,07	-0,47	36,11	-1,65	2,29	-0,58	23,58	1,42	27,84	-1,14	34,94	0,42	45,02	-0,11	3,45 (30)
Munenga	2,37	0,08	199,14	0,43	9,06	0,16	8,03	-0,54	40,86	-0,91	2,43	-0,34	21,24	-0,61	27,61	-1,24	26,19	-0,95	48,29	0,25	2,08 (6)
Kimbanda	2,39	0,16	218,79	2,04	8,72	-0,49	10,02	3,06	57,88	1,74	2,48	-0,25	22,44	0,43	30,09	-0,15	31,13	-0,18	64,09	1,96	4,58 (37)
Suzi	2,45	0,37	190,95	-0,24	9,90	1,77	7,80	-0,96	42,62	-0,63	2,20	-0,73	22,96	0,88	29,36	-0,47	25,69	-1,03	36,67	-1,02	2,87 (21)
Jaca Branca	2,58	0,83	190,09	-0,31	9,09	0,22	8,77	0,80	55,24	1,33	2,86	0,40	22,58	0,55	31,41	0,42	23,75	-1,34	46,06	0,00	2,38 (13)
Jaca Vermelha	2,34	-0,02	207,36	1,10	9,44	0,89	9,05	1,30	41,69	-0,78	2,40	-0,39	23,46	1,32	31,31	0,38	33,31	0,16	41,54	-0,49	2,57 (17)
Kalazula	2,28	-0,23	202,28	0,69	9,65	1,29	8,24	-0,16	52,11	0,85	2,52	-0,19	21,61	-0,29	27,71	-1,20	39,63	1,16	52,80	0,74	2,52 (16)
Ngana Rico 1	2,45	0,37	174,05	-1,62	8,04	-1,79	8,11	-0,40	47,67	0,15	1,92	-1,21	21,98	0,03	29,18	-0,55	23,13	-1,43	44,05	-0,21	3,17 (24)
TMS3	2,10	-0,87	188,37	-0,45	9,68	1,34	8,22	-0,20	43,60	-0,48	3,05	0,72	22,94	0,87	33,06	1,15	25,13	-1,12	37,56	-0,92	2,78 (19)
Banana	2,25	-0,34	210,65	1,37	9,95	1,86	8,97	1,16	48,90	0,35	3,93	2,23	20,63	-1,15	35,51	2,22	19,00	-2,08	36,78	-1,00	4,85 (40)
Rio Dange	2,05	-1,05	201,38	0,61	8,67	-0,59	8,15	-0,32	49,31	0,41	1,95	-1,16	23,38	1,25	28,87	-0,69	28,25	-0,63	40,50	-0,60	2,50 (15)
Cassandi	2,59	0,86	183,99	-0,81	9,72	1,42	8,22	-0,20	38,94	-1,21	2,21	-0,72	22,46	0,45	30,30	-0,06	32,38	0,02	51,91	0,64	2,46 (14)
Vermute	2,05	-1,05	201,18	0,60	9,16	0,35	8,20	-0,23	43,41	-0,51	3,90	2,18	22,68	0,64	32,15	0,75	40,56	1,30	54,73	0,94	3,19 (26)
Guita	2,51	0,58	177,96	-1,30	8,31	-1,28	7,81	-0,94	37,17	-1,48	2,00	-1,08	22,75	0,70	29,18	-0,55	31,38	-0,14	52,62	0,72	3,04 (22)
Chico dia kombe	1,87	-1,69	191,08	-0,23	9,32	0,66	8,39	0,11	40,17	-1,01	2,89	0,45	20,31	-1,42	27,84	-1,14	27,63	-0,73	33,74	-1,33	3,19 (25)
P. de Angola	2,26	-0,31	212,84	1,55	8,59	-0,74	7,84	-0,89	59,91	2,06	3,12	0,84	20,14	-1,57	28,36	-0,91	37,38	0,80	52,34	0,69	3,63 (31)
Kalami	2,35	0,01	180,52	-1,09	8,90	-0,15	7,60	-1,32	48,54	0,29	2,88	0,43	22,99	0,91	30,14	-0,13	35,00	0,43	48,36	0,25	2,08 (5)
Baco	2,12	-0,80	179,49	-1,18	8,83	-0,28	8,03	-0,54	46,72	0,01	3,16	0,91	21,53	-0,36	32,54	0,92	30,69	-0,25	36,46	-1,04	2,31 (10)
Katenda	2,28	-0,23	190,49	-0,28	8,76	-0,41	8,29	-0,07	50,77	0,64	2,99	0,62	21,25	-0,61	30,68	0,10	32,75	0,08	60,79	1,60	2,01 (3)
Malanje	2,09	-0,91	207,10	1,08	9,34	0,69	9,59	2,28	42,97	-0,58	2,54	-0,15	21,18	-0,67	24,13	-2,76	47,00	2,31	40,51	-0,60	4,67 (39)
Ngana Rico 2	2,96	2,17	175,37	-1,51	8,46	-0,99	8,41	0,15	47,53	0,13	3,71	1,85	23,91	1,71	30,40	-0,02	32,25	0,00	60,31	1,55	4,10 (35)
Kalawenda	2,64	1,04	198,37	0,37	9,17	0,37	7,76	-1,03	54,74	1,25	2,52	-0,19	21,81	-0,12	28,85	-0,70	27,94	-0,68	33,76	-1,33	2,60 (18)
Gonçalo	2,55	0,72	181,06	-1,05	9,13	0,29	7,64	-1,25	41,01	-0,88	2,59	-0,07	22,96	0,88	31,70	0,55	32,00	-0,04	49,84	0,41	2,3 0(9)
Mundele Paco	2,15	-0,70	205,02	0,91	9,73	1,44	9,29	1,74	36,33	-1,61	2,13	-0,85	23,31	1,19	32,63	0,96	36,50	0,67	33,36	-1,37	3,80 (34)
Suingui	2,16	-0,66	183,94	-0,81	8,54	-0,84	8,17	-0,29	50,15	0,54	2,11	-0,89	22,43	0,42	32,95	1,10	32,38	0,02	50,85	0,52	2,15 (8)
NganaYuculu	2,17	-0,62	210,73	1,38	9,59	1,17	7,61	-1,30	49,09	0,37	3,57	1,61	23,41	1,27	32,43	0,87	40,00	1,21	58,85	1,39	3,73 (32)
Muringa	2,27	-0,27	196,10	0,18	9,04	0,12	8,99	1,20	40,81	-0,91	2,77	0,24	20,54	-1,22	34,96	1,98	40,63	1,31	36,45	-1,04	3,27 (27)
Kinzela	2,75	1,43	197,53	0,30	8,26	-1,37	7,90	-0,78	52,87	0,96	2,09	-0,92	20,48	-1,28	27,73	-1,19	38,31	0,95	52,95	0,75	3,30 (28)
Mpelo	2,65	1,08	186,34	-0,62	8,05	-1,77	8,34	0,02	48,56	0,29	1,65	-1,68	22,99	0,91	28,76	-0,74	36,00	0,59	41,24	-0,52	3,09 (23)
Gueti	2,32	-0,09	193,07	-0,07	9,20	0,43	7,62	-1,28	44,27	-0,38	2,45	-0,31	22,76	0,71	31,78	0,59	39,38	1,12	43,35	-0,29	2,06 (4)
Kapumba	2,29	-0,20	196,92	0,25	9,34	0,69	8,48	0,27	40,84	-0,91	2,46	-0,29	20,95	-0,87	28,88	-0,68	29,19	-0,48	34,41	-1,26	2,15 (7)
Ideótipo	2,35		193,88		8,98		8,33		46,68		2,63		21,95		30,44		32,26		46,02		

[1] valores entre parênteses indicam a classificação final do genótipo número de hastes (NH), altura das plantas (AP), diâmetro do caule (DC), distância média do entrenó (DE), altura da primeira ramificação (APR), número de raízes (NR), diâmetro das raízes (DR), comprimento das raízes (CR), produção da parte aérea (PPA), produção de raízes (PR).

Neste contexto, surge a necessidade da implementação de mais estudos analisando o potencial agronômico de diferentes genótipos , visando identificar materiais produtivos que possam diversificar o cultivo da mandioca nessa provincia de Angola.

Com base a correlação de Spearman entre os índice multiplicativo e o de soma de classificação (Tabela 10), verificou-se uma relação alta (0,8895**), revelando um elevado grau de correspondência entre os mesmos. Resultado semelhante foi encontrado por Lessa et al. (2017), ao selecionar genótipos de mandioca com base em três índices não paramétricos, verificaram alta correlação (0,8809**) entre os resultados dos índices multiplicativo e de soma de classificação e concluíram que os referidos índices propiciam uma seleção mais adequada. Lessa et al. (2010), ao estudar híbridos diploides de bananeira, verificaram alta correlação (0,83**) entre os resultados dos índices multiplicativo e de soma de classificação e concluíram que os referidos índices propiciam uma seleção mais adequada.

Tabela 10. Correlação de Spearman entre as classificações finais dos genótipos por meio dos índices de Soma de Postos (I_{SP}), multiplicativo (I_M) e distância euclidiana do genótipo ao ideótipo (D_{ij}).

Índices	I_M	D_{ij}
I_{SP}	0,8895**	-0,2377^{ns}
I_M		0,0030^{ns}

**significativo a 1% de probabilidade pelo teste de t. ^{ns}não significativo a 5% de probabilidade.

Vale ressaltar que, entre seis genótipos selecionados pelo índices multiplicativo e de soma de classificação, quatro são proveniente de Cuanza Sul (Tio Jojo, Kimbanda, Jaca Vermelha, Jaca Branca) e dois de Malanje (Ngana Yuculu, Vermute). Contudo, a seleção por meio de índices em mandioca é bastante promissora, podendo ser utilizada em programas de melhoramento da cultura.

CONCLUSÃO

A caracterização morfoagronômica dos genótipos avaliados indica a existência de materiais promissoras que podem ser utilizados na diversificação do plantio de mandioca em Angola;

Os genótipos Tio Jojo, Ngana Yuculu, Kimbanda, Vermute, Jaca Vermelha, Jaca Branca, apresentam potencial para incorporação no plantio de mandioca em Angola;

Os índices de soma de classificação e da distância genótipo-ideótipo propiciam uma classificação mais adequada dos genótipos de mandioca;

O índice distância genótipo-ideótipo não apresentou correlação entre os índices multiplicativo e soma de classificação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AFONSO, S.D.J.; LEDO, C. A. S.; MOREIRA, R. F.C.; SILVA, S. de O.; LEAL, V. D. de J.; CONCEIÇÃO, A. L. da S. Selection of descriptors in a morphological characteristics considered in cassava accessions by means of multivariate techniques. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science (IOSR-JAVS)**, India, v.7, n. 1 p.13-20, 2014.

ALMEIDA, A. T. ; PEIXOTO, C. P. ; BLOISI, L. F. M. ; OLIVEIRA, J. S. ; POELKING, V. G. C. . Avaliação morfológica e produtiva de amendoim produzido por pequenos agricultores do recôncavo da bahia. Revista Caatinga (Online) JCR, v. 27, p. 150-159, 2014a.

ALMEIDA, L. M.; VIANA, A. P.; AMARAL JUNIOR, A. T. do; CARNEIRO JÚNIOR, J. de B. Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. Ciência Rural, Santa Maria, v. 44, n. 4, p. 605-611, 2014b.

COSTA E; SANTO TLE; SILVA AP; SILVA LE; OLIVEIRA LC; BENETT CGS; BENETT KSS. Ambientes e substratos na formação de mudas e produção de frutos de cultivares de tomate cereja. Horticultura Brasileira 33: 110-118, 2015.

DEVIDE, A.C.P.; RIBEIRO, R. de L.D.; VALLE, T.L.; ALMEIDA, D.L. de A.; CASTRO, C.M. de; FELTRAN, J.C. Produtividade de raízes de mandioca consorciada com milho e caupi em sistema orgânico. Bragantia, v.68, n.1, p.145 – 153, 2009

DINIZ, A. C. Características mesológicas de Angola Nova Lisboa: Missão de Inquéritos Agrícolas de Angola, 482p. il. 27, 1973.

ELSTON, R. C. A weigth free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. Biometrics, Arlington, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

FAO. **Agricultural production – Crops primary.** Disponível em: www.faostat.fao.org/faostat/collect. Acessado em: Abril/2018

FERNANDES, F. D.; GUIMARÃES JÚNIOR, R.; VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; MALAQUIAS, J.V. Produtividade e valor nutricional da parte aérea e de raízes tuberosas de oito genótipos de mandioca de indústria. **Rev. Bras.** Saúde Prod. Anim., Salvador, v.17, n.1, p.1-12, 2016.

FOLONI et al. Avaliação de Cultivares de Mandioca na Região Oeste do Estado de São Paulo. Dourados, v.3, n.7, p.44-50, 2010

FUKUDA, W. M. G. Embrapa Pesquisa Mandioca para Indústria de Amido. Revista da Associação dos Produtores de Amido de Mandioca. v. 11, p. 21-22, 2005.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. Bragantia, Campinas, v. 58, n. 2, p. 253-267, 1999.

GUIMARÃES, D.G. Avaliação de genótipos de mandioca em Cândido Sales – BA. 2013. 102f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2013.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, Bethesda, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

INSTITUTO GEÓGRAFO E CADASTRAL DE ANGOLA (IGCA). **Folha Cartográfica de Angola**. Província de Malanje, 2016.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA (INAMET). 2004. **Dados estatísticos. Serviços Centrais de Meteorologia**. Luanda, Ministério do Ambiente.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S. Seleção de genótipos de mandioca com índices não paramétricos. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 13, nº 1, p. 1-17, 2017.

LESSA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SANTOS, V. S.; SILVA, S. O.; PEIXOTO, C. P. Seleção de híbridos diploides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. Bragantia, Campinas. v. 69, n. 3, p. 525-534, 2010.

LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. Theoretical and Applied Genetics. v. 52, n. 2, p. 49-56, 1978.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the ETO blanco maize (Zea mays L.) population by breeding for plant traits. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Cairo, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

MUONDO, P. A. Culturas intercalares e agricultura familiar em angola. Caso: mandioca/cajanus; mandioca/leucaena**.** Tese (Doutorado em Engenharia Agronómica) – Instituto Superior de Agronomia da Universidade Técnica de Lisboa, 2013.

NASSAR, N.M.A., HASHIMOTO, D.Y.C. & FERNANDES, S.D.C. Wild Manihot species: botanical aspects, geographic distribution and economic value. Genetics and Molecular Research. 7 (1): 16-28. 2008.

OLIVEIRA, L. C.; COSTA, E.; OLIVEIRA, A. D.; JORGE, M. H. A. Emergência do baruzeiro sob ambientes protegidos e substratos. Revista de Agricultura Neotropical, Cassilândia-MS, v. 1, n. 1, p. 10-16, jul./set. 2014.

OLIVEIRA, M, M. Diversidade genética em espécies silvestres e híbridos interespecíficos de manihot (euphorbiaceae - magnoliophyta). Cruz das Almas-Bahia, 2011, 34-35p.(Dissertação) Mestrado em Fitotecnia. Universidade Federal de Recôncavo, 2011.

OTSUBO A. A, BRITO OM, MERCANTE FM, OTSUBO VHN, GONÇALVES MA, TELLES TS. Desempenho de cultivares elites de mandioca industrial em áreas de cerrado do Mato Grosso do Sul. Semina: Ciências Agrárias 30 (4 suplemento 1): 1155-1162. doi: http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2009v30n4Sup1p1155, 2009.

PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. Canadian Journal of Plant Sciences, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 80-804, 1969.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana de açúcar. Scientia Agraria, Curitiba, v. 10, n. 1, p. 31-36, 2009.

R Core Team R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2018. Disponível em: https://www.R-project.org/.

RIMOLDI, F. et al. Avaliação de cultivares de mandioca nos municípios de Maringá e Rolândia no Estado do Paraná. Acta Scientiarum, Maringá, v. 25, p. 459465, 2003.

RIMOLDI, F. et al. Produtividade, composição química e tempo de cozimento de cultivares de mandioca de mesa coletadas no Estado do Paraná. Acta Scientiarum Agronomy. Mariangá, v. 28, n. 1, p.6369, 2006.

ROCHA, R. B.; RAMALHO, A. R.; TEIXEIRA, A. L.; LAVIOLA, B. G.; SILVA, F. C. G.; MILITÃO, J. S. L. T. Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhãomanso. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 47, n. 1, p. 44-50, 2012.

SCHWARZBACH, E. Einige Anwendungsmöglichkeiten Elektronischer Datenverarbeitung (EDV) für die Beurteilung von Zuchtmaterial. Arb. Tag. Oesterr. Pflanzenz. Gumpenstein, p. 277-287, 1972.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. Annals Eugenics, v. 7, n. 3, p. 240- 250, 1936.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Associação entre caracteres. In: **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p. 335-434, 1992.

VIDIGAL FILHO, P.S. et al. Avaliação de cultivares de mandioca na região Noroeste do Paraná. Bragantia, Campinas, v.59, n.1, p.69-75, 2000.

VIEIRA E. A, FIALHO JF, SILVA MS. Recursos genéticos e melhoramento de mandioca. In: Fialho JF, Vieira EA (ed) Mandioca no Cerrado: orientações técnicas, 2 ed., Embrapa Cerrados. P.27-37, 2013.

VIEIRA, EDUARDO ALANO et al. Avaliação de genótipos de mandioca industriais em área de Cerrado do Noroeste de Minas Gerais. **Rev. Ceres**, Viçosa, v. 62, n. 5, p. 453 459, 2015a.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F. CARVALHO, L. J.C.B; MALAQUIAS, J.V; FERNANDES, F. D. Desempenho agronômico de acessos de mandioca de mesa em área de Cerrado no município de Unaí, região noroeste de Minas Gerais. Científica, Jaboticabal, v.43, n.4, p.371-377, 2015b.

VIEIRA, Eduardo Alano; FIALHO, Josefino de Freitas; CARVALHO, Luiz Joaquim Castelo Branco. Performance of cassava genotypes for industrial use in areas of the Urucuia River Valley region. **Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, [S.l.], v. 58, n. 3, p. 314-318, 2016.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. Quantitative genetics and selection in plant breeding. New York: Walter de Gruyter, 406p,1986.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Apesar da importância da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) como cultura alimentar em Angola, as pesquisas realizadas ainda não foram suficientes para o aumento significativo de sua produtividade. Alguns agricultores em Angola, insistem em utilizar o mesmo material de plantação que já usavam os seus antepassados, fazendo com que a cultura seja pouco produtiva, seja por erosão genética ou aumento da susceptibilidade a pragas. Vale ressaltar que Angola carece de estudos sobre a caracterização morfoagronômicas e diversidade genética das variedades existentes, no entanto, esse foi o primeiro trabalho feito com algumas variedades de mandioca (40). Os resultados desse trabalho demonstraram variabilidade genética a partir das características morfoagronômicas nas variedades de mandioca, também se verificou a existência de materiais promissores que podem ser utilizados na diversificação do plantio de mandioca em Angola.

A experiência adquirida com este trabalho acresce de forma significativa o conhecimento da cultura de mandioca. Será assim interessante, em termos de futuro e sempre visando o desenvolvimento desta cultura, criar um projecto integrado com uma equipa multidisciplinar visando:

- Dar continuidade aos trabalhos de caracterização morfoagronômicas e molecular na diversidade genética em acessos de mandioca;
- Criar uma linha de pesquisa ligada à tecnologia pós-colheita, tendo como objetivo de melhorar o processamento da mandioca, contribuindo desta forma para a criação de novo produto importantes para as populações e para a economia angolana;
- Toda a experiência adquirida poderá ser transmitida, aos produtores e estendê-la a instituições de formação em todos os níveis de ensino, do básico ao superior.