

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
CURSO DE MESTRADO**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES INFORMATIVOS E CARACTERIZAÇÃO DE
GERMOPLASMA DE MANDIOCA**

OSVALDO SEBASTIÃO DE OLIVEIRA FILHO

CRUZ DAS ALMAS – BAHIA

MAIO – 2014

**SELEÇÃO DE DESCRITORES INFORMATIVOS E CARACTERIZAÇÃO DE
GERMOPLASMA DE MANDIOCA**

Oswaldo Sebastião de Oliveira Filho

Biólogo

Universidade do Grande Rio Silva Jardim Rio de Janeiro, 2009

Dissertação submetida ao colegiado de Curso do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Recursos Genéticos

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Co-orientador: Dr. Vanderlei da Silva Santos

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA
MESTRADO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
CRUZ DAS ALMAS – BAHIA – 2014

FICHA CATALOGRÁFICA

Oliveira Filho, Osvaldo Sebastião de.

Seleção de descritores e caracterização de germoplasma de mandioca./
Osvaldo Sebastião de Oliveira Filho. – Cruz das Almas, 2014.
67 f. il.; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira.

Co-Orientador: Dr. Vanderlei da Silva Santos.

Dissertação (Mestrado) - Universidade do Recôncavo da Bahia. Centro
de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, 2014.

1. Mandioca. 2. Melhoramento vegetal. 3. Produção vegetal. I. Oliveira,
Eder Jorge de. II. Santos, Vanderlei da Silva. IV. Universidade Federal do
Recôncavo da Bahia. Título.

CDD: 633.682 – 21. ed.

CDU: 633.49

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
CURSO DE MESTRADO

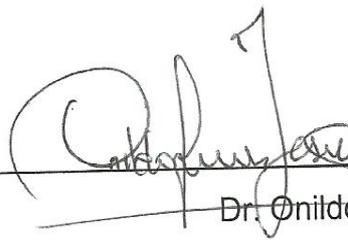
COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DO ALUNO
OSVALDO SEBASTIÃO DE OLIVEIRA FILHO



Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira
Embrapa Mandioca e Fruticultura
Orientador



Profa. Dra. Maria Angélica Pereira de Carvalho Costa
Universidade Federal do Recôncavo da BAHIA



Dr. Onildo Nunes de Jesus
Embrapa Mandioca e Fruticultura

Dissertação homologada pelo Colegiado do Curso de Mestrado em Recursos
Genéticos Vegetais em
Conferindo o Grau de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais em
.....

À Deus,
À minha família,
Aos amigos,

Em especial a minha mãe, Francisca Gabriel de Oliveira, pelo apoio em meus estudos e na formação profissional, sendo minha referência de um ser especial, maravilhosa, guerreira, estímulo e jamais desistir e acreditar sempre nos nossos ideais.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por ser o meu refúgio e fortaleza nas horas de angústia.

A minha mãe, por estar sempre ao meu lado, intercedendo a Deus pela minha vitória.

Aos meus amigos Oduvaldo Oliveira, Rodrigo Alvim, Otassano, Hugo Valerio, JB Matiello, José Ferreira, Lucas Aragão nos momentos de alegria, Valdecir Bezerra e família pelo apoio e incentivo.

À Prefeitura Municipal de Casimiro de Abreu, Projeto Bule Cheio pela liberação, apoio e concretizar a minha realização profissional.

Ao orientador Dr. Eder Jorge de oliveira pelo apoio e incentivo na Embrapa e pelas orientações.

A co-orientador Dr. Vanderlei da Silva Santos pelo apoio e paciência.

À Embrapa Mandioca e Fruticultura, pelo apoio institucional e todos aqueles que de uma forma contribuíram para a realização deste projeto.

Às funcionárias da Embrapa Mandioca e Fruticultura por contribuir para a realização deste trabalho com dedicação Fabiana Aud e Cinara Morales.

Aos estagiários da equipe da mandioca que contribuíram para a realização deste trabalho.

À minha amiga Elaine Góes pelo apoio, incentivos a todos os momentos difíceis tenho um carinho especial por você.

Marta e família pelo apoio e incentivo.

À equipe de trabalhadores do campo: Jorge, Guga, Jeide e demais funcionários.

Aos meus colegas do curso de Recursos Genéticos Vegetais.

À todos os professores do curso de Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais, em especial a professoras Dra. Maria Angélica Pereira de Carvalho.

À coordenadora do curso de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Dra. Ana Cristina Velo Loyola Dantas, por sua dedicação e compreensão.

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, pela oportunidade de realização do curso.

E a tantos outros que contribuíram para mais uma conquista, obrigado a todos por tudo.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	
ABSTRACT	
INTRODUÇÃO.....	1
Capítulo I	
SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS MAIS INFORMATIVOS PARA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA.....	11
Capítulo II	
CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA COM BASE EM DADOS QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS.....	35
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	67

SELEÇÃO DE DESCRITORES INFORMATIVOS E CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA

Autor: Osvaldo Sebastião de Oliveira Filho

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Co-orientador: Dr. Vanderlei da Silva Santos

RESUMO: O Brasil é considerado o centro de diversidade da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), e por isso é preciso investir no seu uso para o desenvolvimento de produtos e tecnologias. Este trabalho teve como objetivo atuar em dois pontos críticos na conservação e manejo do germoplasma que são a definição de descritores mais informativos para a caracterização e avaliação de germoplasma, bem como no agrupamento da diversidade genética com base em descritores qualitativos e quantitativos. Para isso, foram analisados 95 acessos de mandioca caracterizados para 51 descritores morfo-agronômicos. No primeiro trabalho utilizou-se a análise de correspondência múltipla (ACM), por meio de quatro métodos de seleção de descritores. Observou-se que cerca de 30 descritores, foram capazes de representar mais de 90% da variabilidade genética nos três primeiros eixos da ACM. Foram selecionados 32 descritores morfo-agronômicos com elevada capacidade de discriminação do germoplasma de mandioca e alta correlação com o conjunto completo de descritores (0,81). No segundo trabalho foi avaliada a variação genética de acessos de mandioca com base em características quantitativas (CQ) e análise conjunta (CQQ) (qualitativas e quantitativas), com base no método Ward-MLM. Foram identificados cinco e quatro grupos com base nas análises CQ e CQQ, respectivamente. De modo geral observou-se que a maioria dos acessos apresentou alta probabilidade máxima de classificação dentro de cada grupo (>0,90). Diferenças nos agrupamentos em função do tipo de dado indicam que as características quantitativas e qualitativas possivelmente analisam diferentes regiões genômicas. Entretanto, a análise conjunta dos dados pelo procedimento Ward-MLM tendeu a agrupar genótipos com grandes diferenças fenotípicas.

Palavras chave: *Manihot esculenta* Crantz, diversidade genética, recursos genéticos, melhoramento, manejo, uso.

SELECTION OF DESCRIPTORS MORPHO-AGRONOMICAL MORE FOR INFORMATIONAL GERmplasm CHARACTERIZATION CASSAVA

Author: Osvaldo Sebastião de Oliveira Filho

Advisor: Prof. Dr. Jorge de Oliveira Eder

Co-advisor: Dr. Vanderlei da Silva Santos

ABSTRACT: Brazil is considered the center of diversity of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). Therefore, it is necessary to invest in its use for the development of products and technologies. This study aimed to investigate two main points for the germplasm management and conservation, which are the selection of most informative descriptors for germplasm characterization and evaluation, and the clustering of genetic diversity based on qualitative and quantitative descriptors. Ninety-five cassava accessions previously characterized for 51 morpho-agronomic descriptors were analyzed. In the first study multiple correspondence analysis (MCA), based on four methods of selecting descriptors were used. It was observed that about 30 descriptors were able to represent more than 90% of the genetic variability in the first three axes of the MCA. Moreover, 32 morpho-agronomic descriptors with high ability to discriminate cassava germplasm and high correlation with the full set of descriptors (0.81) were selected. In the second study the genetic variation of cassava accessions based on quantitative traits (QT) and joint analysis (QQT) (quantitative and qualitative), using the Ward-MLM method was evaluated. Five and four groups were identified based on the QT and QQT analysis, respectively. In general, it was observed that most accessions presented high maximum assignment probability (> 0.90) within each cluster. Differences in clustering according to the type of data indicate that quantitative and qualitative traits possibly analyze different genomic regions. However, the joint analysis using the Ward-MLM procedure clustered genotypes with high phenotypic differences.

Keywords: *Manihot esculenta* Crantz, genetic diversity, genetic resources, breeding, management, use.

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma planta originária da América do Sul (Allem, 2002; Rival e Mckey, 2008), sendo a espécie mais importante para as populações tradicionais dessa região, e a partir do século 16, foi introduzida na África e Ásia, sendo hoje a principal fonte de carboidratos para milhões de pessoas (Mühlen et al., 2000).

O fato da mandioca ser nativa dos Neotrópicos, sobretudo do Brasil (Olsen e Schaal, 2001), faz com que haja uma ampla variabilidade disponível para uso nos programas de melhoramento genético da espécie. De modo geral, diversas coleções nacionais de germoplasma de mandioca foram desenvolvidas nos últimos anos no Brasil, para que se pudesse conservar a variabilidade local disponível. Atualmente, uma das maiores coleções de germoplasma de mandioca na América Latina pertence à Embrapa Mandioca e Fruticultura (Bahia, Brasil), onde são armazenados mais de 1500 acessos *in vivo*. Essa variabilidade é representada em sua maioria por variedades crioulas, selecionadas naturalmente ou por agricultores.

Embora o Brasil esteja numa posição privilegiada em relação à disponibilidade de recursos genéticos, o número de acessos de mandioca depositados nas coleções e bancos de germoplasma é extremamente elevado. Isto implica na necessidade de aporte de um grande volume de recursos necessários para manutenção, conservação, caracterização, avaliação, distribuição e uso do germoplasma para desenvolvimento de novos produtos e tecnologias. Dentre todas estas atividades, aquelas relacionadas à caracterização e avaliação de germoplasma tendem a necessitar de maior volume de recursos por exigirem a coleta de dados em diferentes anos e locais de plantio, utilizando uma lista com diversos descritores.

Fukuda e Guevara (1998) elaboraram uma lista com 75 descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de germoplasma de mandioca. Recentemente esta lista foi reduzida para 50 descritores (Fukuda et al., 2010). Entretanto, considerando que os recursos físicos, estruturais e financeiros são bastante limitados é preciso investir em pesquisas relacionados à otimização da caracterização e avaliação do germoplasma de mandioca, sobretudo para características de maior importância.

O desenvolvimento de descritores mínimos e informativos para a caracterização de germoplasma tem sido desenvolvido com sucesso em outras culturas a exemplo de *Paspalum* (Strapasson et al., 2000), mamoeiro (Oliveira et al., 2012), maracujazeiro (Castro et al., 2012), *Capsicum* spp. (Júnior e Silva et al., 2013) e *Jatropha* (Sunil et al., 2013). Porém, até o presente momento não existem trabalhos desta natureza na cultura da mandioca.

Até alguns anos atrás a definição dos descritores para caracterização de germoplasma era feita basicamente com base na experiência dos curadores de germoplasma e melhoristas. Contudo, o desenvolvimento de novas ferramentas metodológicas e estatísticas de mais fácil implementação e compreensão tem contribuído para a redução na subjetividade na indicação de descritores morfológicos, agronômicos e moleculares. Dentre estas técnicas, aquelas baseadas em análises multivariadas tem ganhado destaque na identificação de descritores de maior interesse, bem como aqueles menos relevantes (Strapasson et al., 2000; Giraldo et al., 2010; Oliveira et al., 2012; Castro et al., 2012; Júnior e Silva et al., 2013).

Outro aspecto importante em relação as atividade ligadas à conservação e uso dos recursos genéticos de mandioca refere-se à organização e estudo da diversidade genética. Para isso, os descritores morfo-agronômicos são imprescindíveis para identificar e diferenciar os acessos, reduzir o número de duplicatas e indicar genótipos que atendam as necessidades dos programas de melhoramento (Almeida et al., 1993; Araújo et al., 2005). A disponibilidade de informações sobre a diversidade genética é fundamental para o uso racional dos recursos genéticos de qualquer espécie, sobretudo para fins de melhoramento (Loarce et al., 1996). Neste aspecto, a caracterização do germoplasma de mandioca pode contribuir para a identificação de ideótipos mais adequados para incorporação no sistema de produção da cultura ou mesmo para aumentar os ganhos genéticos por meio da seleção.

De modo geral os descritores morfo-agronômicos envolvem dados com diferentes distribuições (contínua, discreta, ordinal, binomial e multicategórica). Em diversas situações a variabilidade genética é analisada separadamente para cada tipo de descritor. Contudo, a integração entre os diferentes tipos de

informações é de fundamental importância para uma avaliação mais global da variação genética existente.

Diante do exposto, o presente trabalho foi estruturado em dois capítulos cujos principais foram:

- 1) Capítulo 1: selecionar dentre os descritores disponíveis para caracterização de mandioca, aqueles mais informativos que permitam uma discriminação mais confiável dos acessos, de forma a reduzir os esforços na caracterização.
- 2) Capítulo 2: determinar a extensão em que a diversidade pode ser melhor compreendida com base na análise conjunta dos dados qualitativos (morfológicos) e quantitativos (agronômicos); verificar se a análise conjunta da diversidade pode ajudar na discriminação de acessos de mandioca, e verificar se a análise conjunta da diversidade fenotípica (qualitativos e quantitativos) pode revelar novos padrões de agrupamento.

Referências

ALLEM, A.C. The origins and taxonomy of cassava. In: HILLOCKS, R.J.; THRESH, J.M.; BELLOTTI, A.C. **Cassava**: biology, production and utilization. Wallingford: CAB International, 2002. p. 1-16.

ALMEIDA, F.C.G; ALMEIDA, F.A.G; CARVALHO, P.R. Descritores práticos para a caracterização botânica de algumas cultivares de mandioca no estado do Ceara. **Ciências Agrônomicas**, v.24, p.18-21, 1993.

ARAÚJO, F.S.; OLIVEIRA JUNIOR, J.O.L.; GOMES, R.L.F; MORAES, J.C.B; SAGRILO; ARAUJO, A.R. Caracterização morfo-agronômica de acessos de mandioca nas condições edafoclimáticas de Teresina. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 11., 2005, Campo Grande. **Anais...**Campo Grande. 2005.

CASTRO, J.A.; NEVES, C.G.; JESUS, O.N.; OLIVEIRA, E.J. Definition of morpho-agronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. **Scientia Horticulturae**, v.145, p.17–22, 2012.

FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L. **Descritores Morfológicos e Agronômicos para a Caracterização de Mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMPF, 1998, 38p.

FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L.; KAWUKI, R.; FERGUSON, M.E. **Selected morphological and agronomic descriptors for the characterization of cassava**. International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Ibadan, Nigeria. 2010. 19p.

GIRALDO, E.; LÓPEZ-CORRALES, M.; HORMAZA, J.I. Selection of the most discriminating morphological qualitative variables for characterization of fig germplasm. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.135, p.240–249, 2010.

JUNIOR E SILVA, W.C.; CARVALHO, S.I.C.; DUARTE, J.B. Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum* spp. germplasm. **Horticultura Brasileira**, v.31, p.190-202, 2013.

LOARCE, Y.; GALLEGOS, R.; FERRER, E. A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers. **Euphytica**, v.88, p.107-115, 1996.

MÜHLEN, G.S.; MARTINS, P.S.; ANDO, A. Variabilidade genética de etnovariedades de mandioca, avaliada por marcadores de DNA. **Scientia Agricola**, v. 57, p.319-328, 2000.

OLIVEIRA, E.J.; DIAS, N.L.P.; DANTAS, J.L.L. Selection of morpho-agronomic descriptors for characterization of papaya cultivars. **Euphytica**, v.185, p.253–265, 2012.

OLSEN, K.M.; SCHAAL, B.A. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, Euphorbiaceae) and its wild relatives: further evidence for a southern Amazonian origin of domestication. **American Journal of Botany**, v.88, p.131-142, 2001.

RIVAL, L; McKEY, D. Domestication and diversity in Manioc (*Manihot esculenta* Crantz ssp. *esculenta*, Euphorbiaceae). **Current Anthropology**, v.49, p.1119-1128, 2008.

STRAPASSON, E.; VENCOVSKY, R.; BATISTA, L.A.R. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de componentes principais. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.29, p.373-381, 2000.

SUNIL, N.; KUMAR, V.; SUJATHA, M.; RAO, G.R.; VARAPRASAD, K.S. Minimal descriptors for characterization and evaluation of *Jatropha curcas* L. germplasm for utilization in crop improvement. **Biomass and Bioenergy**, v.48, p.239-249, 2013.

CAPÍTULO I

SELEÇÃO DE DESCRITORES INFORMATIVOS PARA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA¹

¹ O artigo será submetido ao comitê editorial do periódico científico Pesquisa Agropecuária Brasileira

Seleção de descritores informativos para caracterização de germoplasma de mandioca

Resumo – O elevado número de descritores torna a caracterização e avaliação dos recursos genéticos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) demorada e cara. O objetivo deste trabalho foi selecionar descritores mais informativos para este tipo de estudo. Foram avaliados 95 acessos caracterizados para 51 descritores morfo-agronômicos. Os dados foram submetidos à análise de correspondência múltipla (ACM), cujas informações foram utilizadas em quatro métodos de seleção de descritores: 1) ordem inversa do descritor para o p th eixo fatorial da ACM (Jolliffe), 2) análise de correspondência múltipla sequencial (ACMS), 3) média das ordens de contribuição do descritor nos três primeiros eixos fatoriais (C3PE), e 4) método C3PE ponderado pelos pesos respectivos autovalores da análise completa (C3PEPond). Cerca de 30 descritores, foram capazes de representar mais de 90% da variabilidade genética nos três primeiros eixos da ACM. As correlações entre a matriz de dissimilaridade com todos os descritores *versus* descritores mais informativos foram altas e significativas (0,75; 0,77; 0,83 e 0,84 para C3PEPond, C3PE, ACMS e Jolliffe, respectivamente). Contudo, os descritores menos informativos foram descartados levando-se em consideração àqueles comuns aos métodos de seleção e os interesses do melhoramento. Assim, foram selecionados 32 descritores morfo-agronômicos (correlação entre as matrizes de dissimilaridade de 0,81), que associam alta capacidade de discriminação do germoplasma de mandioca e mantem alguns descritores agronômicos úteis na caracterização prévia do germoplasma para seu uso nos programas de melhoramento genético.

Termos para indexação: *Manihot esculenta* Crantz; recursos genéticos; conservação; melhoramento.

Selection of the most discriminating descriptors for characterization of cassava germplasm

Abstract – The high number of descriptors makes the characterization and evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genetic resources expensive and time consuming. The aim of this work was to select the most informative descriptors for this type of study. Ninety-five accessions were characterized using 51 morpho-agronomic descriptors. The data were subjected to multiple correspondence analysis (MCA), whose information was used in four methods of descriptor selection: 1) reverse order of the descriptor for the p th factorial axis of the MCA (Jolliffe); 2) sequential multiple correspondence analysis (SMCA), 3) based on mean of the contribution orders of the descriptor in the first three factorial axes (C3PA); and 4) C3PA method weighted by the respective eigenvalues of the full analysis (C3PAWeig). Thirty descriptors were able to represent more than 90% of the genetic variability in the first three axes of the MCA. The correlations between the dissimilarity matrix with whole descriptors *versus* the most informative ones were high and significant (0.75, 0.77, 0.83 and 0.84 for C3PAWeig, C3PA, SMCA and Jolliffe, respectively). However, the less informative descriptors were discarded taking into account those common among the methods of selection and breeding interests. Therefore, 32 morpho-agronomic descriptors (correlation between dissimilarity matrices of 0.81) were selected, due to their high capacity to discriminate the cassava germplasm and ability of keeping some preliminary agronomic traits useful in initial characterization of germplasm for their use in breeding program.

Index terms: *Manihot esculenta* Crantz; genetic resource; conservation; use; breeding.

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das principais culturas que convertem a maior quantidade de energia solar em carboidratos solúveis por unidade de área. Dentre as culturas produtoras de amido, a mandioca é capaz de superar o arroz em 40% e o milho em 25%, em termos de produção de carboidratos, porém com outras vantagens, como boa produção em condições sub-ótimas, e possibilidade de exploração de terras marginais, nas quais outras culturas agrícolas não expressam seu máximo potencial produtivo (Cock, 1982).

A maior parte da produção de mandioca é destinada ao consumo alimentar (humano e animal) e para fins industriais. De modo geral, o uso de mandioca como um substituto para as farinhas de cereais em produtos de panificação e como fonte de energia em rações animais tende a expandir-se. O amido de mandioca é um negócio multibilionário em todo o mundo, sobretudo por suas diversas aplicações industriais como substituto dos amidos de milho, arroz e trigo; na indústria têxtil para dimensionamento, tingimento, aumento do brilho e peso de tecidos; na indústria farmacêutica como material de enchimento e agente ligante; aditivo em cimento para reduzir o tempo de endurecimento; melhorar a viscosidade de estruturas de perfuração de petróleo; matéria-prima para colas e adesivos indústrias; na indústria de papel como cola para fornecimento de brilho e força; na indústria de cosméticos como pó inerte em diversos produtos; na indústria da borracha e espuma para melhorar a formação de espuma e cor (Tonukari, 2004).

A ampla gama de usos da mandioca deve estar atrelada à diversidade genética da espécie, para que sejam desenvolvidas variedades com características que atendam às diversas especificidades do mercado consumidor, bem como do sistema de produção da cultura. Portanto, a manutenção da diversidade genética de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma estratégia que garante a conservação de alelos úteis relacionados à resistência contra pragas e doenças, que confirmam melhor qualidade de raízes e características diferenciais de amido. A disponibilidade de uma ampla variabilidade genética é essencial para programas de melhoramento da mandioca que visam o

desenvolvimento de novas variedades com diferentes níveis de adaptação aos diferentes ambientes de cultivo da cultura e adequação industrial.

A organização e manutenção de importantes bancos de germoplasma e os esforços de coleta, caracterização, avaliação e uso de espécies silvestres e variedades locais são atividades de imensurável importância para garantir a sustentabilidade da cadeia produtiva da mandioca, sobretudo em países com dimensões continentais, como o Brasil.

A caracterização de germoplasma consiste na avaliação das características que descrevem e diferenciam os acessos de germoplasma (Almeida et al., 2005), cujas informações são coletadas de forma programada e sistemática. Esta caracterização se concentra basicamente em descritores morfológicos e agrônômicos (Júnior e Silva et al., 2013).

As coleções de germoplasma de mandioca no Brasil têm sido caracterizadas basicamente com base na análise de descritores morfológicos e no teor de compostos cianogênicos nas raízes para classificação dos genótipos em mandioca “mansa” ou “brava” (Fukuda e Alves, 1987). Entretanto, em muitas situações, alguns descritores não são úteis para identificação de duplicatas ou discriminação confiável dos acessos (Onyilgha, 1986; Bekele et al., 1994; Strapasson et al., 2000). Especificamente no caso da mandioca, existe uma lista com mais de 50 descritores para uso na caracterização de germoplasma (Fukuda et al., 2010), o que exige a tomada de um grande número de observações e torna a tarefa extremamente demorada e de alto custo.

Para reduzir o trabalho envolvido nas atividades de caracterização, diversos estudos têm sido realizados para definir uma lista de descritores mais informativos para distinção de acessos em bancos de germoplasma de *Paspalum* (Strapasson et al., 2000), mamoeiro (Oliveira et al., 2012), maracujazeiro (Castro et al., 2012) e *Capsicum* spp. (Júnior e Silva et al., 2013)., considerando que métodos e processos confiáveis para caracterização de germoplasma são fundamentais para aumentar o uso da variabilidade genética disponível nos programas de melhoramento genético.

Geralmente os trabalhos de caracterização de germoplasma envolvem o uso de diversos tipos de descritores a exemplo dos morfológicos, agrônômicos, bioquímicos e moleculares. Muito embora a definição de descritores de maior

importância tenha sido feita com base na experiência de pesquisadores (GALLACHER, 1997; COFFELT E JOHNSON, 2011), o uso de técnicas de análise multivariada tem sido mais eficaz para identificar descritores de maior interesse, bem como para indicar o descarte daqueles menos relevantes (Strapasson et al., 2000; Giraldo et al., 2010; Oliveira et al., 2012; Castro et al., 2012; Júnior e Silva et al., 2013).

O objetivo deste trabalho foi selecionar dentre os descritores disponíveis para caracterização de mandioca, aqueles mais informativos que permitam uma discriminação mais confiável dos acessos, de forma a reduzir os esforços na caracterização deste germoplasma.

MATERIAL E MÉTODOS

Material vegetal

Nos anos de 2011 a 2013 foram caracterizados 95 acessos de germoplasma pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, Brasil), procedentes de vários ecossistemas do Brasil, bem como da Colômbia, Venezuela e Nigéria. Este banco é formado por variedades locais e melhoradas resultante de procedimentos convencionais de melhoramento, tais como cruzamento e seleção, bem como pela seleção de variedades locais de alto potencial produtivo identificadas por agricultores ou instituições de pesquisa.

O plantio foi realizado no início do período das chuvas na região (maio a julho) utilizando manivas de 15 a 20 cm, em fileiras simples. O espaçamento utilizado foi de 0,90m entre linhas e 0,80m entre plantas, e os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações da cultura. A colheita foi realizada entre 11 e 12 meses após o plantio.

Com o intuito de reduzir o número de dados perdidos, apenas 95 acessos com dados completos de 51 descritores foram utilizados para a definição da lista de descritores mais informativos para a mandioca (Tabela 1).

De acordo com Fukuda et al. (2010), os 51 descritores foram divididos em quatro categorias, sendo 13 descritores mínimos, 13 principais, 10 secundários e 15 agronômicos preliminares.

Tabela 1. Lista de descritores utilizados para a caracterização do germoplasma de *Manihot esculenta* Crantz. com os respectivos número de categorias definidos no manual de descritores (*K1* – Fukuda et al., 2010) e número de classes encontrados nos 95 acessos avaliados no presente trabalho (*K2*), bem como o código de cada descritor.

	Descritores	K2	Código
Descritores mínimos	Cor da folha apical	3	<i>CorFApi</i>
	Pubescência do broto apical	2	<i>PUB</i>
	Forma lóbulo central da folha	4	<i>FLC</i>
	Cor do pecíolo	5	<i>CorPec</i>
	Cor do córtex do caule	3	<i>CorCCau</i>
	Cor externa do caule	6	<i>CorExCau</i>
	Comprimento da filotaxia	3	<i>CompFilo</i>
	Presença de pedúnculo nas raízes	3	<i>PedRaiz</i>
	Cor externa das raízes	4	<i>CorERaiz</i>
	Cor do córtex das raízes	4	<i>CorCRaiz</i>
	Cor da polpa da raiz	3	<i>CorPRaiz</i>
	Textura da epiderme da raiz	2	<i>TexERaiz</i>
	Floração	2	<i>Flo</i>
Descritores principais	Cor da folha desenvolvida	2	<i>CorFDes</i>
	Número de lóbulos	4	<i>Nlob</i>
	Comprimento do lóbulo	6	<i>CompLob</i>
	Largura do lóbulo	7	<i>LargLob</i>
	Relação comprimento/largura do lóbulo	5	<i>RelLob</i>
	Comprimento do pecíolo	7	<i>CompPec</i>
	Cor da epiderme do caule	3	<i>CorEpCau</i>
	Hábito de crescimento do caule	1	<i>HabCau</i>
	Cor dos ramos terminais das plantas adultas	2	<i>CorRTER</i>
	Altura da planta	4	<i>AP</i>
	Altura da primeira ramificação	7	<i>A1R</i>
	Níveis de ramificação	4	<i>NivRam</i>
	Constricções da raiz	3	<i>ConstRaiz</i>
Descritores secundários	Cor da nervura	4	<i>CorNer</i>
	Posição do pedúnculo	3	<i>PosPed</i>
	Proeminência das cicatrizes foliares	1	<i>ProCFol</i>
	Comprimento das estípulas	1	<i>CompEst</i>
	Margem das estípulas	2	<i>MargEst</i>
	Hábito de ramificação	3	<i>HabRam</i>
	Ângulo da ramificação	5	<i>AngRam</i>
	Sinuosidade do lóbulo foliar	2	<i>Sin</i>
Forma da raiz	4	<i>ForRaiz</i>	
Tipo de planta	4	<i>TipPI</i>	

Tabela 1. Cont...

	Descritores	K2	Código
	Vigor inicial	3	<i>Vig</i>
	Peso total da parte aérea	7	<i>PPA</i>
	Número de estacas comerciais por planta	7	<i>NEstCom</i>
	Comprimento médio da raiz	7	<i>CompRaiz</i>
	Diâmetro médio da raiz	7	<i>DiamRaiz</i>
	Destaque da película da raiz	2	<i>DestPelRaiz</i>
Descritores agronômicos preliminares	Destaque do córtex da raiz	2	<i>DestCorRaiz</i>
	Posição das raízes	2	<i>PosRaiz</i>
	Rendimento de raízes comerciais	7	<i>RendRaizCom</i>
	Rendimento de raízes não comerciais	7	<i>RendRaizNCom</i>
	Teor de matéria seca na raiz	7	<i>MS</i>
	Resistência à bacteriose	5	<i>Bac</i>
	Resistência à antracnose	5	<i>Ant</i>
	Tolerância a ácaros	4	<i>Aca</i>
	Retenção foliar	3	<i>RetFol</i>

Como a maioria das características é qualitativa, as consideradas quantitativas também foram categorizadas, para reuni-las na mesma análise. Neste caso, foram distribuídas sete classes para cada característica quantitativa, cuja categorização foi baseada na amplitude de variação dos dados.

Seleção dos descritores

A análise de correspondência múltipla (ACM) (Escofier e Pagès, 1992) foi utilizada para selecionar os descritores mínimos, de forma análoga à análise de componentes principais (ACP). A seleção de descritores mais informativos foi realizada com base em quatro critérios: 1) Método de Jolliffe (1973), que utiliza a ordem inversa do descritor para o p th eixo fatorial (O'p). Neste caso, o descritor de maior contribuição para o último eixo fatorial pode ser descartado, considerando que a importância dos componentes principais ou eixos fatoriais decresce do primeiro ao último, e também pelo fato deste explicar pouco da variância total. Assim, o descritor com o maior coeficiente no eixo principal e com o menor autovalor no último eixo pode ser descartado; 2) Análise de correspondência múltipla sequencial (ACMS), em que o descritor de maior contribuição para o último eixo fatorial é descartado, e outra análise é realizada

com os demais descritores, e assim sucessivamente, até que a ordenação dos descritores seja estabelecida de acordo com sua importância; 3) Seleção com base na média das ordens de contribuição do descritor nos três primeiros eixos fatoriais da análise completa (C3PE), juntamente com $O'p$, ou seja, $O_s = (O_1 + O_2 + O_3 + O'p) / 4$; e 4) Seleção com base na média ponderada das ordens de contribuição do descritor para os três primeiros eixos (C3PEPond), com pesos (w_1 , w_2 e w_3) definidos pelos respectivos autovalores da análise completa, ou seja: $O_z = (w_1O_1 + w_2O_2 + w_3O_3) / (w_1 + w_2 + w_3)$. Todas estas análises foram realizadas com auxílio do pacote *FactoMineR* (Lê e Husson, 2008) desenvolvido na plataforma R (R Development Core Team, 2013).

Para compor a lista de descritores mais informativos, selecionou-se um máximo de 30 descritores para cada método. Além disso, para cada método foi avaliada a eficiência dos quatro critérios de seleção, em estabelecer a lista de descritores mínimos foi avaliada por meio da correlação entre as matrizes de dissimilaridade estimada para todos os descritores e aquela calculada apenas com os descritores mais informativos. As matrizes de dissimilaridade para as variáveis multicategóricas foram calculadas de acordo com $d_{ij} = \frac{D}{C + D}$, em que i e j correspondem a um par de acessos (i e $j = 1, 2, \dots, n$), C é o número de acordos de classes concordantes e D é o número de classes discordantes.

Correlações entre descritores

A correlação entre as matrizes de dissimilaridade de todos os descritores versus descritores mais informativos, de acordo com os diferentes critérios de seleção foi utilizada como medida de qualidade da seleção dos descritores. A significância destas correlações foi avaliada pelo teste t e de Mantel, com 10000 simulações. Para se estabelecer a lista de descritores mais informativos para a mandioca não foi adotado um critério único para descarte de descritores, mas sim uma análise comparativa dos descritores recomendados para descarte pela maioria dos critérios de seleção analisados.

O coeficiente de correlação foi utilizado para entender a relação existente entre alguns descritores. Para isso, foram estimadas as correlações marginais e parciais por meio de modelo gráfico de Gauss (GGM). A diferença entre as duas

correlações reside no fato de que a correlação marginal quantifica a correlação entre um par de descritores tendo em conta o efeito de todos os outros, enquanto que a correlação parcial mede a correlação direta, excluindo o efeito de todos os outros descritores. Estas análises foram realizadas com auxílio do pacote *ggm* (Marchetti, 2006) desenvolvido na plataforma R (R Development Core Team, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Contribuição dos descritores

Os descritores hábito de crescimento do caule (*HabCau*), proeminência das cicatrizes foliares (*ProCFol*) e comprimento das estípulas (*CompEst*) não apresentaram variação no conjunto de acessos de mandioca avaliados, e portanto foram eliminados das análises posteriores. A preocupação crescente com a redução da variação genética em espécies cultivadas tem levado à preservação do máximo de diversidade genética possível, tanto *in situ* quanto *ex situ*, não somente no longo prazo, mas também para ter variabilidade disponível suficiente para atendimento de interesses futuros dos programas de melhoramento (Giraldo et al., 2010). Esta necessidade de conservação não controlada, certamente contribui para a manutenção de acessos com pequenas diferenças fenotípicas em relação ao germoplasma já armazenado, o que faz com que alguns descritores não sejam informativos.

A avaliação das contribuições dos descritores para os três primeiros eixos fatoriais na Análise de Correspondência Múltipla (ACM) completa mostrou que cerca de 62% dos descritores com as maiores contribuições explicaram mais de 90% da variabilidade total associada a cada um dos eixos (Tabela 2). Isso pode ser explicado pela existência de redundância ou associação entre descritores, que fazem com que alguns descritores capturem informações de mesma natureza sobre a variabilidade dos acessos. Assim, para garantir que pelo menos 90% da variabilidade genética seja capturada pelos primeiros e principais eixos da ACM, cerca de 30 descritores foram selecionadas como descritores mínimos para a mandioca.

A classificação dos descritores informativos avaliados em acessos do BAG-Mandioca de acordo com as suas contribuições para o último eixo fatorial nas

análises sucessivas de correspondência múltipla (ACMS) é apresentada na Tabela 3. Com base nesta análise, o descritor Comprimento do pecíolo (*CompPec*) foi que mais contribuiu para explicar o último eixo fator (9,87%) e, em princípio possui menor importância para a caracterização destes acessos. Em teoria, isto significa que a informação associada a esta variável já está contemplada por outros descritores que contribuem para os demais eixos. Por outro lado, o descritor *CompPec* apresentou uma alta contribuição para os três primeiros eixos fatoriais (12º, 10º e 1º maior contribuição, respectivamente), sendo portanto não indicado para descarte com base neste critério.

Tabela 2. Contribuição dos descritores morfo-agronômicos de mandioca avaliados para os três primeiros eixos da análise de correspondência múltipla (ACM), considerando os 48 descritores.

Descritor	Eixo			Descritor	Eixo		
	1º	2º	3º		1º	2º	3º
<i>A1R</i>	3,506	7,780	2,602	<i>DiamRaiz</i>	2,570	1,750	1,044
<i>Aca</i>	0,700	1,973	0,752	<i>FLC</i>	1,659	1,372	2,954
<i>AngRam</i>	1,069	1,810	1,889	<i>Flo</i>	3,420	0,112	0,069
<i>Ant</i>	2,242	0,384	0,175	<i>ForRaiz</i>	0,484	1,940	3,372
<i>AP</i>	0,354	6,253	2,335	<i>HabRam</i>	1,250	0,406	3,113
<i>Bac</i>	1,403	3,028	2,436	<i>LargLob</i>	2,674	6,796	6,018
<i>CompFilo</i>	3,424	0,037	0,456	<i>MargEst</i>	0,228	0,298	0,472
<i>CompLob</i>	1,648	2,718	6,882	<i>MS</i>	1,981	1,671	1,378
<i>CompPec</i>	2,683	3,341	6,973	<i>NEstCom</i>	0,821	8,292	3,226
<i>CompRaiz</i>	0,613	3,494	4,234	<i>NivRam</i>	6,018	1,174	3,516
<i>ConstRaiz</i>	1,880	0,826	3,478	<i>Nlob</i>	0,492	0,835	0,562
<i>CorCCau</i>	2,789	1,494	0,697	<i>PedRaiz</i>	0,796	0,542	0,715
<i>CorCRaiz</i>	5,055	1,993	3,439	<i>PosPed</i>	0,867	0,535	0,906
<i>CorEpCau</i>	9,220	0,382	3,215	<i>PosRaiz</i>	0,008	0,002	0,002
<i>CorERaiz</i>	7,627	1,460	2,903	<i>PPA</i>	1,089	3,599	3,485
<i>CorExCau</i>	8,851	3,331	5,176	<i>PUB</i>	0,299	3,192	1,018
<i>CorFApi</i>	1,025	0,911	1,042	<i>RelLob</i>	1,752	6,461	3,287
<i>CorFDes</i>	0,402	0,015	0,761	<i>RendRaizCom</i>	2,888	8,298	1,056
<i>CorNer</i>	1,368	3,886	1,824	<i>RendRaizNCom</i>	1,668	1,742	2,752
<i>CorPec</i>	2,209	0,613	0,645	<i>RetFol</i>	0,111	0,233	0,060
<i>CorPRaiz</i>	1,808	0,725	1,048	<i>Sin</i>	0,050	0,107	2,196

<i>CorRTER</i>	0,166	0,464	0,173	<i>TexERaiz</i>	5,892	0,589	2,028
<i>DestCorRaiz</i>	0,293	0,817	0,415	<i>TipPI</i>	0,430	2,088	1,797
<i>DestPelRaiz</i>	1,973	0,006	0,169	<i>Vig</i>	0,246	0,226	1,254

Tabela 3. Ordenamento decrescente de importância dos descritores morfo-agronômicos de mandioca avaliados por meio de análises sucessivas de correspondência múltipla (ACMS) e contribuição para os três primeiros eixos fatoriais (C3PE).

Descritor	ACMS		C3PE				
	C ¹	Descritor	C	Descritor	Os	Descritor	Os
<i>PosRaiz</i>	0,00	<i>HabRam</i>	11,61	<i>CompPec</i>	5,72	<i>Aca</i>	1,94
<i>PedRaiz</i>	50,00	<i>PPA</i>	12,64	<i>CorExCau</i>	5,11	<i>CorNer</i>	1,88
<i>RelLob</i>	42,18	<i>CompFilo</i>	10,56	<i>LargLob</i>	4,66	<i>ConstRaiz</i>	1,69
<i>CorCCau</i>	36,62	<i>Bac</i>	15,50	<i>NEstCom</i>	4,56	<i>MS</i>	1,60
<i>PosPed</i>	62,73	<i>LargLob</i>	37,06	<i>A1R</i>	4,23	<i>ForRaiz</i>	1,58
<i>RetFol</i>	30,12	<i>A1R</i>	17,99	<i>RendRaizCom</i>	4,03	<i>HabRam</i>	1,41
<i>CorRTER</i>	35,82	<i>Nlob</i>	10,85	<i>CompRaiz</i>	3,60	<i>CorCCau</i>	1,27
<i>Sin</i>	19,79	<i>CompLob</i>	17,87	<i>CorEpCau</i>	3,45	<i>CorFApi</i>	1,25
<i>Flo</i>	36,49	<i>ConstRaiz</i>	11,51	<i>CompLob</i>	3,30	<i>PosPed</i>	1,15
<i>Vig</i>	25,04	<i>NivRam</i>	12,47	<i>CorERaiz</i>	3,28	<i>CompFilo</i>	1,15
<i>DestPelRaiz</i>	37,30	<i>DiamRaiz</i>	10,79	<i>NivRam</i>	3,13	<i>CorPec</i>	1,11
<i>DestCorRaiz</i>	27,34	<i>TexERaiz</i>	13,40	<i>RelLob</i>	3,06	<i>Flo</i>	0,94
<i>CorFApi</i>	27,75	<i>CorNer</i>	12,30	<i>AP</i>	3,00	<i>Ant</i>	0,90
<i>MargEst</i>	39,14	<i>CorEpCau</i>	9,70	<i>CorCRAiz</i>	2,92	<i>Nlob</i>	0,81
<i>CorFDes</i>	26,49	<i>NEstCom</i>	11,94	<i>Bac</i>	2,64	<i>Vig</i>	0,76
<i>AngRam</i>	26,87	<i>RendRaizCom</i>	9,08	<i>PPA</i>	2,54	<i>RetFol</i>	0,74
<i>CorERaiz</i>	24,34	<i>PUB</i>	8,09	<i>FLC</i>	2,47	<i>Sin</i>	0,68
<i>Ant</i>	21,15	<i>FLC</i>	7,67	<i>RendRaizNCom</i>	2,31	<i>DestPelRaiz</i>	0,57
<i>RendRaizNCom</i>	17,65	<i>ForRaiz</i>	8,72	<i>TexERaiz</i>	2,20	<i>PedRaiz</i>	0,54
<i>CorExCau</i>	12,86	<i>CompRaiz</i>	6,63	<i>PUB</i>	2,14	<i>CorFDes</i>	0,42
<i>AP</i>	14,82	<i>MS</i>	7,91	<i>TipPI</i>	2,11	<i>DestCorRaiz</i>	0,40
<i>CorPec</i>	17,72	<i>Aca</i>	7,52	<i>DiamRaiz</i>	2,06	<i>MargEst</i>	0,33
<i>CorPRAiz</i>	12,89	<i>TipPI</i>	8,54	<i>CorPRAiz</i>	2,02	<i>CorRTER</i>	0,32
<i>CorCRAiz</i>	21,52	<i>CompPec</i>	9,87	<i>AngRam</i>	1,94	<i>PosRaiz</i>	0,09

¹C: contribuições percentuais máximas (%) para o último eixo fatorial em cada análise. Descritores em negrito foram selecionados para cada método correspondente.

Por outro lado, outros descritores de maior contribuição para os últimos eixos fatoriais também apresentaram baixa contribuição nos primeiros eixos. Por exemplo, o descritor tipo de planta (*TipPl*) apresentou a segunda maior contribuição para o último eixo fatorial na ACM (8,54%), e da mesma forma que *CompPec* poderia ser considerado pouco informativo com base neste critério. No caso do descritor *TipPl*, as contribuições para os três primeiros eixos fatoriais foram menores, comparado à *CompPec* (38º, 15º e 25º, respectivamente) e portanto, o critério de descarte baseado na maior contribuição para os últimos eixos estaria correto. Adicionalmente, o descritor tolerância a ácaros (*Aca*) apresentou a terceira maior contribuição para o último eixo fatorial (7,52%), e também possui baixa contribuição para os três primeiros eixos (34º, 17º e 35º, maior contribuição, respectivamente). Mesmo com estas inconsistências, foram selecionados os descritores mais informativos para posterior comparação com outros métodos de descarte.

Avaliação dos métodos de seleção de descritores informativos

Os 30 descritores selecionados pelo critério ACMS foram utilizados para obtenção da matriz de dissimilaridade, que foi comparada com aquela obtida com todos os descritores (Tabela 3). De modo geral, observou-se uma correlação significativa ($P < 0,01$) entre as matrizes de dissimilaridade com todos os descritores vs descritores selecionados pelo critério ACMS (0,83) (Figura 1).

Considerando a contribuição dos descritores para os três primeiros eixos fatoriais da ACM (C3PE), observou-se que os descritores *CorCCau*, *CorFApi*, *PosPed*, *CompFilo*, *CorPec*, *Flo*, *Ant*, *Nlob*, *Vig*, *RetFol*, *Sin*, *DestPelRaiz*, *PedRaiz*, *CorFDes*, *DestCorRaiz*, *MargEst*, *CorRTer* e *PosRaiz* foram os menos informativos para capturar a maior parte da variação genética dos dados (Tabela 3). Ao se retirar estes descritores das análises a correlação entre as matrizes de dissimilaridade apresentaram significância, porém o valor absoluto da correlação (0,77) foi menor do que aquele obtido com critério ACMS (Figura 1), indicando menor ajuste entre os descritores descartados e a lista completa.

O critério de seleção de descritores com base na média ponderada das ordens de contribuição do descritor para os três primeiros eixos, com pesos definidos pelos respectivos autovalores da análise completa (C3PEPond), indicou

os descritores *DestPelRaiz*, *TipPI*, *MS*, *CorPec*, *AngRam*, *Aca*, *CorPRaiz*, *CorFApi*, *Vig*, *PosPed*, *PedRaiz*, *Nlob*, *CorFDes*, *DestCorRaiz*, *MargEst*, *CorRTER*, *RetFol* e *PosRaiz*, como os menos informativos para discriminação dos acessos de mandioca (Tabela 4). Embora tenha se observado correlação significativa entre a matriz de dissimilaridade dos dados completos e descritores mínimos com base no critério C3PEPond (0,75), o valor absoluto da correlação foi ainda menor que o critério C3PE (Figura 1).

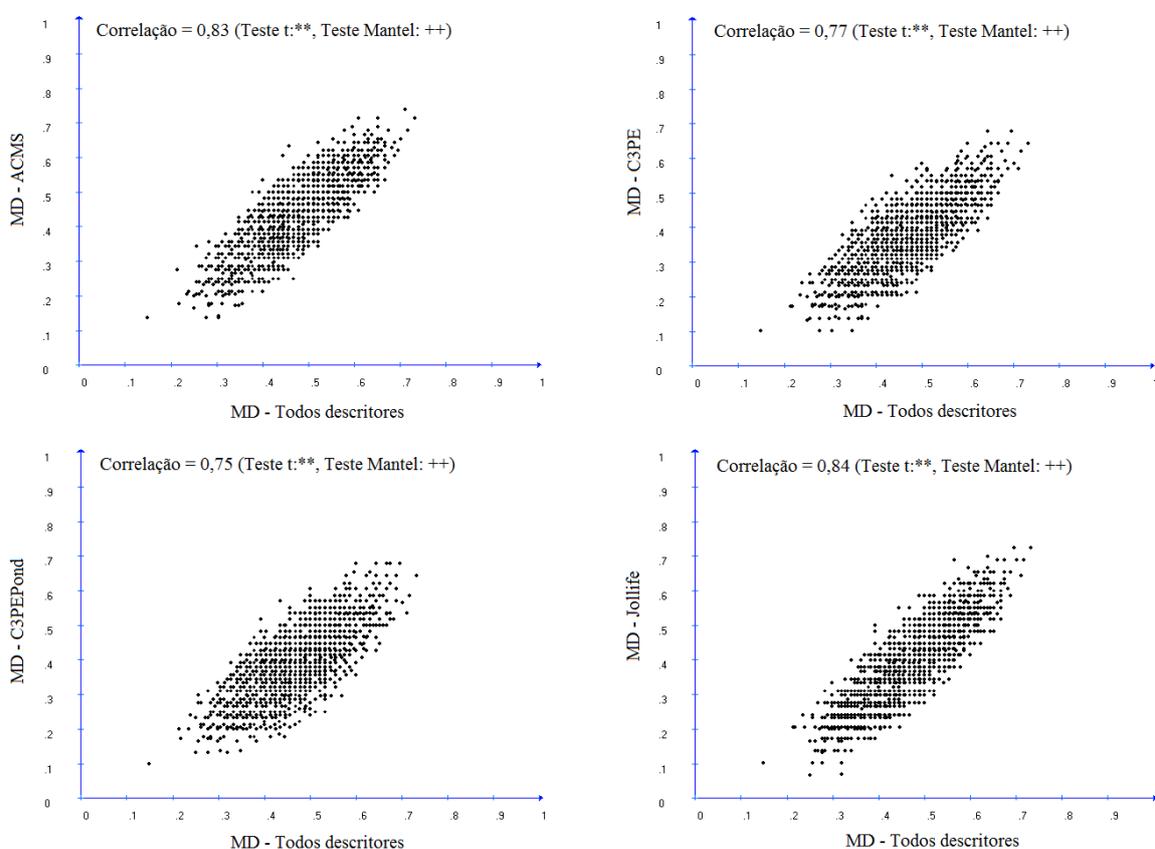


Figura 1. Correlação entre as matrizes de dissimilaridade (MD), comparando-se todos os descritores com aqueles selecionados pelos critérios de análises sucessivas de correspondência múltipla (ACMS), contribuição para os três primeiros eixos fatoriais (C3PE), contribuição para os três primeiros eixos fatoriais ponderado (C3PEPond) e critério de Jolliffe (Jolliffe).

O critério de descarte dos 18 descritores que apresentaram os maiores elementos dos autovetores nos últimos componentes (Jolliffe), indicou o descarte

de *RetFol*, *DiamRaiz*, *AngRam*, *A1R*, *AP*, *CorExCau*, *RendRaizNCom*, *LargLob*, *Bac*, *RendRaizCom*, *FLC*, *PUB*, *TipPI*, *Aca*, *CorPRaiz*, *NEstCom*, *CompRaiz* e *CompPec* (Tabela 4). Com base no critério Jolliffe, observou-se a maior correlação entre a matriz de dissimilaridade dos dados completos e descritores mínimos (0,84), indicando melhor ajuste no descarte dos descritores (Figura 1).

Tabela 4. Ordenamento decrescente de importância dos descritores morfo-agronômicos de mandioca avaliados pelo critério de contribuição para os três primeiros eixos fatoriais ponderado (C3PEPond) e critério de Jolliffe (Jolliffe).

C3PEPond				Jolliffe			
Descritor	Oz	Descritor	Oz	Descritor	O'p	Descritor	O'p
CorEpCau	7,71	FLC	2,19	CompPec	9,87	Nlob	1,33
CorExCau	6,91	CorCCau	2,18	CompRaiz	6,06	Vig	1,32
NEstCom	6,44	RendRaizNCom	2,14	NEstCom	5,88	CorCRaiz	1,21
RendRaizCom	6,26	DiamRaiz	2,06	CorPRaiz	4,49	CorERaiz	1,12
CorERaiz	5,97	Sin	2,04	Aca	4,31	CorPec	0,98
LargLob	5,68	Ant	1,91	TipPI	4,14	CorEpCau	0,97
A1R	5,65	DestPelRaiz	1,85	PUB	4,05	HabRam	0,89
CompPec	5,02	TipPI	1,78	FLC	3,89	Ant	0,80
AP	4,99	MS	1,74	RendRaizCom	3,89	RelLob	0,74
CompLob	4,97	CorPec	1,71	Bac	3,69	CompFilo	0,68
NivRam	4,81	AngRam	1,65	LargLob	3,14	ConstRaiz	0,57
TexERaiz	4,78	Aca	1,42	RendRaizNCom	3,09	CorFDes	0,51
RelLob	4,77	CorPRaiz	1,41	CorExCau	3,08	ForRaiz	0,51
CorCRaiz	4,05	CorFApi	1,00	AP	3,07	CorRTer	0,48
CompRaiz	3,60	Vig	0,95	A1R	3,02	CorNer	0,44
Flo	3,28	PosPed	0,81	AngRam	2,99	Sin	0,37
PPA	3,16	PedRaiz	0,71	DiamRaiz	2,88	PosRaiz	0,36
CompFilo	3,11	Nlob	0,66	RetFol	2,57	MargEst	0,33
CorNer	2,83	CorFDes	0,61	PosPed	2,30	TexERaiz	0,29
ForRaiz	2,60	DestCorRaiz	0,60	CorFApi	2,02	Flo	0,17
ConstRaiz	2,58	MargEst	0,36	PPA	1,97	DestPelRaiz	0,15
PUB	2,50	CorRTer	0,33	CompLob	1,94	PedRaiz	0,12
Bac	2,45	RetFol	0,17	NivRam	1,82	CorCCau	0,11
HabRam	2,32	PosRaiz	0,01	MS	1,35	DestCorRaiz	0,05

Descritores em negrito foram selecionados para cada método correspondente.

Indicação do descarte de descritores

De modo geral observa-se uma falta de coincidência entre os descritores indicados para descarte utilizando os quatro métodos de seleção. Apenas os descritores *CompPec*, *CompRaiz*, *NEstCom* e *RendRaizCom* foram comuns a todos os métodos de descarte (Tabela 5). Assim, a decisão sobre quais descritores devem efetivamente ser descartados foi baseada na coincidência em pelo menos dois dos métodos. Neste caso, 23 descritores poderiam ser descartados da análise (*CompPec*, *CompRaiz*, *NEstCom*, *RendRaizCom*, *A1R*, *AP*, *CompLob*, *CorEpCau*, *CorExCau*, *FLC*, *LargLob*, *NivRam*, *Aca*, *Bac*, *CorCRaiz*, *CorERaiz*, *DiamRaiz*, *PPA*, *PUB*, *RelLob*, *RendRaizNCom*, *TexERaiz* e *TipPI*). Contudo, considerando: 1) que os descritores *RendRaizCom*, *AP*, *Aca*, *Bac*, *PPA*, *RendRaizNCom* e *TipPI* estão diretamente relacionados à capacidade produtiva e de resistência a estresses bióticos dos acessos, sendo rotineiramente avaliados nos programas de melhoramento genético de mandioca, e 2) que o número de acessos avaliados no presente trabalho é apenas uma amostra do germoplasma armazenado no BAG-Mandioca (cerca de 8%), a exclusão destes descritores não é indicada.

É possível afirmar que os critérios de descarte de descritores apresentam indicações bastante diferentes e que, portanto é preciso proceder a comparações entre os métodos e analisar criteriosamente os descritores comuns entre as metodologias e que possivelmente valorizam mais a contribuição das variáveis sobre os primeiros eixos fatoriais.

Indicação de descarte de diferentes descritores em função dos métodos de seleção das variáveis também foram observados por Júnior e Silva et al. (2013) em *Capsicum* spp. Entretanto, estes autores não fizeram uma comparação entre os descritores comuns aos diferentes métodos. Neste caso, a escolha dos descritores foi feita com base no método de seleção de variáveis que apresentou maior correlação entre as matrizes de dissimilaridade com os dados de todos os descritores *versus* lista mínima de descritores.

Embora diversos autores recomendem o uso de descritores qualitativos na caracterização de acessos de germoplasma, considerando sua alta herdabilidade e fácil identificação e avaliação em diversos ambientes, os descritores quantitativos *RendRaizCom*, *AP*, *Aca*, *Bac*, *PPA*, *RendRaizNCom* e *TipPI*, apesar

de apresentarem menor herdabilidade, são de grande interesse na caracterização preliminar de germoplasma. Isto porque os descritores acima referidos são rotineiramente e, em muitas situações inconscientemente, avaliadas pelos agricultores quando da escolha da variedade a ser cultivada merecendo, portanto uma atenção especial dos curadores de germoplasma e melhoristas de plantas.

Tabela 5. Relação de descritores de mandioca indicados para descarte utilizando o critério de análises sucessivas de correspondência múltipla (ACMS), contribuição para os três primeiros eixos fatoriais (C3PE), contribuição para os três primeiros eixos fatoriais ponderado (C3PEPond) e critério de Jollife (Jollife).

Descritor	Critério de descarte				Coincidências
	ACMS	Jollife	C3PE	C3PEPond	
<i>CompPec</i>	x	x	x	x	4
<i>CompRaiz</i>	x	x	x	x	4
<i>NEstCom</i>	x	x	x	x	4
<i>RendRaizCom</i>	x	x	x	x	4
<i>A1R</i>		x	x	x	3
<i>AP</i>		x	x	x	3
<i>CompLob</i>	x		x	x	3
<i>CorEpCau</i>	x		x	x	3
<i>CorExCau</i>		x	x	x	3
<i>FLC</i>	x	x	x		3
<i>LargLob</i>		x	x	x	3
<i>NivRam</i>	x		x	x	3
<i>Aca</i>	x	x			2
<i>Bac</i>		x	x		2
<i>CorCRAiz</i>			x	x	2
<i>CorERAiz</i>			x	x	2
<i>DiamRaiz</i>	x	x			2
<i>PPA</i>			x	x	2
<i>PUB</i>	x	x			2
<i>RelLob</i>			x	x	2
<i>RendRaizNCom</i>		x	x		2
<i>TexERAiz</i>	x			x	2
<i>TipPI</i>	x	x			2
<i>AngRam</i>		x			0
<i>CompFilo</i>				x	0
<i>ConstRaiz</i>	x				0
<i>CorNer</i>	x				0
<i>CorPRAiz</i>		x			0
<i>Flo</i>				x	0

<i>ForRaiz</i>	x		0
<i>MS</i>	x		0
<i>Nlob</i>	x		0
<i>RetFol</i>		x	0

Desta forma, a lista com os descritores morfo-agronômicos que associa maior capacidade de discriminação do germoplasma de mandioca e informações agronômicas de importância para os melhoristas de mandioca foi composta por 32 descritores (Tabela 6). A correlação entre a matriz de dissimilaridade dos acessos comparando a lista completa com a lista mínima de descritores foi significativa e de alta magnitude (0,81) (Figura 2). Embora o valor absoluto da correlação entre as matrizes de dissimilaridade seja menor do que nos métodos ACMS e proposto por Jolliffe (1973), observa-se que a lista que mantém os descritores agronômicos preliminares atende aos interesses dos curadores de germoplasma na classificação dos genótipos e dos melhoristas na caracterização prévia do germoplasma para seu uso nos programas de melhoramento.

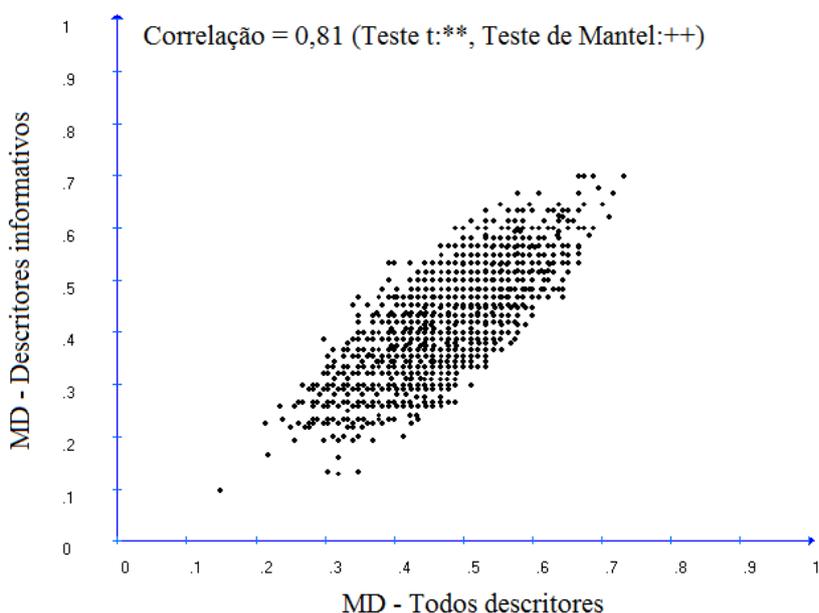


Figura 2. Correlação entre as matrizes de dissimilaridade (MD) para todos os descritores e lista de descritores informativos selecionados.

Tabela 6. Lista de 32 descritores morfo-agronômicos informativos para a caracterização do germoplasma de *Manihot esculenta* Crantz.

	Descritores	Código
Descritores mínimos	Cor da folha apical	<i>CorFApi</i>
	Cor do pecíolo	<i>CorPec</i>
	Cor do córtex do caule	<i>CorCCau</i>
	Comprimento da filotaxia	<i>CompFilo</i>
	Presença de pedúnculo nas raízes	<i>PedRaiz</i>
	Cor da polpa da raiz	<i>CorPRaiz</i>
	Floração	<i>Flo</i>
Descritores principais	Cor da folha desenvolvida	<i>CorFDes</i>
	Número de lóbulos	<i>Nlob</i>
	Cor dos ramos terminais das plantas adultas	<i>CorRTer</i>
	Altura da planta	<i>AP</i>
	Constricções da raiz	<i>ConstRaiz</i>
Descritores secundários	Cor da nervura	<i>CorNer</i>
	Posição do pedúnculo	<i>PosPed</i>
	Margem das estípulas	<i>MargEst</i>
	Hábito de ramificação	<i>HabRam</i>
	Ângulo da ramificação	<i>AngRam</i>
	Sinuosidade do lóbulo foliar	<i>Sin</i>
	Forma da raiz	<i>ForRaiz</i>
	Tipo de planta	<i>TipPI</i>
Descritores agrônômicos preliminares	Vigor inicial	<i>Vig</i>
	Peso total da parte aérea	<i>PPA</i>
	Destaque da película da raiz	<i>DestPelRaiz</i>
	Destaque do córtex da raiz	<i>DestCorRaiz</i>
	Posição das raízes	<i>PosRaiz</i>
	Rendimento de raízes comerciais	<i>RendRaizCom</i>
	Rendimento de raízes não comerciais	<i>RendRaizNCom</i>
	Teor de matéria seca na raiz	<i>MS</i>
	Resistência à bacteriose	<i>Bac</i>
	Resistência à antracnose	<i>Ant</i>
	Tolerância a ácaros	<i>Aca</i>
	Retenção foliar	<i>RetFol</i>

De fato, considerando os descritores indicados para descarte, observaram-se diversas correlações parciais de magnitude mediana a alta (>0,30) com outros descritores (Suplemento 1). As correlações de maior importância foram para *CompLob* vs (*ConstRaiz*, *DestPelRaiz*, *LargLob* e *RelLob*), *CompPec* vs (*MargEst* e *Nlob*), *CompRaiz* vs (*DiamRaiz*, *NEstCom*, *NivRam*, *AngRam* e *CompFilo*),

CorCRaiz vs (*CorCCau*, *CorExCau*, *ForRaiz* e *Nlob*), *CorEpCau* vs (*DestPelRaiz*, *PPA* e *RendRaizCom*), *CorERaiz* vs (*PosRaiz* e *TexERaiz*), *CorExCau* vs (*CorCRaiz*, *ForRaiz*, *Nlob*), *DiamRaiz* vs (*CompRaiz*, *Nlob* e *RendRaizNCom*), *LargLob* vs (*CompLob* e *RelLob*), *NEstCom* vs (*AP*, *CompRaiz* e *RendRaizNCom*), *NivRam* vs (*Ant*, *CompRaiz*, *Flo* e *PosPed*), *PUB* x *Nlob*, *RelLob* vs (*CompLob* e *LargLob*) e *TexERaiz* vs (*Aca*, *CorERaiz* e *PosRaiz*). Dos 16 descritores indicados para descarte, apenas *A1R* e *FLC* não apresentaram importantes correlações parciais com outros descritores.

Jolliffe (1973) observou que quando se dispõe de grande número de descritores, possivelmente muitos deles podem apresentar algum grau de associação, sendo necessário seu descarte por serem pouco informativos e acrescentar enorme trabalho de caracterização e avaliação, sem acréscimo de informação adicional. Por outro lado, análises multivariadas, especificamente a ACM, tem a vantagem de avaliar a importância de cada descritor estudado sobre a variação total disponível entre os acessos, possibilitando o descarte dos menos discriminantes, por serem invariantes ou estarem correlacionados com outros descritores, semelhantemente ao que ocorre com a análise de componentes principais (Daher et al., 1997). Além disso, a ACM é particularmente importante em estudos em que um grande volume de dados qualitativos é tomado, muitas vezes associados a dados quantitativos, como é o caso de diversos bancos de germoplasma onde as variáveis nos conjuntos de dados podem ser quantitativas ou qualitativas, temporais ou não temporais.

A análise desta coleção destaca a alta proporção de descritores informativos relacionados com as características da raiz (descritores agrônômicos preliminares). Isto é interessante porque estas características são utilizadas para definir o potencial de uso do germoplasma de mandioca, seja ele *per se* ou em blocos de cruzamentos em programas de melhoramento genético. Portanto, é possível caracterizar essas coleções de germoplasma para atender simultaneamente os critérios de representação da variabilidade genética e os interesses imediatos do melhorista, quanto à disponibilidade de acessos mais prontamente acessíveis para uso. Semelhantemente, grande parte dos descritores mínimos de *Capsicum* relacionada às características do fruto em pimentas e pimentões, que tem sido o foco do melhoramento genético destas

espécies, em função de suas relações com armazenamento, processamento, comercialização e consumo dos produtos comerciais derivados (JÚNIOR e SILVA et al., 2013).

Neste sentido, se a caracterização do germoplasma de mandioca leva em conta as características de interesse para o melhoramento genético, as possibilidades de uso são maiores, conforme estipulado nas políticas públicas de conservação e uso de recursos genéticos de plantas (FAO, 1991).

Esta lista de descritores morfo-agronômicos mais informativos mostra a possibilidade de reduzir a lista de descritores adotados atualmente nos Bancos de Germoplasma de mandioca, sem prejudicar a representação de sua variabilidade genética e os interesses dos programas de melhoramento genético. Em geral, a lista de descritores mínimos proposta no presente estudo (Tabela 6) permite que cerca de 37% dos descritores inicialmente utilizados sejam descartados. Este percentual de redução no número de descritores é menor que outros relatos da literatura, a exemplo de i) *Paspalum* sp., na qual Strapasson et al. (2000) indicaram o descarte de 86% do total de descritores utilizados na caracterização dos acessos, ii) figueira (*Ficus carica* L.) em que foram descartados 74% dos descritores (Giraldo et al., 2010), e iii) acessos de *Capsicum* spp, na qual foram reduzidos 50% dos descritores de germoplasma (Júnior e Silva et al., 2013). Contudo, os descritores de mandioca selecionados neste trabalho são de fácil avaliação, baixo custo na tomada de dados, e a maioria com herança relativamente simples. Portanto, esta lista de descritores informativos pode ser utilizada como um primeiro passo na discriminação de acessos de mandioca e, por consequência como um método de estabelecimento de coleções de germoplasma mais abrangentes.

De acordo com Giraldo et al. (2010), a seleção de descritores altamente discriminantes é importante para otimizar os recursos necessários para uma caracterização morfológica viável e confiável. Isto é especialmente importante em culturas, que possuem milhares de acessos armazenados em bancos de germoplasma com elevado número de homônimas e sinônimas, como é o caso da mandioca. Neste caso, uma rápida caracterização do germoplasma com esta lista de descritores permitiria reduzir o número de acessos redundantes e assim,

focar o uso dos recursos humanos e financeiros na avaliação precisa de descritores quantitativos em diferentes anos e locais de cultivo.

Além disso, a diversidade morfo-agronômica é uma ferramenta importante para caracterizar e avaliar acessos de mandioca, além de ajudar a diferenciá-los daqueles com características semelhantes e identificar possíveis duplicatas em bancos de germoplasma, como já observado em outras espécies de plantas (Bertan et al., 2006; Sudré et al., 2006; Albuquerque et al., 2011).

CONCLUSÕES

- 1) A baixa relação existente entre os diferentes métodos de seleção de descritores dificultou a indicação dos descritores com maior capacidade de discriminação dos acessos.
- 2) O descarte dos descritores comuns aos diferentes métodos de seleção, associado à experiência do pesquisador com o germoplasma analisado pode resultar em uma lista de descritores mais confiável e de melhor aplicação prática.
- 3) Foi possível indicar o descarte de 31% dos descritores utilizados na caracterização dos acessos de mandioca, o que certamente contribuirá para a redução no tempo e uso de recursos humanos e financeiros na caracterização e avaliação deste germoplasma.
- 4) Os 32 descritores selecionados para a mandioca explicaram mais de 90% da variabilidade total, sem grandes perdas para a caracterização preliminar do germoplasma desta espécie, com uma economia significativa de tempo e recursos.

REFERÊNCIAS

Albuquerque AN, Barelli MAA, Neves LG, Arantes VR, Silva KLM. Evaluation of common bean accesses with multi-category variables. *Acta Sci Agron* 2011; 33:627-632.

Almeida CMCV, Dias LAS, Okabe ET, Medeiros JRP. Variability in genetic resources of cacao in Rondônia, Brazil. *Crop Breed Appl Biot* 2005; 5: 318-324.

Bekele FL; Kennedy AJ; McDavid C; Lauckner FB; Bekele I. Numerical taxonomic studies on cacao (*Theobroma cacao* L.) in Trinidad. *Euphytica* 1994; 75:231-240.

Bertan I, Carvalho FIF, Oliveira AC, Vieira EA, Hartwig I, Silva JAG, et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Rev Bras Agroc* 2006; 12:279-286.

Castro JA, Neves CG, Jesus ON, Oliveira EJ. Definition of morpho-agronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. *Sci Hortic* 2012; 145:17–22.

Cock JH. Cassava: a basic energy source in the tropics. *Science* 1982; 218:755-762.

Coffelt T, Johnsonb L. A set of descriptors for evaluating guayule germplasm. *Ind Crops Prod* 2011; 34:1252–1255.

Daher RF, Moraes CF, Cruz CD, Pereira AV, Xavier DF. Seleção de caracteres morfológicos em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). *R Bras Zootec* 1997; 26:247-259.

Escofier B, Pagès J. Análisis factoriales simples y múltiples: objetivos, métodos e interpretación. Bilbao: Servicio Editorial de la Universidad del País Vasco. 1992, p.285.

FAO. Relatório da quarta reunião da Comissão de Recursos Fitogenéticos. Roma: FAO. 1991, p.96.

Fukuda WMG, Alves AAC. Banco ativo de germoplasma de mandioca do Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura. *Rev Bras Mandioca* 1987; 6: 65–97.

Fukuda WMG, Guevara CL, Kawuki R, Ferguson ME. Selected morphological and agronomic descriptors for the characterization of cassava. International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Ibadan, Nigeria. 2010. p.19.

Gallacher DJ. Optimised descriptors recommended for Australian sugarcane germplasm (*Saccharum* spp. hybrid). Aust J Agric Res 1997; 48:775-779.

Giraldo E, López-Corrales M, Hormaza JI. Selection of the most discriminating morphological qualitative variables for characterization of fig germplasm. J Amer Soc Hort Sci 2010; 135:240–249.

Jolliffe IT. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. App Stat 1973; 21:21-31.

Junior e Silva WC, Carvalho SIC, Duarte JB. Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum* spp. germplasm. Hort Bras 2013; 31:190-202.

Lê S, Husson F: FactorMineR: An R Package for Multivariate Analysis. J Stat Softw 2008; 25:1-18.

Marchetti GM. Independencies induced from a graphical Markov model after marginalization and conditioning: The R package ggm. J Stat Softw 2006;15(6).

Oliveira EJ, Dias NLP, Dantas JLL. Selection of morpho-agronomic descriptors for characterization of papaya cultivars. Euphytica 2012; 185:253–265.

Onyilagha JC. Numerical analysis of variation among Nigerian *Dioscorea rotunda* accessions. Euphytica 1986; 35:413-419.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing, reference index version 3.0.1. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available from: <http://www.R-project.org>; 2013. [cited 12.12.2013]

Strapasson E, Vencovsky R, Batista LAR. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de componentes principais. Rev Bras Zoot 2000; 29: 373-381.

Sudré CP, Cruz CD, Rodrigues R, Rival EM, Amaral Júnior AT, Silva DJH, et al. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. Horti Bras 2006; 24:88-93.

Tonukari NJ. Cassava and the future of starch. Electron J Biotechnol 2004; 7:1.

Suplemento 1. Correlação parcial entre descritores morfo-agronômicos avaliados em acessos de mandioca.

	A1R	Aca	AngRam	Ant	AP	Bac	CompFilo	CompLob	CompPec	CompRaiz	ConstRaiz	CorCCau	CorCRaiz	CorExCau	CorEpCau	CorERaiz	CorFApi	CorFDes	CorNer	CorPec	CorPRaiz	CorRTER	DestCorRaiz	DestPelRaiz
A1R		-0,10	-0,14	-0,12	0,04	0,13	-0,11	0,05	0,05	-0,06	-0,10	0,06	0,04	0,15	0,08	0,02	0,07	0,08	0,27	0,00	-0,03	-0,12	-0,11	0,06
Aca	-0,04		-0,20	0,04	-0,12	0,01	-0,01	0,17	0,00	0,25	0,10	-0,06	0,03	0,14	0,12	0,32	-0,09	0,02	0,04	-0,26	0,37	-0,03	-0,11	0,27
AngRam	-0,14	-0,08		0,24	0,16	0,10	-0,35	-0,05	0,25	0,37	0,08	0,01	0,19	0,18	-0,02	-0,03	-0,12	-0,06	0,14	-0,14	0,17	0,05	-0,24	0,22
Ant	-0,02	-0,04	0,10		-0,17	0,17	0,15	0,08	-0,20	-0,28	-0,05	0,06	0,13	-0,07	-0,14	0,16	0,10	0,04	-0,21	0,01	0,00	0,06	0,13	-0,19
AP	0,34	-0,06	-0,12	0,01		-0,07	0,23	0,12	-0,02	-0,22	-0,15	0,03	-0,07	-0,09	0,00	0,11	0,17	0,08	0,04	-0,05	0,13	0,12	0,01	-0,09
Bac	0,24	-0,19	0,08	0,28	0,11		-0,01	0,10	0,10	0,08	-0,03	0,30	-0,02	-0,08	0,25	-0,19	-0,09	0,13	-0,05	0,26	-0,15	0,30	-0,02	0,04
CompFilo	-0,05	-0,02	-0,15	-0,11	0,17	-0,02		0,08	0,14	0,33	0,22	-0,04	0,04	0,25	0,12	0,02	-0,15	0,20	0,23	0,16	-0,10	-0,10	-0,13	-0,06
CompLob	0,17	0,27	0,05	0,13	0,18	0,22	-0,03		0,30	0,00	-0,41	-0,16	-0,12	-0,11	0,15	-0,09	0,10	0,02	0,17	0,10	-0,15	-0,03	-0,09	0,32
CompPec	0,02	0,03	0,17	0,09	0,12	0,16	-0,01	0,54		0,00	-0,01	0,00	-0,05	-0,21	-0,23	0,08	0,07	0,12	-0,16	0,17	0,07	-0,15	0,23	-0,24
CompRaiz	-0,04	0,04	0,15	0,01	0,11	0,17	0,19	0,01	0,18		-0,07	-0,03	-0,10	-0,06	-0,02	-0,09	0,23	-0,25	-0,15	0,04	-0,17	-0,02	0,12	-0,30
ConstRaiz	-0,01	-0,15	-0,11	-0,09	0,01	-0,05	-0,01	-0,33	-0,03	0,09		-0,09	-0,12	-0,19	0,03	-0,05	0,19	0,06	0,21	0,27	-0,16	-0,07	0,10	0,20
CorCCau	0,02	-0,03	-0,10	0,03	0,01	0,15	-0,10	-0,04	-0,01	-0,01	-0,04		-0,45	0,16	0,00	0,07	0,10	0,02	-0,11	-0,08	-0,14	-0,07	0,22	-0,03
CorCRaiz	-0,10	-0,06	0,20	0,11	-0,09	-0,13	0,04	-0,01	0,12	-0,08	0,00	-0,54		-0,30	0,19	-0,08	-0,06	0,08	0,09	0,07	-0,20	-0,02	0,15	-0,22
CorExCau	-0,06	0,11	-0,05	-0,03	-0,05	0,00	0,11	-0,02	-0,09	0,05	-0,14	0,42	-0,35		0,00	0,00	-0,07	0,17	-0,11	0,05	-0,04	0,13	0,03	-0,08
CorEpCau	-0,15	0,11	0,08	0,03	0,02	0,00	0,33	0,05	-0,02	0,07	-0,35	-0,17	0,21	0,06		0,16	-0,01	-0,02	-0,16	-0,13	0,19	0,08	0,08	-0,30
CorERaiz	-0,05	0,09	0,14	-0,02	0,03	-0,13	0,29	0,00	0,04	-0,07	-0,32	-0,20	0,15	-0,04	0,64		-0,01	-0,23	0,01	0,06	-0,08	0,12	-0,28	-0,02
CorFApi	0,08	-0,03	-0,01	0,07	0,15	0,12	-0,10	0,02	0,03	0,11	0,12	0,07	-0,11	-0,06	-0,17	-0,26		0,15	0,07	-0,12	0,19	0,19	-0,08	0,02
CorFDes	0,13	0,01	-0,16	0,03	0,14	0,08	0,04	0,01	-0,03	-0,19	-0,05	0,19	-0,18	0,19	-0,06	-0,08	0,08		-0,20	-0,22	0,06	-0,03	-0,13	0,07
CorNer	0,21	-0,06	0,06	-0,13	0,18	-0,06	0,12	-0,02	-0,02	0,05	0,22	-0,26	0,17	-0,25	0,02	0,10	0,05	-0,21		0,00	0,08	0,08	0,29	-0,19
CorPec	0,00	-0,27	-0,05	0,01	0,09	0,32	0,21	-0,06	0,07	0,14	0,23	-0,06	-0,07	-0,09	-0,04	-0,07	0,02	-0,19	0,16		0,27	0,42	-0,13	0,04
CorPRaiz	-0,06	0,16	0,15	-0,09	0,16	-0,10	-0,02	-0,04	0,13	-0,09	0,03	-0,17	0,18	-0,03	0,22	0,22	0,09	-0,08	0,15	0,06		0,07	0,29	-0,22
CorRTER	0,08	-0,16	0,02	0,18	0,19	0,39	-0,05	-0,05	0,04	0,03	0,17	-0,04	0,04	-0,10	-0,01	-0,10	0,23	-0,15	0,12	0,53	0,18		0,20	-0,01
DestCorRaiz	-0,17	-0,08	-0,02	-0,03	-0,04	0,01	-0,16	-0,01	0,17	-0,08	0,20	0,14	0,10	-0,02	-0,09	-0,21	0,09	-0,13	0,18	0,07	0,31	0,18		0,00
DestPelRaiz	-0,01	-0,03	-0,08	-0,07	-0,06	0,03	-0,21	0,08	-0,01	-0,15	0,20	0,24	-0,32	0,10	-0,31	-0,14	-0,03	0,20	-0,05	-0,06	-0,19	-0,13	0,21	

Suplemento 1. Cont...

	DiamRaiz	FLC	Flo	ForRaiz	HabRam	LargLob	MargEst	MS	NEstCom	NivRam	Nlob	PedRaiz	PosPed	PosRaiz	PPA	PUB	RelLob	RendRaizCom	RendRaizNCom	RetFol	Sin	TexERaiz	TipPl	Vig
A1R	0,06	-0,23	-0,14	-0,21	-0,22	0,06	-0,06	-0,10	0,19	0,02	0,12	0,01	-0,04	-0,13	-0,20	0,11	0,02	0,10	-0,07	0,07	0,12	0,00	-0,06	0,32
Aca	-0,10	-0,20	0,04	-0,18	-0,05	0,11	-0,23	0,16	0,09	0,10	0,37	-0,22	-0,17	-0,31	-0,33	-0,22	0,17	0,00	0,14	-0,15	-0,02	-0,34	-0,10	0,19
AngRam	-0,19	-0,02	0,06	-0,31	0,19	-0,03	-0,18	-0,07	-0,17	0,24	0,24	0,15	-0,09	-0,07	-0,25	-0,10	0,05	0,08	0,25	-0,06	0,18	0,15	0,01	0,11
Ant	0,25	0,02	0,13	-0,02	-0,16	0,15	0,09	0,17	0,23	-0,34	-0,19	-0,15	0,12	-0,10	0,27	0,03	0,11	-0,19	-0,23	0,12	-0,20	-0,18	-0,02	0,14
AP	0,23	-0,03	-0,15	0,20	-0,23	0,01	0,05	0,10	0,42	-0,18	-0,09	0,06	0,18	-0,09	0,00	-0,10	0,07	0,04	-0,24	-0,07	-0,19	-0,20	0,01	0,11
Bac	-0,17	0,27	0,01	0,15	-0,09	-0,07	0,08	-0,20	-0,16	-0,12	-0,07	-0,15	0,15	0,19	-0,09	0,26	0,01	0,54	0,07	0,07	0,19	0,16	0,28	0,01
CompFilo	-0,18	-0,10	0,03	-0,15	-0,10	-0,11	0,14	-0,18	-0,13	0,27	0,08	0,22	0,00	-0,21	-0,14	0,05	-0,08	0,00	0,35	-0,11	0,18	0,13	0,04	0,00
CompLob	0,18	-0,06	-0,27	0,09	0,10	0,50	0,00	0,09	-0,10	0,25	-0,03	-0,06	0,01	0,10	-0,11	0,05	0,51	0,06	-0,10	0,18	0,14	-0,04	-0,04	0,03
CompPec	0,24	-0,01	0,00	0,12	0,07	0,28	0,32	0,25	0,18	-0,02	-0,31	-0,15	-0,17	0,14	0,19	0,08	0,10	-0,29	-0,24	0,17	-0,10	-0,05	-0,02	-0,16
CompRaiz	0,34	0,13	-0,05	0,21	0,01	-0,09	0,04	0,18	0,32	-0,31	-0,31	-0,02	0,19	0,10	0,20	-0,01	-0,18	0,05	-0,34	-0,02	-0,22	-0,03	0,00	0,09
ConstRaiz	0,29	-0,04	-0,21	0,23	-0,05	0,24	0,07	-0,07	0,11	0,00	-0,05	0,09	0,02	0,16	-0,08	0,16	0,15	0,05	-0,19	0,38	0,10	-0,14	-0,17	0,15
CorCCau	0,24	-0,26	-0,07	0,10	0,16	0,07	-0,05	0,00	0,09	0,12	-0,14	0,10	-0,16	-0,11	-0,13	-0,11	0,06	-0,24	-0,06	-0,06	-0,16	-0,12	-0,12	-0,04
CorCRaiz	0,16	-0,14	-0,05	0,33	-0,05	0,08	0,05	-0,01	0,02	0,23	-0,33	0,08	-0,24	0,02	-0,09	0,13	0,01	-0,03	-0,23	0,05	0,01	-0,02	-0,11	-0,19
CorExCau	0,14	0,23	-0,09	0,38	-0,01	0,12	0,15	0,19	-0,10	-0,03	-0,36	0,00	-0,07	0,13	0,16	0,12	0,13	-0,06	-0,22	0,06	-0,05	-0,11	-0,06	-0,06
CorEpCau	0,10	0,13	0,14	-0,01	0,14	-0,04	0,11	0,24	0,04	-0,06	-0,11	0,10	0,14	0,10	0,40	-0,09	-0,06	-0,37	-0,04	-0,02	-0,23	0,10	0,10	-0,11
CorERaiz	-0,11	0,06	0,08	0,16	0,18	-0,05	-0,02	-0,21	0,02	0,05	-0,25	0,14	0,08	0,52	0,09	0,19	-0,08	0,11	-0,05	0,04	0,05	0,84	0,14	-0,12
CorFApi	-0,25	0,11	0,23	-0,13	-0,09	-0,10	0,01	0,06	-0,18	0,00	0,08	-0,03	-0,02	-0,08	-0,02	0,02	-0,03	0,06	0,25	-0,09	0,16	-0,03	0,01	-0,09
CorFDes	-0,01	-0,03	0,08	-0,03	0,18	-0,22	-0,17	0,00	0,09	-0,12	0,08	-0,01	-0,01	0,09	0,03	-0,15	-0,17	0,04	-0,02	-0,07	-0,17	0,21	-0,08	-0,05
CorNer	0,08	0,15	0,24	0,04	0,32	-0,17	-0,16	0,04	0,16	-0,30	-0,20	-0,10	0,12	0,14	0,10	0,10	-0,10	-0,09	-0,19	-0,18	-0,33	0,04	0,18	0,04
CorPec	-0,12	-0,06	-0,09	-0,09	0,15	-0,14	-0,11	0,23	-0,06	-0,10	0,19	0,07	0,05	-0,15	0,04	-0,34	-0,06	-0,11	0,09	-0,35	-0,19	-0,01	-0,01	0,01
CorPRaiz	0,19	0,11	-0,17	0,30	-0,02	0,00	0,04	-0,34	-0,17	0,07	-0,25	0,09	-0,12	0,12	0,02	0,18	-0,05	0,23	-0,01	0,19	0,14	0,14	-0,11	0,06
CorRTer	0,00	-0,22	0,00	-0,27	-0,12	0,05	0,10	0,02	0,29	0,20	0,16	-0,01	-0,21	-0,08	-0,15	0,06	-0,13	-0,19	-0,13	0,20	0,01	-0,17	-0,11	-0
DestCorRaiz	-0,12	-0,02	-0,03	0,00	-0,08	0,04	-0,06	0,01	-0,12	0,14	0,06	-0,04	0,03	0,04	-0,04	-0,10	0,14	0,01	0,17	-0,05	0,14	0,22	0,00	-0
DestPelRaiz	0,11	0,12	0,01	0,19	0,09	-0,26	0,20	0,02	0,14	-0,16	-0,44	0,12	0,01	0,06	0,38	0,15	-0,31	-0,16	-0,21	-0,05	-0,26	0,12	0,12	-0,23

Suplemento 1. Cont...

	AIR	Aca	AngRam	Ant	AP	Bac	CompFilo	CompLob	CompPec	CompRaiz	ConstRaiz	CorCCau	CorCRaiz	CorExCau	CorEpCau	CorERaiz	CorFApi	CorFDes	CorNer	CorPec	CorPRaiz	CorRTer	DestCorRaiz	DestPelRaiz
DiamRaiz	0,02	0,02	0,00	0,02	0,23	-0,05	0,02	0,01	0,13	0,26	0,17	0,07	0,01	0,01	0,08	-0,03	0,00	0,08	0,06	-0,10	0,19	-0,04	0,07	0,01
FLC	-0,24	-0,01	0,18	-0,04	-0,09	-0,03	0,03	0,00	-0,03	0,07	-0,09	-0,02	-0,06	0,21	0,22	0,09	0,02	-0,05	0,06	-0,09	0,11	-0,11	0,05	0,02
Flo	-0,23	0,09	0,20	0,14	-0,14	-0,08	0,13	0,01	0,04	0,06	-0,24	-0,17	0,29	-0,02	0,38	0,30	0,07	-0,07	0,10	-0,28	0,00	-0,12	-0,06	-0,18
ForRaiz	-0,18	0,13	-0,17	-0,18	0,11	-0,19	0,04	-0,03	0,11	0,01	0,19	0,04	0,15	0,16	0,04	0,06	-0,10	0,05	-0,07	-0,11	0,25	-0,14	0,19	0,04
HabRam	-0,23	0,06	0,21	-0,13	-0,25	-0,16	0,04	0,11	0,14	-0,01	-0,06	0,08	-0,06	0,05	0,09	0,13	-0,14	0,04	0,11	-0,02	-0,02	-0,20	-0,04	0,18
LargLob	0,08	0,05	0,01	0,17	-0,03	0,05	-0,11	0,21	0,34	0,13	0,05	-0,09	0,13	-0,19	-0,09	0,00	-0,02	-0,16	-0,08	0,03	0,00	0,15	-0,05	-0,07
MargEst	-0,03	-0,17	-0,03	-0,01	0,06	0,14	0,26	0,02	0,17	0,03	0,02	0,06	-0,07	0,09	0,08	0,05	0,00	0,02	-0,03	0,15	-0,05	0,11	-0,03	0,08
MS	-0,09	0,12	0,09	0,12	-0,08	0,10	0,04	0,16	0,14	0,30	-0,15	-0,03	-0,03	0,15	0,13	-0,04	0,12	-0,03	-0,09	0,08	-0,19	-0,05	-0,05	-0,13
NEstCom	0,29	0,04	-0,10	0,08	0,55	0,11	0,13	0,08	0,15	0,24	0,10	-0,07	-0,04	-0,14	0,09	0,19	0,03	0,12	0,15	0,00	0,07	0,17	-0,10	0,04
NivRam	-0,22	0,17	0,17	-0,14	-0,06	-0,17	0,26	0,15	0,02	-0,13	-0,30	-0,15	0,25	0,04	0,42	0,32	-0,09	-0,08	-0,07	-0,20	0,19	-0,12	0,04	-0,20
Nlob	0,09	0,13	-0,18	-0,13	0,10	-0,04	-0,12	-0,06	-0,16	-0,13	0,16	-0,10	-0,13	-0,14	-0,07	-0,12	-0,01	0,12	-0,02	0,12	-0,01	0,18	-0,09	-0,11
PedRaiz	0,02	-0,19	0,10	-0,10	0,19	-0,10	0,25	-0,13	-0,08	0,06	0,15	-0,04	0,08	0,05	0,15	0,16	-0,04	-0,05	0,00	0,05	0,10	0,01	-0,08	-0,04
PosPed	-0,15	-0,13	-0,02	0,01	-0,01	-0,02	0,27	0,00	-0,14	0,11	-0,11	-0,05	-0,01	-0,04	0,24	0,14	-0,06	-0,12	0,00	0,04	-0,18	-0,11	-0,06	-0,09
PosRaiz	-0,01	0,02	-0,05	-0,06	0,03	0,01	-0,17	-0,02	0,07	-0,04	0,09	-0,08	0,03	-0,02	0,09	0,12	-0,01	-0,03	0,05	0,02	0,07	0,14	0,04	-0,12
PPA	0,06	-0,04	-0,10	0,15	0,24	0,10	0,03	0,09	0,05	0,19	-0,08	-0,11	-0,09	-0,04	0,21	0,15	-0,04	0,16	-0,04	-0,02	0,00	-0,03	-0,12	0,16
PUB	0,22	-0,02	0,02	0,07	-0,05	0,15	-0,08	0,10	0,09	-0,12	0,14	-0,14	0,14	-0,09	-0,20	-0,10	0,15	-0,05	0,11	-0,10	0,02	0,12	-0,02	0,05
RelLob	0,01	0,14	0,06	-0,02	0,11	0,00	0,04	0,27	-0,02	-0,21	-0,23	0,06	-0,05	0,17	0,13	0,08	-0,02	0,10	0,05	-0,15	0,01	-0,20	0,06	0,00
RendRaizCom	0,31	-0,03	0,03	0,14	0,33	0,42	-0,04	0,17	0,08	0,28	-0,02	-0,16	-0,02	-0,14	-0,08	-0,03	0,12	0,14	0,01	0,00	0,03	0,07	-0,16	0,03
RendRaizNCom	-0,15	0,09	-0,03	-0,16	-0,05	-0,06	0,25	-0,14	-0,09	0,02	-0,06	0,10	-0,12	0,01	0,05	0,00	0,12	0,04	-0,12	0,01	0,05	-0,07	0,03	-0,04
RetFol	-0,03	-0,09	0,10	0,14	-0,05	0,04	-0,20	0,03	0,13	0,00	0,22	-0,02	0,09	0,01	-0,01	-0,03	-0,01	0,00	-0,08	-0,11	0,12	0,07	0,09	0,04
Sin	-0,04	-0,02	0,09	-0,08	-0,08	-0,07	0,06	-0,04	0,06	0,00	0,10	-0,10	0,21	-0,06	-0,06	-0,03	0,12	-0,13	-0,10	-0,15	0,15	-0,04	0,10	-0,11
TexERaiz	-0,02	-0,03	0,17	-0,06	-0,02	-0,08	0,30	-0,02	0,02	-0,08	-0,34	-0,19	0,13	-0,07	0,58	0,87	-0,27	0,01	0,09	-0,03	0,21	-0,15	-0,10	-
TipPI	0,10	-0,03	-0,02	0,04	0,07	0,22	0,07	0,01	-0,12	0,04	-0,16	0,01	-0,09	-0,08	0,07	0,01	-0,02	-0,09	0,07	0,06	-0,15	0,02	-0,07	-
Vig	0,28	0,13	0,08	0,03	0,11	0,01	0,12	-0,02	-0,09	0,17	-0,01	-0,02	-0,13	0,05	0,04	0,03	-0,03	-0,05	0,15	0,04	-0,01	-0,07	-0,17	-0,11

Suplemento 1. Cont...

	DiamRaiz	FLC	Flo	ForRaiz	HabRam	LargLob	MargEst	MS	NEstCom	NivRam	Nlob	PedRaiz	PosPed	PosRaiz	PPA	PUB	RelLob	RendRaizCom	RendRaizNCom	RetFol	Sin	TexERaiz	TipPI	Vig
DiamRaiz		0,15	0,24	-0,17	-0,03	-0,28	-0,12	-0,16	-0,15	0,05	0,34	0,05	-0,04	-0,02	-0,05	-0,07	-0,23	0,18	0,35	-0,08	0,15	0,15	0,09	-0,11
FLC	0,14		-0,05	-0,21	-0,03	0,06	-0,09	0,01	0,19	0,27	0,10	0,05	-0,18	-0,20	-0,21	-0,09	0,08	-0,24	-0,04	0,03	-0,11	-0,10	-0,17	-0,01
Flo	0,10	0,16		0,13	0,07	0,16	0,14	0,20	0,07	0,33	-0,15	-0,02	0,00	0,04	-0,08	0,08	0,13	0,08	-0,21	0,02	0,09	-0,12	0,02	-0,02
ForRaiz	0,18	-0,06	0,05		-0,04	-0,07	-0,10	0,07	0,13	0,11	0,48	-0,04	-0,11	-0,23	-0,18	-0,18	-0,08	-0,11	0,15	0,03	0,20	-0,08	-0,03	-0,02
HabRam	-0,03	0,12	0,17	0,04		0,07	0,25	-0,07	0,03	-0,05	0,14	-0,08	-0,02	-0,40	0,05	-0,01	0,06	-0,02	0,08	0,13	0,14	-0,19	-0,24	0,08
LargLob	-0,06	-0,21	-0,08	-0,05	-0,03		-0,23	-0,18	0,07	-0,14	0,01	0,19	0,06	-0,04	0,01	0,06	-0,83	0,09	0,04	-0,27	-0,17	0,13	0,06	-0,13
MargEst	-0,04	0,02	0,11	-0,02	0,24	-0,21		-0,17	0,03	0,02	0,17	0,00	-0,03	0,00	-0,20	-0,02	-0,08	0,09	0,03	-0,21	-0,08	0,01	-0,08	0,24
MS	-0,03	-0,02	0,19	-0,01	-0,05	-0,02	-0,10		-0,27	-0,10	0,07	0,13	0,07	0,12	-0,09	0,14	-0,11	0,33	0,31	0,14	0,17	0,24	-0,05	0,23
NEstCom	0,28	-0,05	0,03	0,16	-0,02	0,07	0,09	-0,14		0,03	0,11	0,06	-0,04	0,07	0,20	0,00	0,14	0,26	0,43	0,00	0,28	0,11	-0,04	0,01
NivRam	0,06	0,27	0,49	0,12	0,13	-0,24	0,12	-0,03	0,01		-0,02	-0,04	0,38	0,03	0,27	-0,05	0,00	0,07	0,04	-0,07	-0,10	-0,05	0,03	0,21
Nlob	0,16	-0,07	-0,18	0,20	-0,06	-0,13	0,04	-0,10	0,17	-0,03		0,00	-0,01	0,36	0,35	0,30	-0,01	-0,14	-0,35	0,01	-0,22	0,19	0,10	-0,15
PedRaiz	0,09	0,07	0,03	0,04	-0,05	-0,05	0,02	0,03	0,15	0,08	-0,08		-0,01	-0,03	-0,04	0,02	0,22	0,09	-0,02	0,16	0,08	-0,15	-0,01	0,05
PosPed	-0,11	0,05	0,18	-0,10	0,06	0,02	-0,02	0,07	-0,14	0,26	-0,21	0,05		-0,23	-0,16	-0,16	-0,05	-0,15	-0,09	0,06	0,07	-0,07	-0,17	-0,22
PosRaiz	0,05	-0,03	-0,01	0,03	-0,34	-0,07	0,02	0,01	0,02	-0,02	0,27	-0,03	-0,23		-0,18	-0,29	0,01	-0,16	0,09	-0,15	-0,06	-0,47	-0,17	0,06
PPA	0,22	-0,05	0,09	0,02	0,10	-0,01	0,06	-0,01	0,54	0,14	0,19	0,06	-0,06	-0,08		-0,09	0,04	0,42	0,02	-0,06	0,13	-0,15	-0,07	0,13
PUB	-0,05	-0,07	0,03	-0,06	0,04	0,13	0,07	-0,02	0,09	-0,11	0,12	0,01	-0,23	-0,09	0,00		0,09	-0,05	0,12	-0,18	0,03	-0,17	-0,25	-0,03
RelLob	-0,04	0,22	0,15	0,00	0,08	-0,73	0,15	0,01	0,02	0,34	0,09	0,06	-0,06	0,06	0,06	0,00		0,00	-0,08	-0,17	-0,18	0,14	0,05	-0,17
RendRaizCom	0,19	-0,18	0,04	-0,11	-0,10	0,14	0,00	0,13	0,49	-0,06	0,03	0,09	-0,13	-0,12	0,57	0,17	-0,04		-0,14	-0,01	-0,27	-0,09	-0,09	-0,19
RendRaizNCom	0,15	0,01	-0,03	0,06	0,02	0,02	-0,06	0,13	0,14	0,08	-0,09	0,04	-0,04	-0,07	-0,02	-0,03	-0,13	-0,02		-0,06	-0,17	-0,06	0,11	-0,16
RetFol	0,05	0,04	-0,03	0,12	0,01	0,01	-0,15	0,10	-0,08	-0,09	-0,09	0,14	0,01	-0,05	-0,09	-0,05	-0,04	-0,01	-0,19		-0,17	0,02	0,08	-0,04
Sin	0,07	-0,09	0,15	0,27	0,06	0,04	-0,05	0,02	0,05	0,12	-0,12	0,10	0,04	-0,12	-0,06	0,14	-0,10	-0,07	0,10	0,02		-0,08	0,04	-0,05
TexERaiz	-0,02	0,10	0,20	0,02	0,14	-0,05	0,05	0,03	0,10	0,26	-0,11	0,11	0,16	-0,07	0,10	-0,12	0,09	-0,03	0,02	-0,01	-0,05		-0,18	0,14
TipPI	-0,01	-0,08	-0,01	-0,11	-0,25	-0,04	-0,10	0,03	-0,04	-0,04	-0,02	-0,04	0,01	0,04	-0,03	-0,22	0,00	0,00	0,09	-0,03	-0,06	0,00		0,17
Vig	-0,06	-0,02	0,01	-0,12	-0,02	-0,16	0,16	0,18	0,03	0,05	0,00	0,02	-0,09	0,02	0,02	-0,09	0,07	0,02	-0,10	-0,06	-0,05	0,05	0,18	

CAPÍTULO II

CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA COM BASE EM DADOS QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS²

² O artigo será submetido ao comitê editorial do periódico científico Genetics and Molecular Research

Classificação de genótipos de mandioca com base em dados qualitativos e quantitativos

Resumo – O objetivo deste trabalho foi avaliar a variação genética de acessos de mandioca com base em características qualitativas (binomial e multicategórica) e quantitativas (contínuas). Foram caracterizados e avaliados 95 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura para 13 características contínuas, 10 binárias e 25 multicategóricas. Inicialmente as análises foram realizadas apenas para as características quantitativas (CQ) e no segundo momento a análise conjunta (CQQ) (qualitativas e quantitativas), com base no método Ward-MLM que realiza o agrupamento em dois estágios. De acordo com os critérios do *pseudo-F*, *pseudo-t²* e máxima verossimilhança, foram identificados cinco e quatro grupos nas análises CQ e CQQ, respectivamente. O menor número de grupos identificados na análise conjunta dos dados pode estar relacionado à natureza dos dados, considerando que os dados quantitativos estão mais sujeitos à interferência ambiental na expressão do fenótipo e com isso, resulta em diferenças não genéticas que contribuem para maior diferenciação dos acessos. A probabilidade máxima de classificação dos acessos dentro de cada grupo foi superior a 0,90 para a maioria dos acessos, independente das características analisadas, indicando um bom ajuste do agrupamento. Diferenças nos agrupamentos em função do tipo de dado indicam que as características quantitativas e qualitativas analisadas no germoplasma de mandioca analisam diferentes regiões genômicas. Entretanto, a média e a variação das distâncias genéticas foram elevadas quando os dados foram analisados conjuntamente, o que indica que o procedimento Ward-MLM é uma técnica muito útil para agrupar genótipos quando se dispõe de diferentes informações fenotípicas, como é o caso de recursos genéticos e programas de melhoramento.

Termos para indexação: *Manihot esculenta* Crantz; recursos genéticos; Ward-MLM; uso; melhoramento.

Classifying cassava genotypes based on qualitative and quantitative data

Abstract – The objective of this study was to evaluate the genetic variation of cassava accessions based on quality (binomial and multicategorical) and quantitative traits (continuous). 95 accessions from the Cassava Germplasm Bank of Embrapa Cassava and Fruits were characterized and evaluated for 13 continuous, 10 binary and 25 multicategorical traits. Initially analyzes were performed using only quantitative traits (QT) and in the second time the joint analysis (JA) (qualitative and quantitative), based on the Ward-MLM method that performs clustering in two stages. According to the *pseudo-F*, *pseudo-t²* and maximum likelihood criteria, five and four groups were identified based on QT and JA analysis, respectively. The smaller number of groups identified on the JA may be related to the nature of the data, whereas quantitative data are more subject to environmental effects in the phenotype expression, resulting in no genetic differences that contribute to greater differentiation among accessions. The maximum probability of classification was greater than 0.90 for most of the accessions, independent of the trait analyzed, indicating a good fit of the clustering method. Differences in clustering according to the type of data indicate that quantitative and qualitative traits analyzed in cassava germplasm may explore different genomic regions. However, the mean and the range of genetic distances were high when the joint analysis were used, which indicates that the Ward-MLM method is very useful for clustering genotypes when there are several phenotypic traits, such as the case of genetic resources and breeding programs.

Index terms: *Manihot esculenta* Crantz, genetic resources; Ward-MLM; use; breeding.

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma espécie nativa da região amazônica brasileira, porém, atualmente é amplamente cultivada em diversos países, sendo alimento básico para mais de 500 milhões de pessoas. A espécie pertencente à família Euphorbiaceae, com centenas de variedades locais descritas por taxonomistas, botânicos e melhoristas (Rival e McKey, 2008). A ampla variabilidade genética observada na cultura da mandioca é o resultado do sistema de reprodução sexuado por alogamia, acompanhado da multiplicação clonal das plantas, o que conduz a um elevado grau de heterozigosidade entre as variedades cultivadas pelos agricultores.

Embora exista uma grande diversidade genética relatada na cultura da mandioca, a tendência global de diminuição da variabilidade em muitos sistemas de produção, em função da substituição de variedades locais por variedades modernas (Willemen et al., 2007), gera preocupações em relação ao uso e conservação deste patrimônio genético. Por outro lado, a manutenção da variabilidade é fundamental para a obtenção de progresso genético em programas de melhoramento ao longo dos ciclos de recombinação e seleção.

O conhecimento das relações genéticas existentes entre acessos de germoplasma é um componente importante nos programas de melhoramento, pois fornece informações sobre a diversidade genética disponível para gerar novas combinações alélicas em populações segregantes. A avaliação precisa dos níveis e padrões de diversidade genética são de extrema importância para: (i) organizar e hierarquizar a variabilidade genética de acordo com caracteres fenotípicos específicos, (ii) identificar as melhores combinações parentais para maximizar os ganhos em populações segregantes para posterior seleção, e (iii) introgressão de genes desejáveis oriundo de germoplasma exótico no background genético utilizado no sistema de produção da mandioca. Portanto, toda e qualquer estratégia de avaliação e caracterização do germoplasma constitui-se em uma forte ferramenta para indução no aumento do uso dos recursos genéticos de mandioca.

De modo geral, o estudo da diversidade genética é o processo pelo qual a variação entre indivíduos, grupos de indivíduos ou populações é analisado por

métodos específicos ou por uma combinação deles. Geralmente, os dados fenotípicos disponíveis são relacionados à caracterização e avaliação de descritores qualitativos e quantitativos. Porém, a escolha da estratégia de detecção e agrupamento da diversidade genética depende do status do banco de germoplasma, do objetivo do trabalho, do nível de resolução necessário e dos recursos e infraestrutura disponíveis.

Na cultura da mandioca, os principais tipos de informações utilizados na descrição da variabilidade genética têm sido dados de pedigree e marcadores moleculares microssatélites (Pariyo et al., 2013), dados morfológicos e microssatélites (Asare et al., 2011; Mezette et al., 2013), marcadores bioquímicos (Lefèvre e Charrier, 1993) e dados morfo-agronômicos (Kawuki et al., 2011; Muluaem et al., 2013). Contudo, nestes trabalhos a integração entre os diferentes tipos de informações não foi realizada para uma avaliação mais global da variação genética existente. Isto é de extrema importância, pois cada conjunto de dados fornece diferentes tipos de informações. Assim, dada a necessidade da compreensão completa do germoplasma de mandioca, considera-se importante mensurar a diversidade genética baseada em dados morfológicos e agronômicos (variáveis com distribuição contínua, discreta, ordinal, binomial e multicategórica) de forma conjunta, em uma única análise, com o intuito de obter uma imagem clara da diversidade real disponível.

Um dos primeiros trabalhos que propuseram a integração de dados com diferentes categorias foi proposto por Lawrence e Krzanowski (1996), cujo procedimento foi designado *Location Model* (LM). Este método classifica n indivíduos para p variáveis quantitativas e q variáveis qualitativas. O LM combina níveis de todas as variáveis qualitativas em única variável multinomial, W , com m níveis. Contudo, o uso da estratégia LM em dados reais apresenta problemas, pois a estratégia de agrupamento de Ward (1963), implementada no método LM, agrupa as observações em g grupos, e alguns deles não têm valor para a variável polinomial W , ou seja, a combinação de m níveis polinomiais com g subpopulações produz $m \times g$ células, sendo muitas delas vazias (Crossa e Franco, 2004).

Em função dos problemas inerentes ao modelo LM, Franco et al. (1998) o modificaram e propuseram o *Modified Location Model* (MLM), assumindo que m

níveis da variável W e variáveis p -multinormais são independentes para cada sub-população. A estratégia MLM inclui duas etapas; na primeira, os grupos são definidos usando o método de agrupamento da mínima variância entre grupos proposto por Ward (1963) a partir da matriz de distância de Gower (1971), sendo denominada de estratégia Ward-MLM. Na segunda etapa, aplica-se o procedimento MLM, que estima a média do vetor das variáveis quantitativas para cada sub-população independente dos valores W . Por determinar a probabilidade que cada acesso tem de ser alocado em um grupo específico, esta abordagem estatística permite a definição do número ótimo de grupos e o cálculo de uma medida dos grupos com alta precisão (Franco et al, 1998).

Atualmente diversos trabalhos vêm sendo desenvolvidos com o uso do procedimento Ward-MLM para quantificar a variabilidade, por meio de variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente, a exemplo das culturas do milho (Franco et al., 2005; Ortiz et al., 2008), tomate (Gonçalves et al., 2009), feijão (Barbé et al., 2010; Cabral et al., 2010) e pimenta/pimentão (Sudré et al., 2010).

Considerando que não existem relatos do uso desta estratégia na cultura da mandioca, os principais objetivos deste estudo foram: (i) determinar a extensão em que a diversidade pode ser melhor compreendida com base na análise conjunta dos dados qualitativos (morfológicos) e quantitativos (agronômicos), (ii) verificar se uma análise conjunta da diversidade pode ajudar na discriminação de acessos de mandioca, e (iii) verificar se uma análise conjunta da diversidade fenotípica (qualitativos e quantitativos) pode revelar novos padrões de agrupamento. Os resultados obtidos foram discutidos em função dos interesses dos curadores de germoplasma e melhoristas, com foco na pesquisa voltada para a conservação e uso dos recursos genéticos de mandioca.

MATERIAL E MÉTODOS

Material vegetal

Foram caracterizados 95 acessos de mandioca germoplasma pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, Brasil), procedentes de vários ecossistemas do Brasil, bem como da Colômbia, Venezuela e Nigéria nos anos de 2011 a 2013. Este banco é formado por variedades locais e melhoradas

resultante de procedimentos convencionais de melhoramento, tais como cruzamento e seleção, bem como pela seleção de variedades locais de alto potencial produtivo identificadas por agricultores ou instituições de pesquisa.

O plantio foi realizado no início do período das chuvas na região (maio a julho) utilizando manivas de 15 a 20 cm em fileiras simples. O espaçamento utilizado foi de 0,90m entre linhas e 0,80m entre plantas e os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações da cultura. A colheita foi realizada entre 11 e 12 meses após o plantio.

Características avaliadas

Foram avaliados 51 descritores, classificados em 13 descritores mínimos, 13 principais, 10 secundários e 15 agronômicos preliminares de acordo com Fukuda et al. (2010) (Tabela 1). Além disso, os descritores foram agrupados em qualitativos binários (10) e multicategóricos (25) e quantitativos (13). Todos os dados foram avaliados de acordo com o manual de descritores da mandioca (Fukuda et al., 2010), à exceção da resistência a doenças, ácaro e retenção foliar.

As avaliações da severidade da antracnose (*Colletotrichum gloesporioides*) e bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* p.v. *manihotis*) foram realizadas sob condição de campo, sendo que os sintomas foram observados aos 10 meses após plantio. Para bacteriose utilizou-se a seguinte escala de notas: 0 = sem sintomas; 1 = sintomas apenas nas folhas - mancha angular; 2 = presença de lesões necróticas na haste ou pecíolo; 3 = sintomas mais severos nas folhas e/ou presença de lesões necróticas com exsudação de goma; 4 = perda total de folhas com morte apical ou morte da planta, enquanto para antracnose utilizou-se a escala: 0 = sem sintomas de antracnose; 1 = presença de pequenos cancrs ou antigos na metade inferior da planta; 2 = presença de cancrs profundos na metade superior da planta; 3 = presença de cancrs profundos com esporulação, distorção ou murcha nas folhas novas e secamento do ápice; 4 = morte apical ou morte da planta.

Tabela 1. Lista de descritores utilizados para a caracterização e avaliação do germoplasma de *Manihot esculenta* Crantz. com os respectivos números de categorias definidos no manual de descritores (K1 – Fukuda et al., 2010), código de cada descritor e tipo de variável.

	Descritores	K1	Código	Tipo¹
Descritores mínimos	Cor da folha apical	3	<i>CorFApi</i>	<i>Mult</i>
	Pubescência do broto apical	2	<i>PUB</i>	<i>Bin</i>
	Forma lóbulo central da folha	4	<i>FLC</i>	<i>Mult</i>
	Cor do pecíolo	5	<i>CorPec</i>	<i>Mult</i>
	Cor do córtex do caule	3	<i>CorCCau</i>	<i>Mult</i>
	Cor externa do caule	6	<i>CorExCau</i>	<i>Mult</i>
	Comprimento da filotaxia	3	<i>CompFilo</i>	<i>Mult</i>
	Presença de pedúnculo nas raízes	3	<i>PedRaiz</i>	<i>Mult</i>
	Cor externa das raízes	4	<i>CorERaiz</i>	<i>Mult</i>
	Cor do córtex das raízes	4	<i>CorCRaiz</i>	<i>Mult</i>
	Cor da polpa da raiz	3	<i>CorPRAiz</i>	<i>Mult</i>
	Textura da epiderme da raiz	2	<i>TexERaiz</i>	<i>Bin</i>
	Floração	2	<i>Flo</i>	<i>Bin</i>
Descritores principais	Cor da folha desenvolvida	2	<i>CorFDes</i>	<i>Bin</i>
	Número de lóbulos	4	<i>Nlob</i>	<i>Mult</i>
	Comprimento do lóbulo	6	<i>CompLob</i>	<i>Quant</i>
	Largura do lóbulo	7	<i>LargLob</i>	<i>Quant</i>
	Relação comprimento/largura do lóbulo	5	<i>RelLob</i>	<i>Quant</i>
	Comprimento do pecíolo	7	<i>CompPec</i>	<i>Quant</i>
	Cor da epiderme do caule	3	<i>CorEpCau</i>	<i>Mult</i>
	Cor dos ramos terminais das plantas adultas	2	<i>CorRTER</i>	<i>Bin</i>
	Altura da planta	4	<i>AP</i>	<i>Quant</i>
	Altura da primeira ramificação	7	<i>A1R</i>	<i>Quant</i>
	Níveis de ramificação	4	<i>NivRam</i>	<i>Mult</i>
Constrições da raiz	3	<i>ConstRaiz</i>	<i>Mult</i>	

Tabela 1. Cont...

	Descritores	K1	Código	Tipo
	Cor da nervura	4	<i>CorNer</i>	<i>Mult</i>
	Posição do pedúnculo	3	<i>PosPed</i>	<i>Mult</i>
	Margem das estípulas	2	<i>MargEst</i>	<i>Bin</i>
Descritores secundários	Hábito de ramificação	3	<i>HabRam</i>	<i>Mult</i>
	Ângulo da ramificação	5	<i>AngRam</i>	<i>Mult</i>
	Sinuosidade do lóbulo foliar	2	<i>Sin</i>	<i>Bin</i>
	Forma da raiz	4	<i>ForRaiz</i>	<i>Mult</i>
	Tipo de planta	4	<i>TipPl</i>	<i>Mult</i>
	Vigor inicial	3	<i>Vig</i>	<i>Mult</i>
	Peso total da parte aérea	7	<i>PPA</i>	<i>Quant</i>
	Número de estacas comerciais por planta	7	<i>NEstCom</i>	<i>Quant</i>
	Comprimento médio da raiz	7	<i>CompRaiz</i>	<i>Quant</i>
	Diâmetro médio da raiz	7	<i>DiamRaiz</i>	<i>Quant</i>
	Destaque da película da raiz	2	<i>DestPelRaiz</i>	<i>Bin</i>
Descritores agronômicos preliminares	Destaque do córtex da raiz	2	<i>DestCorRaiz</i>	<i>Bin</i>
	Posição das raízes	2	<i>PosRaiz</i>	<i>Bin</i>
	Rendimento de raízes comerciais	7	<i>RendRaizCom</i>	<i>Quant</i>
	Rendimento de raízes não comerciais	7	<i>RendRaizNCom</i>	<i>Quant</i>
	Teor de matéria seca na raiz	7	<i>MS</i>	<i>Quant</i>
	Resistência à bacteriose	5	<i>Bac</i>	<i>Mult</i>
	Resistência à antracnose	5	<i>Ant</i>	<i>Mult</i>
	Tolerância a ácaros	4	<i>Aca</i>	<i>Mult</i>
	Retenção foliar	3	<i>RetFol</i>	<i>Mult</i>

¹: Bin = variável binária, Mult = variável multicategórica e Quant = variável quantitativa.

Em relação à tolerância a ácaros, foi utilizada uma escala de notas variando de 1 a 4, na qual 1 = ausência de danos ou presença de poucas pontuações branco-amarelas até a base das folhas do broto apical; 2 = presença de pontuações amarelas moderadas em poucas folhas; 3 = presença de pontuações abundantes nas folhas do terço médio e deformação do broto apical; 4 = presença de severa deformação das folhas do broto apical, folhas com

aparência esbranquiçada, desfolha, e presença de brotos apicais retorcidos ou mortos.

Para retenção foliar utilizou-se a seguinte escala de notas: 1 = baixa retenção foliar, situada apenas no ápice da planta; 2 = retenção foliar mediana, com folhas sendo distribuídas até 15% do volume da copa da planta; 3 = alta retenção foliar, com folhas sendo distribuídas em mais de 15% do volume da copa da planta.

Análise dos dados

Foram utilizadas duas estratégias. Na primeira delas foi considerado apenas o uso das variáveis quantitativas e a segunda os dados qualitativos (binários e multicategóricos) e quantitativos simultaneamente. Em ambos os casos utilizou-se o método Ward-MLM.

Inicialmente foram definidos os grupos de similaridade com base no método de agrupamento Ward (Ward, 1963), utilizando-se a matriz de dissimilaridade de Gower (Gower, 1971). Em seguida, o procedimento MLM foi utilizado para estimar a média do vetor da variável quantitativa para cada subgrupo, independente dos valores de W . Em uma etapa posterior, os dados quantitativos e qualitativos foram analisados simultaneamente, utilizando-se o procedimento Ward-MLM para a formação dos grupos de genótipos por meio dos procedimentos CLUSTER e IML do programa SAS (SAS Institute, 2011).

O número ideal de grupos foi definido com base na função logarítmica da probabilidade Log-likelihood, de acordo com os critérios do *pseudo-F* e do *pseudo-t²*, combinados com o perfil da verossimilhança e associado ao teste da razão da verossimilhança. A diferença entre os grupos e a correlação dos dados com a variável canônica foi representada graficamente, utilizando-se o procedimento CANDISC do programa SAS (SAS Institute, 2011).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Variáveis quantitativas

De acordo com os critérios estabelecidos para o *pseudo-F* e do *pseudo-t²*, associados ao incremento da verossimilhança em função do aumento no número de agrupamentos, o número ideal de grupos para representar a variabilidade

genética detectada pelos dados quantitativos foi 5, com valor máximo absoluto de 40,48 (Tabela 2). A indicação do número de grupos é um aspecto inovador do procedimento Ward-MLM em relação aos métodos hierárquicos, o que faz com que a formação de grupos seja feita de maneira mais precisa e menos subjetiva.

Tabela 2. Número de grupos formados a partir da estratégia Ward-MLM com base na função de probabilidade logarítmica (log-verossimilhança) e seu incremento em função dos grupos, utilizando dados quantitativos.

Número de grupos	Log-verossimilhança	Incremento
1	-2599,27	0,00
2	-2583,54	15,74
3	-2558,89	24,64
4	-2539,22	19,67
5	-2498,74	40,48*
6	-2488,31	10,43
7	-2476,18	12,14
8	-2457,95	18,23
9	-2434,01	23,93
10	-2424,96	9,05

O número de acessos por grupo variou de quatro no Grupo 5 a 47 no Grupo 2 (Tabela 3). De modo geral, os agrupamentos foram bastante consistentes em função das probabilidades máximas de alocação dos acessos cujos valores variaram de 0,58 a 1,00 (Tabela 3). Embora esta variação seja relativamente alta, seis acessos apresentaram probabilidade máxima de alocação menor que 0,90, i.e., acessos BGM1153, BGM0116 e BGM1681, no Grupo 1 (0,58, 0,65 e 0,69, respectivamente) e acessos BGM1198, BGM1490 e BGM1549, ambos alocados no Grupo 2 (0,61, 0,82 e 0,84, respectivamente). De fato, Franco et al. (1998) demonstraram em vários exemplos práticos que o emprego do método MLM conduz a médias de probabilidade máxima de classificação acima de 0,90 para a maioria dos indivíduos, e que a percentagem de indivíduos classificadas com uma probabilidade menor que 0,50 foi de menos de 5%.

O Grupo 1, composto por 28 acessos de germoplasma, caracterizou-se por apresentar uma grande amplitude para os descritores A1R, AP, CompPec, CompRaiz, NEstCom e PPA (Figura 1). Porém, de modo geral, as principais características deste grupo foram a maior altura da primeira ramificação, altura da planta, comprimento e largura de raízes, largura do lóbulo da folha, número de estacas comerciais e maior rendimento de raízes comerciais.

Tabela 3. Agrupamento formado pela estratégia Ward-MLM utilizando dados quantitativos em acessos de germoplasma de mandioca.

Grupo	Nº de acessos	Varição de probabilidade de alocação	Acessos
1	28	0,58-1,00	BGM0116, BGM0145, BGM0155, BGM0179, BGM0212, BGM0298, BGM0399, BGM0472, BGM1130, BGM1153, BGM1291, BGM1447, BGM1515, BGM1518, BGM1579, BGM1608, BGM1610, BGM1622, BGM1645, BGM1671, BGM1672, BGM1681, BGM1685, BGM1692, BGM1716, BGM1726, BGM1814 e BGM2018
2	47	0,61-1,00	BRS Verdinha, BRS Tapioqueira, 9624-09, BRS Caipira, BGM0162, BGM0164, BGM0215, BGM0236, BGM0324, BGM0374, BGM0388, BGM0426, BGM0510, BGM0517, BGM0557, BGM0579, BGM0846, BGM0873, BGM1024, BGM1067, BGM1078, BGM1118, BGM1198, BGM1203, BGM1254, BGM1280, BGM1362, BGM1363, BGM1367, BGM1413, BGM1432, BGM1457, BGM1481, BGM1490, BGM1521, BGM1549, BGM1586, BGM1619, BGM1620, BGM1643, BGM1666, BGM1677, BGM1701, BGM1721, BGM1728, BGM1732 e BGM1942
3	10	0,95-1,00	98150-06, BGM0440, BGM0471, BGM0660, BGM0943, BGM1226, BGM1535, BGM1611, BGM1667 e BGM1822
4	6	0,94-1,00	BGM0226, BGM0489, BGM0576, BGM1138, BGM1456 e BGM1884
5	4	1,00	BGM1366, BGM1669, BGM1956 e BGM1957

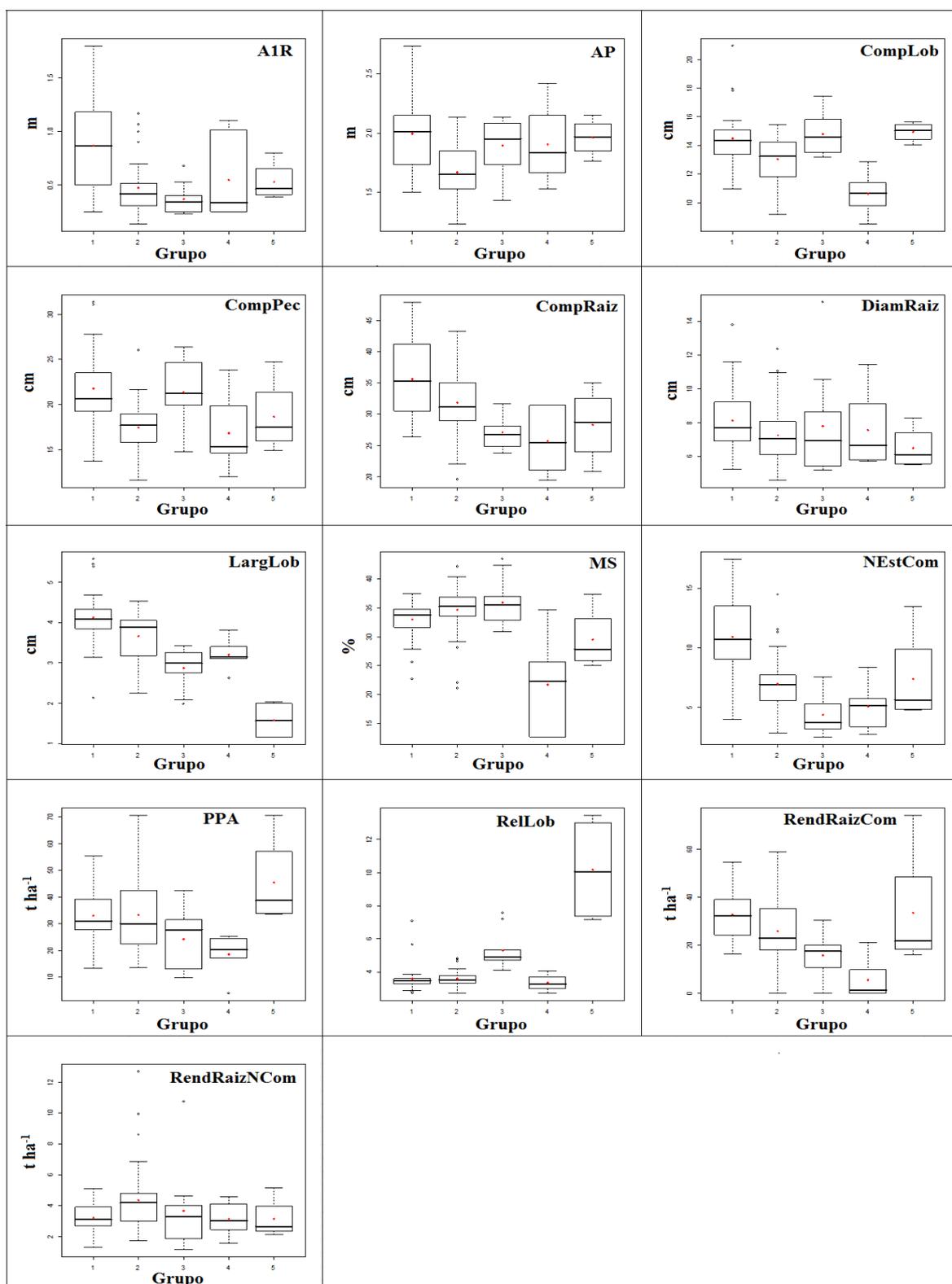


Figura 1. Gráfico boxplot dos valores médios das características quantitativas para cada agrupamento formado pela estratégia Ward-MLM em acessos de germoplasma de mandioca.

O Grupo 2 foi composto por 43 acessos de germoplasma, juntamente com quatro clones do programa de melhoramento genético (BRS Verdinha, BRS Tapioqueira, 9624-09 e BRS Caipira). As principais características deste grupo foram menor altura da primeira ramificação e da planta, menor comprimento do pecíolo, maior largura do lóbulo da folha, alto teor de matéria seca na raiz, baixo número de estacas comerciais, baixa relação comprimento/largura do lóbulo da folha, rendimento médio de raízes comerciais e maior rendimento de raízes não comerciais.

Por outro lado, as principais características do Grupo 3, composto por nove acessos de germoplasma mais o clone 98150-06, foram menor altura da primeira ramificação, porém, com maior altura da planta. Também, observou-se maior comprimento médio do lóbulo da folha e pecíolo, menor comprimento da raiz, alto teor de matéria seca na raiz e reduzido número de estacas comerciais, além do baixo rendimento de raízes comerciais.

O Grupo 4, composto por 6 acessos de germoplasma, apresentou como principal característica diferencial em relação aos demais grupos o menor comprimento do lóbulo e pecíolo da folha, menor comprimento de raiz e teor de matéria seca, baixa produção de estacas comerciais e rendimento de parte aérea, além do menor rendimento médio de raízes comerciais.

O Grupo 5 composto por 4 acessos de germoplasma apresentou altura média de plantas elevada, maior comprimento do lóbulo da folha, baixo comprimento e diâmetro das raízes, menor largura do lóbulo da folha, baixo teor de matéria seca e estacas comerciais. Além disso, este grupo é característico por apresentar alto rendimento da parte aérea, maior relação comprimento/largura do lóbulo da folha e médio rendimento de raízes.

De acordo com a análise das variáveis canônicas, obtidas a partir do método Ward-MLM para as 13 características quantitativas, observou-se que as características que mais contribuíram para a divergência genética foram, hierarquicamente, LargLob, RelLob e NEstCom, com valores absolutos de 0,748, -0,659 e 0,591, respectivamente, na primeira variável canônica. Para a segunda e terceira variáveis canônicas, as características RelLob e MS, foram as mais importantes (valores absolutos de 0,652 e 0,641, respectivamente) (Tabela 4). Por outro lado, ao analisar a distribuição das características quantitativas no boxplot

(Figura 1), observa-se que apenas o rendimento de raízes não comerciais foi pouco promissor para discriminação dos acessos presentes nos diferentes agrupamentos formados com base nos dados quantitativos. Esta observação foi confirmada com base nos dados da análise canônica da Tabela 4.

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 80,61% da variação dos dados quantitativos, indicando uma boa representação gráfica da dispersão dos acessos de mandioca (Figura 2). Com base na dispersão gráfica e distâncias entre pares de grupos (Tabela 5), observou-se que de modo geral, o Grupo 5 foi o mais divergente em relação a todos os outros grupos. Por outro lado, o Grupo 1 mostrou-se mais similar ao Grupo 2 (distância de 15,70), embora ainda sejam observadas diferenças importantes entre estes grupos para algumas características como A1R, AP, CompPec, CompRaiz, NEstCom e RendRaizCom. Além disso, o Grupo 4 mostrou-se mais similar ao Grupo 2 considerando a análise de variáveis canônicas. Porém, estes dois grupos ainda diferem entre si em algumas características, como CompLob, CompRaiz, MS e RendRaizCom (Figura 1).

Tabela 4. Estimativas das variáveis canônicas obtidas da análise das variáveis quantitativas em acessos de mandioca com base na estratégia Ward-MLM.

Variáveis	Can1	Can2	Can3
A1R	0,467	0,340	-0,101
AP	0,144	0,418	-0,320
CompLob	0,044	0,332	0,277
CompPec	0,206	0,282	-0,107
CompRaiz	0,477	0,115	0,274
DiamRaiz	0,160	0,030	-0,124
LargLob	0,748	-0,251	0,056
MS	0,025	-0,252	0,641
NEstCom	0,591	0,376	0,154
PPA	0,046	0,214	0,449
RelLob	-0,659	0,652	0,193
RendRaizCom	0,308	0,285	0,484
RendRaizNCom	-0,070	-0,251	0,229

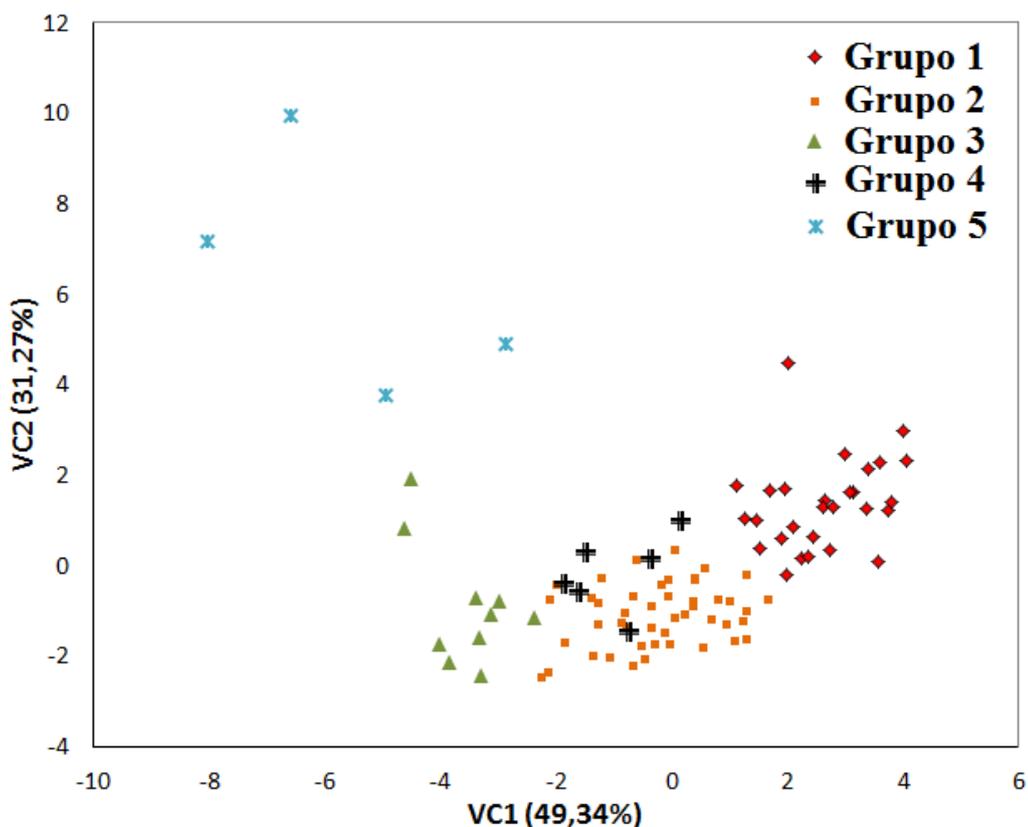


Figura 2. Dispersão dos acessos de mandioca com base nas duas primeiras variáveis canônicas obtidas da análise dos dados quantitativos, de acordo com os cinco grupos de diversidade identificados com base na estratégia Ward-MLM.

Utilizando esta mesma estratégia na cultura do feijoeiro, Cabral et al. (2010) observaram uma maior separação dos agrupamentos formados por acessos andinos em relação aos mesoamericanos, cujo maior tamanho das sementes foi um descritor importante para esta maior discriminação.

Tabela 5. Distância entre os grupos formados pelo método Ward-MLM para variáveis quantitativas.

Grupos	2	3	4	5
1	15,70	45,43	31,29	97,07
2		28,18	21,46	86,84
3			26,93	69,23
4				89,50

Variáveis quantitativas e qualitativas

O procedimento Ward-MLM indicou a formação de quatro grupos de diversidade, de acordo com os critérios *pseudo-F* e *pseudo-t²*, tendo em vista que o valor máximo do incremento da verossimilhança ocorreu neste ponto (máximo de 107,30) (Tabela 6). A formação de um menor número de grupos na análise conjunta pode ser explicada pelo fato de as características quantitativas serem muito influenciadas pelo ambiente, e com isso haver uma variabilidade altamente associada a variações não controladas. Quando as características qualitativas foram agrupadas com os dados quantitativos, houve o agrupamento de acessos anteriormente presentes em diferentes grupos, possivelmente em função de pequenas diferenças fenotípicas.

Em princípio seria esperado que os dados qualitativos pudessem agregar informações adicionais aos agrupamentos, e com isso aumentar o número de grupos. Isto poderia indicar uma menor confiabilidade na indicação dos agrupamentos. Entretanto, o incremento na verossimilhança dos dados quantitativos (Tabela 2) e quantitativos + qualitativos (Tabela 6) é bastante significativo na indicação de 5 e 4 grupos, respectivamente. Relatos de literatura demonstram que a análise do *pseudo-F* e do *pseudo-t²* assemelha a um teste de hipóteses que compara os vetores médios de dois clusters para formar um único grupo em cada etapa de agrupamento. Neste caso, os maiores valores dos testes estão relacionados com a menor probabilidade do teste de significância e consequente menor probabilidade de rejeição da igualdade de médias. Caso a igualdade dos vetores de médias seja rejeitada, os dois grupos não serão unidos e o teste será realizado com outros grupos. Portanto, de acordo com Mingoti (2007), esta metodologia é bastante precisa na indicação do número de grupos.

Ao agrupar os acessos com base nas características quantitativas e qualitativas, o número de acessos por grupo variou de 17 no Grupo 4 a 28 no Grupo 2 (Tabela 7). Neste caso, a probabilidade máxima de alocação dos acessos nos diferentes grupos variou de 0,73 a 1,00 (Tabela 7), sendo que apenas os acessos BGM1667 ($p = 0,73$) no Grupo 1 e BGM0471 ($p = 0,88$) no Grupo 3 apresentaram probabilidades de alocação menor que 0,90.

O Grupo 1 foi composto por 27 acessos de germoplasma e caracterizou-se por apresentar uma grande amplitude para a maioria dos descritores quantitativos

(Figura 3). Porém, de modo geral, as principais características agronômicas deste grupo foram a maior altura da primeira ramificação, altura da planta, comprimento e largura de raízes, largura do lóbulo da folha, número de estacas comerciais e rendimento de raízes comerciais.

Tabela 6. Número de grupos formados a partir da estratégia Ward-MLM com base na função de probabilidade logarítmica (log-verossimilhança) e seu incremento em função dos grupos, utilizando dados quantitativos e qualitativos.

Número de grupos	Log-verossimilhança	Incremento
1	-3031,89	0,00
2	-3030,33	1,56
3	-3023,18	7,15
4	-2915,88	107,30*
5	-2877,72	38,16
6	-2842,01	35,71
7	-2763,72	78,29
8	-2757,30	6,42
9	-2656,59	100,71

*Maior incremento

A análise da distribuição das classes dos descritores qualitativos entre os quatro grupos formados pelo método Ward-MLM indica não haver um grupo de descritores específico que melhor caracteriza determinados agrupamentos (Tabelas 8 a 11). De modo geral, as classes da maioria dos descritores estão presentes nos quatro agrupamentos, não sendo possível atribuir características morfológicas específicas a determinados grupos de diversidade.

Resultados de outros trabalhos indicam não haver uma forte associação entre características fisiológicas e agrupamentos formados pela análise simultânea para diversos tipos de dados. Ao analisarem 57 acessos de feijoeiro com base em cinco características agronômicas, cinco morfológicas e 16 iniciadores microssatélites, Cabral et al. (2010) observaram uma distribuição relativamente homogênea entre as diversas classes dos descritores nos cinco diferentes grupos obtidos.

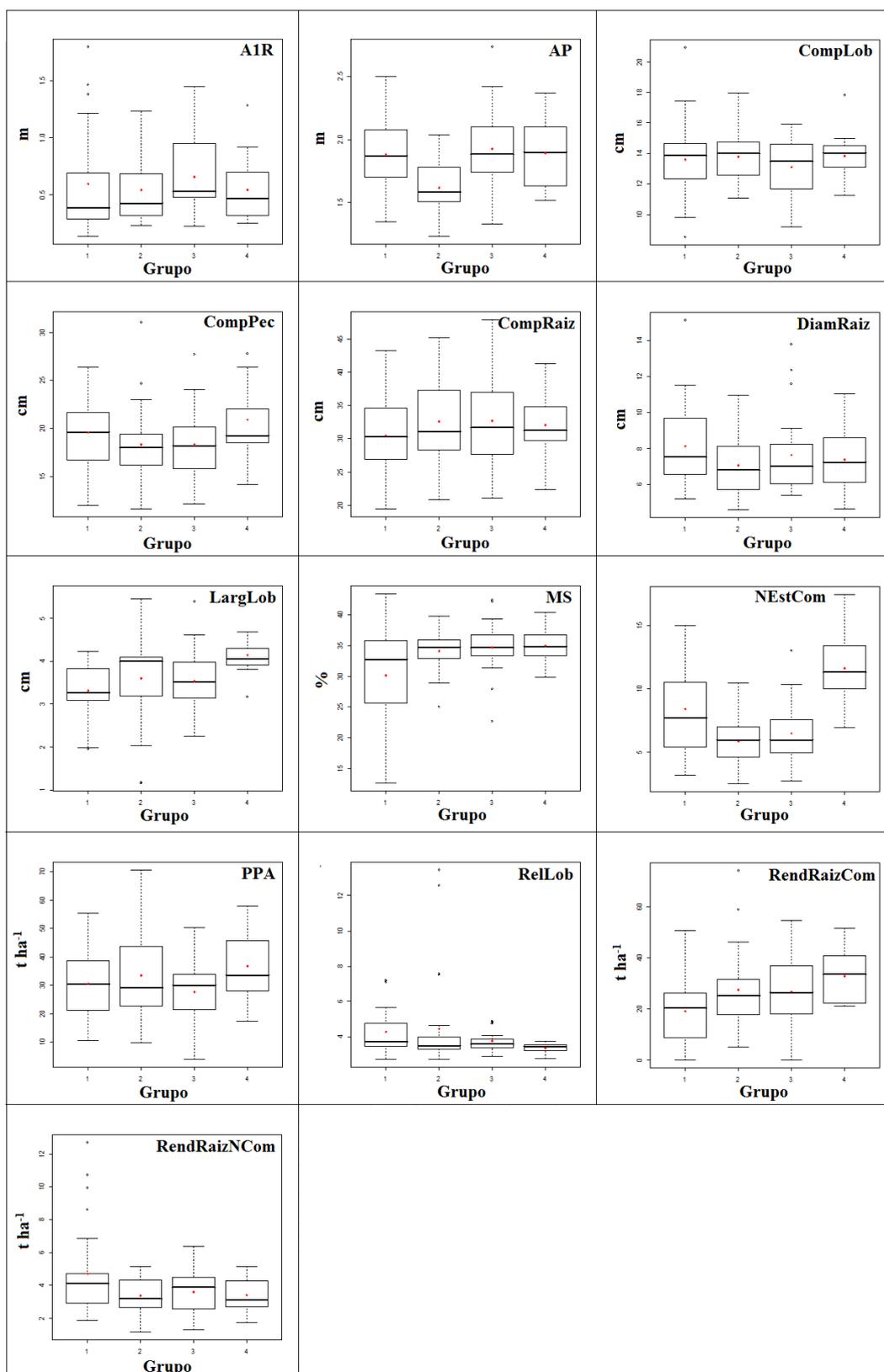


Figura 3. Gráfico boxplot dos valores médios das características quantitativas, para cada agrupamento formado pela análise conjunta utilizando a estratégia Ward-MLM em acessos de germoplasma de mandioca.

Tabela 7. Agrupamento formado pela estratégia Ward-MLM utilizando dados quantitativos em acessos de germoplasma de mandioca.

Grupo	Nº de acessos	Variação de probabilidade de alocação	Acessos
1	27	0,73-1,00	BGM0145, BGM0215, BGM0226, BGM0399, BGM0426, BGM0510, BGM0517, BGM0576, BGM0660, BGM0943, BGM1138, BGM1198, BGM1203, BGM1226, BGM1363, BGM1366, BGM1456, BGM1490, BGM1515, BGM1535, BGM1622, BGM1667, BGM1685, BGM1701, BGM1728, BGM1822 e BGM1884
2	28	0,97-1,00	BRS Tapioqueira, BGM0116, BGM0162, BGM0164, BGM0179, BGM0236, BGM0324, BGM0388, BGM0440, BGM0557, BGM0579, BGM0846, BGM0873, BGM1024, BGM1078, BGM1118, BGM1254, BGM1362, BGM1413, BGM1481, BGM1579, BGM1620, BGM1669, BGM1671, BGM1681, BGM1942, BGM1956 e BGM1957
3	23	0,88-1,00	BRS Verdinha, 98150-06, BGM0155, BGM0298, BGM0374, BGM0471, BGM0489, BGM1067, BGM1153, BGM1280, BGM1457, BGM1518, BGM1521, BGM1549, BGM1611, BGM1619, BGM1643, BGM1645, BGM1677, BGM1721, BGM1726, BGM1732 e BGM1814
4	17	0,98-1,00	9624-09, BRS Caipira, BGM0212, BGM0472, BGM1130, BGM1291, BGM1367, BGM1432, BGM1447, BGM1586, BGM1608, BGM1610, BGM1666, BGM1672, BGM1692, BGM1716 e BGM2018

No Grupo 2 foram agrupados 27 acessos de germoplasma, juntamente com BRS Tapioqueira (Tabela 7). Este grupo caracteriza-se por apresentar menor altura de plantas, maior largura de lóbulos e teor de matéria seca, menor número de estacas comerciais e rendimento intermediário de raízes comerciais. Por outro lado, o Grupo 3, constituído por 21 acessos de germoplasma e dois clones do programa de melhoramento genético (BRS Verdinha e 98150-06) caracterizou-se por apresentar maior altura da primeira ramificação, alto teor de matéria seca, baixo número de estacas comerciais e rendimento intermediário de raízes comerciais. Em relação ao Grupo 4, constituído por 15 acessos de germoplasma e dois clones dois clones do programa de melhoramento genético (9624-09 e BRS Caipira) caracterizou-se por apresentar um maior comprimento do pecíolo da folha, maior largura do lóbulo da folha, alto teor de matéria seca nas raízes, maior

número de estacas comerciais e maior rendimento de raízes comerciais (Figura 3).

Outros estudos indicaram um melhor agrupamento com a metodologia Ward-MLM quando foram utilizados dados agronômicos, morfológicos e moleculares simultaneamente (Ortiz et al., 2008; Sudré et al., 2010; Cabral et al., 2010). Como exemplo, em *Capsicum* esta estratégia permitiu o correto agrupamento de 56 acessos de acordo com suas respectivas espécies *C. annum*, *C. frutescens*, *C. baccatum* e *C. chinense* (Sudré et al., 2010).

Tabela 8. Distribuição dos acessos de mandioca com base nos descritores mínimos, e de acordo com o agrupamento formados pelo método Ward-MLM com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos.

Descritor mínimos	Classe	G1	G2	G3	G4
Cor da folha apical	Verde Escuro	0,15	0,29	0,00	0,18
	Verde arroxeadado	0,78	0,64	0,78	0,59
	Verde Claro	0,07	0,07	0,22	0,24
Pubescência do broto apical	Presente	0,30	0,32	0,35	0,18
	Ausente	0,70	0,68	0,65	0,82
Forma lóbulo central da folha	Lanceolado	0,00	0,07	0,13	0,12
	Estreito	0,96	0,82	0,87	0,88
	Elíptico-lanceolado	0,04	0,07	0,00	0,00
	Pandurado	0,00	0,04	0,00	0,00
Cor do pecíolo	Verde-avermelhado	0,07	0,11	0,00	0,00
	Verde	0,11	0,21	0,13	0,12
	Vermelho	0,22	0,18	0,39	0,24
	Vermelho-esverdeado	0,33	0,32	0,17	0,47
	Verde-amarelado	0,26	0,18	0,30	0,18
Cor do córtex do caule	Verde claro	0,00	0,04	0,00	0,00
	Verde escuro	0,19	0,25	0,09	0,41
	Amarelo	0,81	0,71	0,91	0,59
Cor externa do caule	Prateado	0,07	0,11	0,04	0,24
	Marrom claro	0,11	0,07	0,00	0,12
	Marrom escuro	0,26	0,21	0,09	0,18
	Alaranjado	0,11	0,04	0,35	0,12
	Amarelado	0,00	0,07	0,00	0,06
	Acinzentado	0,44	0,50	0,52	0,29
Comprimento da filotaxia	Médio	0,00	0,00	0,09	0,12
	Longo	0,78	0,96	0,78	0,88
	Curto	0,22	0,04	0,13	0,00

Tabela 9. Distribuição dos acessos de mandioca com base nos descritores principais, e de acordo com o agrupamento formados pelo método Ward-MLM com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos.

Descritor principal	Classe	G1	G2	G3	G4
Presença de pedúnculo nas raízes	Misto	0,00	0,00	0,04	0,00
	Pedunculada	0,11	0,04	0,00	0,00
	Séssil	0,89	0,96	0,96	1,00
Cor externa das raízes	Marrom escuro	0,07	0,04	0,43	0,18
	Branco/creme	0,04	0,00	0,00	0,00
	Marrom claro	0,07	0,11	0,09	0,00
	Amarelo	0,81	0,86	0,48	0,82
Cor do córtex das raízes	Branco/creme	0,63	0,71	0,65	0,53
	Roxo	0,22	0,07	0,17	0,06
	Amarelo	0,00	0,07	0,13	0,06
	Rosado	0,15	0,14	0,04	0,35
Cor da polpa da raiz	Creme	0,74	0,96	0,83	0,65
	Branca	0,15	0,04	0,17	0,29
	Amarela	0,11	0,00	0,00	0,06
Textura da epiderme da raiz	Rugosa	0,07	0,07	0,43	0,18
	Lisa	0,93	0,93	0,57	0,82
Floração	Ausente	0,63	0,43	0,70	0,41
	Presente	0,37	0,57	0,30	0,59
Cor da folha desenvolvida	Verde escuro	0,96	0,89	0,96	1,00
	Verde claro	0,04	0,11	0,04	0,00
Número de lóbulos	Sete	0,04	0,00	0,00	0,00
	Cinco	0,11	0,21	0,17	0,18
	Três	0,81	0,75	0,83	0,82
	Nove	0,04	0,04	0,00	0,00
Cor da epiderme do caule	Marrom claro	0,11	0,04	0,35	0,06
	Creme	0,26	0,39	0,17	0,41
	Marrom escuro	0,63	0,57	0,48	0,53
Cor dos ramos terminais das plantas adultas	Verde-arroxeadado	0,52	0,25	0,52	0,76
	Verde	0,48	0,75	0,48	0,24
Níveis de ramificação	1x	0,37	0,46	0,48	0,59
	2x	0,26	0,21	0,30	0,18
	4x	0,26	0,29	0,22	0,24
	3x	0,11	0,04	0,00	0,00
Constrições da raiz	Média	0,30	0,25	0,22	0,18
	Pouca	0,59	0,71	0,57	0,71
	Muita	0,11	0,04	0,22	0,12

Tabela 10. Distribuição dos acessos de mandioca com base nos descritores secundários, e de acordo com o agrupamento formados pelo método Ward-MLM com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos.

Descritor secundário	Classe	G1	G2	G3	G4
Cor da nervura	Vermelho-esverdeado (+50% do lóbulo)	0,85	0,86	1,00	0,82
	Verde	0,04	0,14	0,00	0,18
	Vermelho-esverdeado (-50% do lóbulo)	0,07	0,00	0,00	0,00
	Vermelho	0,04	0,00	0,00	0,00
Posição do pedúnculo	Horizontal	0,00	0,00	0,04	0,06
	Irregular	0,96	0,89	0,83	0,94
	Inclinado para cima	0,04	0,11	0,13	0,00
Margem das estípulas	Inteira	0,96	1,00	1,00	1,00
	Dividida	0,04	0,00	0,00	0,00
Hábito de ramificação	Dicotômico	0,00	0,00	0,22	0,00
	Tricotômico	0,89	0,82	0,70	0,94
	Ereto	0,11	0,18	0,09	0,06
Ângulo da ramificação	90°	0,00	0,04	0,00	0,00
	100°	0,11	0,14	0,22	0,00
	110°	0,70	0,46	0,48	0,53
	80°	0,11	0,32	0,22	0,35
	70°	0,07	0,04	0,09	0,12
Sinuosidade do lóbulo foliar	Liso	0,81	0,89	0,78	0,71
	Sinuoso	0,19	0,11	0,22	0,29
Forma da raiz	Cônica-cilíndrica	0,00	0,00	0,04	0,00
	Cilíndrica	0,93	1,00	0,83	0,94
	Irregular	0,04	0,00	0,09	0,06
	Cônica	0,04	0,00	0,04	0,00
Tipo de planta	Aberta	0,44	0,39	0,48	0,41
	Compacta	0,48	0,54	0,35	0,53
	Guarda-chuva	0,04	0,07	0,04	0,06
	Cilíndrica	0,04	0,00	0,13	0,00

A comparação entre os agrupamentos formados apenas com uso dos dados quantitativos e com base na análise conjunta (quantitativos + qualitativos), indica baixa associação em relação aos acessos em cada grupo (0,38 – dados não mostrados). Isto indica que possivelmente os dados quantitativos e qualitativos analisam diferentes regiões genômicas. De fato, esta observação já foi relatada em outras culturas como pinhão manso, na qual a correlação entre as

matrizes de dissimilaridade com base nos dados fenotípicos e moleculares (RAPD e SSR) foi bastante baixa, indicando que os dados moleculares amostram regiões de baixa diferenciação fenotípica entre os acessos desta espécie (Alves et al., 2013). Aparentemente as forças seletivas agiram em sentidos diferentes sobre os descritores quantitativos e qualitativos utilizados na caracterização dos acessos de mandioca avaliados no presente trabalho. Associado a isso, tem-se o fato de que as características quantitativas são mais fortemente afetadas pelo ambiente, enquanto que as qualitativas são menos afetadas por tal variação, e isto certamente pode contribuir para a inclusão de uma variação não genética aos dados quantitativos. Por outro lado, em um estudo bastante completo sobre a diversidade genética presente no germoplasma de mandioca do sul, leste e região central da África, Kawuki et al. (2011) avaliaram 29 características qualitativas e quatro características quantitativas (teor de matéria seca de raízes, índice de colheita, retenção foliar e espessura do córtex da raiz), cujos resultados demonstraram que as características qualitativas apresentaram baixo poder de discriminação dos acessos de mandioca, enquanto as características quantitativas apresentaram alta variação genética, adequada para obtenção de altos ganhos genéticos em programas de melhoramento genético. Portanto, independente das vantagens e desvantagens de cada uma, ambos os tipos de dados precisam ser obtidos para uma análise mais realística da variabilidade genética de *Manihot esculenta* Crantz.

A análise das variáveis canônicas para as 13 características quantitativas, 10 binárias e 25 multicategóricas, demonstrou que as características que mais contribuíram para a divergência genética foram, hierarquicamente NEstCom para a primeira e segunda variável canônica (0,53 e 0,49, respectivamente), LargLob para a segunda variável canônica (0,46) e AP para a terceira variável canônica (0,59). As características LargLob e NEstCom também foram importantes na análise dos dados quantitativos. Isoladamente, a característica AP apresentou elevada importância quando os dados qualitativos foram analisados conjuntamente com os quantitativos, enquanto que a característica MS apresentou importância apenas para os dados quantitativos (Tabela 12).

Tabela 11. Distribuição dos acessos de mandioca com base nos descritores agronômicos preliminares, e de acordo com o agrupamento formado pelo método Ward-MLM com base na análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos.

Descritor agronômico preliminar	Classe	G1	G2	G3	G4
Vigor inicial	Alto	0,22	0,04	0,17	0,18
	Médio	0,56	0,79	0,57	0,65
	Baixo	0,22	0,18	0,26	0,18
Destaque da película da raiz	Difícil	0,22	0,39	0,48	0,53
	Fácil	0,78	0,61	0,52	0,47
Destaque do córtex da raiz	Fácil	0,15	0,00	0,04	0,06
	Difícil	0,85	1,00	0,96	0,94
Posição das raízes	Irregular	0,04	0,04	0,00	0,00
	Horizontal	0,96	0,96	1,00	1,00
Resistência à bacteriose	Nota 0	0,59	0,64	0,39	0,29
	Nota 1	0,30	0,15	0,26	0,24
	Nota 2	0,07	0,14	0,26	0,29
	Nota 3	0,00	0,07	0,09	0,06
	Nota 4	0,04	0,00	0,00	0,12
Resistência à antracnose	Nota 0	0,26	0,52	0,48	0,65
	Nota 1	0,26	0,21	0,22	0,29
	Nota 2	0,00	0,00	0,04	0,00
	Nota 3	0,44	0,25	0,26	0,06
	Nota 4	0,04	0,04	0,00	0,00
Tolerância a ácaros	Nota 1	0,52	0,54	0,48	0,65
	Nota 2	0,22	0,14	0,26	0,24
	Nota 3	0,07	0,14	0,13	0,00
	Nota 4	0,19	0,18	0,13	0,12
Retenção foliar	Média	0,33	0,32	0,22	0,12
	Baixa	0,63	0,64	0,61	0,82
	Alta	0,04	0,04	0,17	0,06

Considerando a análise conjunta, as duas primeiras variáveis canônicas explicaram quase 93% da variação dos dados quantitativos (Figura 4), indicando uma melhoria bastante significativa na representação gráfica dos acessos de mandioca, considerando que os dados quantitativos representaram apenas 80,61% da variação (Figura 2).

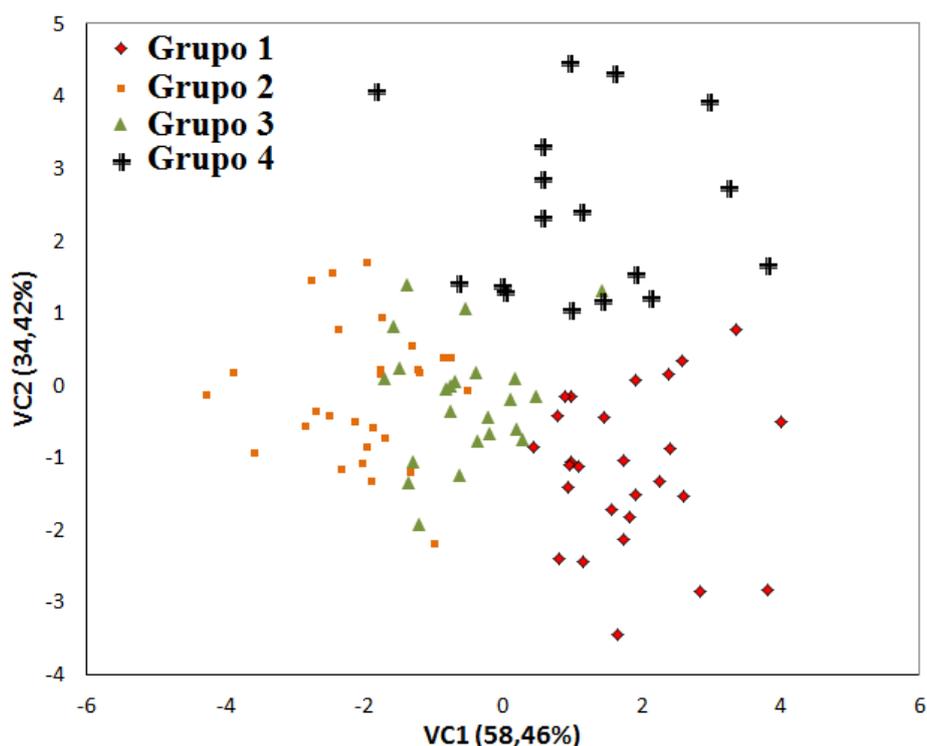


Figura 4. Dispersão dos acessos de mandioca com base nas duas primeiras variáveis canônicas obtidas da análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, de acordo com os cinco grupos de diversidade identificados com base na estratégia Ward-MLM.

Com base na dispersão gráfica e distâncias entre pares de grupos (Tabela 13), observou-se que os Grupos 1 e 3 foram os mais similares, enquanto que o Grupo 4 foi o mais divergente em relação aos demais grupos (distancias variando de 10,74 a 16,56). De fato, observa-se algumas diferenças entre os Grupos 1 e 3 apenas para as características MS, NEstCom e RendRaizCom (Figura 3).

A distância média (Gower, 1971) entre os grupos foi de 0,41 para os grupos formados com base apenas em variáveis quantitativas e de 0,63 para a análise conjunta (dados quantitativos e qualitativos). A variação das distâncias genéticas com base na análise conjunta foi maior (0,34 a 0,85) do que aquela baseada somente nos dados quantitativos (0,21 a 0,67). Isto indica que a análise simultânea das variáveis possibilitou uma melhor representação da real variabilidade genética presente no conjunto de dados analisados.

Tabela 12. Estimativas das variáveis canônicas obtidas da análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos em acessos de mandioca com base na estratégia Ward-MLM.

Variáveis	Can1	Can2	Can3
A1R	0,03	-0,07	0,24
AP	0,40	0,05	0,59
CompLob	0,00	0,06	-0,28
CompPec	0,23	0,19	-0,13
CompRaiz	-0,15	0,08	0,12
DiamRaiz	0,21	-0,13	0,10
LargLob	-0,03	0,46	-0,04
MS	-0,28	0,34	0,27
NEstCom	0,53	0,49	-0,18
PPA	0,00	0,22	-0,35
RelLob	-0,10	-0,25	-0,27
RendRaizCom	-0,17	0,40	0,08
RendRaizNCom	0,27	-0,26	-0,08

Variação fenotípica em mandioca tem sido avaliada com base em características qualitativas (Benesi, 2005; Kizito, 2006) e morfo-agronômicas (Kawuki et al., 2011; Mulualem et al., 2013). Porém, os esforços dedicados à compreensão destas variáveis de forma conjunta são bastante restritos, especialmente com uso do método Ward-MLM. Desta forma, a análise conjunta dos acessos de mandioca obtida no presente trabalho indica que: (1) a diversidade baseada em descritores qualitativos de mandioca não se assemelha àquela obtida com os dados quantitativos; (2) a análise conjunta das características qualitativas e quantitativas possibilita a amostragem de regiões genômicas diferentes, o que pode potencialmente aumentar a diversidade genética das populações segregantes quando tais informações forem utilizadas para seleção de parentais contrastantes; (3) a análise conjunta da diversidade fenotípica revela que a variabilidade da mandioca é bastante elevada, e que tais informações podem ser úteis para aumentar o uso de parentais nos programas de

melhoramento genético, por indicar grupos com características agronômicas superiores.

Tabela 13. Distância entre os grupos formados pelo método Ward-MLM para variáveis quantitativas.

Grupo	2	3	4
1	15,70	7,94	13,18
2		4,10	16,56
3			10,74

CONCLUSÕES

- 1) O estudo da variação fenotípica em mandioca com base em características morfo-agronômicas demonstrou a possibilidade de separação de acessos de germoplasma de mandioca em grupos altamente contrastantes;
- 2) A análise conjunta das características qualitativas e quantitativas resultou em diferenças no agrupamento dos acessos de mandioca, demonstrando que ambas as características tendem a amostrar regiões genômicas distintas;
- 3) A análise conjunta das variáveis quantitativas e qualitativas com o uso do método Ward-MLM pode ser bastante útil para maximizar a diferença entre os agrupamentos, e com isso auxiliar na seleção de parentais contrastantes para aumentar a diversidade genética de populações segregantes com características agronômicas superiores.

REFERÊNCIAS

Alves AA, Bhering LL, Rosado TB, Laviola BG, Formighieri EF and Cruz CD (2013). Joint analysis of phenotypic and molecular diversity provides new insights on the genetic variability of the Brazilian physic nut germplasm bank. *Genetics and Molecular Biology* 36:371-381.

Asare PA, Galyuon IKA, Sarfo JK and Tetteh JP (2011). Morphological and molecular based diversity studies of some cassava (*Manihot esculenta* crantz) germplasm in Ghana. African Journal of Biotechnology 10:13900-13908.

Barbé TC, Amaral Júnior AT, Gonçalves LSA, Rodrigues R and Scapim CA (2010). Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. Euphytica 173:337-343.

Benesi IRM (2005). Characterisation of malawian cassava germplasm for diversity, starch extraction and its native and modified properties. Ph.D. Thesis. University of the Free State, South Africa.

Cabral PDS, Soares TCB, Gonçalves LSA, Amaral Júnior AT, Lima ABP, Rodrigues R and Matta FP (2010). Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. Pesquisa Agropecuária Brasileira 45:1124-1132.

Crossa J and Franco J (2004). Statistical methods for classifying genotypes. Euphytica 137: 19-37.

Franco J, Crossa J, Taba S and Shands HA (2005). Sampling strategy for conserving genetic diversity when forming core subsets. Crop Science 45:1035-1044.

Franco J, Crossa J, Villasenôr J, Taba S and Eberhart SA (1998). Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. Crop Science 38:1688-1696.

Fukuda WMG, Guevara CL, Kawuki R and Ferguson ME (2010). Selected morphological and agronomic descriptors for the characterization of cassava. International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Ibadan, Nigeria.

Gonçalves LSA, Rodrigues R, Amaral Junior AT, Karasawa M and Sudré CP (2009) Heirloom tomato genebank: assessing divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-MLM. *Genetics and Molecular Research* 8:364-374.

Gower JC (1971). A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*, Washington 27:857- 874.

Kawuki RS, Ferguson M, Labuschagne MT, Herselman L, Orone J, Ralimanana I, Bidiaka M, Lukombo S, Kanyange MC, Gashaka G, Mkamilo G, Gethi J and Obiero H (2011). Variation in qualitative and quantitative traits of cassava germplasm from selected national breeding programmes in sub-Saharan Africa. *Field Crops Research* 122:151–156.

Kizito EB (2006). Genetic and root growth studies in cassava (*Manihot esculenta* Crantz): implications for breeding. Doctoral thesis, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden.

Lawrence CJ and Krzanowski WJ (1996). Mixture separation for mixed-mode data. *Statistics and Computing* 6:85-92.

Lefèvre F and Charrier A (1993). Isozyme diversity within African *Manihot* Germplasm. *Euphytica* 66:73-80.

Mezette TF, Blumer CG and Veasey EA (2013). Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 48:510-518.

Mingoti AS (2007). Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada. Editora UFMG, Belo Horizonte.

Mulualem T, WeldeMichael G, Benti T and Walle T (2013). Genetic diversity of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes in Ethiopia. Greener Journal of Agricultural Sciences 3:636-642.

Ortiz R, Crossa J, Franco J and Sevilla R (2008). Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. Genetic Resources and Crop Evolution 55:151-162.

Pariyo A, Tukamuhabwa P, Baguma Y, Kawuki RS, Alicai T, Gibson P, Kanju E, Wanjala BW, Harvey J, Nzuki I, Rabbi IY and Ferguson M (2013). Simple sequence repeat (SSR) diversity of cassava in South, East and Central Africa in relation to resistance to cassava brown streak disease. African Journal of Biotechnology 12:4453-4464.

Rival L and McKey D (2008). Domestication and diversity in Manioc (*Manihot esculenta* Crantz ssp. *esculenta*, Euphorbiaceae). Current Anthropology 49:1119-1128.

SAS Institute Inc. 2011. SAS 9.3 System Options: Reference, Second Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc. SAS[®] 9.3 System Options: Reference, Sec

Sudré CP, Gonçalves LSA, Rodrigues R, Amaral Júnior AT, Riva-Souza EM and Bento CS (2010). Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. Genetics and Molecular Research 9:283-294.

Ward JH (1963). Hierarchical grouping to optimize an objective function. Journal of the American Statistical Association 58:236-244.

Willems L, Scheldeman X, Soto Cabellos V, Salazar SR and Guarino L (2007). Spatial patterns of diversity and genetic erosion of traditional cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in the Peruvian Amazon: An evaluation of socio-economic and environmental indicators. Genetic Resources and Crop Evolution 54:1599-1612.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As atividades relacionadas ao manejo dos recursos genéticos tem com foco principal a conservação, geração de conhecimento sobre o germoplasma (caracterização e avaliação), bem como o uso de disponibilidade de tecnologia e produtos para a sociedade. No caso específico da mandioca, o BAG-Mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura mantém cerca de 1500 acessos, conservados em condições de campo e *in vitro*, de forma a atender os interesses futuros da sociedade e dos programas de pré-melhoramento, melhoramento e biotecnologia.

Como atividade rotineira dos bancos de germoplasma têm-se as atividades de caracterização e avaliação do germoplasma como foco para o desenvolvimento de novas variedades de mandioca, bem como enriquecimento da variabilidade genética por meio da introdução e coleta de germoplasma. Considerando, o grande número de acessos e falta de recursos (físicos, humanos e financeiros), existe uma dificuldade crescente na manutenção e organização deste germoplasma. Assim, ao mesmo tempo em que é preciso aumentar o uso do germoplasma, é necessário priorizar a caracterização, avaliação, documentação e informação destes acessos.

De modo geral, um dos maiores problemas para a implementação de uma completa caracterização, avaliação, documentação e informação do germoplasma de mandioca refere-se ao tamanho das coleções, o que dificulta as tarefas de organização e manejo, bem como o número excessivo de descritores. Neste sentido os resultados deste trabalho demonstram que é possível descartar 37% dos descritores utilizados na caracterização dos acessos de mandioca. Além disso, os 32 descritores selecionados explicaram mais de 90% da variabilidade total, sem grandes perdas para a caracterização preliminar do germoplasma desta espécie. Isto certamente contribuirá para o avanço das ações de caracterização e avaliação do germoplasma de mandioca, por possibilitar a redução no tempo e uso de recursos humanos e financeiros.

Outro ponto importante é que geralmente as informações fenotípicas da caracterização e avaliação de germoplasma, que envolvem informações do tipo qualitativa e quantitativa são utilizadas para o agrupamento do germoplasma, para fins de manejo e uso das informações para escolha de parentais contrastantes visando a geração de populações segregantes. Contudo, a análise

conjunta entre os diferentes tipos de informações não tem sido realizada com rotina nos bancos de germoplasma de mandioca para uma avaliação mais ampla da variação genética existente.

Os resultados apresentados no presente trabalho ao utilizar a estratégia Ward-LML para analisar dados morfológicos e agronômicos (variáveis com distribuição contínua, discreta, ordinal, binomial e multicategórica) de forma conjunta, indicaram que cada conjunto de dados fornece diferentes tipos de informações, por analisarem regiões genômicas diferentes. Isto foi observado em função da existência de algumas discordâncias nos agrupamentos. Contudo, esta observação deve ser analisada como uma vantagem da técnica por permitir a junção de ambos tipos de informação em uma única análise de agrupamento.