

Divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no município de Cianorte, região Noroeste do Estado do Paraná

Genetic divergence among accesses of sweet-cassava collected from Cianorte county, northwestern region of Paraná State

Gisele Cristina Zuin¹; Pedro Soares Vidigal Filho^{2*}; Marcus Vinícius Kvitschal¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal³; Gislaine Kelly Coimbra⁴

Resumo

Com o objetivo de avaliar a divergência genética entre 43 acessos de mandioca-de-mesa (*Manihot esculenta* Crantz), coletados na zona urbana do município de Cianorte-PR, foram utilizados 12 descritores morfo-agronômicos quantitativos. Na análise de agrupamento foram aplicados os métodos de Otimização de Tocher e Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, ambos com base na Distância Euclidiana Média padronizada. A maior divergência genética foi observada entre os acessos UEM-38 e UEM-130, bem como UEM-38 e UEM-154, enquanto que a menor divergência genética foi observada entre os acessos UEM-53 e UEM-79, e entre UEM-53 e UEM-68. Os dois métodos de agrupamento apresentaram similaridade em discriminar os grupos de acessos avaliados. As características que evidenciaram as maiores divergências genéticas foram o comprimento das raízes tuberosas, o comprimento de pecíolos e o número de raízes tuberosas por planta, enquanto que a altura de plantas e da primeira ramificação, e o diâmetro de raízes tuberosas mostraram as menores contribuições na divergência genética.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*, dissimilaridade genética, variabilidade genética, descritores morfo-agronômicos

Abstract

The objective of this work was to evaluate the genetic divergence among 43 accesses of sweet cassava (*Manihot esculenta* Crantz), collected in urban area of Cianorte county – PR, were used 12 quantitative morph-agronomic descriptors. For clustering analysis, the methods of Tocher Optimization and the Nearest Neighbor both based on the Euclidian mean distance standardized were applied to data set. The highest genetic divergence was observed among UEM-38 and UEM-130 accesses, besides UEM-38 and UEM-154, whereas the lowest genetic divergence was observed among UEM-53 and UEM-79, and among UEM-53 and UEM-68. Both clustering methods presented similarity in relation to discrimination of the accesses groups. Traits that better evidenced the higher genetics divergences were length of storage roots, length of blades and number of storage roots per plant, whereas the height of plants, height of first ramification and diameter of storage roots showed the lowest contributions to genetic divergence.

Key words: *Manihot esculenta*, genetic dissimilarity, genetic variability, morph-agronomic traits

¹ Pós-graduando em Genética e Melhoramento na Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil.

² Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil. E-mail: psvfilho@uem.br.

³ Professor do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil.

⁴ Aluna de graduação em Agronomia na Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil.

* Autor para correspondência

Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma espécie originária da América Tropical e se caracteriza por apresentar parte aérea arbustiva lenhosa perene. Ela pertence à família Euphorbiaceae (TAFUR, 2002), e estima-se que foi domesticada há cerca de 5.000 anos. Desde então, se disseminou para as zonas tropicais e subtropicais do continente americano e, atualmente, vem sendo cultivada entre latitudes de 30 ° Norte e 30 ° Sul a partir do Equador, em áreas onde a temperatura média é de 18 °C (NASSAR, 2004).

A cultura da mandioca tem importância primordial para a sobrevivência de mais de 600 milhões de pessoas das regiões tropicais da África, América Latina e Ásia (FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO, 2005), que utilizam tanto as raízes tuberosas como rica fonte de amido quanto as folhas como fonte proteínas, minerais e vitaminas, principalmente vitamina C (CEBALLOS, 2002). Na atualidade, a Nigéria é o maior produtor mundial de raízes tuberosas de mandioca seguida pelo Brasil, com produção de 38,1 milhões e de 26,6 milhões de toneladas, respectivamente (FAO, 2006). No Brasil, os principais produtores situam-se nas regiões Norte e Nordeste, destacando-se o Pará e a Bahia, respectivamente. Por sua vez, a região Sul tem contribuído com 22 % da produção nacional de raízes tuberosas de mandioca, com destaque para o Estado do Paraná, o qual se enquadra como o terceiro maior produtor nacional, com uma produção total de 4,0 milhões de toneladas de raízes tuberosas, o que representa 70 % do volume produzido na região Sul (PARANÁ, 2006).

Em geral, o grande volume de mandioca produzida no Paraná é destinado à utilização industrial, entretanto, tem sido observado o crescimento do consumo *in natura* de mandiocade-mesa, destinado à alimentação humana e animal (OTSUBO; MERCANTE; MARTINS, 2002). A maior parte da produção para consumo *in natura*

se faz por meio de uma exploração denominada ‘fundo-de-quintal’, não passando por um processo controlado de comercialização (LORENZI; DIAS, 1993). Esse tipo de exploração vem mantendo a grande variabilidade genética da espécie, e tem permitido selecionar inúmeras cultivares que atendem hábitos e preferências locais (PEREIRA; LORENZI; VALLE, 1985).

A espécie *Manihot esculenta* é considerada uma plantatóxica, sendo que o germoplasma existente pode ser dividido em cultivares mansas, intermediárias e bravas, conforme o conteúdo de ácido cianídrico (HCN), que elas possuem (PEREIRA; LORENZI; VALLE, 1985). As cultivares mansas são aquelas que apresentam teor de HCN na polpa crua das raízes tuberosas inferior a 100 mg kg⁻¹, enquanto que as cultivares intermediárias são aquelas que apresentam teores entre 100 e 200 mg kg⁻¹. Por sua vez, a cultivares bravas são aquelas que apresentam teor de HCN superior a 200 mg kg⁻¹ na polpa crua das raízes tuberosas (LORENZI; DIAS, 1993).

No que se refere à exploração da cultura de mandioca para o consumo *in natura* no Paraná, existe o desconhecimento do potencial produtivo e das qualidades culinárias das cultivares que são utilizadas pelos agricultores nas diferentes regiões, aliado à inexistência de um programa de melhoramento específico para este objetivo. Devido à grande variabilidade genética da espécie predominante na agricultura de subsistência (“fundo-de-quintal”), é freqüente a ocorrência de problemas com a nomenclatura das cultivares. Por estas razões é de grande importância a caracterização detalhada do germoplasma atualmente encontrado em cultivo.

No município de Cianorte, situado na região Noroeste do Paraná, que possui forte tradição agrícola, o processo de urbanização, que nas últimas décadas tem cedido lugar principalmente às indústrias têxteis, tem propiciado eliminação das áreas de cultivo de subsistência, levando à perda de parte do germoplasma tradicional de muitas espécies

vegetais, dentre elas, a mandioca. Assim sendo, a realização de coleta seguida da caracterização morfo-agronômica deste germoplasma de mandioca-de-mesa poderá vir a contribuir para o melhor conhecimento e preservação de acessos, que poderão vir a ser utilizados em programas de melhoramento genético de mandioca-de-mesa no Paraná.

O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre acessos de mandioca-de-mesa, coletados em Cianorte, Noroeste do Paraná, utilizando-se de descritores morfo-agronômicos quantitativos.

Material e Métodos

A coleta dos acessos de mandioca-de-mesa foi efetuada no período de julho a agosto de 2005, em áreas de cultivo de “fundo de quintal” de diversos bairros da região urbana do município de Cianorte – PR. O município de Cianorte está situado na região Noroeste do Estado do Paraná, Brasil, e localizado a 23° 40’ de latitude Sul, 52° 38’ de longitude Oeste, e a uma altitude média de 490 m. O clima predominante é subtropical úmido mesotérmico, com verões quentes (temperatura média superior a 22 °C), com tendência de concentração de chuvas, com ocorrência de geadas esporádicas nos invernos (temperatura média inferior a 18 °C) e sem estação seca definida (GODOY; CORREA; SANTOS, 1976).

O procedimento de coleta procurou atingir todas as direções do município, quais sejam Norte, Sul, Leste e Oeste. Em cada bairro, procurou-se obter uma amostra representativa do germoplasma existente em cultivo nos terrenos desocupados, bem como, daquele cultivado em pequenas hortas. Este procedimento constituiu-se da colheita de 5 a 10 ramas de plantas adultas, maduras, com aproximadamente 8 a 10 meses de idade, as quais foram identificadas e amarradas em feixes. Nos locais onde foi verificada a presença de cultivares fenotipicamente diferentes, ambos os variantes foram

colhidos separadamente, com o intuito de amostrar toda a variabilidade existente naquele local. Sempre que possível, procurou-se obter alguma informação a respeito da cultivar que estava sendo coletada, tais como o nome vulgar e a procedência.

Ao final da coleta obteve-se um total de 43 acessos de mandioca-de-mesa, os quais foram incluídos no Banco de Germoplasma de Mandioca, do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual de Maringá (UEM). As ramas de cada cultivar coletada foram transportadas até a Fazenda Experimental da UEM (FEI), localizada em Iguatemi, distrito de Maringá, e armazenadas adequadamente até o momento do plantio. O município de Maringá situa-se ao Noroeste do Estado e é cortado pelo Trópico de Capricórnio, estando a 23° 25’ de latitude Sul, 51° 57’ de longitude Oeste, altitude média de 596 m. O clima de Maringá é o mesotérmico úmido, com chuvas de verão e de outono, e com verão quente (GODOY; CORREA; SANTOS, 1976).

O plantio foi realizado em área de ocorrência de Latossolo Vermelho distrófico (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA, 1999), durante a primeira quinzena de outubro de 2005. Inicialmente foi realizada a demarcação da área de plantio, que foi constituída de duas fileiras de 8,0 m de comprimento, com espaçamento de 1,0 m entre fileiras e de 0,80 m entre plantas, totalizando 10 plantas por fileira. O material de propagação (ramas) foi previamente submetido a uma seleção e, posteriormente, cortado em segmentos de 0,15 a 0,20 m de comprimento (manivas), com corte reto (90°) por meio de serra circular. O plantio foi efetuado em covas, com as manivas dispostas longitudinalmente na fileira, na posição horizontal na cova, a aproximadamente 0,10 m de profundidade e cobertas com terra. Os tratamentos culturais realizados foram àqueles comuns à cultura da mandioca (LORENZI; DIAS, 1993).

A caracterização morfo-agronômica dos 43 acessos de mandioca-de-mesa coletados iniciou-se aos seis meses após a brotação das manivas, conforme

descritores propostos por Fukuda e Guevara (1998), com pequenas modificações. Um total de 12 características morfo-agronômicas quantitativas foram avaliadas, quais sejam: altura média de plantas, altura média de primeira ramificação, comprimento médio de lóbulo de folhas, comprimento médio de pecíolo, comprimento médio de raízes tuberosas, diâmetro médio de raízes tuberosas, distância média de entrenós dispostos no mesmo plano (filotaxia), largura média de lóbulo da folha, número médio de lóbulos da folha, número médio de raízes tuberosas por planta e teor de matéria seca e de amido (%) nas raízes tuberosas, conforme o método da balança hidrostática proposto por Grosman e Freitas (1950). Os valores médios referentes a cada característica morfo-agronômica quantitativa foram obtidos a partir da medição individual de dez plantas de cada acesso, com exceção das características teor de matéria seca e de amido, em que foram colhidas três plantas de cada acesso.

A estimação da divergência genética, entre os 43 acessos de mandioca-de-mesa por meio de características morfo-agronômicas quantitativas foi realizada mediante o emprego de análise multivariada. Na predição da divergência genética,

utilizou-se a Distância Euclidiana média padronizada como medida de dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI, 2001):

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2},$$

em que $d_{ii'}$: distância entre os genótipos i e i' ; X_{ij} : observação no i -ésimo genitor em referência a j -ésima característica; n : número de características em estudo.

A análise de agrupamento foi realizada mediante a utilização dos métodos de Otimização de Tocher e Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, com base na Distância Euclidiana média padronizada (CRUZ; REGAZZI, 2001), utilizando os recursos computacionais do Programa Genes (CRUZ, 2006).

Resultados e Discussão

Na Tabela 1 estão apresentadas as medidas de dissimilaridade, estimadas pela Distância Euclidiana média, entre os 10 pares de acessos mais e menos divergentes.

Tabela 1. Estimativas da dissimilaridade ($d_{ii'}$) para as 10 combinações de acessos mais similares e mais divergentes, respectivamente, mediante a avaliação de 12 características morfo-agronômicas quantitativas, envolvendo 43 acessos de mandioca-de-mesa (PR, 2005).

Combinações entre acessos mais similares		$d_{ii'}$	Combinações entre acessos mais divergentes		$d_{ii'}$
UEM-53	UEM-79	0,42	UEM-38	UEM-130	2,55
UEM-53	UEM-68	0,48	UEM-38	UEM-154	2,51
UEM-64	UEM-79	0,54	UEM-126	UEM-127	2,42
UEM-74	UEM-75	0,60	UEM-85	UEM-127	2,39
UEM-75	UEM-83	0,62	UEM-38	UEM-125	2,37
UEM-78	UEM-79	0,62	UEM-76	UEM-127	2,36
UEM-65	UEM-144	0,64	UEM-38	UEM-126	2,34
UEM-65	UEM-321	0,66	UEM-97	UEM-127	2,29
UEM-67	UEM-79	0,67	UEM-61	UEM-127	2,20
UEM-68	UEM-78	0,68	UEM-61	UEM-130	2,18

A combinação entre UEM-38 e UEM-130 ($d_{ii} = 2,55$) foi a mais divergente, seguida pela combinação entre UEM-38 e UEM-154 ($d_{ii} = 2,51$), uma vez que estes pares de acessos apresentaram as estimativas mais elevadas da Distância Euclidiana média. Por sua vez, a menor divergência foi observada entre os pares UEM-53 e UEM-79 ($d_{ii} = 0,42$), bem como entre UEM-53 e UEM-68 ($d_{ii} = 0,49$). A amplitude dos valores de dissimilaridade (0,42 a 2,55) é um indicativo da presença de ampla variabilidade genética entre estes acessos.

A análise de agrupamento dos 43 acessos pelo método de Otimização de Tocher propiciou

a formação de nove grupos distintos (Tabela 2). Os grupos I e II foram os que propiciaram maior número de representantes, uma vez que juntos incorporaram 69,76% dos 43 acessos estudados. Os grupos IV, V e VI agregaram 20,9% dos acessos avaliados, enquanto que os grupos de VI a IX foram constituídos por pelos acessos UEM-126, UEM-170, UEM-127 e UEM-48, respectivamente. Cabe salientar, ainda, que todos os acessos que constituíram os pares mais divergentes (Tabela 1), com base na Distância Euclidiana média, foram alocados em grupos distintos pelo método de Otimização de Tocher (Tabela 2).

Tabela 2. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na Distância Euclidiana média padronizada, estimada a partir de 12 características morfo-agronômicas quantitativas, envolvendo 43 acessos de mandioca-de-mesa (PR, 2005).

Grupos	Acessos	(%)
I	UEM-53, UEM-79, UEM-68, UEM-64, UEM-78, UEM-97, UEM-67, UEM-125, UEM-321, UEM-65, UEM-144, UEM-32, UEM-35, UEM-87, UEM-74, UEM-63, UEM-75, UEM-73, UEM-325, UEM-86, UEM-83, UEM-71, UEM-85	53,49
II	UEM-39, UEM-42, UEM-46, UEM-173, UEM-72, UEM-70, UEM-133	16,27
III	UEM-47, UEM-55, UEM-69, UEM-38	9,30
IV	UEM-61, UEM-66, UEM-76	6,97
V	UEM-130, UEM-154	4,65
VI	UEM-126	2,33
VII	UEM-170	2,33
VIII	UEM-127	2,33
IX	UEM-48	2,33
Total		100,00

O método de Otimização de Tocher também permite estudar a dissimilaridade intra e intergrupos (Tabela 3). A maior distância média intragrupo foi observada nos grupo IV e V (d_{ii} ; $d_v = 1,15$), enquanto que a menor distância intragrupo foi

verificada no grupo II ($d_{ii} = 1,03$). Entretanto, para os grupos VI, VII, VIII e IX não foi possível estimar as distâncias intragrupos, uma vez que cada um deles foi constituído por um único acesso.

Tabela 3. Distâncias médias intra e intergrupos estimadas pelo método de Otimização de Tocher com base na Distância Euclidiana média padronizada, estimada a partir de 12 características morfo-agronômicas, envolvendo 43 acessos de mandioca-de-mesa (PR, 2005).

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
I	1,07	1,38	1,54	1,29	1,44	1,32	1,64	1,97	1,44
II	-	1,03	1,54	1,46	1,76	1,71	1,69	1,82	1,58
III	-	-	1,10	1,53	1,98	1,97	1,97	1,48	1,40
IV	-	-	-	1,15	1,84	1,72	1,96	2,20	1,75
V	-	-	-	-	1,15	1,40	1,63	2,00	2,02
VI	-	-	-	-	-	-	2,08	2,42	1,72
VII	-	-	-	-	-	-	-	1,83	1,75
VIII	-	-	-	-	-	-	-	-	1,50
IX	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Por sua vez, as menores distâncias intergrupos foram observadas entre os grupo I e IV ($d_{I,IV} = 1,29$), bem como entre os grupos I e VI ($d_{I,VI} = 1,32$). Por outro lado, as distâncias intergrupos mais elevadas foram observadas entre os grupos VI e VIII ($d_{VI,VIII} = 2,42$), bem como entre os grupos IV e VIII ($d_{IV,VIII} = 2,20$). Estes resultados referentes à distância intergrupos podem ser úteis na escolha de genitores para hibridação, uma vez que o cruzamento entre indivíduos mais divergentes aumenta as chances de êxito na seleção de segregantes superiores. Desta forma, a hibridação entre os acessos alocados no grupo VI com os acessos alocados no grupo VIII (grupos mais divergentes), tenderiam a proporcionar ganhos superiores àqueles resultantes do cruzamento entre acessos do grupo I com os acessos do grupo IV (grupos menos divergentes).

No que se refere à análise de agrupamento pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, na Figura 1 está apresentado o dendrograma representativo da dissimilaridade entre os acessos avaliados. Quando submetido a um corte vertical a uma distância de cerca de 70%, o método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” indicou a formação de onze grupos, em que o grupo I incorporou 32 acessos (74,42 %), sendo o mais expressivo entre os onze grupos formados.

O grupo III foi constituído por dois acessos, enquanto que os demais grupos foram constituídos por apenas um. Os acessos UEM-53 e UEM-127 foram os que se mostraram mais divergentes, enquanto que a menor divergência foi observada entre os acessos UEM-53 e UEM-79.

Os métodos de Otimização de Tocher (Tabela 2) e Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” (Figura 1) mostraram uma tendência em discriminar os acessos por grupos de forma semelhante, embora não idêntica. Da mesma forma como foi observado pelo método de Otimização de Tocher, o método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” também apresentou a maior porção dos acessos alocados no grupo I, bem como apresentou a formação de alguns grupos constituídos por apenas um acesso. Esta semelhança na discriminação de genótipos pela divergência genética também é relatada por Gonçalves-Vidigal et al. (1997) na cultura da mandioca, por Soares (1990) em batata-baroa (*Arracacia xanthorrhiza*), por Amaral Júnior (1999) em moranga (*Curcubita maxima*), por Martinello et al. (2001, 2003) em quiabeiro (*Abelmoschus esculentus*), por Silva et al. (2005) em feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris*), e por Barelli et al. (2006) e Ceolin et al. (2007) em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*).

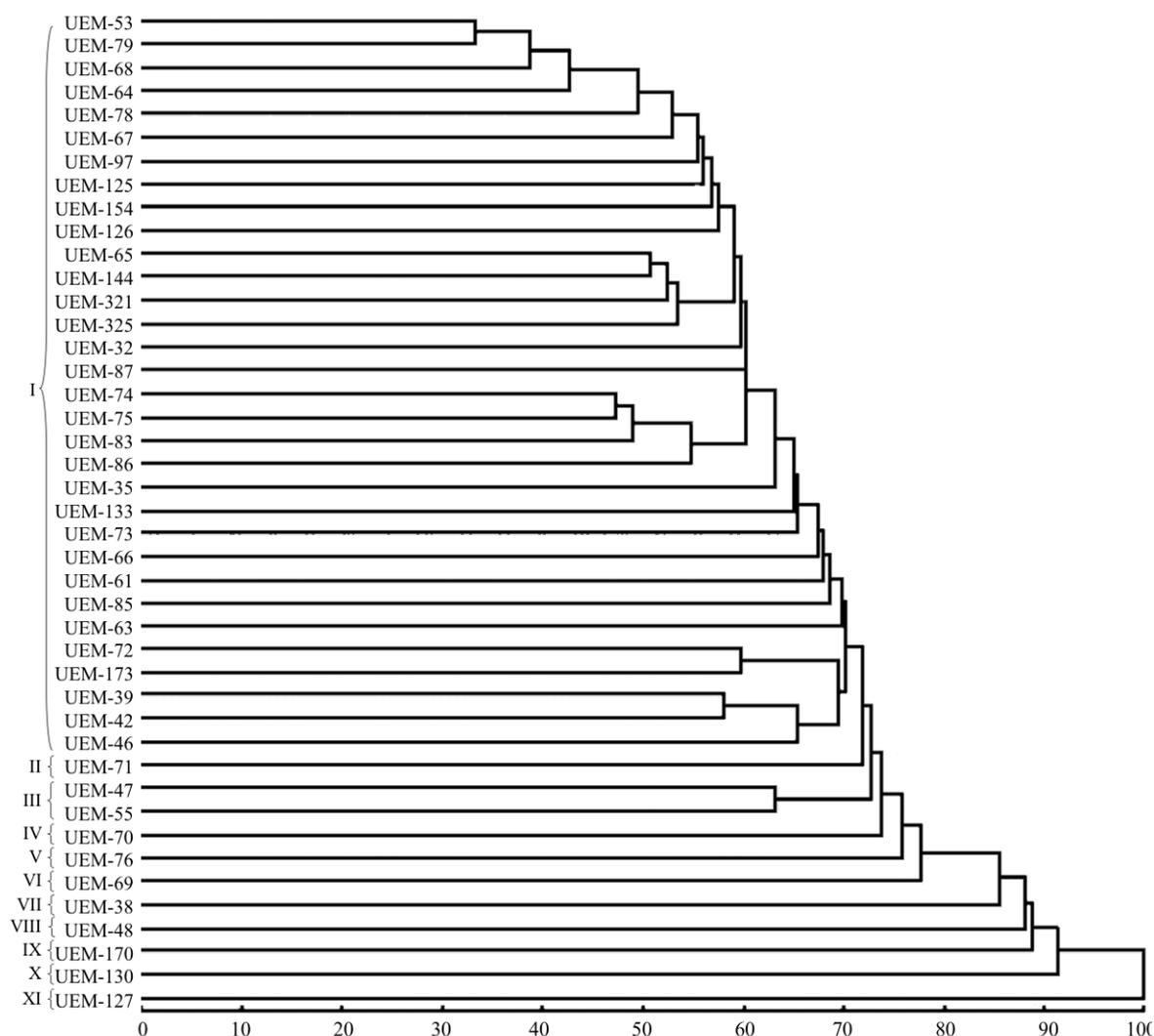


Figura 1. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade entre 43 acessos de mandioca-de-mesa, estabelecido pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” com base na Distância Euclidiana média padronizada, estimada a partir de 12 características morfo-agronômicas quantitativas (PR, 2005).

De forma geral, as combinações de acessos que se mostraram mais similares foram UEM-74 e UEM-75, UEM-75 e UEM-83, UEM-65 e UEM-144, bem como UEM-65 e UEM-321. Por sua vez, as combinações de acessos UEM-38 e UEM-154, UEM-126 e UEM-127, UEM-85 e UEM-127, bem como UEM-38 e UEM-126 mostraram elevada divergência genética.

As características quantitativas que mais contribuíram para a explicação da divergência genética entre os 43 acessos de mandioca-de-mesa

foram o comprimento médio de raízes tuberosas (32,04%), o comprimento médio de pecíolos (18,04%) e o número médio de raízes tuberosas por planta (16,05%). As características diâmetro médio de raízes tuberosas, altura média de plantas e altura média da primeira ramificação foram as que menos explicaram a divergência genética, tendo contribuído com 0,27%, 0,47% e 0,56%, respectivamente, para a explicação da divergência genética (Tabela 4). Estudos desenvolvidos por Gonçalves-Vidigal et al. (1997), indicaram que as características menos importantes para a divergência entre cultivares de

mandioca foram número médio de raízes tuberosas e número médio de hastes. Por sua vez, Rimoldi (2004) reportou que a característica de maior importância na explicação da divergência genética em mandioca foi a altura de primeira ramificação (51,59 %), enquanto que a produção de raízes tuberosas foi a característica que menos contribuiu na explicação da divergência genética.

Estudos recentes têm demonstrado que as características quantitativas são imprescindíveis para a avaliação da divergência genética e, sobretudo, para o melhoramento genético. Portanto, neste estudo foi verificado que as características morfo-agronômicas quantitativas constituem-se em uma opção viável como ferramenta na avaliação da divergência genética entre genótipos de mandioca-de-mesa.

Tabela 4. Contribuição relativa das diversas características avaliadas para a divergência genética, em 43 acessos de mandioca-de-mesa (PR, 2005).

Característica	Contribuição (%)
Altura média de planta (cm)	0,47
Altura média de primeira ramificação (cm)	0,56
Comprimento médio de lóbulo foliar (cm)	8,18
Comprimento médio de pecíolos (cm)	18,04
Comprimento médio de raízes tuberosas (cm)	32,04
Diâmetro médio de raízes tuberosas (cm)	0,27
Distância média de entrenós (cm)	2,35
Largura média de lóbulo da folha (cm)	1,19
Número médio de lóbulos por folha (un)	4,57
Número médio de raízes tuberosas por planta (un)	16,05
Teor de matéria seca nas raízes tuberosas (%)	8,14
Teor de amido nas raízes tuberosas (%)	8,14
Total	100,00

Conclusões

Observou-se ampla variabilidade genética entre os 43 acessos de mandioca-de-mesa estudados;

A maior divergência genética foi observada entre os acessos UEM-38 e UEM-130, bem como UEM-38 e UEM-154, enquanto que a menor divergência genética foi observada entre os acessos UEM-53 e UEM-79, e entre UEM-53 e UEM-68;

O método de Otimização de Tocher possibilitou a formação de nove grupos com o grupo I sendo constituído pela maior porção dos acessos (53,49 %);

O dendrograma gerado pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” possibilitou a distinção dos 43 acessos do banco de germoplasma de

mandioca em onze grandes grupos, sendo o grupo I o mais expressivo, incorporando 74,42 % dos acessos;

Os métodos de Otimização de Tocher e Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” mostraram uma tendência em discriminar os grupos de acessos de forma semelhante;

As características que mais contribuíram para a explicação da divergência genética foram comprimento de raízes tuberosas, comprimento de pecíolo e número de raízes tuberosas por planta, enquanto que as características que menos contribuíram foram altura de plantas, altura da primeira ramificação e diâmetro de raízes tuberosas.

Referências

- AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. *Horticultura Brasileira*, Botucatu, v. 17, n. 1, p. 3-6, 1999.
- BARELLI, M. A. A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; THOMAZELLA, C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; SCAPIM, C. A. Genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions based on RAPD markers. *Annual report of the Bean Improvement Cooperative*, East Lansing, v. 49, n. 1, p. 131-132, 2006.
- CEBALLOS, H. La yuca en Colombia y el mundo: nuevas perspectivas para un cultivo milenario. In: OSPINA, B.; CEBALLOS, H. (Ed.). *La Yuca en el tercer milenio*. Cali-Colombia: CIAT, 2002. p. 1-13.
- CEOLIN, A. C. G.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; KVITSCHAL, M. V.; SCAPIM, C. A.; GONELA, A. Genetic divergence of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) group 'Carioca' using morpho-agronomic traits by multivariate analysis. *Hereditas*, Lund, v. 144, n. 1, p. 1-9, 2007.
- CRUZ, C. D. *Programa Genes: biometria*. Viçosa: Ed. da UFV, 2006.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Divergência genética. In: _____. (Ed.) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Ed. da UFV, 2001. p. 287-324.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. *Sistema brasileiro de classificação de solo*. Rio de Janeiro: EMBRAPA/CNPQ, 1999.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO. *Production: crops primary – cassava*. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/>>. Acesso em: 12 jul. 2006.
- _____. *Partnership formed to improve cassava, staple food of 600 million people*. Disponível em: <<http://www.fao.org/english/newsroom/news/2002/10541-en.html>>. Acesso em: 10 nov. 2005.
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. *Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (Manihot esculenta Crantz)*. Cruz das Almas: Embrapa, 1998. (Documentos, 78).
- GODOY, H.; CORREA, A. R.; SANTOS, D. Clima no Paraná. In: INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ – IAPAR. *Manual agropecuário para o Paraná*. Londrina: IAPAR, 1976. p. 17-36.
- GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VIDIGAL FILHO, P. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; BRACCINI, A. L. Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada. *Bragantia*, Campinas, v. 56, n. 2, p. 263-271, 1997.
- GROSMANN, J.; FREITAS, A. G. Determinação do teor de matéria seca pelo método de peso específico em raízes de mandioca. *Revista Agrônômica*, Porto Alegre, v. 14, n. 160/162, p. 75-80, 1950.
- LORENZI, J. O.; DIAS, C. A. C. *Cultura da mandioca*. Campinas: Coordenadoria de Assistência Técnica Integral, 1993. (Boletim Técnico, 211).
- MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. *Horticultura Brasileira*, Botucatu, v. 20, n. 1, p. 52-58, 2001.
- _____. Diversidade genética em quiabeiro baseada em marcadores RAPD. *Horticultura Brasileira*, Botucatu, v. 21, n. 1, p. 20-25, 2003.
- NASSAR, N. M. A. Cassava: some ecological and physiological aspects related to plant breeding. *Gene Conserve*, Brasília, n. 13, p. 229-245, 2004. **Disponível:** <<http://www.geneconserve.pro.br>>. **Acesso em: 30 maio 2006.**
- OTSUBO, A. A.; MERCANTE, F. M.; MARTINS, C. S. *Aspectos do cultivo da mandioca em Mato Grosso do Sul*. Campo Elevado: Ed. da UNIDERP, 2002.
- PARANÁ. Secretaria da Agricultura e do Abastecimento do Paraná – SEAB. *Prognóstico agropecuário: mandioca*. Disponível em: <<http://www.pr.gov.br/seab/culturas.shtml>>. Acesso em: 12 jul. 2006.
- PEREIRA, A. V.; LORENZI, J. O.; VALLE, T. L. Avaliação do tempo de cozimento e padrão de massa cozida em mandioca-de-mesa. *Revista Brasileira de Mandioca*, Cruz das Almas, v. 4, n. 1, p. 27-32, 1985.
- RIMOLDI, F. *Produtividade e divergência genética em Manihot esculenta Crantz, com base em caracteres morfo-agronômicos e marcadores moleculares RAPD*. 2004. Tese. (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá.
- SILVA, M. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; RODRIGUES, R.; DAHER, R. F.; POSSE, S. C. P. Diversidade genética e identificação de híbridos por marcadores RAPD em feijão-de-vagem. *Acta Scientiarum: Agronomy*, Maringá, v. 27, n. 3, p. 531-539, 2005.

SOARES, L. *Melhoramento de batata-baroa (Arracacia xanthorrhiza Bancroft) II: divergência genética entre clones com base em procedimentos multivariados e estimativas de parâmetros genéticos*. 1990. Dissertação. (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

TAFUR, M. S. M. Fisiologia de la yuca (*Manihot esculenta* Crantz). In: OSPINA, B.; CEBALLOS, H. (Ed.) *La Yuca en el tercer milenio*. Cali: CIAT, 2002. p. 34-45.