

TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA DETERMINAÇÃO DA DIVERSIDADE DE MANDIOCA NO SUL MARANHENSE

MULTIVARIATE TECHNIQUES IN DETERMINING CASSAVA DIVERSITY IN SOUTH MARANHENSE

Clemilton Alves da Silva¹ - UEMASUL

Dávila da Silva Santos² - UEMASUL

Joyce de Sousa Cordeiro³ - UEMASUL

RESUMO

As técnicas multivariadas, aplicadas em várias áreas do conhecimento, são amplamente utilizadas em estudos genéticos devido à possibilidade de integrar simultaneamente, múltiplas informações e quantificar a variância de caracteres de interesse agrônomo. Objetivou-se caracterizar a variabilidade de genótipos mandioca cultivada no sul maranhense, por meio técnicas multivariadas, considerando dez genótipos e dezesseis descritores morfológicos. Por meio da utilização dos diferentes critérios de agrupamento, pode-se identificar a existência de agrupamento natural dos genótipos, em função da similaridade genética do germoplasma avaliado. Foi constatado a existência de variabilidade genética entre os genótipos mandioca estudados, sendo o genótipo Formosa, os mais divergentes constatado pelos diferentes métodos utilizados. Ademais, com base nos resultados obtidos, espera-se que o cruzamento realizado entre um dos genótipos mais divergentes com quaisquer outros materiais pertencentes aos demais grupos, apresente características de importância agrônoma.

PALAVRAS-CHAVE: Seleção. Agricultura familiar. Segurança alimentar. *Manihot esculenta* Crantz.

ABSTRACT

Multivariate techniques, applied in different knowledge areas, are widely used in genetic studies due to the possibility of simultaneously integrating multiple information and quantifying the variance of characters of agronomic interest. The objective was to characterize the variability of cassava genotypes cultivated in southern Maranhão, using multivariate techniques, considering ten genotypes and these morphological descriptors. By using different grouping criteria, the existence of natural grouping of genotypes can be identified, depending on the genetic similarity of the evaluated germplasm. The existence of genetic variability between the trained cassava genotypes was found, with the Formosa genotype being the most divergent found by the different methods used. Furthermore, based on the results obtained, it is expected that from the crosses carried out between one of the most divergent genotypes with any other materials belonging to other groups, and that they present characteristics of agronomic importance.

KEYWORDS: Selection. Family farming. Food security. *Manihot esculenta* Crantz.

¹Doutor em Genética e Melhoramento e docente do Centro de Ciências Agrárias, Naturais e Letras da Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão - UEMASUL. E-mail: clemilton.silva@uemasul.edu.br / ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-8293-6963>.

²Discente do curso de Engenharia Agrônoma do Centro de Ciências Agrárias, Naturais e Letras da Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão - UEMASUL. E-mail: davila.santos@uemasul.edu.br / ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-9703-071X>.

³Discente do curso de Engenharia Agrônoma do Centro de Ciências Agrárias, Naturais e Letras da Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão - UEMASUL. E-mail: joyce.cordeiro@uemasul.edu.br / ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-0964-6807>.

INTRODUÇÃO

A produção de alimentos e a segurança alimentar são preocupações mundiais, pois existe a necessidade, principalmente em países pobres, que a produtividade deve estar aliada ao baixo custo de produção e à fácil distribuição para a população. No Brasil, 125,2 milhões de pessoas vivenciam algum grau de insegurança alimentar e 33 milhões enfrentam a fome (Rede Penssan, 2022). Nesse sentido, o cultivo de mandioca (*Manihot esculenta Crantz*), cultura típica dos trópicos e fonte de segurança alimentar, é de extrema relevância para países e estados pobres (Narina; Odeny, 2012).

No Brasil, a produção de raiz de mandioca para o ano de 2023 deverá ser de 18,67 milhões de toneladas colhidas em uma área total de 1,28 milhões de hectare (IBGE, 2023). Isso se deve ao fato de a cultura apresentar características como tolerância à seca, ao calor e a pouca exigência de fertilizantes agrícolas (Rabbi *et al.*, 2012; ICGMC, 2015,) característica comumente encontrada no estado do Maranhão, no nordeste do Brasil.

No Maranhão, o cultivo de *Manihot esculenta Crantz*, além de apresentar as vantagens supramencionadas, possui um ciclo mais longo, o que lhe permite uma vantagem maior de recuperação diante das demais culturas anuais como, arroz, milho e feijão (Sagrira, 2016). Ademais, além da raiz, outros produtos são derivados da mandioca, como a fécula, que pode ser comercializada tanto no varejo para uso doméstico, como ser utilizada como insumo industrial, para dar consistência em alimentos como molhos, sopas, pudins e sorvete. Nos frigoríficos, pode ser usada como agente de viscosidade na fabricação de embutidos. Também é usada na fabricação de perfumes, colas, adesivos e papel. Assim, é um dos produtos mais importantes da mandioca, tendo em vista a possibilidade de agregação de valor e de exportação (Coelho, 2018), além da utilização para a produção de biocombustível (Narina; Odeny, 2012).

Visto a importância socioeconômica da mandiocultura, pesquisas referentes ao melhoramento genético, sobretudo estudos de diversidade genética que visam identificar e avaliar materiais coletados com o intuito de caracterizar, discriminar e recomendar cultivares mais produtivos se tornam necessários. O direcionamento do uso destes materiais genéticos, pouco conhecidos, em programas de melhoramento da mandiocultura, pode ser realizado de maneira eficiente a partir de dados obtidos em trabalhos de diversidade genética com base em marcadores morfológicos utilizando técnicas multivariadas.

As técnicas multivariadas têm sido aplicadas em várias áreas do conhecimento, nas mais diversas pesquisas científicas. São amplamente utilizadas em estudos genéticos devido à possibilidade de integrar, simultaneamente, múltiplas informações e quantificar a variância de caracteres de interesse agrônomo. Constituem-se em ferramentas de grande utilidade, por conseguir unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres de interesse no melhoramento genético (Cruz; Regazzi, 2001; Fonseca *et al.*, 2006), e quando aliada aos marcadores morfológicos são ferramentas essenciais para caracterizar germoplasma, averiguar a diversidade fitogeográfica de materiais e, conseqüentemente, desenvolver novas cultivares, bem como descobrir fonte de recursos genéticos desconhecidos. Assim, objetivou-se caracterizar a variabilidade de acessos *Manihot esculenta Crantz* cultivada no sul maranhense, por meio técnicas multivariadas.

MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho foi desenvolvido com genótipos de mandioca (*Manihot esculenta*

Crantz), cultivados por pequenos produtores rurais na região sul do Maranhão (Tabela 1). De cada genótipo foram coletados dados de dezessete descritores morfológicos. Os descritores de mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) utilizados neste estudo foram divididos em descritores mínimos e descritores principais, conforme propostos por Fukuda e Guevara (1998).

Tabela 1 - Nomes dos genótipos de mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) coletados e utilizados para caracterização morfológica na região sul Maranhense

Genótipos	Identificação
Amarelo do PA	1
Baianinha	2
Mandioca de MG	3
Água Morna	4
Canela de Seriema	5
Todo tempo	6
Pipoquinha	7
Jaibara	8
Formosa	9
Amarelinha	10

Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

De cada fenótipo foram avaliados descritores principais: Cor da folha desenvolvida, com avaliação visual e em escala, em que: (3) verde claro, (5) verde escuro, (7) verde arroxeadado, (9) roxo; Altura das plantas (AP) em m, proveniente da medição, por meio de trena graduada em mm, da distância desde a superfície do solo até o ápice do broto vegetativo mais alto em relação ao solo; Comprimento do pecíolo, em cm, medidos com régua; Altura da primeira ramificação em cm, com medição com trena graduada; Número de lóbulos, com avaliação visual, em que: (1) três lóbulos, (3) cinco lóbulos, (5) sete lóbulos, (7) nove lóbulos, (9) onze lóbulos; Comprimento e largura do lóbulo em cm, medidos com régua. Hábito de ramificação, com avaliação visual e contagem, sendo: (1) ereto, (2) dicotômico, (3) tricotômico, (4) tetratômico.

Também foram avaliados descritores mínimos: Cor da folha apical- com base na avaliação visual e escala, em que: (3) verde claro; (5) verde escuro; (7) verde arroxeadado e (9) roxo; Pubescência do broto apical - com base na avaliação visual e escala, em que: (0) ausente ou (1) presente na folha; Cor do pecíolo - com base na avaliação visual e escala, em que: (1) verde amarelado, (2) verde, (3) verde avermelhado, (5) vermelho esverdeado, (7) vermelho, (9) roxo; Cor do córtex do caule - com base na avaliação visual e escala, em que: (1) amarelo, (2) verde claro, (3) verde escuro; Cor externa do caule - com base na avaliação visual e escala, em que: (3) laranja, (4) verde amarelado, (5) dourado, (6) marrom claro, (7) prateado, (8) cinza, (9) marrom escuro; Comprimento da filotaxia, com medição em cm com régua; Floração, com base em avaliação visual, em que: (0) ausente, (1) presente.

Após coleta e tabulação dos dados, a estimação da diversidade genética entre os genótipos por meio dos descritores morfológicos foi realizada mediante o emprego de análise multivariada. A análise de agrupamento hierárquico foi realizada pelo método UPGMA, agrupamento otimizado pelo método de Tocher e das coordenadas principais com base nas medidas as de dissimilaridades e na distância euclidiana média padronizada, ambas utilizando pacote *MultivariateAnalysis* por meio do software R (TEAM, 2017).

RESULTADOS

Em relação as médias dos descritores qualitativos, verificou-se que os genótipos Amarelinha, Baianinha e Pipoquinha apresentaram as maiores alturas de plantas (Tabela 2). Quando analisado o descritor altura de primeira ramificação, averiguou-se que as maiores médias foram apresentadas por Baianinha, seguida de Formosa e Canela de Seriema.

Para o descritor números de lóbulos, os genótipos Amarelinha, Formosa, Todo Tempo e Canela de Seriema apresentam em média 7 lóbulos foliar, diferenciando-se dos demais materiais avaliados (Tabela 2).

Quando analisado os descritores largura de lóbulo e comprimento do pecíolo, as médias dos comprimentos variam bastante entre as cultivares avaliadas, gerando grande diferenciação, apesar disso, alguns genótipos possuem tamanhos de pecíolo parecidos, como é o caso da Mandioca de MG e a Jaibara; A largura do lóbulo possui menor variação, sendo os genótipos Amarela do Pará, Mandioca de MG, Água Morna, Todo Tempo, Pipoquinha e Jaibara com médias muito próximas, entre 2,57 e 2,97 cm, se diferenciando dos demais (Tabela 2).

Tabela 2 - Médias de descritores quantitativos avaliados em 10 genótipos de mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) no sul do Maranhão, no ano de 2022

Genótipos ¹	Descritores Quantitativos ²					
	ALT	ALTRM	NLB	CLB	LLB	COMP
1	207.50	59.25	3.53	8.83	2.97	9.30
2	251.33	147.16	6.13	11.70	3.92	17.57
3	203.30	60.23	3.00	7.32	2.85	5.51
4	183.50	71.75	3.00	7.90	2.57	7.00
5	212.00	116.50	7.00	8.58	1.28	10.59
6	189.70	92.30	7.00	9.39	2.88	14.40
7	247.80	80.33	3.00	8.90	2.90	7.66
8	204.80	24.41	3.00	6.99	2.91	5.55
9	225.00	124.00	7.00	13.80	4.40	24.40
10	300.00	86.50	7.00	8.89	3.32	19.27

²ALT-Altura de planta (cm); ATRM-Altura primeira ramificação (cm); NLB-Número de lóbulos; CLB-Comprimento de lóbulo (cm); LLB-Largura de lóbulo (cm); COMP- Comprimento do pecíolo (cm).

¹1-Amarela do PA; 2-Baianinha; 3-Mandioca de MG; 4-Água Morna; 5-Canela de Seriema; 6-Todo tempo; 7-Pipoquinha; 8-Jaibara; 9-Formosa; 10-Amarelinha.

Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

Na tabela 3, ao se observar os descritores multicategóricos, averiguou-se que 70% apresentaram cor da folha apical verde claro, mostrando que pouco os genótipos se diferem em relação a esse descritor. Já na cor da folha desenvolvida, 70% apresentam cor verde escuro, mostrando que as cores, em sua maioria, se diferem de acordo com seus estágios vegetativos.

Ainda analisando esses descritores, pode-se observar que a cor da epiderme do caule apresenta ampla diferenciação, sendo 30% identificadas como laranja, nos genótipos Baianinha, Água Morna e Amarelinha. Apesar disso, a cor creme é a única identificada nos 10 genótipos,

totalizando 100% das cultivares, quando se avalia o descritor cor da epiderme do caule.

O descritor cor do pecíolo possui variação expressiva, no entanto, mas 40% apresentam a cor verde amarelado e os demais genótipos variam entre roxo, verde e vermelho.

Tabela 3 - Caracterização de genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) no sul do Maranhão, no ano de 2022 por meio de descritores multicategóricos

Genótipos ¹	Descritores		Multicategóricos ²		
	CFA	CP	CEXC	CFD	CEPC
1	vdcl	Vdam	Prtd	Vde	creme
2	vdcl	Vdav	Lrj	Vde	creme
3	vdcl	Vde	mrec	Vdcl	creme
4	vdcl	Vrml	Lrj	Vdcl	creme
5	vde	Rox	mrec	Vde	creme
6	vdcl	Vdam	Cnz	Vdcl	creme
7	vde	Vrml	vdam	Vde	creme
8	vde	Vdam	Cnz	Vde	creme
9	vdcl	Vdam	mrcl	Vde	creme
10	vdcl	Vdam	Lrj	Vde	creme

²CFA- Cor da folha apical; CP- Cor do pecíolo; CEXC-Cor externa do caule; CFD- Cor da folha desenvolvida; CEPC-Cor da epiderme do caule. Multicategóricos Coloração: vdcl-verde claro; vde- verde escuro; vdam-verde amarelado;vdav- verde avermelhado; rox-roxo; prtd-prateado; lrj-laranja; mrec- marrom escuro; mrec- marrom claro.

¹1-Amarelona do PA; 2-Baianinha; 3-Mandioca de MG; 4-Água Morna; 5-Canela de Seriemã; 6-Todo tempo; 7-Pipoquinha; 8-Jaibara; 9-Formosa; 10-amarelinha.

Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

Nos descritores categóricos, os descritores pubescência apical e floração foram avaliados usando o critério de presença ou ausência dessas características. Observou-se que 70% dos genótipos apresentaram pubescência apical. Com relação à floração, 50% dos genótipos apresentaram presença. É salutar reforçar que tal descritor tem influência do estágio vegetativo da planta, portanto sendo variável de acordo com o estado analisado (Tabela 4).

Foi possível observar que a sinuosidade do lóbulo e cor dos ramos terminais, possuem variações parecidas. No descritor sinuosidade do lóbulo, 90% de seus genótipos são lisos, com exceção para Pipoquinha, que possui sinuosidade presente. Na cor dos ramos terminais, 90% dos genótipos apresentando cor verde, somente a cultivar Canela de Seriemã apresenta cor verde arroxeadada, o que é um indicativo da nomenclatura do genótipo analisado.

O hábito de ramificação e o comprimento da filotaxia também apresentam dados similares, quanto a porcentagem de ocorrência. No primeiro, 70% do material analisado apresenta hábito tricotômico. Ao se analisar o descritor comprimento da filotaxia, 70% apresenta comprimento médio e 30% longo (Tabela 4).

Tabela 4 - Caracterização de genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) no sul do Maranhão, no ano de 2022 por meio de descritores categóricos

Genótipos ¹	Descritores		Categóricos ²			
	PBA	FL	SLB	CRT	HRAM	CFTX

1	presente	Presente	Liso	Verde	tricotômico	médio
2	presente	Ausente	Liso	Verde	dicotômico	médio
3	ausente	Presente	Liso	Verde	tricotômico	médio
4	presente	presente	Liso	Verde	dicotômico	médio
5	ausente	ausente	Liso	verde arr	tricotômico	médio
6	ausente	ausente	Liso	Verde	tricotômico	médio
7	ausente	ausente	Sinuoso	Verde	tricotômico	longo
8	presente	presente	Liso	Verde	dicotômico	longo
9	presente	ausente	Liso	Verde	tricotômico	médio
10	presente	presente	Liso	Verde	tricotômico	longo

²PBA-Pubescência apical; FL-Floração; SLB-Sinuosidade do lóbulo; CRT-Cor do ramo terminal; HRAM-Hábito de ramificação; CFTX- Comprimento da filotaxia.

¹1-Amarela do PA; 2-Baianinha; 3-Mandioca de MG; 4-Água Morna; 5-Canela de Seriema; 6-Todo tempo; 7-Pipoquinha; 8-Jaibara; 9-Formosa; 10-amarelinha.

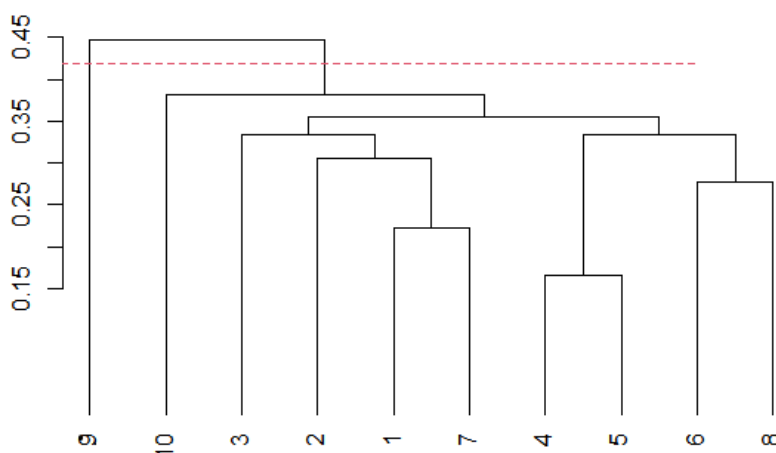
Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

A dissimilaridade entre os genótipos também foi determinada pelo método hierárquico aglomerativo da média entre pares não ponderados (UPGMA) (Figura 1).

O método de agrupamento hierárquico possibilitou, com um corte realizado na distância de 0,33, com base no critério de Mojema (1977) a formação de dois grupos de dissimilaridade. O grupo I foi composto pelo genótipo 9 (Formosa) e o grupo II composto pelo restante dos genótipos avaliados (Amarela do Pará, Baianinha, Mandioca de Minas Gerais, Água Morna, Canela de Seriema, Todo Tempo, Pipoquinha, Jaibara e Amarelinha).

O método de agrupamento de otimização de Tocher realizado a partir das distâncias de dissimilaridade entre os genótipos, separou-os em sete grupos, com comportamento similar dentro do grupo e divergentes entre grupos, apresentando correlação cofenética de 0,73% (Tabela 5).

Figura 1 - Dendrograma resultante da análise de genótipos de mandioca, obtido pelo método de agrupamento UPGMA. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,46**



Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

Tabela 5 - Agrupamento de genótipos de *Manihot esculenta* Crantz., cultivados no sul maranhense, pelo método de agrupamento de Tocher

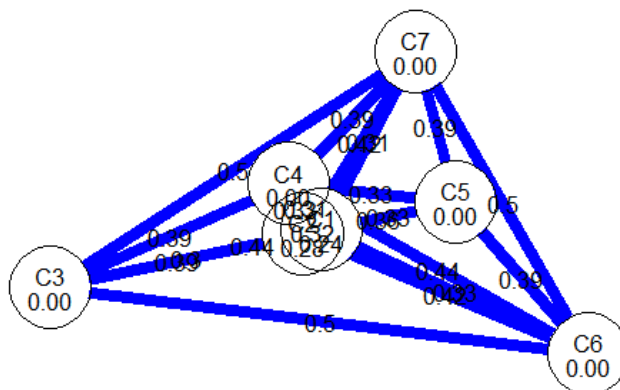
Grupos	Genótipos ¹
I	4, 5 e 6
II	6 e 8
III	1
IV	2
V	3
VI	9
VII	10

¹1- Amarela do Para; 2- Baianinha; 3- Mandioca de Minas Gerais; 4- Água Morna; 5- Canela de Seriemá; 6- Todo Tempo; 7- Pipoquinha; 8- Jaibara; 9- Formosa GB; 10- Amarelinha. correlação cofenética: 0,73%.
Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

O primeiro grupo foi composto de três dos 10 genótipos estudados (4- Água Morna; 5- Canela de Seriemá; 6- Todo Tempo). Verificou-se que os grupos III, IV, V, VI e VII são grupos unitários compostos pelos genótipos Amarela do PA, Baianinha, Mandioca de Minas Gerais, Formosa e Amarelinha, respectivamente (Tabela 5).

A dissimilaridade intra e intergrupos de genótipos que pelo método de otimização de Tocher foi averiguado pela estrutura de distância entre os materiais genéticos analisados. As maiores distâncias foram encontradas entre o grupo III com os grupos VI e VII (valores de 0,50) e entre o grupo VI e VII. Já os menores valores foram averiguados entre os grupos I e II (0,27 e I e II com valores de 0,29 (Figura 2).

Figura 2 - Distância intra (dentro) e inter (entre) grupos de dez genótipos de mandioca, obtido pelo método de agrupamento de Tocher. O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,73*. P-valor: 0.001 baseado no teste Mantel



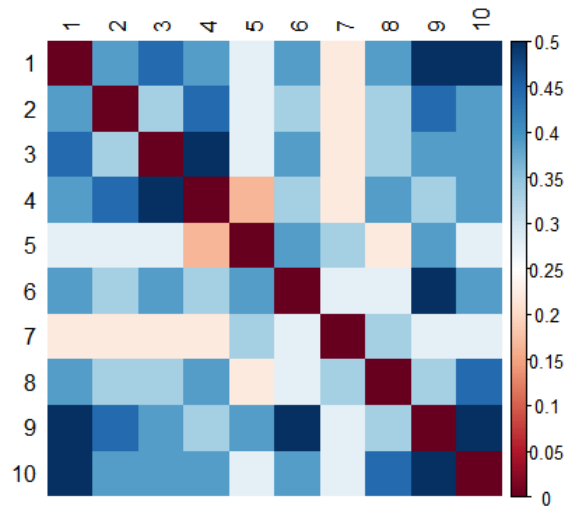
Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

A figura 3 evidencia o resumo da matriz de dissimilaridade entre os genótipos estudados, essa matriz auxilia na tomada de decisão e reforça as informações nos agrupamentos supracitados. A matriz mostra que os genótipos mais próximos são 4 e 5 e as mais distantes são os genótipos 1 e 9. O resultado mostra também que os genótipos 1, 2, 3, são os mais próximos do genótipo 7. Já em relação a maior distância entre os genótipos. 9 e 10 são a mais distante em

relação ao genótipo 1, apresentando distância no valor máximo de 0,5 para ambos.

A menor distância entrada entre os genótipos foi de 0,16 entre os genótipos 4 e 5. A maior distância foi de 0, 5. Valor encontrado entre genótipo 1 e 9, 3 e 4, 6 e 9 e 1 e 10 e 1. O valor do coeficiente de variação das distâncias foi de 24.50%

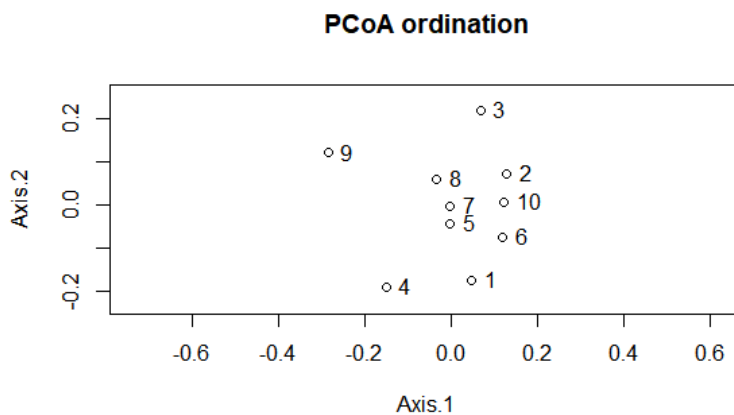
Figura 3 - Resumo da matriz de dissimilaridade entre genótipos de mandioca, cultivados na região sul maranhense



Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

As coordenadas principais também foram utilizadas no presente trabalho como ferramenta de análise e, posterior tomada de decisão dos materiais mais similares ou dissimilares (Figura 4). É recomendado utilizar matriz de dissimilaridade, pois representa dimensionamento da distância entre os genótipos. Por meio da análise de coordenadas principais verificou-se que os genótipos 3, 4 e 9 são os mais distantes dos demais e os demais genótipos os que apresentam maior similaridade.

Figura 4 - Coordenadas Principais da dissimilaridade de dez genótipos de mandioca, cultivados na região sul maranhense



Fonte: Elaborado pelos autores (2023).

DISCUSSÃO

Os resultados encontrados para os descritores cor externa do caule, cor do pecíolo, sinuosidade do lóbulo e comprimento da filotaxia, coadunam aos encontrados por Brito *et al.* (2013), em estudo sobre a variabilidade existente em mandioca. A variabilidade existente pode ser em função do Brasil ser o centro de origem da *Manihot esculenta* Crantz, podendo resultar em cruzamentos entre indivíduos de populações de plantas. Do contrário, a similaridade entre indivíduos pode ocorrer devido a troca de materiais entre agricultores familiares, resultando em descritores semelhantes entre cultivares, como é o caso do descritor cor da folha desenvolvida, no trabalho de Brito *et al.* (2013) todos os genótipos analisados apresentam cor verde escuro, e no presente estudo, 70% de genótipos apresentaram a mesma cor para o referido descritor.

A dissimilaridade entre os genótipos, evidenciada pelo método hierárquico aglomerativo da média entre pares não ponderados (UPGMA), o qual tem como vantagem o fato de não se trabalhar com valores extremos, mínimos e máximos, mas baseados na média aritmética dos dados em questão (Figura 1), mostrou que essa técnica permite agrupar em um mesmo ramo do dendrograma genótipos que apresentam uma característica ou conjunto de característica (multivariadas) em comum, conforme pode ser observado para os genótipos 3, 2, 1 e 7.

Foi averiguado que o genótipo 9 (formosa), ficou em um grupo isolado, que é possível em função da elevada divergência apresentada para as características comprimento do pecíolo (24,40 cm), largura do lóbulo (4,40 cm), comprimento do lóbulo (13,80 cm) em relação aos demais genótipos. Esse resultado mostra que tal genótipo é o mais contratante, sendo, com base no método UPGMA, o mais indicado para cruzamento, caso o objetivo seja obtenção de material divergente para as características supracitadas. O método hierárquico tem sido um dos mais usados nos estudos de caracterização e diversidade genética em culturas agrícolas como em mandioca (Gomes *et al.*, 2020); pimenta (Machado *et al.*, 2022); maracujá (Macedo *et al.*, 2015) e soja (Perini *et al.*, 2018).

Verificou-se que o agrupamento dos genótipos pelo método hierárquico aglomerativo da média entre pares não ponderados (UPGMA), apresentou-se similar ao método de otimização de Tocher, quanto à formação de grupos heteróticos. A semelhança entre estas duas técnicas podem ser constatadas pelo fato do genótipo 9, apresentar-se em grupo isolado e dos genótipos 4, 5 e 6 pertencerem ao mesmo grupo em ambos os métodos de agrupamento (Tabela 5 e Figura 1).

De acordo com Abreu *et al.* (2004), a concordância entre as técnicas multivariadas e de agrupamento é importante no estudo de diversidade genética, pois possibilita a recomendação de cruzamento entre os genitores mais divergentes possíveis, a fim de ampliar a base genética e, conseqüentemente, o aumento da variabilidade. Entretanto, essa recomendação deve levar também em consideração o comportamento *per se* de cada genótipo, sendo de maior relevância aqueles que apresentem desempenho superior para as características agrônômicas de interesse.

O agrupamento de Tocher consiste em uma técnica de otimização, agrupando os indivíduos e mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as distâncias intergrupos (Cruz *et al.*, 2004). O que pode ser constatado pela estrutura de distância entre os materiais genéticos analisados (Figura 2), apresentando, portanto, menor distância entre os genótipos 4, 5 e 6 e maior distância entre 1, 2, 3, 9 e 10.

O coeficiente de correlação cofenética, que representa a eficiência do método de agrupamento entre genótipos, foi de 0,73% pelo método de Tocher. Esse resultado indica que

o método apresenta menor perda de informação dos dados, sendo um bom indicativo para uso do método no estudo de diversidade e caracterização dos genótipos de mandioca.

O resumo da matriz de dissimilaridade entre os genótipos estudados (Figura 3), evidenciada na escala de cor, indica que genótipos que apresentam tonalidades de azul mais escuro tendem a serem mais distantes, indica também que a menor distância entre os genótipos foi de 0,16 entre os genótipos 4 e 5. A maior distância foi de 0,5. Valor encontrado entre genótipo 1 e 9, 3 e 4, 6 e 9 e 9 e 1 e 10 e 1. Esse resultado, mostra alta relação com os métodos de agrupamento apresentado, mostrando que a distância entre os genótipos ocorre em função dos descritores analisados.

A confiabilidade dessa técnica pode ser verificada por meio do seu coeficiente de variação das distâncias que foi de 24,50%. Esse valor indica baixo desvio nos valores observados e razoável precisão na indicação da técnica para seleção de genótipos baseado na caracterização de descritores apresentada.

O agrupamento dos genótipos, por meio de ordenação das coordenadas principais, mostrou a variabilidade encontrada entre os genótipos. Além disso, a projeção dos pontos nos espaços bidimensional (eixos 1 e eixo 2), permitiu representar a variabilidade existente.

A opção para uso de coordenadas principais, que ocorre em função da representação no espaço por um menor número de dimensões, mostra-se útil, por projetar em um gráfico uma configuração de itens, num espaço de baixa dimensão, pois isto facilita a identificação dos grupos de genótipos relacionados (Cruz, 1990; Dias, 1998).

A projeção das coordenadas principais (Figura 4), reforçou a divergência entre o posicionamento dos genótipos mais distintos (3, 4 e 9). É possível, também, identificar um grupo isolado constituído do genótipo 1, e um grupo independente, formados pelos genótipos 7 e 5. Vale ressaltar, que no agrupamento hierárquico (Figura 1) e na otimização (Tabela 2), o genótipo 9, comportou-se como mais independente, conforme é evidenciado na projeção no plano.

Diversos trabalhos com coordenadas principais mostraram quanto de variação entre os genótipos é revelada por meio de descritores morfológicos. Carrasco *et al.* (2016), ao caracterizarem a diversidade de genótipos de mandioca, em três municípios diferentes do Estado de Mato Grosso, observou que o agrupamento de genótipos apresentaria melhor resolução quando se desempenhou a técnica de coordenadas principais.

CONCLUSÃO

O uso de técnicas multivariadas pode identificar a existência de agrupamento natural dos genótipos, em função da dissimilaridade genética existente.

Foi averiguado a existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados, sendo o genótipo Formosa, o mais divergente constatado pelos diferentes métodos utilizados.

A partir do cruzamento realizado entre indivíduos divergentes e que apresentem características de importância agrônoma, pode contribuir para trabalhos de melhoramento e, por conseguinte, no aumento da produtividade da cultura da mandioca.

A caracterização e averiguação da diversidade entre os genótipos estudados é fator essencial na seleção de material que apresentem descritores adequados a recomendação para produtores familiares da região.

REFERÊNCIAS

ABREU, F. B. *et al.* Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 03, p. 547-552, 2004.

BRITO, C. L. L. *et al.* Caracterização de clones de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) por meio de descritores morfológicos em Candido Sales - Bahia. **XV Congresso Brasileiro de Mandioca - Bahia 2013**, p. 2, 2013.

CARRASCO, N. F. *et al.* Growing Cassava (*Manihot esculenta*) in Mato Grosso, Brazil: Genetic Diversity Conservation in Small- Scale Agriculture. **Econ. Bot.**, v. 70, n. 1, p. 15-28, 2016.

COELHO, J. D. **Produção de mandioca-raiz, farinha e fécula.** Caderno Setorial ETENE. Ano 3, n. 44, 2018.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** 1990. 188p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: UFV. 2001. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: Editora UFV, 2004. v. 1, 480p.

DIAS, L. A. dos S. **Análises multidimensionais.** In: ALFENAS, A. C. (Ed.). Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos. Viçosa: UFV, p. 405- 475. 1998.

FONSECA, A. F. A. da. *et al.* Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 599- 605, 2006.

FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz).** Cruz das Almas: EMBRAPACNPMF, 1998, 38p. (EMBRAPACNPMF. Documentos, 78). Disponível em: <https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/ /publicacao/638631/descriitoresmorfologicos-e-agronomicos-para-a-caracterizacao-de-mandioca-manihot-esculenta-crantz>. Acesso em: 16 set 2022.

GOMES, D. A, *et al.* Caracterização de genótipos de mandioca por técnicas multivariadas. **Research, Society and Development**. v. 9, n. 7, p. 1-14, 2020.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola.** Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9201-levantamento-sistemico-da-producao-agricola.html>. Acesso em: 20 set. 2022.

ICGMC - International Cassava Genetic Map Consortium. High-resolution linkage map and

chromosome-scale genome assembly for cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from 10 populations. **G3 (Bethesda)** v. 5, p. 133-144, 2015.

MACEDO, L. A. Caracterização morfoagronômica e diversidade genética de *Capsicum chinense* Jacq. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 8, 2022.

MACHADO, C. de F. Divergência genética de acessos de maracujá utilizando descritores quantitativos e qualitativos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.37, n.1 p. 442-449, 2015.

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

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

PERINI, L. J. *et al.* Diversidade genética entre acessos de soja tipo alimento com base no algoritmo de Gower. In **Colloquium Agrariae**. v. 14, n. 4, p. 47-57, 2018.

RABBI, I. Y. *et al.* An EST-derived SNP and SSR genetic linkage map of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 125, p. 329-342, 2012.

REDE PENSSAN. **II Inquérito Nacional sobre Insegurança Alimentar no Contexto da Pandemia da COVID-19 no Brasil**. São Paulo, 2022. Disponível em: <https://olheparaafome.com.br/wp-content/uploads/2022/06/Relatorio-II-VIGISAN-2022.pdf>. Acesso em: 15 jul 2023.

SAGRIMA - Secretaria de Estado da Agricultura, Pecuária e Pesca. **Perfil da Agropecuária Maranhense 2016**. 2016. Disponível em: <https://sagrima.ma.gov.br/files/2018/01/BOLETIM.pdf>. Acesso em: 15 ago 2023.

TEAM CORE. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.2022. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 27 out 2022.

Submetido em: dezembro de 2023.

Aprovado em: janeiro de 2024.