

GISELE CRISTINA ZUIN

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA-DE-MESA (*MANIHOT ESCULENTA* CRANTZ), COLETADAS NO MUNICÍPIO DE CIANORTE-PR, POR MEIO DE DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES RAPD

**MARINGÁ
PARANÁ - BRASIL
DEZEMBRO – 2006**

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

GISELE CRISTINA ZUIN

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA-DE-MESA (*MANIHOT ESCULENTA* CRANTZ), COLETADAS NO MUNICÍPIO DE CIANORTE-PR, POR MEIO DE DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES RAPD

Dissertação apresentada à Universidade Estadual de Maringá, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre.

**MARINGÁ
PARANÁ - BRASIL
DEZEMBRO – 2006**

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
(Biblioteca Central - UEM, Maringá – PR., Brasil)

Z95d Zuin,, Gisele Cristina
Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa (*Manihot esculenta* Crantz), coletadas no município de Cianorte-PR, por meio de descritores morfo-agronômicos e marcadores moleculares RAPD / Gisele Cristina Zuin. -- Maringá : [s.n.], 2006.
105 f. : il. color., figs., tabs., mapas

Orientador : Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal Filho.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Maringá. Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, 2007.

1.Mandioca-de-mesa. 2. Caracterização de banco de germoplasma. 3.Divergência genética. 4. Marcadores moleculares RAPD. 5. *Manihot esculenta* crantz. 6. Melhoramento genético - Vegetal. 6.Marcadores de DNA - Vegetal. I. Universidade Estadual de Maringá. Pós-graduação em Genética e Melhoramento.

Cdd 21.ed. 633.682

Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte
(A autora)

Dedico...

Aos meus pais Rubens Zuin e Maria Inês Ferrari Zuin, pelo apoio financeiro e espiritual, pelo incentivo e pela paciência dispensados durante a realização dos meus estudos;

Aos meus irmãos Marcelo Zuin e Valéria Ferrari Zuin, simplesmente por existirem e fazerem a diferença em minha vida;

Ao meu noivo Roderlei Molão, pela compreensão e pelo amor dispensados nos últimos dois anos...

...sem dúvida, as pessoas mais importantes do meu mundo!

“Mais importante que conhecer pessoas, é fazer parte de suas vidas!”

Gisele Cristina Zuin.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por todas as graças concebidas, sem as quais nada seria possível;

À Universidade Estadual de Maringá, pela oportunidade de ingresso no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM) e conseqüente realização do curso;

À Capes, que através do Programa de Apoio à Pós-Graduação - PROAP, propiciou a aquisição de reagentes para utilização nas pesquisas de laboratório;

À Fundação Araucária de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Paraná, que propiciou recursos para compra de reagentes e materiais de uso contínuo para as práticas laboratoriais;

Ao Professor Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, pela orientação, dedicação e amizade;

À Prof. Dra. Maria Celeste Gonçalves Vidigal, pelas contribuições, pelo incentivo, pela amizade, enfim, por ter sido essencial em momentos decisivos;

Aos professores da Pós-Graduação, por terem me auxiliado no crescimento intelectual e prático durante o curso;

Ao coordenador do Laboratório de Biotecnologia da Cocamar/UEM, Prof. Dr. Eliezer Rodrigues de Souto, pelas sugestões e pela permissão de utilização do laboratório durante a aplicação das técnicas relacionadas à Biologia Molecular;

Aos professores Deonísio Destro, Alberto José Prioli, Maria Celeste Gonçalves Vidigal e à Dra. Adriana Gonela, pelas críticas e sugestões apresentadas;

Ao Luiz Joaquim Castelo Branco Carvalho, pesquisador do Cenargen/Embrapa, pelas sugestões quanto às práticas relacionadas à extração de material genético;

Ao secretário do PGM e amigo, Francisco José da Cruz, pelos serviços prestados e pela amizade;

Aos funcionários da Fazenda Experimental de Iguatemi – FEI/UEM, especialmente ao Paulo Jesus de Melo, pela ajuda e atenção dispensadas na condução dos experimentos de campo;

Aos funcionários do Núcleo de Pesquisas Aplicada à Agricultura - Nupagri, pelo respeito e atenção;

Aos meus amigos Marcus Vinicius Kvitschal, Adriana Gonela e Giselly Figueiredo Lacanallo, pela ajuda intelectual e prática, assim como, e, sobretudo, pela amizade existente entre nós;

A minha grande amiga, Luana Magri Tunin, pelo convívio e pela amizade;

A todos os que contribuíram, direta ou indiretamente, para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

GISELE CRISTINA ZUIN, filha de Rubens Zuin e Maria Inês Ferrari Zuin, nasceu em Altônia, Estado do Paraná, em 20 de maio de 1982.

Em dezembro de 1996 concluiu o Ensino Fundamental, e em dezembro de 1999 concluiu o Ensino Médio, ambos no Colégio Estadual Cianorte, em Cianorte - PR.

Em dezembro de 2003, graduou-se em Ciências Biológicas pela Universidade Paranaense - UNIPAR, no Campus Regional de Cianorte.

Em fevereiro de 2004 ingressou no Programa de Pós-Graduação *Latu sensu* “Biologia - Bases Morfológicas e Fisiológicas da Integração do Organismo com o Meio Ambiente”, ofertado pela Universidade Estadual de Maringá – UEM, em Maringá – PR, tendo apresentado o respectivo trabalho de conclusão em dezembro do mesmo ano.

Em março de 2005 iniciou seus estudos no curso de Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, da Universidade Estadual de Maringá – UEM, em Maringá – PR.

ÍNDICE

RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Origem da mandioca (<i>Manihot esculenta</i> Crantz).....	3
2.2. Considerações gerais sobre a mandioca.....	5
2.3. Mandioca-de-mesa.....	10
2.4. Variabilidade genética.....	13
2.5. Caracterização genética em mandioca mediante marcadores morfo- agronômicos.....	16
2.6. Caracterização genética em mandioca mediante marcadores moleculares...	18
2.6.1. Marcadores moleculares RAPD na caracterização de mandioca.....	20
2.6.2. Utilização combinada de marcadores na caracterização de mandioca.....	23
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	26
3.1. Coleta e plantio dos acessos em Banco de Germoplasma.....	26
3.2. Características morfo-agronômicas avaliadas.....	28
3.3. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa mediante caracteres morfo-agronômicos quantitativos.....	31
3.3.1. Medida de dissimilaridade.....	31
3.3.2. Análise de agrupamento.....	32
3.3.2.1. Método hierárquico do 'Vizinho Mais Próximo'.....	33
3.3.2.2. Método de otimização de Tocher.....	34
3.4. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa mediante caracteres morfo-agronômicos qualitativos (variáveis multicategóricas).....	36
3.4.1. Medida de dissimilaridade.....	36
3.4.2. Análise de agrupamento.....	37

3.5. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa mediante o uso de marcadores moleculares do tipo RAPD.....	37
3.5.1. Coleta de material vegetal, extração e quantificação de DNA.....	37
3.5.2. Reações de PCR para os <i>primers</i> de RAPD e visualização das bandas.....	39
3.5.3. Análise estatística dos marcadores RAPD.....	41
3.5.3.1. Coeficiente de similaridade de Jaccard.....	41
3.5.3.2. Análise de agrupamento.....	42
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	43
4.1. Análise da divergência genética por meio de caracteres morfo-agronômicos quantitativos.....	43
4.1.1. Caracteres morfo-agronômicos quantitativos.....	43
4.1.2. Análise da divergência genética e agrupamento.....	45
4.2. Análise da divergência genética por meio de caracteres morfo-agronômicos qualitativos (variáveis multicategóricas).....	51
4.3. Análise da divergência genética por meio de marcadores moleculares RAPD.....	59
4.3.1. Avaliação da divergência genética.....	62
4.4. Possíveis aplicações dos resultados.....	67
5. CONCLUSÕES.....	69
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	71
APÊNDICE.....	85

RESUMO

ZUIN, Gisele Cristina, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, dezembro de 2006. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa (*Manihot esculenta* Crantz), coletadas no município de Cianorte-PR, por meio de descritores morfo-agronômicos e marcadores moleculares RAPD. Professor Orientador: Dr. Pedro Soares Vidigal Filho. Professores Conselheiros: Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal, Dr. Alberto José Prioli.

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre 43 cultivares de mandioca-de-mesa (*Manihot esculenta* Crantz) coletadas na zona urbana do município de Cianorte, localizado ao Noroeste do Estado do Paraná, mediante o emprego de descritores morfo-agronômicos e de marcadores moleculares RAPD. A análise estatística foi efetuada por meio de análise multivariada. As matrizes de divergências genéticas foram obtidas através da Distância Euclidiana média em 12 caracteres morfo-agronômicos quantitativos; através do índice de similaridade para 17 variáveis multicategóricas, e por meio do complemento aritmético do índice de Jaccard utilizado para os marcadores moleculares RAPD. Na análise de agrupamento foram utilizados os métodos de Otimização de Tocher e Hierárquico do 'Vizinho Mais Próximo'. No que se refere às características quantitativas, a menor divergência genética observada foi entre os acessos UEM-53 e UEM-79 ($d_{ij} = 0,419$), enquanto os acessos UEM-38 e UEM-130 ($d_{ij} = 2,550$) apresentaram a maior divergência. O método de Tocher propiciou a formação de nove grandes grupos de cultivares, enquanto outros sete grupos foram estabelecidos mediante o método do 'Vizinho Mais Próximo'. As características que mais contribuíram para a divergência foram o comprimento médio de raízes tuberosas e o comprimento médio do pecíolo. O índice de similaridade para características multicategóricas indicou a maior similaridade genética entre as cultivares UEM-71 e UEM-86 ($d_{ij} = 0,059$), enquanto que as mais divergentes foram

UEM-83 e UEM-170 ($d_{ij} = 1,0$). Observou-se, ainda, a formação de seis grandes grupos por meio dos métodos de Tocher e do 'Vizinho Mais Próximo'. Na análise molecular, um total de 90 bandas polimórficas (78,26% de polimorfismo) foram amplificadas com tamanhos que variaram de 230 a 2.500 pares de bases. Os resultados permitiram a formação de 11 distintos grupos, tanto pelo método de Tocher quanto pelo 'Vizinho Mais Próximo'. As cultivares UEM-48 e UEM-144 foram as mais divergentes, enquanto UEM-74 e UEM-75 demonstraram ser aquelas mais similares. O uso de marcadores moleculares na avaliação de cultivares de mandioca fornece informações complementares às características morfo-agronômicas, sendo por isso, relevante a utilização de ambas metodologias. Os resultados evidenciaram a existência de ampla divergência genética entre as cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte.

Palavras-chave: mandioca-de-mesa, caracterização de germoplasma, divergência genética, marcadores moleculares RAPD.

ABSTRACT

ZUIN, Gisele Cristina, M. Sc. Universidade Estadual de Maringá, dezembro de 2006. **Genetic divergence in sweet cassava (*Manihot esculenta* Crantz) cultivars from Cianorte-PR by using morphoagronomic traits and RAPD molecular markers.** Adviser Professor: Dr. Pedro Soares Vidigal Filho. Committee Members: Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal, Dr. Alberto José Prioli.

The present work had as objective to evaluate of the genetic divergence among 43 sweet cassava cultivars (*Manihot esculenta* Crantz) urban zone of Cianorte, Northwestern region of Paraná state, and the statistics analyses were carried out by multivariate analysis using morphoagronomic traits and RAPD molecular markers. The genetic divergences matrixes were obtained through Euclidian mean distance in 12 quantitative morphoagronomic traits using similarity index for 17 multicategory traits, and by Jaccard arithmetic complement applied among 115 molecular RAPD molecular markers. At the clustering analysis were utilized the Tocher's optimization method, and the Nearest Neighbor hierarchic method. As regards quantitative morphoagronomic traits, the Euclidian distance matrix indicated that the lowest genetic divergence was observed in assessments UEM-53 and UEM-79 ($d_{ij} = 0.419$), whereas the highest was shown in assessments UEM-38 and UEM-130 ($d_{ij} = 2.550$). Tocher's method indicate a composition of nine distinguished clustering, while others seven clustering using Nearest Neighbor method. The characteristics that most contributed to genetic divergence were mean length of tuberous roots and petiole. The multicategory traits analyses showed that the higher genetic similarity might be between the cultivars UEM-71 and UEM-86 ($d_{ij} = 0.059$), whereras UEM-83 and UEM-170 ($d_{ij} = 1.0$) were the most divergent cultivars. Was observed, still, the composition of six clustering using Tocher's and Nearest Neighbor methods. At the molecular analysis, a total of 90 polymorphic bands were amplified, which the sizes varied from 230 to 2.500 pairs of bases. The results provided a composition of 11 distinguished clustering using Tocher's and

Nearest Neighbor methods. The cultivars UEM-48 e UEM-144 were the most divergent, whereas UEM-74 and UEM-75 demonstrated to be the most similar. The use of molecular markers to evaluate cassava cultivars provided complementary information at the morphoagronomic traits. For this reason, is important the utilization of both methodologies. The findings showed a wide genetic diversity in the cassava cultivars from Cianorte.

Key words: sweet cassava, germoplasm characterization, genetic divergence, RAPD molecular markers.

1. INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), planta originária da América Tropical, é um arbusto lenhoso perene que pertence à família Euphorbiaceae (Tafur, 2002) e atualmente, a cultura se estabelece entre 30° Norte e 30° Sul a partir do Equador (Nassar, 2004).

A cultura da mandioca tem importância primordial para muitos povos, sobretudo para a África, Ásia e América Latina, continentes que comportam mais de 600 milhões de pessoas dependentes desta cultura, a qual corresponde a terceira maior fonte de calorias entre os trópicos (FAO, 2005).

A planta de mandioca pode ser utilizada integralmente na alimentação humana e animal (Fukuda et al., 2003). No entanto, as raízes tuberosas correspondem à porção de maior valor econômico da planta por serem ricas em carboidrato (Ceballos, 2002).

A produção mundial de raízes tuberosas de mandioca situa-se em torno de 202,7 milhões de toneladas, correspondente ao resultado de um crescimento de 3% ao ano nas últimas três décadas. Os maiores produtores mundiais são a Nigéria e o Brasil (FAO, 2006). No Brasil, o Estado do Paraná é o terceiro maior produtor (Seab, 2006).

A maior parte do volume de raízes tuberosas de mandioca produzido no Paraná é destinado à utilização industrial. No entanto, tem sido observado o crescimento do consumo de mandioca-de-mesa *in natura*, destinado à alimentação humana e animal (Otsubo et al., 2002). A maior parte da produção para consumo *in natura* se faz por meio de uma exploração denominada 'fundo-de-quintal' (Lorenzi e Dias, 1993), um tipo de exploração que conserva elevada variabilidade genética da espécie (Pereira et al., 1985).

A variabilidade genética é a base de qualquer programa de melhoramento vegetal. Entretanto, a preservação de cultivares antigas está ameaçada pela

substituição destas por cultivares melhoradas e mais atraentes, o que estreita a base genética (Montalván e Faria, 1999). O município de Cianorte, no Estado do Paraná, possui forte tradição agrícola, mas o processo de urbanização, que nas últimas décadas tem cedido lugar principalmente às indústrias têxteis, tem propiciado a eliminação de germoplasma tradicional de muitas espécies vegetais, dentre elas, a mandioca.

Desta forma, a realização de coleta e conservação, bem como a caracterização morfo-agronômica do germoplasma de mandioca e sua seqüente discriminação, poderão contribuir para o melhor conhecimento e possível resgate de germoplasmas importantes, auxiliando na seleção de genótipos superiores ou parentais em programas de melhoramento genético de mandioca-de-mesa no Paraná.

O objetivo deste trabalho consistiu em estimar a divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa, coletadas no município de Cianorte, utilizando-se descritores morfo-agronômicos e marcadores moleculares RAPD.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)

Muito antes da chegada dos portugueses, em 1500, a mandioca já era uma das culturas mais populares entre os índios brasileiros (Santos, 2003). No entanto, somente alguns séculos mais tarde iniciaram-se pesquisas sobre a origem dessa espécie tão versátil e popular. Allem (2002) descreve três formas de origem de mandioca, quais sejam, botânica, geográfica, e da agricultura.

Em relação à origem botânica, já em 1827, Pohl delineou a proximidade morfológica, geográfica e ecológica das espécies *M. esculenta* ssp. *flabellifolia* e *M. pruinosa*. Allem (1994), por sua vez, observou que a origem, tanto de cultivares comerciais, quanto de cultivares *landraces* de mandioca provinha de populações silvestres da espécie *Manihot flabellifolia*. Em estudos posteriores, Allem et al. (2000) sugeriu duas espécies como sendo fonte de *pool* gênico para a mandioca, quais sejam *M. esculenta* ssp. *flabellifolia* e *M. pruinosa*. A primeira é considerada o parental selvagem de cultivares modernas, enquanto a segunda corresponde à espécie mais intimamente relacionada à mandioca cultivada.

A origem geográfica para diversas espécies foi descrita por Vavilov (1951), quando, em uma de suas expedições, classificou os centros de origem primários e secundários, indicando a mandioca como pertencente ao centro de origem brasileiro-paraguaio. Por sua vez, Allem (2002) baseou-se na origem geográfica relacionada ao local onde o ancestral das espécies *M. esculenta* ssp. *flabellifolia* e *M. pruinosa* teriam surgido. Há evidências de que este ancestral tenha evoluído do Cerrado ou da Amazônia brasileira. Quanto à origem da agricultura da mandioca, há relatos de sua ocorrência na América pré-colombiana (Allem, 2002).

Alguns estudos têm buscado reafirmar a origem da mandioca por métodos moleculares e, além disso, como as espécies do gênero *Manihot* se organizam na árvore genética.

Na busca por evidências sobre a origem evolutiva e geográfica da mandioca mediante o uso de marcadores SSR (*simple sequence repeat*), Olsen e Schaal (2001) analisaram acessos de mandioca cultivada e parentes selvagens do gênero *Manihot*. Observaram que a variabilidade genética da mandioca constituía-se de um subconjunto das espécies selvagens de *M. esculenta*. Análises de agrupamento com populações selvagens indicaram o Sul da Amazônia como o local provável de domesticação. Os dados sugeriram que *M. pruinosa* não é um parental da mandioca cultivada, e que a variabilidade genética entre as populações selvagens analisadas foi moderadamente elevada.

A avaliação de 20 cultivares de mandioca da 'coleção base do mundo', provenientes do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) da Colômbia, juntamente com 212 genótipos de populações selvagens de duas espécies do gênero *Manihot*, coletadas principalmente no Brasil Central e Ocidental e no Peru Oriental, mediante uso de marcadores SNP (*single nucleotide polymorphisms*) e SSR foi efetuada por Olsen (2004). O estudo demonstrou ser a *M. esculenta* spp. *flabellifolia*, o único parental selvagem da mandioca, pois, praticamente toda variação genética encontrada na mandioca cultivada também foi encontrada em *M. esculenta* spp. *flabellifolia*.

O resultados obtidos neste estudo propiciaram deduzir que os acessos de mandioca são geneticamente mais similares em populações de *M. esculenta* spp. *flabellifolia* do Sul da Amazônia, indicando a provável origem da espécie nesta região. Infere-se que as amostras de mandioca da coleção do CIAT podem não ser verdadeiramente representativas da diversidade genética mundial, pois boa parte da variabilidade genética disponível no Brasil ainda não está catalogada nesta coleção de germoplasma (Olsen, 2004).

Os parentes selvagens da mandioca podem ter oferecido um papel importante na especiação de mandioca (Nassar e Collevatti, 2005), mas parece estar

havendo uma dificuldade na constatação de qual (ou quais) espécie teria originado a mandioca cultivada.

Apesar de ser nativa do Novo Mundo, a mandioca se tornou a maior fonte de carboidratos no sub-Saara da África e a quarta mais importante cultura tropical do mundo (Olsen, 2004).

2.2. Considerações gerais sobre a mandioca

A mandioca, *Manihot esculenta* Crantz, pertence à classe das dicotiledôneas e à família Euphorbiaceae, constituída por 7.200 espécies. Das 98 espécies pertencentes ao gênero *Manihot*, somente *M. esculenta* tem propriedades comerciais para a produção de raízes tuberosas comestíveis, mas todas elas têm capacidade de intercruzamento (Ceballos e Cruz, 2002).

A espécie *Manihot esculenta* possuiu $2n = 36$ cromossomos e é alotetraplóide (Nassar, 2004), ou seja, um organismo que possui dois genomas diferentes, cada genoma representado duas vezes (Ramalho et al., 2004).

A mandioca é um arbusto perene, com altura média de um a cinco metros, sendo que geralmente não ultrapassa os três metros (Ceballos e Cruz, 2002). Possui destacável adaptação a uma elevada diversidade de ambientes, tolerância a distintos fatores bióticos e abióticos prejudiciais à produção, e diversificada versatilidade de uso (Ceballos, 2002). A polinização cruzada é realizada principalmente por insetos (Nassar, 2004), que são atraídos pelo néctar das flores. As abelhas, em geral, são os principais agentes polinizadores de mandioca. Observou-se, em trabalho realizado na Bahia, que o período de maior atividade desses insetos concentrava-se entre 12:00 e 14:00, coincidindo com o período de abertura das flores (Fukuda et al., 2003).

É uma espécie monóica, com flores masculinas e femininas dispostas na mesma inflorescência. As flores femininas encontram-se em quantidades reduzidas e em posições basais, enquanto as masculinas encontram-se em maior quantidade e são apicais (Fukuda et al., 2003). Elas apresentam protoginia, ou seja, as flores femininas se abrem cerca de duas semanas antes que as masculinas, o que facilita

os cruzamentos naturais, e, conseqüentemente, a natureza tipicamente alógama. Entretanto, podem ocorrer autofecundações quando as flores masculinas e femininas abrem-se ao mesmo tempo (Nassar, 2004). Obviamente, a probabilidade de ocorrência de polinizações cruzadas equivalente a autofecundações é aumentada em campos onde existe apenas um genótipo (Fukuda et al., 2003).

A cultura se desenvolve com vigor em locais onde não ocorrem geadas, e com temperaturas entre 16 e 38°C (Viégas, 1976). Temperaturas inferiores a 20°C não são convenientes para o cultivo da espécie, fato que leva os agricultores de regiões frias a evitar tal plantio. Entre 20 e 25°C a taxa fotossintética de plantas de mandioca mantém-se estável e o máximo de atividade fotossintética ocorre na faixa de 35°C, sendo que temperaturas superiores e inferiores reduz este índice (El-Sharkawy et al., 1989).

Uma mesma cultivar de mandioca dificilmente se comporta de maneira semelhante em todos os ecossistemas, o que justifica, em parte, a elevada diversidade de cultivares utilizada pelos agricultores de mandioca do Brasil. O elevado número de pragas e doenças que afetam o cultivo de mandioca são fatores determinantes para a necessidade de elevado número de cultivares existentes. (Fukuda et al., 2003). A bacteriose, causada pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* é a principal doença que atinge a cultura, sobretudo no Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. A doença denominada de superalongamento, causada pelo fungo *Sphaceloma manihoticola* também é causadora de prejuízos na produtividade. A alternativa mais viável de controle das doenças em mandioca é a utilização de cultivares tolerantes ou resistentes (Gomes e Leal, 2000).

A mandioca é predominantemente cultivada por pequenos produtores, que usam pouca ou nenhuma tecnologia de produção (Fukuda, 1994). Na maioria das regiões do mundo foram os próprios produtores quem primeiro definiram os períodos mais apropriados para efetuarem a colheita da planta (Conceição, 1981). De acordo com Lorenzi e Dias (1993), as raízes tuberosas de mandioca podem ser coletadas conforme as necessidades, não apresentando um período crítico de colheita. Porém, Montaldo (1979) sugere como sinal do estado de maturação, o trincamento do solo ao redor do colo das mesmas. Entretanto, Viégas (1976) citou que muitos produtores

observam o amarelecimento e queda das folhas, ou ainda, o ressecamento das extremidades das hastes para realizar a colheita.

Entre as características levadas em consideração para a realização da colheita, encontram-se os teores de amido e matéria seca nas cultivares de mandioca. Vidigal Filho et al. (2000) avaliaram nove cultivares de mandioca para indústria no Noroeste do Paraná durante três anos agrícolas, em que os maiores teores de matéria seca foram encontrados nas cultivares Fécula Branca, IAC 14, IAC 13 e IAC 12, e o menor teor, na cultivar Mico. Posteriormente, Sagrilo et al. (2003) analisando cinco cultivares durante 10 períodos de colheita do segundo ciclo de cultivo observaram que o teor de amido nas raízes tuberosas se mostrou elevado nos três primeiros períodos, sendo que entre os meses 15 a 18, estes teores tenderam a baixar. Nos últimos três meses, todas as cultivares em estudo apontaram as maiores taxas de matéria seca, uma vez que, aos 21 meses, correspondendo ao mês de maio, o teor de amido apresentou o teor mais elevado. O menor teor de matéria seca foi observado na cultivar Mico, e os maiores teores, entre as cultivares IAC 14, IAC 13 e Fécula Branca, sendo que esta última também foi superior em relação ao teor de amido nas raízes tuberosas.

A mandioca é uma das mais de 1.000 espécies vegetais que produzem ácido cianídrico (HCN), provavelmente em resposta ao ataque de pragas, a incidência de doenças e a repelência de roedores (Nartey, 1978). O HCN é um composto liberado a partir de folhas, caules, sementes, frutos, raízes e rizomas em resposta ao rompimento das células vegetais. Quando humanos e animais são expostos à ingestão de elevadas concentrações de HCN, é possível a ocorrência de intoxicação orgânica (Nartey, 1978). O HCN é liberado a partir da degradação dos glicosídeos cianogênicos ao entrarem em contato com a enzima linamarase, sendo que também são liberados, uma ou mais moléculas de açúcar e um aldeído ou uma cetona (Teles, 1995). Os principais glicosídeos cianogênicos, comumente chamados cianoglicosídeos, são a linamarina e a lotaustralina, e tendem a aparecer em maior proporção nas folhas que nas raízes tuberosas (Telles, 1995). Adicionalmente, as películas suberosas contêm os níveis mais elevados de glicosídeos cianogênicos das raízes tuberosas (Nartey, 1978).

A degradação dos glicosídeos cianogênicos ocorre por meio da destruição da integridade celular dos tecidos da planta, propiciando o contato da enzima linamarase, que se encontra localizada nas paredes celulares da planta, com os glicosídeos linamarina e lotaustralina, que se encontram nos vacúolos celulares (Sayre, 1996).

Os processos para destoxificação (redução das propriedades tóxicas causadas pelo HCN) da mandioca e seus derivados visam reduzir ou eliminar o cianeto do produto. De maneira geral, os glicosídeos são eliminados por hidrólise, tal qual produz HCN, que por ser muito volátil, se perde. Técnicas como secagem ao sol, ralação, trituração, prensagem, fermentação, torração ou cocção, são úteis como processos destoxicativos, sobretudo a combinação de técnicas (Teles, 1995).

Cultivares de mandioca livres de cianoglicosídeos são desconhecidas (Nartey, 1978). Por sua vez, o teor de HCN na espécie varia de acordo com o genótipo, estado fisiológico da planta, condições ambientais e métodos de cultivo. Aliado a isso, o teor de HCN é o fator determinante para classificar as cultivares em mansas ou bravas (Lorenzi, 2003). As mansas possuem menos do que 100 mg Kg^{-1} de HCN, as intermediárias, entre 100 e 200 mg Kg^{-1} de HCN, enquanto as bravas, mais de 200 mg Kg^{-1} de HCN (Lorenzi e Dias, 1993). Mas, na prática, o método de degustação considera que as raízes tuberosas de cultivares mansas são doces e as bravas são amargas (Lorenzi, 2003).

A morfologia das folhas de mandioca pode ser um fator contributivo para a produtividade de raízes tuberosas. Um estudo realizado no Norte da Colômbia por Lenis et al. (2006) mostrou que existe forte correlação entre produtividade de matéria seca nas raízes tuberosas e duração de área foliar. Ou seja, é possível selecionar simultaneamente para retenção foliar e conteúdo de matéria seca. A duração de área foliar aumentada faz elevar a produtividade de biomassa e a maioria desta biomassa acumula-se nas raízes tuberosas, o que conduz a uma produtividade mais elevada. El-Sharkawy et al. (1989) concordam que a longa duração de área foliar e o alto índice de área foliar permitem maior interceptação de luz e, como resultado, maiores taxas fotossintéticas durante o período de crescimento da cultura. Diante destas considerações, a seleção para longevidade foliar pode ser vantajosa.

Na maioria das vezes, o cultivo de mandioca se faz por meio de um sistema reprodutivo que utiliza as manivas (segmentos de 0,15 a 0,20 m da rama ou caule) como material de multiplicação, isto é, propagação vegetativa, clonagem. Molina e El-Sharkawy (1995) afirmam ser a qualidade das manivas, um dos principais fatores a serem levados em consideração para que a produtividade das colheitas de mandioca seja satisfatória.

O método de propagação vegetativa para a cultura da mandioca é prático e de baixo custo, mas, segundo Nassar e Collevatti (2005), este tipo de propagação promove o acúmulo de bactérias e vírus ano após ano, causando prejuízos na produtividade. O uso de sementes minimizaria os problemas causados principalmente pela contaminação (Bomfim et al., 2005), mas a quantidade de sementes fecundadas é baixa por cruzamento (Fregene et al., 1997). Além disso, as sementes de mandioca são do tipo recalcitrantes, fato que permite a armazenagem por tempo reduzido. Conforme Bomfim et al. (2005), é necessário um mecanismo de proteção dos clones a doenças e que, ao mesmo tempo, mantenha a superioridade genética dos mesmos.

Uma alternativa é a indução da apomixia em mandioca. Apomixia é a produção assexuada de sementes e embriões sem fertilização, logo, o embrião apomítico é um clone da planta-mãe. As pesquisas recentes estão inclinadas para a confirmação da apomixia através do uso de marcadores de DNA. Entre as vantagens deste fenômeno, observadas por Nassar e Collevatti (2005), está a possibilidade de preservação do vigor híbrido.

Acredita-se que a introdução de apomixia em mandioca cultivada poderá assegurar a preservação de cultivares superiores que estarão livres de vírus e bactérias. Se a apomixia for induzida em excelentes cultivares brasileiros, como Vassourinha e Guaxupé, estas não correrão risco de serem extintas e serão conservadas por um longo tempo (Nassar e Collevatti, 2005).

Em trabalho recente, com o auxílio de marcadores SSR, Nassar e Collevatti (2005) conseguiram induzir a apomixia em uma cultivar de *M. esculenta*, sendo que o fenômeno apomítico foi selecionado de um parente selvagem, a espécie *M. glaziovii*.

Apesar de as plantas de mandioca serem propagadas vegetativamente, muitas cultivares *landraces* têm capacidade de reprodução sexual. Fazendeiros ameríndios são capazes de reconhecer *seedlings* de mandioca e então colocá-los para crescer. Quando as plantas originadas dos *seedlings* são portadoras de características desejáveis, estas são incluídas na cultura, e, posteriormente suas ramas são usadas como material de propagação. A incorporação destes produtos de reprodução sexual espontânea parece ser importante para a origem e manutenção da diversidade genética nesta espécie propagada clonalmente. Observações feitas em uma aldeia de ameríndios da Guiana, por Elias e McKey (2000), sugerem que os *seedlings* provêm de um banco de sementes viáveis estocadas na terra, e que a dispersão e enterro das sementes, feitos por formigas, têm sido importantes na manutenção desse banco.

2.3. Mandioca-de-mesa

A mandioca-de-mesa, também conhecida no Brasil como aipim, macaxeira, mandioca mansa ou doce (Gomes e Leal, 2000) é um dos alimentos preferenciais da mesa dos brasileiros (Borges et al., 2002).

As raízes tuberosas de mandioca também são muito consumidas pelos povos africanos, principalmente sob a forma *in natura*, cozida ou frita, uma vez que predominam as cultivares específicas para mesa e também pela quase inexistência de indústrias do ramo. Além disso, consomem uma espécie de molho muito apreciado, chamado *matapa* (Groxko, 2002).

A produção de mandioca-de-mesa é uma atividade agrícola bastante expressiva e destinada à comercialização *in natura* e indústrias de congelados. Esta atividade caracteriza-se pela exploração de cultivares que contêm baixos teores de HCN na polpa crua de suas raízes tuberosas, garantindo que não tenham sabor amargo e não ofereçam riscos de intoxicação aos consumidores (Valle et al., 2004). Quando utilizada para consumo humano as cultivares devem apresentar menos de 50 mg Kg⁻¹ de HCN nas raízes tuberosas frescas (Gomes e Leal, 2000).

A diferença mais concreta entre cultivares brava e de mesa (ou mansa) encontra-se no modo de consumo. As bravas são utilizadas para produzir farinha, extrair amido e outros produtos, mas somente são consumidas após algum tipo de processamento industrial com efeito destoxicante. Cultivares de mesa são mais versáteis, podem ser destinadas ao processamento tal qual as cultivares bravas, e também consumidas após preparos mais simples como cozidas, fritas ou assadas (Valle et al., 2004). Apesar de não haver caracteres morfológicos especificamente associados à distinção entre mandioca brava e mandioca-de-mesa, conjuntos de marcadores de DNA ou morfológicos, podem estabelecer uma distinção entre estes dois grupos (Mühlen et al., 2000).

Na exploração de mandioca-de-mesa são propostos dois tipos de cultivo, quais sejam, cultivo de quintal e cultivo comercial. O primeiro é desenvolvido com baixo nível tecnológico e em pequenas áreas cultivadas em 'fundo de quintal' ou terrenos adjacentes. Normalmente são restritos às próprias localidades, não tendo cunho comercial, enquanto que as culturas comerciais destinam sua produção aos mercados organizados e feiras livres para o consumo humano ou processamento industrial, especialmente na forma congelada (Lorenzi, 2003).

O cultivo comercial de mandioca-de-mesa utiliza de um número reduzido de cultivares selecionadas, que são conduzidas com alta tecnologia para atender à demanda, como é o caso das cultivares Mantiqueira, Verdinha, Jaçanã, Preta e Amarela. A rápida aceitação da cultivar Amarela, na década de 80, fez com que surgisse o mercado de mandioca-de-mesa processada, especialmente na forma cozida e congelada, em razão da oferta regular de um produto mais homogêneo e de melhor qualidade, e, tornou-se a principal cultivar para mesa do Estado de São Paulo (Lorenzi, 2003). Trabalhos recentes realizados por pesquisadores do Cerat (Unesp – Botucatu), confirmaram a superioridade de IAC 576-70, e também dão crédito para SRT-1105 (Mico), Milagrosa-RG, Mantiqueira e IAC 522-30 como cultivares para mesa, em relação às suas qualidades culinárias (Oliveira et al., 2005).

No Paraná, Miranda (2000), ao avaliar as características agrônômicas, tecnológicas e da qualidade de raízes tuberosas de cultivares de mandioca-de-mesa, encontrou que a cultivar Iapar 19-Pioneira apresentou o menor tempo de cozimento,

enquanto as cultivares Catarina Amarela, Catarina Branca, IAC 576-70 e Pretona apresentaram os melhores resultados em relação ao processamento, ou seja, maiores produtividades, maiores diâmetros de raízes e reduzidos tempos de descascamento. De modo geral, as cultivares de mandioca-de-mesa Iapar 19-Pioneira, Catarina Branca, Catarina Amarela, IAC-576-70 e Paulistinha têm demonstrado ampla adaptação no Paraná. Por ser um mercado em crescimento, a demanda de mandioca-de-mesa, tanto *in natura*, minimamente processada, quanto para a indústria de congelados, deve aumentar e então serem introduzidos novos clones (Fonseca Júnior et al., 2002).

Na avaliação de 26 cultivares de *M. esculenta* do Banco de Germoplasma de Mandioca da Embrapa – Mandioca e Fruticultura Tropical (Borges et al., 2002), e observaram que aproximadamente 81% das cultivares continham teores de cianeto dentro dos limites aceitáveis (até 100 mg Kg⁻¹ de polpa crua). Sob condições ambientais durante seis dias, todas as cultivares deterioraram. De modo geral, as cultivares Três Meses e Caiabana sobressaíram-se e foram consideradas promissoras para consumo *in natura*. Por sua vez, para a região dos Tabuleiros Costeiros, desde o Amapá até o Rio de Janeiro, as cultivares de mandioca-de-mesa indicadas foram Saracura, Maragogipe, Casca Roxa e Manteiga, por terem expressado maior produtividade média de raízes tuberosas (Gomes e Leal, 2000).

Em Maringá, Paraná, Rimoldi et al. (2006) avaliaram 14 cultivares de mandioca-de-mesa que haviam sido coletadas nas regiões Norte, Noroeste e Oeste do Estado e verificaram que as cultivares Caipira, Branca 1, Amarela 1, Amarela 2 e Santa Helena se destacaram das demais por apresentarem maiores produtividades de raízes tuberosas, boa porcentagem de amido, além de tolerância à bacteriose e baixo teor de ácido cianídrico.

Por sua vez, Valle et al. (2004) realizaram hibridações entre duas cultivares de mandioca-de-mesa (IAC 576-70 e IAC 289-70) e uma brava (SRT 1330-Xingu) com a cultivar SRT 797-Ouro do Vale, também cultivar para mesa. Quando do cruzamento entre cultivares de mesa, 85,7% dos genótipos apresentaram menos que 100 mg.Kg⁻¹ de HCN na polpa fresca das raízes tuberosas. Quando do cruzamento entre as cultivares mansa e brava, apenas 31,3% dos genótipos mostraram teores

abaixo desse valor. Os genótipos recombinantes mostraram uma variação do potencial cianogênico bastante elevada, permitindo a seleção de indivíduos com maior ou menor teor cianogênico devido à alta herdabilidade oriunda de ampla variabilidade genotípica. Assim, cultivares bravas podem surgir como recombinantes de cultivares mansas, sendo também possível selecionar cultivares com baixo teor cianogênico em cruzamentos de mandiocas mansas com mandiocas bravas.

Estudos desenvolvidos no Estado do Acre, por Souza et al. (2005), mostraram que as cultivares Caipora, Mani, Branquinha, Mix-2 e Agromazon-3 foram as que levaram menor tempo para cozinhar, adicionalmente, Caipora e Mani apresentaram boas características de raízes tuberosas, boa qualidade de massa, baixo teor de HCN e boa adaptação às diversas condições edafoclimáticas do Estado do Acre.

2.4. Variabilidade genética

No Brasil, a conservação da variabilidade genética tem sido realizada pelo Cenargen – Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia da Embrapa. Neste centro, algumas espécies de propagação vegetativa, tais como a mandioca, são conservadas *in vitro*, um sistema mais prático do que o da armazenagem de plantas *in vivo*, que demanda bastante trabalho e, ainda, está exposto a desastres naturais (Ramalho et al., 2004). Porém, em muitos bancos de germoplasma a mandioca é conservada *in vivo*, na maioria dos casos, por não possuir estrutura adequada e mão-de-obra especializada para a conservação *in vitro*.

A cultura da mandioca apresenta ampla variabilidade genética decorrente da facilidade de polinização e da alta heterozigose da espécie, acarretando uma infinidade de novos clones surgidos naturalmente (Fukuda, 1986). Sua elevada heterozigosidade, favorecida pelos cruzamentos naturais intraespecíficos, resultou em elevado número de cultivares com diferentes características morfológicas (Lorenzi, 2003).

Um programa de melhoramento, basicamente, fundamenta-se na seleção de genótipos superiores, que se torna efetiva com a variabilidade genética disponível

(Montalván e Faria, 1999). Os principais métodos de melhoramento utilizados em mandioca são introdução e hibridação intraespecífica (Fukuda et al., 2003).

A introdução é o método mais comum de desenvolvimento de novas cultivares em mandioca, já que apresenta elevada chance de êxito em função da ampla diversidade genética disponível, ainda pouco explorada (Fukuda et al., 2003). Assim, Vidigal Filho et al. (2000), avaliando cultivares para indústria na região Noroeste do Estado do Paraná, verificaram a superioridade da cultivar Fécula Branca, que foi introduzida e avaliada juntamente com cultivares tradicionais da região. No entanto, quando o objetivo é criar variabilidade ou transferir características de interesse econômico, o método indicado corresponde à hibridação intraespecífica (Fukuda et al., 2003), que baseia-se na existência de variabilidade na população de trabalho. Para isso, os melhoristas têm recomendado o intercruzamento de cultivares superiores e divergentes. Essa divergência pode ser avaliada a partir de características agrônômicas, morfológicas, moleculares, entre outras (Cruz e Carneiro, 2003).

No futuro, a extensa variabilidade genética de mandioca disponível será ampliada com o uso de fontes genéticas de espécies silvestres, em associação com protocolos de transformação genética (Fukuda et al., 2003).

Conforme Nassar (2002), algumas espécies do gênero *Manihot* podem ser cruzadas entre si e originar polens razoavelmente viáveis. Hibridações naturais ou controladas têm ocorrido e freqüentemente constatado o vigor dos híbridos. Acredita-se que o fluxo gênico da mandioca para espécies relacionadas do gênero *Manihot* pode ter representado um importante papel na evolução destas espécies selvagens (Nassar, 2002). No entanto, a utilização de espécies selvagens do gênero *Manihot* em programas de melhoramento de mandioca é uma prática mais comum em alguns países da Ásia e da África. Na América Latina, onde se dispõe de uma ampla diversidade genética da espécie *M. esculenta*, reduzida quantidade de programas utilizam espécies relacionadas (Fukuda, 1994). Mesmo assim, alguns pesquisadores insistem na obtenção de tais híbridos. Nassar (2003) realizou o cruzamento entre *Manihot glaziovii* Muell. com *M. esculenta* Crantz e obteve um híbrido interespecífico

estéril, que foi considerado como uma nova espécie e recebeu o nome de *Manihot rogersii* Nassar.

Apesar da disponibilidade de uma ampla diversidade genética de mandioca, um número pouco expressivo de cultivares apresentam uma combinação razoável de resistência aos estresses que afetam a cultura em um determinado ecossistema. Somente através da seleção adequada dos parentais, seguida de recombinações, é possível obter-se ganhos significativos em termos de produtividade, qualidade e resistência a pragas e doenças (Fukuda, 1996).

A mandioca é capaz de adaptar-se às mais diferentes condições edafoclimáticas, entretanto, apresenta elevada interação entre genótipo e ambiente, indicando, portanto, que um mesmo genótipo dificilmente se comporta de maneira semelhante em todas as regiões ecológicas (Fukuda, 1996). Vidigal-Filho et al. (2006) realizaram avaliação, em dois ambientes, com 14 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas nas regiões Norte, Noroeste e Oeste do Estado do Paraná, quanto à produção de raízes tuberosas e ao índice de colheita. Os autores verificaram que as cultivares de mandioca-de-mesa com melhores desempenhos foram Caipira, Fécula Branca e Amarela 2, pois mostraram boa estabilidade produtiva.

Ao avaliar cultivares para indústria, Kvitschal et al. (2003) verificaram que o clone IAC 46-90 se destacou pela elevada produção de raízes tuberosas, pela elevada produção de matéria seca e de amido nas suas raízes tuberosas, bem como pela baixa incidência de bacteriose e de superalongamento. Também em estudos de estabilidade e de adaptabilidade de clones de mandioca na região Noroeste do Paraná, Kvitschal et al. (2006) verificaram que o clone IAC 190-89 mostrou-se tão estável para produtividade de raízes tuberosas quanto a cultivar Fibra, a qual é amplamente cultivada na região, além de ter apresentado baixa incidência de bacteriose e de superalongamento.

A adaptação ampla não é comum das cultivares existentes, mas é uma característica da espécie *M. esculenta*, que se reflete em sua ampla diversidade genética, o que justifica o elevado número de cultivares de mandioca em todo o país, adaptadas a ambientes específicos onde foram selecionadas naturalmente ou por agricultores (Fukuda, 1996). Em mandioca, a cultivar representa um dos principais

componentes tecnológicos do sistema de produção, por sua capacidade de se adaptar às mais diferentes condições de cultivo e ser uma cultura pouco exigente em termos de insumos e de água (Fukuda et al., 2003).

A ampla variabilidade genética de *M. esculenta* pode ser analisada por diversos métodos, envolvendo caracteres morfo-agronômicos e marcadores moleculares.

2.5. Caracterização genética em mandioca mediante marcadores morfo-agronômicos

A estrutura genética da espécie *M. esculenta* é pouco conhecida, apesar do elevado número de cultivares existente e também da alta diversidade intraespecífica encontrada no Brasil, que é seu centro de origem. Tal fato é reconhecido por Costa et al. (2003), quando descrevem que no Brasil, os acessos de mandioca estão distribuídos em sete bancos ativos de germoplasma regionais, com elevada variabilidade genética dentro deles, porém, com germoplasma pouco estudado geneticamente.

O estudo da variabilidade genética pode ser realizado mediante a utilização de marcadores, encontrados nas espécies. O termo marcador indica que sua função é, entre outras, identificar ou etiquetar alguma coisa. Adicionalmente, um marcador pode ser utilizado em estudos de divergência genética, com o intuito, por exemplo, de pesquisar processos evolutivos e identificar as cultivares (Ramalho et al., 2004). Existem várias classes de marcadores, dentre eles temos os denominados morfológicos e agronômicos.

Um marcador pode ser denominado de morfológico quando o fenótipo for de fácil identificação, normalmente determinado por um único alelo e possuidor de herdabilidade alta. O marcador deve estar ligado intimamente ao alelo de interesse, entendendo que a eficiência máxima de um marcador ocorre quando ele se constitui no próprio alelo de interesse (Ramalho et al., 2004). Os marcadores agronômicos são aqueles caracteres com baixa herdabilidade, desejáveis sob o ponto de vista econômico, e contribuem para visualizar de forma preliminar a adaptação e o potencial produtivo dos genótipos, pondo em evidência os mais promissores

indicados para recomendação direta ao produtor e/ou sua utilização em programas de hibridações (Fukuda e Guevara, 1998). Em estudos com mandioca, freqüentemente se faz uso dos termos 'marcadores morfo-agronômicos' ou 'descritores morfo-agronômicos', indicando estar relacionado com os dois marcadores acima citados.

No Noroeste do Estado do Paraná, os dados de 10 marcadores morfo-agronômicos, de duas características relacionadas à qualidade das raízes tuberosas, foram utilizados para avaliar a divergência genética entre nove cultivares de mandioca utilizando-se estatística multivariada. O método de agrupamento do 'Vizinho Mais Próximo', quando comparado com Tocher, revelou resultados semelhantes, indicando a formação de cinco grupos, e, em cada grupo, as mesmas cultivares. Conclui-se que as cultivares IAC 44-82 e Verdinha foram as mais próximas geneticamente, enquanto que IAC 44-82 e Fécula Branca, as mais divergentes (Gonçalves-Vidigal et al., 1997).

A caracterização de cinco cultivares de mandioca componentes do Banco de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte, de Teresina – PI, foi efetuada mediante dados de 28 descritores morfo-agronômicos. Os genótipos diferiram em praticamente todos os caracteres abordados, exceto pubescência do broto apical aos oito meses e hábito de crescimento aos 12 meses. A diversidade morfológica manifestada permitiu inferir que os genótipos apresentaram divergência genética para vários caracteres, constituindo, portanto, genótipos distintos (Araújo et al., 2005).

Estudos de caracterização morfogenômica em 13 cultivares de mandioca, mantidas em um banco de germoplasma da Amazônia, foram efetuados por Barreto et al. (2005), e uma das constatações foi de que 12 cultivares poderiam ser indicadas como cultivares para mesa, por possuírem teores de HCN abaixo de 50 mg Kg^{-1} . Por sua vez, Albuquerque et al. (2005) avaliaram os 10 clones de mandioca mais cultivados no Estado de Roraima quanto às características altura de plantas e produtividade de raízes tuberosas, e observaram que os clones MX-001, MX-004 e MX-010 foram os que apresentaram maior produtividade de raízes.

2.6. Caracterização genética em mandioca mediante marcadores moleculares

Os marcadores moleculares são características selecionáveis e herdadas geneticamente, que permitem conhecer e acessar a variabilidade genética em nível de DNA (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Eles surgiram recentemente, como o advento da biologia molecular. Os tipos mais utilizados são os marcadores à base de proteínas e os que fazem uso do próprio DNA (Ramalho et al., 2004).

Os marcadores moleculares baseados em DNA são os próprios genes ou regiões próximas a eles, ou seja, as seqüências de DNA situadas próximas aos genes que queremos marcar. Eles começaram a ser utilizados na década de 80 e já se desenvolveram mais de uma dezena de procedimentos (Ramalho et al., 2004).

Os marcadores de DNA apresentam várias vantagens sobre os outros tipos de marcadores, tais como o número elevado de marcadores obtido, o alto grau de polimorfismo, a não-influência ambiental e a não-apresentação de efeito pleitrópico (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Além disso, os marcadores moleculares revelam polimorfismos de DNA entre indivíduos geneticamente relacionados (Lopes et al., 2005) e permitem avaliar, em um curto prazo, um número elevado de genótipos (Costa et al., 2003). Dessa forma, diversos métodos de marcadores moleculares têm sido utilizados para análise genética, sejam eles dominantes, tais como os marcadores RAPD e AFLP ou codominantes, tais como os marcadores RFLP e SSR.

A avaliação da diversidade genética em 80 acessos de *Manihot*, a maioria originária da África, correspondendo a cultivares de mandioca cultivada, juntamente com alguns acessos das espécies selvagens *M. glaziovii* e *M. caerulescens* foi efetuada por Beeching et al. (1993), usando a técnica de RFLP (*restriction fragment length polymorphisms*), com a diversidade genética sendo avaliada a partir de 155 bandas. Uma cultivar da Guiana Francesa se destacou pela quantidade de fragmentos de DNA específicos que apresentava e pela distância que mantinha das cultivares de *M. esculenta* no dendograma, sugerindo ser uma cultivar de alguma espécie selvagem do gênero *Manihot*, não presente no trabalho. Uma outra cultivar, coletada na Etiópia, também aparecia separada no dendograma de UPGMA (*Unweighted pair-group method with arithmetic averaging*), sugerindo ter ocorrido hibridização com *M. glaziovii* em sua origem. A técnica RFLP, na qual a

dissimilaridade foi ponderada pelo coeficiente de similaridade de Jaccard, conseguiu separar as três espécies em questão, dispondo os híbridos interespecíficos em posições intermediárias em meio às espécies parentais.

A técnica de marcadores moleculares AFLP (*amplified fragment length polymorphisms*) foi utilizada por Sanchez et al. (1999) para avaliar a diversidade genética em 93 cultivares de mandioca, e encontraram um nível de 79,2% de polimorfismo. Os marcadores AFLP também foram empregados por Wong et al. (1999) para caracterizar oito cultivares de mandioca em Singapura. Percebeu-se que a combinação de enzimas de restrição *Apa1/Taq1* foram eficientes em discriminar as cultivares. Adicionalmente, esta combinação de enzimas produziu o maior número de bandas polimórficas, provavelmente porque elas sejam preferencialmente utilizadas em genomas que possuam elevado conteúdo de bases nitrogenadas G e C, pois, Wong et al. (1997) já haviam identificado a elevada presença destas bases dentro do germoplasma de mandioca, quando constataram que *primers* com elevado conteúdo G + C se mostraram como os mais eficientes para a amplificação de fragmentos de DNA.

Mediante o uso da técnica SSR, Mba et al. (2001) desenvolveram 172 novos marcadores codominantes para o genoma de mandioca. As cultivares utilizadas foram a cultivar melhorada desenvolvida pelo IITA-Nigéria, denominada TMS 30572 e um acesso da coleção base do CIAT, denominada CMC 40, tendo esta sido coletada no Brasil.

Em estudos desenvolvidos por Fregene et al. (2003) avaliou-se a diversidade de 283 cultivares *landraces* de mandioca de países da África (Tanzânia e Nigéria) e de países do Neotrópico (Brasil, Colômbia, Peru, Venezuela, Guatemala, México e Argentina) pelo uso de marcadores SSR. Os marcadores revelaram alto grau de polimorfismo, em média $94 \pm 1,06\%$, sendo que as cultivares oriundas do Brasil e da Colômbia propiciaram o polimorfismo mais elevado, 100% e 98.5%, respectivamente. Verificou-se que a diversidade genética de cultivares *landraces* do Neotrópico não foi significativamente diferente daqueles da África, porém, a análise de agrupamento pelo método UPGMA resultou em um dendograma que distinguiu as cultivares *landraces* africanas e neotropicais.

2.6.1. Marcadores moleculares RAPD na caracterização de mandioca

Os marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), ou, Polimorfismo de DNA Amplificado ao Acaso, pertencem a uma classe de marcadores baseada na Reação em Cadeia da Polimerase, ou, PCR (Williams et al., 1990).

A PCR permite a síntese enzimática *in vitro* de muitas cópias de um segmento específico de DNA. Ao se utilizarem *primers* curtos de seqüência arbitrária é possível obter elevada quantidade de segmentos de DNA, que poderão ser facilmente visualizados em gel de eletroforese, sem a necessidade de conhecimento prévio das seqüências. O polimorfismo é identificado como um fragmento de DNA amplificado a partir de um indivíduo e não amplificado a partir de outro. Desde sua descrição, o uso de marcadores RAPD têm tido uma difusão extremamente rápida no melhoramento genético de plantas, principalmente devido à facilidade de sua utilização, rapidez, versatilidade e baixo custo. Por utilizarem o próprio DNA e não os seus produtos, os marcadores RAPD apresentam resultados experimentais mais consistentes, se comparados com marcadores de outra natureza (Ferreira e Grattapaglia, 1996).

O conhecimento e a escolha dos *primers* (oligonucleotídeos iniciadores) é uma etapa relevante no início dos trabalhos com RAPD. Os *primers* utilizados nos experimentos de RAPD são compostos de 10 bases de seqüências arbitrárias, também chamados *primers* decâmeros, com no mínimo 50% de conteúdo G+C (Lopes et al., 2005). Dessa forma, Wong et al. (1997) estudaram os tipos de *primers* mais indicados para a cultura da mandioca. Eles testaram 30 *primers* compostos de diferentes quantidades de G+C, de G e de C para obtenção de boa amplificação de DNA. O uso de iniciadores com seqüências flanqueadoras de três a cinco Cs e com elevado índice de G+C, 80%, foram os que renderam melhores resultados, sendo que *primers* com elevado conteúdo de G e ausência C não foram eficientes.

A técnica RAPD foi aplicada na avaliação de 19 cultivares de *M. esculenta* coletadas na África e mostrou-se capaz de discriminar as cultivares em estudo (Marmey et al., 1993). Por sua vez, Colombo et al. (2000a) analisaram a diversidade entre 126 genótipos de mandioca de quatro zonas geográficas, incluindo acessos do

Estado de São Paulo, Santa Izabel (na Amazônia), acessos nativos de diversas regiões brasileiras (representando o Brasil) e do CIAT (representando o mundo). Os autores concluíram que a maior estimativa de diversidade estava entre o grupo de acessos do CIAT, seguido pelos grupos representantes de Brasil e São Paulo, enquanto que as cultivares de Santa Izabel tiveram significativamente menor estimativa de diversidade genética.

Mediante o emprego da mesma técnica, Costa et al. (2003) analisaram a similaridade genética entre 27 acessos de mandioca proveniente do Banco Ativo de Germoplasma, da Embrapa Amazônia Oriental. Os 12 *primers* proporcionaram a amplificação de 211 marcadores RAPD, os quais foram suficientes para explicar a ocorrência de elevada divergência genética em alguns materiais oriundos da mesma localidade, havendo reduzida relação entre a origem geográfica e o padrão da distribuição da variabilidade genética obtida.

A diversidade genética de cinquenta clones de mandioca foi estudada por Asante e Offei (2003) através da técnica RAPD em experimentos realizados com cultivares *landraces* de quatro distritos de Ghana, na África, juntamente com três cultivares melhoradas. Empregou-se quatro *primers*, quais foram OPK-01, OPR-02, OPR-09 e OPJ-14, e, com eles tornou-se possível a visualização de 41 bandas, sendo 95,12% polimórficas. A análise de agrupamento pelo método UPGMA delimitou três grupos, indicando a cultivar WCH-012 como a mais divergente. A divergência mínima observada foi entre as populações dos distritos de Dormaa e Asonafo, enquanto que a maior divergência foi verificada entre as cultivares melhoradas, sugerindo que o cruzamento entre cultivares *landraces* de Dormaa e cultivares melhoradas resultaria em uma progênie bastante heterogênea.

Os marcadores RAPD foram utilizados em Moçambique por Zacarias et al. (2004) para caracterizar a distância genética de 28 genótipos de mandioca desta localidade juntamente com sete genótipos de outros países (Angola, Madagascar, Nigéria, Togo, Colômbia, e Tailândia). Vinte *primers* amplificaram 311 bandas, dentre os quais, 84,6% foram polimórficas. O alto grau de polimorfismo sugere a possibilidade de usar baixo número de *primers* para identificação genotípica nesta

espécie. O agrupamento no dendrograma não indicou uma relação entre distribuição geográfica e diversidade genética.

A análise da diversidade genética em 30 cultivares de mandioca com raízes de coloração amarelo-laranja, do Banco de Germoplasma de Mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, foi realizada por Santos et al. (2005) mediante utilização da técnica RAPD. Os 30 *primers* decâmeros empregados renderam 126 bandas, com polimorfismo de 72,19%. Os resultados, baseados na Distância Euclidiana e agrupamento pelo método UPGMA, demonstraram existir elevada diversidade genética entre as cultivares estudadas.

Nos atuais bancos de germoplasma, um dos problemas enfrentados é a possível ambigüidade de materiais, ou seja, acessos que levam a mesma denominação, mas tem pequenas diferenças fenotípicas ou acessos que não levam denominação idêntica, mas são muito semelhantes entre si. A técnica RAPD tem sido empregada com sucesso na tentativa de resolver tal problema. Para tanto, Faleiro et al. (2005a) avaliaram a variabilidade genética de 19 cultivares de mandioca mantidas no Banco de Germoplasma da Embrapa Cerrados, Distrito Federal, que apresentavam características típicas da cultivar Buriti e verificaram polimorfismo de 45,54%. Verificou-se que as cultivares foram consideradas muito próximas geneticamente, mas não redundantes.

Um trabalho semelhante, no mesmo banco de germoplasma, avaliou a variabilidade genética existente entre as cultivares denominados de Pioneira e de Japonesa. O emprego de 11 *primers* permitiu a visualização de 136 bandas, em que 60% foram polimórficas. Os resultados obtidos mostraram que as cultivares similares fenotipicamente ficaram realmente próximas, mas não houve redundância. A variabilidade genética dentro destes acessos poderia ser explicada pela ocorrência de cruzamentos dentro de uma mesma cultivar, originando sementes e plantas que durante sucessivos plantios adquiriram uma vantagem competitiva (Faleiro et al., 2005b).

A utilização de RAPD como técnica isolada de marcadores tem provido resultados satisfatórios para os diversos fins. Não obstante, para que a pesquisa seja mais consistente e confiável, muitos pesquisadores têm feito uso combinado de

diferentes marcadores moleculares, assim como de marcadores morfológicos/agronômicos com marcadores moleculares.

2.6.2. Utilização combinada de marcadores na caracterização de mandioca

O uso combinado de marcadores moleculares e morfológicos tem provido bons resultados no melhoramento de mandioca, como pode ser ressaltado nos trabalhos apresentados por Colombo et al. (1998), Demey et al. (2003) e Rimoldi (2004).

A análise de uma coleção de 31 cultivares de mandioca originárias de diferentes regiões geográficas do Brasil, que fazem parte da coleção mantida pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC – São Paulo) foi efetuada por Colombo et al. (1998). Os dados obtidos de 22 *primers* e 37,56% de polimorfismo foram comparados com nove descritores morfológicos, utilizando-se de estatística multivariada. Os resultados mostraram que os marcadores morfológicos não foram capazes de diferenciar 13 pares de cultivares, enquanto que os marcadores RAPD não conseguiram diferenciar apenas um par. A análise multivariada, baseada nos índices de similaridade genética, permitiu o agrupamento de genótipos indicados para o consumo *in natura* em um grupo, enquanto os genótipos destinados à produção de farinha ficaram dispostos em outro grupo.

Trabalho semelhante foi realizado por Demey et al. (2003), ao analisar uma coleção de germoplasma de mandioca da Venezuela. Em 65 acessos da coleção, foram estudadas 19 características morfológicas, que foram comparadas com os dados dos fragmentos de RAPD. A coleção de germoplasma de mandioca distribuiu-se em quatro grupos principais, tanto para caracterização molecular quanto morfológica. Os marcadores moleculares apresentaram diversidade genética mais alta que os morfológicos.

Estudos desenvolvidos por Rimoldi (2004) constaram da avaliação da produtividade e da divergência genética em 14 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas nas regiões Norte, Noroeste e Oeste do Estado do Paraná, com base em 12 caracteres morfo-agronômicos e marcadores RAPD. A análise morfo-agronômica

indicou, pela aplicação da Distância de Mahalanobis, que as cultivares mais distantes foram Pão e Guaíra, enquanto Santa Helena e Branca 1, as menos distantes geneticamente. Os métodos de agrupamento hierárquico e de otimização demonstraram resultados compatíveis entre si e com a Distância de Mahalanobis. Os caracteres de menor importância para análise da divergência genética foram estande final de plantas, produção de raízes tuberosas e comprimento médio de raízes tuberosas, enquanto que a característica mais importante foi a altura de primeira ramificação. Por sua vez, a análise molecular, baseada em 13 *primers*, amplificou 119 bandas, com 83,19% de polimorfismo. Pelo coeficiente de Jaccard, as cultivares Guaíra e Quarenta Quilos foram as mais similares, enquanto as mais distantes foram Branca 3 e Amarela da Rama Cinza. Os resultados obtidos pelos caracteres morfo-agronômicos foram parcialmente condizentes com os marcadores moleculares, sendo a complementaridade dos dados de diferentes marcadores, de reconhecida relevância.

A aplicação conjunta de diversas técnicas de marcadores moleculares tem sido observada. Assim sendo, Mühlen et al. (2000) avaliaram a variabilidade genética de 55 cultivares de mandioca, sendo 38 bravas e 17 para mesa, originárias de três regiões amazônicas e região Sul de São Paulo, Brasil. Foram amplificadas 339 bandas, sendo 134 de AFLP, 156 de RAPD e 49 de SSR. Os marcadores que apresentaram maior polimorfismo foram os SSR, com 97,96%, seguidos por AFLP, com 69,40% e RAPD, com 55,80%. Os índices médios de similaridade entre cultivares variaram em função do tipo de marcador, ou seja, $S = 0,89$ para RAPD, $S = 0,85$ para AFLP e $S = 0,59$ para SSR. Não foi possível determinar com clareza o resultado de divergência genética entre regiões, já que entre os acessos de São Paulo só havia cultivares de mandioca-de-mesa. Em vista da similaridade de resultado entre os três tipos de marcador de DNA, os autores sugeriram que o uso de apenas um tipo é suficiente para avaliar a diversidade genética de cultivares de mandioca, desde que o número de bandas seja adequado.

Por sua vez, Carvalho e Schaal (2001) fizeram uso de marcadores baseados em PCR, RAPD e SSR, assim como caracterização agronômica para analisar acessos do gênero *Manihot*, da coleção de germoplasma da Universidade de

Washington, da coleção base do CIAT e da coleção da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Os resultados mostraram que a técnica RAPD amplificou sempre um maior número de fragmentos, assim como maior polimorfismo, que a técnica SSR. As duas técnicas geraram dados que expressaram padrões complementares nos dendrogramas, mas não coincidentes, sugerindo que as duas técnicas abrangem distintas regiões no genoma de mandioca e que os marcadores RAPD evoluem a uma taxa mais elevada que os SSR. O resultado da divergência chamou a atenção para a semelhança entre cultivares usadas em diferentes países, o que indica a expansão global de cultivares específicos. Ainda, a elevada diversidade genética encontrada entre as cultivares de mandioca brasileiras não está corretamente representada na coleção do CIAT. Os dados dos marcadores agrônômicos não foram completamente condizentes com os marcadores moleculares.

As técnicas biotecnológicas estão sendo igualmente utilizadas, no entanto, conforme Colombo et al. (2000b), a escolha do tipo de marcador a ser empregado deve levar em conta fatores como facilidade de uso e de custos. Possivelmente, a elevada aplicabilidade da técnica RAPD seja por conta destas características. Entretanto, para dar maior consistência aos resultados, o uso combinado de marcadores moleculares e morfológicos torna-se relevante. Rimoldi (2004), Demey et al. (2003) e Colombo et al. (1998) enfatizaram, em seus trabalhos, que a utilização conjunta de marcadores RAPD e morfo-agronômicos em estudos genéticos de mandioca fornece informações distintas e complementares, sendo que a utilização de uma metodologia não exclui a necessidade de avaliar a outra.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Coleta e plantio dos acessos em Banco de Germoplasma

Ao longo dos meses de julho a agosto de 2005 foi efetuada uma coleta de germoplasma, totalizando 43 acessos de mandioca-de-mesa, em diversos bairros da região urbana do município de Cianorte - PR, que apresentavam o chamado cultivo de “fundo de quintal”. O município de Cianorte (Figura 1) 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 et al., 1976).

O procedimento da coleta procurou atingir todas as direções do município, quais sejam Norte, Sul, Leste e Oeste. Em cada bairro, procurou-se efetuar a coleta do material existente em cultivo nos terrenos ainda não ocupados por residências, bem como, daquele cultivado em pequenas hortas. A coleta constou de 5 a 10 ramas de plantas adultas, maduras, com aproximadamente 8 a 10 meses de idade, as quais foram identificadas previamente, e a seguir amarradas em feixes. Nos locais onde foi verificada a presença de cultivares fenotipicamente diferentes, efetuou-se a coleta de todos os variantes separadamente, com o intuito de amostrar toda a variabilidade existente naquele local.

As ramas coletadas foram transportadas até a Fazenda Experimental de Iguatemi (FEI) da Universidade Estadual de Maringá (UEM), localizada em Iguatemi, distrito de Maringá, e armazenadas sob sombra, na posição vertical e cobertas com palha até o momento do plantio (Lorenzi e Dias, 1993). 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 et al., 1976).

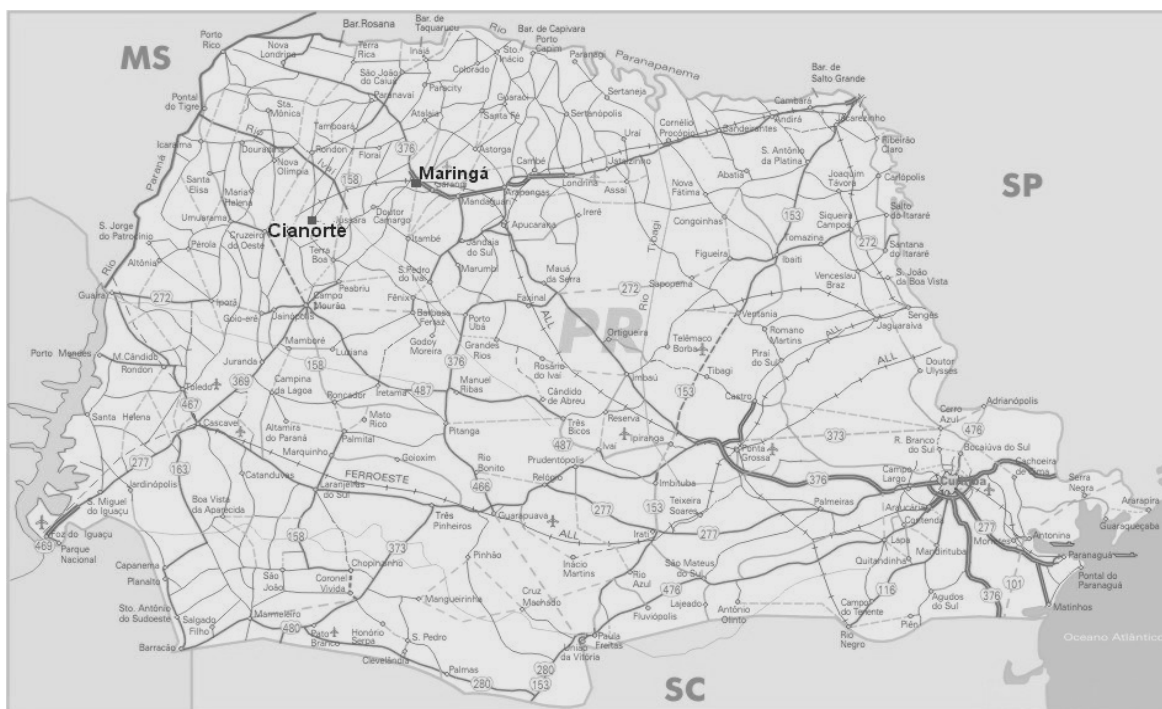


Figura 1. Localização dos municípios de Cianorte e de Maringá no Estado do Paraná.
Fonte: Ministério dos Transportes, 2006.

O plantio foi realizado em área de ocorrência de solo classificado como Latossolo Vermelho distrófico (Embrapa, 1999). Por tratar-se de análise de cultivares em banco de germoplasma, não houve delineamento experimental. No período de inverno a presente área foi cultivada com aveia preta, sendo utilizada com o objetivo de cobertura vegetal. Por ocasião do plantio, que ocorreu na primeira quinzena de outubro de 2005, 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.

Cada cultivar foi representada por uma parcela/linha de 10 plantas/clones. Previamente foram demarcadas linhas de 8,0 m de comprimento espaçadas de 1,0 m entre linhas e 0,80 m entre plantas. O plantio foi efetuado em covas, com as manivas dispostas na posição horizontal, a aproximadamente 0,10 m de

profundidade e cobertas com terra. Os tratos culturais realizados foram àqueles comuns à cultura, conforme Lorenzi e Dias (1993).

3.2. Características morfo-agronômicas avaliadas

A caracterização das cultivares de mandioca-de-mesa foi efetuada conforme os descritores morfológicos e agronômicos propostos por Fukuda e Guevara (1998), com pequenas modificações. Esta caracterização iniciou-se aos seis meses após o plantio, enquanto as últimas verificações foram realizadas por ocasião da colheita.

As 29 características morfo-agronômicas analisadas puderam ser distinguidas em qualitativas e quantitativas.

As 12 características quantitativas avaliadas foram:

- a) Altura média de plantas: expressa em m, proveniente da medição, por meio de trena graduada em mm, da distância desde o nível do solo até a extremidade da brotação nova, em 10 plantas de cada genótipo;
- b) Altura média de primeira ramificação: expressa em m, proveniente da medição, desde o nível do solo até a altura da primeira ramificação, em 10 plantas de cada genótipo;
- c) Comprimento médio de lóbulo de folhas: expresso em cm, proveniente da medição da distância do ponto de inserção do pecíolo ao lóbulo foliar até a extremidade do lóbulo central das folhas, no terço médio da planta, em 10 plantas de cada genótipo;
- d) Comprimento médio de pecíolo: expresso em cm, obtido pela medição do comprimento de pecíolos em folhas dispostas no terço médio da planta, em 10 plantas de cada genótipo;
- e) Comprimento médio de raízes tuberosas: expresso em cm, obtido aleatoriamente, pela medição de 10 raízes tuberosas de cada genótipo;
- f) Diâmetro médio de raízes tuberosas: expresso em cm, obtido pela medição de 10 raízes tuberosas de cada genótipo, mediante o uso de paquímetro graduado;

- g) Distância média de entrenós dispostos no mesmo plano (filotaxia): expressa em cm, correspondente à distância entre cicatrizes foliares dispostas em um mesmo plano vertical na rama, no terço médio da planta, em 10 plantas de cada genótipo;
- h) Largura média de lóbulo da folha: expressa em cm, obtida por meio da medição na parte mais larga do lóbulo central da folha, no terço médio da planta, em 10 plantas de cada genótipo;
- i) Número médio de lóbulos da folha: obtido a partir da contagem do número de lóbulos por folha, tomado no terço médio da planta, em 10 plantas de cada genótipo;
- j) Número médio de raízes tuberosas por planta: obtido pela contagem do número de raízes tuberosas existentes em três plantas de cada genótipo;
- k) Teor de matéria seca nas raízes tuberosas (%): expresso em porcentagem, e determinado pelo método da balança hidrostática, proposto por Grosmann e Freitas (1950). Este método consiste em pesar uma amostra de 3,0 Kg de raízes tuberosas frescas previamente lavadas, com os pedúnculos e a porção distal da raiz previamente cortados. Posteriormente, esta amostra deve ser submersa em água limpa para a realização de uma nova pesagem, utilizando uma balança hidrostática específica. Como se trata de um método indireto para estimar a matéria seca nas raízes frescas, o valor observado na pesagem das raízes dentro da água (*Renda*) é aplicado à seguinte equação: $MS = 15,75 + 0,0564 * R$, onde *R* representa o valor equivalente do peso das raízes tuberosas submersas em água limpa.
- l) Teor de amido nas raízes tuberosas (%): expresso em porcentagem, e obtido pelo método da balança hidrostática (Grosmann e Freitas, 1950), no qual a estimativa de teor de amido nas raízes frescas pode ser calculada pela seguinte equação: $AM = MS - 4,65$, onde *MS* representa o teor de matéria seca em porcentagem citada acima.

Por sua vez, os 17 descritores qualitativos avaliados foram classificados por classes fenotípicas, sendo estipulados valores numéricos para a representação de cada uma destas classes fenotípicas referentes a cada característica, como segue:

- a) Cor de brotação nova: 1. verde-claro, 2. verde, 3. verde-claro-arroxeadado, 4. verde-arroxeadado, 5. verde-arroxeadado-escuro, 6. vinho-esverdeado, 7. vinho escuro-esverdeado, 8. roxo-esverdeado, 9. roxo;
- b) Cor de folha: 1. verde-claro, 2. verde-claro-brilhante, 3. verde, 4. verde-fosco, 5. verde-brilhante, 6. verde-escuro, 7. verde-escuro-brilhante, 8. verde-muito escuro-brilhante;
- c) Cor de córtex das raízes tuberosas: 1. branco ou creme; 2. amarelo, 3. rosado;
- d) Cor de córtex do caule: 1. amarelo-claro; 2. verde-claro, 3. verde, 4. verde-escuro;
- e) Cor de pecíolo: 1. verde-claro-avermelhado, 2. verde-claro-arroxeadado, 3. verde-avermelhado, 4. verde-arroxeadado, 5. vermelho, 6. vinho-esverdeado, 7. vinho, 8. vinho-esverdeado, 9. vinho-arroxeadado, 10. vinho-intenso;
- f) Cor de polpa da raiz tuberosa: 1. branca, 2. creme, 3. amarela, 4. rosada;
- g) Cor de rama imatura: 1. verde-claro, 2. verde-claro-avermelhado, 3. verde-claro-arroxeadado, 4. verde, 5. verde-escuro, 6. verde-avermelhado, 7. verde-arroxeadado, 8. verde-escuro-arroxeadado, 9. vinho-esverdeado, 10. roxo-esverdeado;
- h) Cor de rama madura: 1. verde prateado claro, 2. verde-prateado, 3. verde-prateado-escuro, 4. cinza-esverdeado, 5. cinza, 6. cinza-prateado, 7. cinza-prateado-escuro, 8. prateado, 9. marrom-claro, 10. marrom-claro-prateado, 11. marrom-escuro-prateado;
- i) Cor externa de raiz tuberosa: 1. creme, 2. amarelo, 3. marrom-claro, 4. marrom, 5. marrom-escuro;
- j) Formato de lóbulo de folha: 1. elíptico lanceolado, 2. obovado lanceolado, 3. oblongo lanceolado, 4. linear, 5. linear pouco sinuoso, 6. linear pandurado;
- k) Presença/ausência de floração: 1. presente, 2. ausente;
- l) Pedúnculo na raiz tuberosa: 1. séssil, 2. pedunculada, 3. mista;
- m) Tamanho médio de cicatriz foliar: 1. pouco proeminente, 2. média, 3. proeminente, 4. muito proeminente;
- n) Tamanho médio de estípula: 1. pequena, 2. média, 3. média/grande, 4. grande;

- o) Textura de película suberosa da raiz tuberosa: 1. lisa, 2. rugosa;
- p) Tipo de ramificação da planta: 1. porte ereto, 2. dicotômica/tricotômica, 3. tricotômica, 4. porte ereto/tricotômica;
- q) Posição de pecíolo: 1. inclinado para baixo, 2. inclinado para baixo irregular, 3. horizontal, 4. horizontal irregular, 5. inclinado para cima.

Além destes descritores, aos seis e aos oito meses após a brotação das manivas, avaliou-se a ocorrência de incidência de bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*) e de superalongamento (*Sphaceloma manihoticola*). Também foi avaliada a incidência de podridões radiculares, por ocasião da colheita das raízes tuberosas.

3.3. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa mediante caracteres morfo-agronômicos quantitativos

O estudo da divergência genética, entre as 43 cultivares de mandioca-de-mesa por meio de caracteres morfo-agronômicos quantitativos foi realizado mediante o emprego de análise multivariada.

3.3.1. Medida de dissimilaridade

Nos estudos de divergência genética destinados à identificação de parentais, tem sido de uso mais rotineiro a Distância Euclidiana média ou a Distância generalizada de Mahalanobis, sendo esta última, possível de ser estimada apenas quando se dispõe da matriz de variâncias e covariâncias residuais estimada a partir de ensaios experimentais com repetições. Entretanto, como a coleta de dados foi efetuada em plantas mantidas em banco de germoplasma *in situ* e, portanto, desprovida de delineamento experimental e repetições, não foi possível estimar a dissimilaridade entre as 43 cultivares de mandioca-de-mesa por meio da distância de Mahalanobis. Dessa forma, foi necessária a escolha de outra metodologia para cálculo da dissimilaridade entre as cultivares, surgindo como opção a Distância Euclidiana. Apesar da Distância Euclidiana ser satisfatoriamente aplicada em muitos trabalhos, ela apresenta o inconveniente de aumentar a distância conforme aumenta

o número de características consideradas na análise. Para contornar este fato, tem sido usada, de forma alternativa, a Distância Euclidiana média (Cruz e Regazzi, 2001).

A Distância Euclidiana média, por sua vez, apresenta o inconveniente de ter seus valores alterados conforme a escala dos dados, sendo, portanto, recomendável o cálculo das distâncias utilizando-se os valores padronizados, feitos por meio de (Cruz e Regazzi, 2001):

$$x_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)},$$

onde: x_{ij} : constante de padronização dos dados;

X_{ij} : observação no i -ésimo progenitor, em referência ao j -ésimo caráter;

$S(X_j)$: desvio-padrão dos dados do j -ésimo caráter.

Desta forma, sendo X_{ij} , a observação no i -ésimo progenitor, em referência ao j -ésimo caráter; a Distância Euclidiana média baseada em dados padronizados ($d_{ii'}$), pode ser calculada pela seguinte expressão (Cruz e Regazzi, 2001):

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

onde: $d_{ii'}$: distância entre os genótipos i e i' ;

X_{ij} : a observação no i -ésimo progenitor, em referência ao j -ésimo caráter;

n : número de características em estudo.

3.3.2. Análise de agrupamento

A análise de agrupamento das cultivares de mandioca-de-mesa foi realizada, portanto, com base na Distância Euclidiana média.

O processo de agrupamento necessita de informações relativas a cada par de genótipos para iniciar-se, tarefa realizada pelas medidas de dissimilaridade. Contudo, o número de estimativas dessas medidas é relativamente elevada, tornando impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual daquelas estimativas, exigindo assim o emprego de metodologias de

agrupamento com base nas medidas de dissimilaridade (Cruz e Regazzi, 2001). Adota-se o critério de que existe homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos.

No melhoramento de plantas os métodos de agrupamento mais comumente empregados são os Hierárquicos e de Otimização (Cruz e Regazzi, 2001).

3.3.2.1. Método hierárquico do ‘Vizinho Mais Próximo’

Por meio de métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma ou diagrama de árvore. Não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que a relevância maior está no dendrograma e nas ramificações que são obtidas. É possível, então, delimitar os grupos de genótipos visivelmente no dendrograma, uma vez que o principal objetivo deste método concentra-se na detecção de pontos de alta mudança de nível. Como exemplo de método hierárquico, tem-se o método do ‘Vizinho Mais Próximo’ (Cruz e Regazzi, 2001; Cruz e Carneiro, 2003).

O método do ‘Vizinho Mais Próximo’ baseia-se no princípio de que os genótipos mais similares são identificados na matriz de dissimilaridade e estes são inicialmente reunidos, formando o primeiro grupo. Calculam-se então as distâncias deste grupo em relação aos demais genótipos e nos estádios mais avançados, em relação a outros grupos já formados. O processo de identificação das entidades mais similares se repete sobre a nova matriz de dissimilaridade, cuja dimensão é reduzida a cada passo e finaliza quando todos os parentais são reunidos em um único grupo (Cruz e Regazzi, 2001).

O modelo estatístico do método do ‘Vizinho Mais Próximo’ é demonstrado por Cruz e Carneiro (2003), onde a distância entre um genótipo k e um grupo, formado pelos indivíduos i e j , é dada por:

$$d_{(ij)k} = \min \{d_{ik}, d_{jk}\},$$

onde: $d_{(ij)k}$: menor elemento do conjunto de dissimilaridades dos pares de genótipos (i e k) e (j e k);

d_{ik} : dissimilaridade entre os genótipos i e k ;

d_{jk} : dissimilaridade entre os genótipos j e k .

A distância entre dois grupos é dada por:

$$d_{(ij)(kl)} = \min \{d_{ik}; d_{il}; d_{jk}; d_{jl}\},$$

onde: $d_{(ij)(kl)}$: dissimilaridade entre o grupo formado pelos genótipos i e j e o grupo formado pelos genótipos k e l ;

d_{ik} : dissimilaridade entre os genótipos i e k ;

d_{il} : dissimilaridade entre os genótipos i e l ;

d_{jk} : dissimilaridade entre os genótipos j e k ;

d_{jl} : dissimilaridade entre os genótipos j e l .

Desta forma, a distância entre dois grupos formados, respectivamente, pelos indivíduos (i e j) e (k e l) é dada pelo menor elemento do conjunto, cujos elementos são as distâncias entre os pares de indivíduos (i e k), (i e l), (j e k) e (j e l).

Portanto, no presente estudo, o método hierárquico do 'Vizinho Mais Próximo' com base na Distância Euclidiana média padronizada foi um dos métodos utilizados para separar as 43 cultivares de mandioca-de-mesa em grupos geneticamente homogêneos distintos.

3.3.2.2. Método de otimização de Tocher

Os métodos de otimização têm como objetivo dividir os genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de alguma medida preestabelecida. O método de Tocher é um método clássico de otimização e tem elevada aplicabilidade no melhoramento genético de plantas (Cruz e Regazzi, 2001).

No agrupamento pelo método de otimização de Tocher adota-se o critério do maior entre os mínimos, ou seja, o acréscimo médio na distância intragrupo, pela inclusão de um novo cruzamento a um dado grupo, deve ser menor ou igual ao limite adotado (Cruz e Regazzi, 2001).

A média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as d distâncias médias entre quaisquer grupos. Para isso, o método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de parentais mais similar. Esses parentais formarão o grupo inicial, de onde é avaliada a possibilidade de inclusão de novos parentais pelo procedimento descrito. A entrada de um genótipo em um grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. O critério de inclusão de novos genótipos em um grupo baseia-se no acréscimo da distância média do grupo, é apropriado o cálculo da distância entre progenitor-grupo (Cruz e Regazzi, 2001) mediante a seguinte expressão:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk},$$

onde: $d_{(ij)k}$: distância entre o grupo pelos genótipos i e j , em relação ao genótipo k ;

d_{ik} : distância entre os genótipos i e k ;

d_{jk} : distância entre os genótipos j e k .

Aplica-se, então, a seguinte regra condicional:

Se: $\frac{d^2(\text{Grupo})_i}{n} \leq \alpha$, então: inclui-se o i -ésimo genótipo ao grupo;

Se: $\frac{d^2(\text{Grupo})_i}{n} > \alpha$, então: não inclui-se i -ésimo genótipo ao grupo. Este genótipo constituirá o próximo grupo.

onde: α : limite de acréscimo adotado;

i : genótipo a ser incluído ou não no grupo;

n : número de genótipos do grupo que poderá receber i .

Na análise de agrupamento entre as 43 cultivares de mandioca-de-mesa, portanto, foi ainda utilizado o método de otimização de Tocher, com base na Distância Euclidiana média padronizada.

3.4. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa mediante caracteres morfo-agronômicos qualitativos (variáveis multicategóricas)

O estudo de divergência genética entre as cultivares de mandioca-de-mesa também foi efetuado mediante dados de 17 características qualitativas, as quais foram avaliadas como variáveis multicategóricas.

3.4.1. Medida de dissimilaridade

As variáveis multicategóricas são comumente avaliadas no melhoramento vegetal, principalmente relacionadas com particularidades morfológicas e estruturais da planta, além de se ter elevado interesse em certos atributos que conferem qualidade ao produto comercializado, como a forma, a coloração, a consistência, entre outros (Cruz e Carneiro, 2003).

Quando se atribuem valores numéricos para cada categoria das variáveis, como 1, 2, 3, etc., não é apropriado o uso de medidas de dissimilaridade tradicionais, como a Distância Euclidiana, sendo que, não é possível afirmar que os indivíduos de um par com valores mais discrepantes, como 1 e 4, por exemplo, sejam mais distantes do que de outro par com valores mais próximos, como 1 e 2. Uma maneira mais simples e coerente de estimar a similaridade considerando um conjunto de variáveis multicategóricas é por meio do índice de similaridade s_{ij} (Cruz e Carneiro, 2003):

$$s_{ij} = C / C + D,$$

enquanto o complemento da similaridade é dado por:

$$d_{ij} = D / C + D,$$

onde: s_{ij} : expressa o grau de similaridade entre os genótipos i e i' ;
 d_{ij} : expressa o grau de dissimilaridade entre os genótipos i e i' ;
 C : expressa a concordância de categoria;
 D : expressa a discordância de categoria.

3.4.2. Análise de agrupamento

No estudo da análise de agrupamento das 43 cultivares de mandioca-de-mesa utilizou-se o complemento da similaridade para as variáveis multicategóricas, estimando assim a dissimilaridade entre as cultivares.

O agrupamento das cultivares de mandioca foi realizado por meio do método hierárquico do 'Vizinho Mais Próximo' e pelo método de otimização de Tocher, com base na matriz do complemento da similaridade (dissimilaridade) para variáveis multicategóricas.

3.5. Divergência genética entre cultivares de mandioca-de-mesa mediante o uso de marcadores moleculares do tipo RAPD

3.5.1. Coleta de material vegetal, extração e quantificação de DNA

Com o objetivo de reduzir contaminantes e conferir maior praticidade na coleta do material para extração de DNA, duas manivas com aproximadamente 0,15 a 0,20 m de comprimento de cada genótipo foram plantadas em bandejas contendo areia lavada, e cultivadas em casa de vegetação no Núcleo de Pesquisas Aplicadas à Agricultura (Nupagri) da Universidade Estadual de Maringá (UEM). Cerca de 15 a 20 dias após o plantio surgiram as primeiras brotações, permitindo assim, a realização da coleta de material.

A extração de DNA foi realizada segundo o protocolo descrito por Doyle e Doyle (1990), com modificações. As amostras contendo cerca de três folhas jovens e sadias foram retiradas de uma planta para cada genótipo. As folhas foram coletadas em sacos plásticos identificados e armazenadas em caixa de isopor contendo gelo

triturado sob uma folha de papel alumínio. A seguir, o material foi levado imediatamente ao Laboratório de Biotecnologia (Nupagri – UEM) para iniciar a maceração em nitrogênio líquido, com o auxílio de almofariz e pistilo.

De cada genótipo, aproximadamente 40-100 mg de folhas maceradas foram transferidas para um microtubo de 1,5 mL. Adicionou-se a este, 700 µL de tampão de extração previamente preparado (Quadro 1).

Quadro 1. Componentes do tampão para extração de DNA de *M. esculenta* Crantz

Componente	Concentração trabalho	Quantidade
Tris HCl pH 8.0/1 M	100 mM	70 µL
NaCl 4 M	1,4 M	245 µL
EDTA pH 8.0 / 5 M	20 mM	28 µL
β-mercapto ethanol 100%	0,2%	1,4 µL
Proteinase K (20 mg mL ⁻¹)	3,57%	25 µL
CTAB 10%	2%	14 µL
PVP 10%	1%	7 µL

As amostras foram agitadas em vórtex até formar uma emulsão e imediatamente incubadas em banho-maria a 65° C, por 2 h. Em seguida, as amostras foram submetidas à centrifugação a uma rotação de 13.000 rpm durante um período de 10 minutos. Cuidadosamente, uma alíquota de 400-500 µL do sobrenadante foi coletado e transferido para um microtubo limpo, ao qual foram adicionados 700 µL de clorofórmio:álcool isoamílico (24:1), e agitou-se até formar uma emulsão, para subsequente centrifugação (13.000 rpm/20 min).

O sobrenadante foi coletado e transferido para um novo tubo, onde repetiu-se os últimos passos, correspondentes ao clorofórmio:álcool isoamílico (24:1), agitação e centrifugação. O sobrenadante foi coletado e teve seu volume medido, sendo que acrescentou-se a este, 4 volumes de etanol 100% gelado. Os microtubos foram agitados e armazenados em freezer a -20° C por um período de 1 h.

Posteriormente, as amostras foram centrifugadas (14.000 rpm/10 min) e tiveram o sobrenadante descartado. O *pellet* (de DNA) foi lavado por duas vezes com 600 μL de etanol 70% gelado por 10 minutos.

Após descartar o sobrenadante, que estava composto de etanol 70%, o *pellet* foi seco em temperatura ambiente com os microtubos abertos e invertidos sobre papel toalha. O DNA foi ressuspenso em 110 μL de RNase/TE (100 μL de Tris + EDTA + 10 μL de RNase). Posteriormente, as amostras foram incubadas em banho-maria a 37° C por aproximadamente 12 h (período noturno).

Na manhã seguinte, foram acrescentados 11 μL da solução de acetato de sódio 3 M e 2,5 volumes de etanol 100% aos microtubos, os quais foram posteriormente submetidos à centrifugação (14.000 rpm/10 min) e subseqüentemente tiveram o sobrenadante descartado.

Após a secagem do *pellet*, este foi ressuspenso em 50 μL de TE. Os microtubos foram levemente agitados para homogeneizar o *pellet* no TE e deixados em temperatura ambiente por 15 minutos. Posteriormente fez-se a quantificação e diluição do DNA.

A quantificação do DNA vegetal foi efetuada em espectrofotômetro Femto 700S, de modo que as amostras de trabalho estivessem estabelecidas na concentração padrão de 10 ng μL^{-1} de DNA.

3.5.2. Reações de PCR para os *primers* de RAPD e visualização das bandas

As reações de amplificação foram realizadas no Laboratório de Biotecnologia (Cocamar/UEM). Os *primers* decâmeros arbitrários, necessários para a amplificação de marcadores moleculares RAPD foram adquiridos da *Operon Technologies (Alameda, CA, USA)* e estão listados no Quadro 2, juntamente com suas devidas seqüências de bases nitrogenadas.

Cada mistura da reação de amplificação continha um volume final de 26,05 μL , sendo 2,5 μL de tampão PCR Buffer 10X; 2,5 μL MgCl_2 50Mm; 4 μL de dNTP 1,25 mM; 0,22 μL de *Taq* polimerase 5U/ μL ; 3,0 μL de *primer*; 3,0 μL de DNA 10 ng/ μL e 10,83 μL de água milli-Q.

A amplificação de fragmentos de DNA foi efetuada em termociclador Techne TC-412. Os ciclos de amplificação constituíam-se de uma etapa de desnaturação a 94°C por 15 segundos, uma etapa de ligação do *primer* ao DNA a 35°C por 30 segundos, e uma etapa de alongação da fita a 72°C por 60 segundos. Ao final de 40 ciclos era efetuada uma nova etapa de alongação a 72°C por 7 minutos.

Quadro 2. *Primers* decâmeros utilizados nas reações de amplificação de fragmentos de DNA utilizados como marcadores RAPD

<i>Primer</i>	Seqüência de bases nitrogenadas (5' → 3')
OPA-16	AGCCAGCGAA
OPH-14	ACCAGGTTGG
OPI-02	GGAGGAGAGG
OPJ-06	TCGTTCCGCA
OPJ-08	CATACCGTGG
OPK-01	CATTCGAGCC
OPK-02	GTCTCCGCAA
OPK-03	CCAGCTTAGG
OPK-08	GAACACTGGG
OPK-09	CCCTACCGAC
OPK-12	TGGCCCTCAC
OPK-18	CCTAGTCGAG
OPK-20	GTGTCGCGAG
OPM-12	GGGACGTTGG
OPO-19	GGTGCACGTT

Os produtos de amplificação foram separados em gel de agarose 1,2% contendo 5 µL de brometo de etídio para cada 100 mL de tampão TAE (tris base, ácido acético glacial e EDTA 0,5M pH 8,0). O mesmo composto também foi usado como tampão de corrida, sendo colocado até cobrir completamente o gel dentro da cuba. As bandas de DNA obtidas foram visualizadas sobre transluminador de luz ultravioleta, e fotografadas com câmera digital da marca Kodak. Somente as bandas nítidas foram selecionadas para serem utilizadas na análise estatística.

3.5.3. Análise estatística dos marcadores RAPD

O estudo de divergência genética entre as 43 cultivares de mandioca-de-mesa foi efetuado através da construção de uma matriz para os fragmentos polimórficos amplificados, baseados na presença ou ausência de bandas (marcas de DNA) codificadas em zeros (0) e uns (1), respectivamente (Cruz e Regazzi, 2001).

3.5.3.1. Coeficiente de similaridade de Jaccard (Jaccard, 1908)

Segundo Cruz e Carneiro (2003), os coeficientes de similaridade entre os pares de genótipos podem ser obtidos levando-se em conta os valores:

- a) valor que quantifica o número de coincidência do tipo 1-1 para cada par de genótipos;
- b) valor que quantifica o número de discordância do tipo 1-0 para cada par de genótipos;
- c) valor que quantifica o número de discordância do tipo 0-1 para cada par de genótipos;
- d) valor que quantifica o número de coincidência do tipo 0-0 para cada par de genótipos.

Considerando a base genética de marcadores RAPD, a ausência de amplificação de uma determinada banda em dois genótipos, não indica, necessariamente, similaridade genética entre eles. Desta forma, coeficientes que excluem a co-ocorrência negativa ($d : 0,0$) das expressões de similaridade tornam-se mais adequados no uso com marcadores deste tipo (Duarte et al., 1999). Para a análise mediante o coeficiente de Jaccard, apenas a coincidência do tipo 1-1 deve ser levada em consideração na similaridade entre acessos (Cruz e Carneiro, 2003).

Partindo deste princípio, a similaridade entre os genótipos i e i' foi estimada pelo coeficiente de Jaccard ($S_{ii'}$), como segue:

$$S_{ii'} = \frac{a}{a + b + c},$$

onde: $S_{ij'}$: similaridade entre os genótipos i e i' .

Como se trata de medida de similaridade, recomenda-se, na análise de agrupamento, fazer uso de medidas de dissimilaridade expressas pelo complemento aritmético (Cruz e Carneiro, 2003), ou seja:

$$d_{ij'} = 1 - S_{ij'}$$

onde: $d_{ij'}$: dissimilaridade entre os genótipos i e i' ;

$S_{ij'}$: similaridade entre os genótipos i e i' .

Assim, no presente estudo foi estimado o complemento do coeficiente de Jaccard como medida de dissimilaridade entre os 43 genótipos de mandioca-de-mesa coletados em Cianorte – PR. Esse coeficiente, por sua vez, foi estimado a partir da matriz de dados binários correspondente à cada banda polimórfica observada nas eletroforeses em géis de agarose.

3.5.3.2. Análise de agrupamento

O agrupamento das cultivares de mandioca-de-mesa foi realizado por meio do método hierárquico do 'Vizinho Mais Próximo' e pelo método de otimização de Tocher, ambas as metodologias utilizando a matriz de dissimilaridade correspondente ao complemento do coeficiente de Jaccard como base de dados para os agrupamentos

As análises estatísticas aplicadas no presente estudo foram realizadas mediante o uso do programa computacional GENES (Cruz, 1997).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise da divergência genética por meio de caracteres morfo-agronômicos quantitativos

4.1.1. Caracteres morfo-agronômicos quantitativos

As características com variações sem descontinuidades naturais, ou seja, variações contínuas, correspondem àquelas onde a contagem não é possível, pois necessitam de mensuração. Por este motivo, são também chamadas de características quantitativas ou métricas. A maioria dos caracteres de valor econômico, tanto em plantas como animais, são métricos (Falconer, 1987). Entre as 43 cultivares de mandioca-de-mesa foram mensuradas 12 características morfo-agronômicas. Os dados obtidos para cada característica encontram-se no Quadro 3.

Quadro 3. Médias das características morfo-agronômicas quantitativas analisadas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Características	Média	Mínimo	Máximo
Altura média de planta (m)	1,45	1,05	1,93
Altura média de primeira ramificação (m)	1,13	0,42	1,5
Comprimento médio de lóbulo foliar (cm)	19,0	15,5	26,06
Comprimento médio de pecíolo (cm)	28,72	24,1	39,5
Comprimento médio de raízes tuberosas (cm)	30,13	21,2	41,5
Diâmetro médio de raízes tuberosas (cm)	4,25	3,36	5,18
Distância média de entrenós (cm)	10,38	8,25	13,25
Largura média de lóbulo da folha (cm)	3,43	2,5	5,55
Número médio de lóbulos por folha (un)	7-9	5-7	9-11
Número médio de raízes tuberosas por planta (un)	10,84	4,2	17
Teor de matéria seca nas raízes tuberosas (%)	32,14	25,68	36,45
Teor de amido nas raízes tuberosas (%)	27,49	21,03	31,8

As cultivares de mandioca-de-mesa avaliadas apresentaram a altura de plantas e altura de primeira ramificação com médias de 1,45 m e 1,13 m, respectivamente (Quadro 3). Em avaliação de cultivares de mandioca para indústria, no Noroeste do Paraná, Vidigal Filho et al. (2000) encontraram médias de 1,83 m e 0,88 m para altura de plantas e de primeira ramificação, respectivamente, enquanto Kvitschal et al. (2003) verificaram média de 1,76 m de altura de plantas de mandioca.

No que se refere aos teores de matéria seca nas raízes tuberosas, estes tiveram variação de 25,68 a 36,45% (Quadro 4).

Quadro 4. Médias referentes à característica teor de matéria seca (MS) de 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Cultivares	MS (%)	Cultivares	MS (%)
UEM-32	34,53	UEM-74	30,70
UEM-35	32,27	UEM-75	29,40
UEM-38	34,25	UEM-76	35,49
UEM-39	32,22	UEM-78	33,97
UEM-42	29,12	UEM-79	34,70
UEM-46	30,53	UEM-83	28,61
UEM-47	32,67	UEM-85	34,81
UEM-48	30,36	UEM-86	29,45
UEM-53	33,52	UEM-87	31,77
UEM-55	33,40	UEM-97	33,97
UEM-61	36,45	UEM-125	32,33
UEM-63	31,94	UEM-126	32,56
UEM-64	33,29	UEM-127	27,31
UEM-65	33,97	UEM-130	26,18
UEM-66	33,91	UEM-133	30,02
UEM-67	34,36	UEM-144	33,74
UEM-68	33,91	UEM-154	32,16
UEM-69	30,81	UEM-170	25,68
UEM-70	34,19	UEM-173	31,43
UEM-71	30,19	UEM-321	33,68
UEM-72	32,67	UEM-325	33,06
UEM-73	32,33		

As cultivares UEM-61 e UEM-76 foram aquelas que demonstraram os maiores teores, enquanto que os genótipos UEM-130 e UEM-170 apresentaram os menores índices (Quadro 4). Por sua vez, Vidigal Filho et al. (2000) encontraram variação nos teores de matéria seca entre 31,30 e 38,00%, com média de 34,87%.

Uma vez que os teores de amido nas raízes tuberosas são dependentes dos teores de matéria seca, entende-se que, no presente estudo, as cultivares possuidoras dos teores de amido mais elevados foram as mesmas que obtiveram os maiores teores de matéria seca, quais sejam UEM-61 e UEM-76. O teor médio de amido foi de 27,49%, variando entre 21,03 e 31,80%.

Em cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em diferentes regiões do Estado do Paraná, Rimoldi et al. (2006) encontraram teores de amido em raízes tuberosas, variando entre 26,70 e 33,50%. Resultados obtidos por Borges et al. (2002) foram semelhantes, uma vez que a variação no teor de amido observada nas raízes tuberosas foi de 24,89 a 33,55% .

De acordo com Silva et al. (2006), o teor de amido nas raízes tuberosas de mandioca é uma informação importante, pois se constitui de matéria-prima para diversificados setores industriais. Grande parte do amido produzido é utilizado para a produção de amidos modificados que atendem às indústrias têxteis, de papel e de celulose, já que o mercado de modificados alimentícios está restrito a grandes companhias que conseguem atender aos padrões de higiene exigidos para este setor.

4.1.2. Análise da divergência genética e agrupamento

A Distância Euclidiana média (Quadro 5) indicou a combinação entre UEM-38 e UEM-130 ($d_{ij} = 2,550$) como a mais divergente. A cultivar UEM-38 corresponde a uma planta com altura média de 1,92 m, produtora de 14 raízes tuberosas por planta, que mediram cerca de 41,5 cm e não apresentaram podridão. No campo (banco de germoplasma *in situ*), esta cultivar apresentou baixa incidência de bacteriose e de superalongamento (Quadro 11). Diferentemente, a cultivar UEM-130 mostrou altura média de 1,27 m e apresentou elevada incidência de

superalongamento. Além disso, esta cultivar apresentou, em média, 4,72 raízes tuberosas por planta, as quais mostraram comprimento médio de 24,4 cm. Também a combinação entre UEM-38 e UEM-154 (d_{ij} = 2,51) mostrou elevada divergência genética.

Quadro 5. Resumo da matriz de similaridades (s_{ij}) e dissimilaridades (d_{ij}) de 12 variáveis quantitativas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Combinações entre cultivares mais similares			Combinações entre cultivares mais divergentes		
		d_{ij}			d_{ij}
UEM-53	UEM-79	0,419	UEM-38	UEM-130	2,55
UEM-53	UEM-68	0,487	UEM-38	UEM-154	2,51
UEM-64	UEM-79	0,538	UEM-126	UEM-127	2,42
UEM-74	UEM-75	0,595	UEM-85	UEM-127	2,39
UEM-75	UEM-83	0,615	UEM-38	UEM-125	2,37
UEM-78	UEM-79	0,622	UEM-76	UEM-127	2,36
UEM-65	UEM-144	0,640	UEM-38	UEM-126	2,34
UEM-65	UEM-321	0,658	UEM-97	UEM-127	2,29
UEM-67	UEM-79	0,666	UEM-61	UEM-127	2,20
UEM-68	UEM-78	0,676	UEM-61	UEM-130	2,18

Por sua vez, as combinações de cultivares que expressaram menor divergência foram UEM-53 e UEM-79 (d_{ij} = 0,42) e UEM-53 e UEM-68 (d_{ij} = 0,49) (Quadro 5). Estas três últimas cultivares citadas (UEM-53, UEM-68 e UEM-79) foram muito similares, especialmente no que se refere à altura de plantas (variando de 1,27 a 1,33 m), ao número de raízes tuberosas por planta (8 a 8,6 raízes) e ao teor de matéria seca nas raízes tuberosas (33,52 a 34,70%). Além disso, estas cultivares demonstraram baixa incidência de superalongamento (Quadro 11).

O agrupamento pelo método de otimização de Tocher (Quadro 6) propiciou a formação de nove grupos. As cultivares UEM-126, UEM-170, UEM-127 e UEM-48, corresponderam à cultivares únicas dos grupos VI a IX, respectivamente. Os grupos I e II foram os que propiciaram maior número de representantes, pois, juntos

incorporaram 69,76% do conjunto de 43 cultivares. As cultivares mais divergentes foram UEM-48 e UEM-53, e as menos divergentes foram UEM-53 e UEM-79.

O agrupamento de Tocher foi condizente com a dissimilaridade calculada pela Distância Euclidiana média. As cultivares que compuseram os 10 pares mais similares (Quadro 5), foram agrupados dentro do grupo I pelo método de Tocher (Quadro 6).

Quadro 6. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher mediante a dissimilaridade de 12 características quantitativas analisadas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Grupos	Cultivares	(%)
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

Adicionalmente, todas as cultivares que fizeram parte dos pares mais divergentes por meio da Distância Euclidiana média (Quadro 5), tiveram as cultivares dispostas em grupos distintos por meio da metodologia de Tocher (Quadro 6).

As distâncias genéticas médias intra e intergrupos estão apresentadas no Quadro 7. Os grupos VI, VII, VIII e IX não apresentaram distâncias intragrupos, pois cada um destes foi constituído por apenas uma cultivar. A maior distância intragrupo foi observada entre as cultivares do grupo IV ($D_{IV} = 1,153$), e a menor distância foi verificada entre as cultivares do grupo II ($D_{II} = 1,032$), indicando haver maior variabilidade dentro do grupo IV e menor variabilidade dentro do grupo II.

Quadro 7. Distâncias médias intra e intergrupos geradas pelo método de otimização de Tocher mediante a dissimilaridade de 12 características quantitativas analisadas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
I	1,073	1,384	1,544	1,288	1,441	1,318	1,642	1,971	1,445
II	-	1,032	1,542	1,463	1,758	1,705	1,692	1,816	1,577
III	-	-	1,104	1,534	1,981	1,965	1,966	1,475	1,396
IV	-	-	-	1,153	1,836	1,715	1,957	2,195	1,752
V	-	-	-	-	1,149	1,401	1,625	2,000	2,019
VI	-	-	-	-	-	-	2,075	2,424	1,716
VII	-	-	-	-	-	-	-	1,825	1,749
VIII	-	-	-	-	-	-	-	-	1,495
IX	-	-	-	-	-	-	-	-	-

As menores distâncias intergrupos (Quadro 7) foram observadas para as combinações dos grupos I e IV ($D_{I,IV} = 1,288$) e I e VI ($D_{I,VI} = 1,318$). Por outro lado, as distâncias médias mais elevadas foram apresentadas entre os grupos VI e VIII ($D_{VI,VIII} = 2,424$) e VI e VII ($D_{VI,VII} = 2,075$), indicando que hibridações entre as cultivares destas combinações podem proporcionar uma elevada heterose.

O dendrograma gerado pelo método hierárquico do ‘Vizinho Mais Próximo’, está representado na Figura 2. Quando submetido a um corte vertical a uma distância de cerca de 77,5%, indicou a formação de sete grupos, em que o grupo I incorporou 37 cultivares (86,05%). Os grupos II, III, IV, V, VI e VII foram compostos por apenas uma cultivar (2,33%) cada um, quais sejam UEM-69, UEM-38, UEM-48, UEM-170, UEM-130 e UEM-127.

A maior distância genética foi observada entre as cultivares UEM-53 e UEM-127, enquanto que as cultivares UEM-53 e UEM-79 foram as que apresentaram a menor distância genética (Figura 2).

Os métodos de agrupamento de Tocher (Quadro 6) e do ‘Vizinho Mais Próximo’ (Figura 2) tenderam a discriminar os grupos de genótipos de forma semelhante.

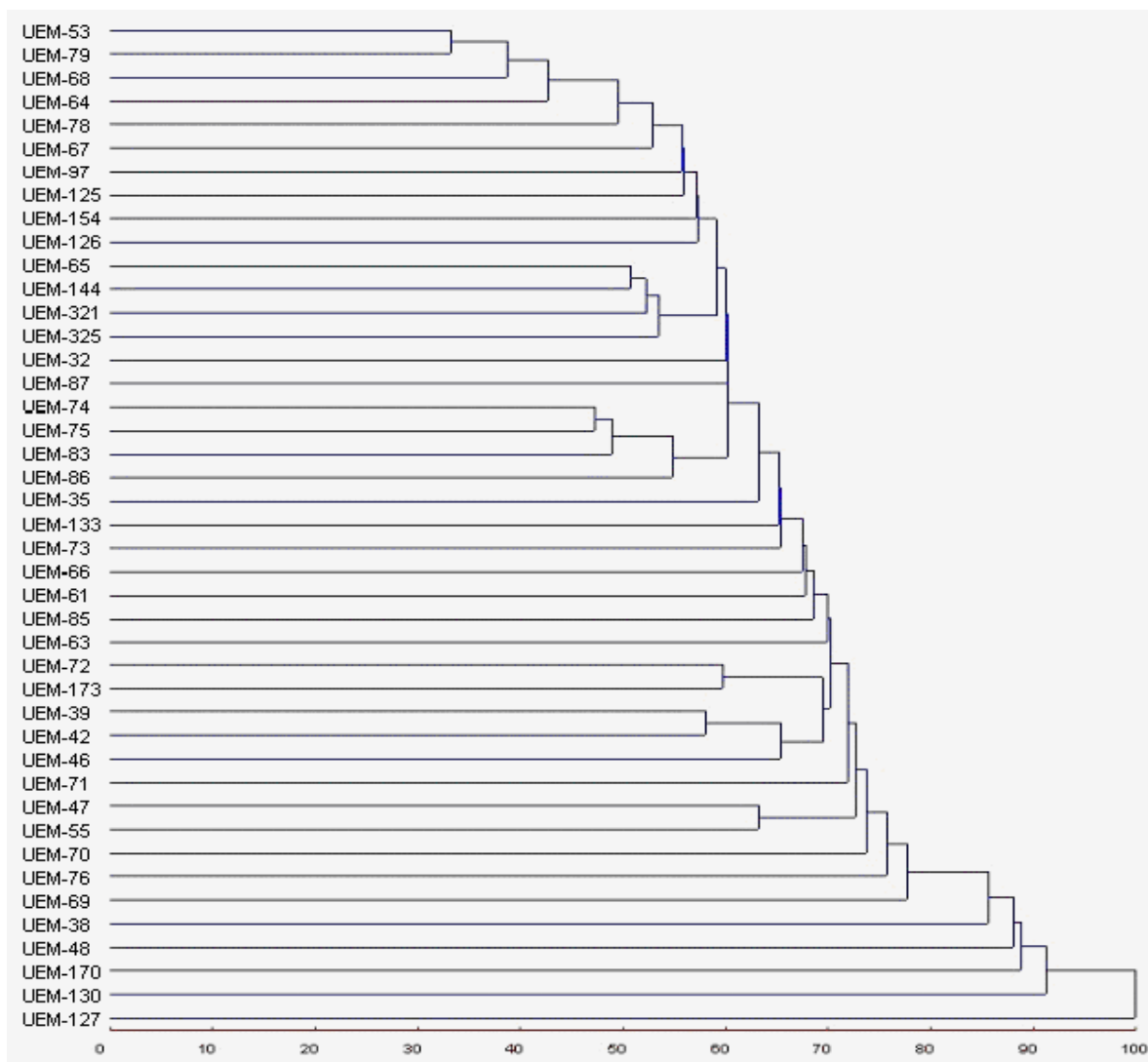


Figura 2. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade estabelecido pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo” com base na Distância Euclidiana média estimada a partir de 12 características morfo-agronômicas quantitativas analisadas em 43 acessos de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR.

A concordância na discriminação de grupos de cultivares de mandioca por meio dos mesmos métodos também foi observada por Gonçalves-Vidigal et al. (1997). Esta analogia na discriminação de grupos de genótipos pelas metodologias de Tocher e do ‘Vizinho Mais Próximo’, também foram citadas por Soares (1990) em batata-doce (*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*), por Barelli et al. (2006) e Ceolin et al. (2006) em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*).

Os dois métodos de agrupamento estudados foram parcialmente condizentes com a matriz de dissimilaridade (Quadro 5). Entre outras, as combinações de cultivares UEM-74 e UEM-75, UEM-75 e UEM-83, UEM-65 e UEM-144 e UEM-65 e UEM-321 foram classificadas entre as mais similares por conta do método de dissimilaridade assim como por conta dos métodos de agrupamento. Resultados semelhantes, mas não coincidentes, também foram encontrados por Gonçalves-Vidigal et al. (1997) entre os métodos de medida de dissimilaridade e os métodos de agrupamento em cultivares de mandioca adaptadas ao Noroeste do Paraná.

As combinações de cultivares UEM-38 e UEM-154, UEM-126 e UEM-127, UEM-85 e UEM-127, assim como UEM-38 e UEM-126 mostraram elevada divergência nos três métodos, quais sejam, Tocher (Quadro 6), 'Vizinho Mais Próximo' (Figura 2) e Distância Euclidiana média (Quadro 5).

As características quantitativas analisadas explicam, cada uma, parte da divergência genética total. O Quadro 8 apresenta a contribuição relativa de cada característica para a explicação da divergência.

Quadro 8. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética (Singh, 1981) em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Características	Contribuição (%)
Altura média de planta (m)	0,471
Altura média de primeira ramificação (m)	0,563
Comprimento médio de lóbulo foliar (cm)	8,176
Comprimento médio de pecíolo (cm)	18,041
Comprimento médio de raízes tuberosas (cm)	32,045
Diâmetro médio de raízes tuberosas (cm)	0,265
Distância média de entrenós (cm)	2,349
Largura média de lóbulo da folha (cm)	1,187
Número médio de lóbulos por folha (un)	4,573
Número médio de raízes tuberosas por planta (un)	16,052
Teor de matéria seca nas raízes tuberosas (%)	8,139
Teor de amido nas raízes tuberosas (%)	8,139
Total	100

As características que mais contribuíram para a divergência genética foram comprimento médio de raízes tuberosas (32,05%), comprimento médio de pecíolo (18,04%) e 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, contribuindo com 0,27%, 0,47% e 0,56%, respectivamente, na explicação da divergência genética (Quadro 8).

Estudos desenvolvidos por Gonçalves-Vidigal et al. (1997), indicaram que as características menos importantes para a divergência foram número médio de raízes tuberosas e número médio de hastes. Por sua vez, Rimoldi (2004), observou que a característica de maior importância para a divergência foi a altura de primeira ramificação (51,59%), enquanto a produção de raízes tuberosas mostrou pequena importância na expressão da divergência genética.

Trabalhos recentes têm demonstrado que os caracteres quantitativos são imprescindíveis para a divergência genética, sobretudo, para o melhoramento genético. Em trabalho realizado em Campos de Goytacazes, RJ, entre cultivares do gênero *Abelmoschus*, Martinello et al. (2001), obtiveram resultados compatíveis quando analisaram separadamente a divergência por meio dos caracteres quantitativos e quando analisaram a divergência por meio dos caracteres quantitativos e qualitativos juntos, demonstrando que os caracteres quantitativos foram capazes de explicar toda a divergência genética.

4.2. Análise da divergência genética por meio de caracteres morfo-agronômicos qualitativos (variáveis multicategóricas)

As 17 características qualitativas analisadas nas 43 cultivares de mandioca-de-mesa mostraram variabilidade, de modo que, tornou-se possível discriminar pelo menos duas categorias para cada variável analisada, permitindo assim, a análise como variáveis multicategóricas.

A seleção visual das raízes tuberosas de mandioca é uma prática comum entre os produtores e consumidores de mandioca-de-mesa. Características tais

como textura da película suberosa, cor da película suberosa e cor da polpa das raízes tuberosas são, entre outras, características freqüentemente consideradas. A maioria das cultivares avaliadas no presente estudo (aproximadamente 70%) apresentaram a película suberosa das raízes tuberosas com textura rugosa, sendo a mesma proporção encontrada para raízes tuberosas em três tonalidades de marrom.

Quanto à coloração da polpa das raízes tuberosas, apenas a cultivar UEM-83 apresentou polpa e córtex da raiz tuberosa de coloração rosada. A coloração da polpa da raiz tuberosa de mandioca é um fator determinante no momento da escolha, sendo que, entre as cultivares para mesa, a polpa de coloração amarela é a preferida. Porém, cultivares com raízes tuberosas de polpa amarela geralmente ocorrem em menor freqüência. Observou-se que 16,28% das cultivares apresentaram polpa da raiz tuberosa de coloração amarela. Resultados semelhantes foram obtidos por Rimoldi (2004), em que apenas 14,28% das raízes tuberosas de cultivares coletadas no Paraná apresentaram tal característica. Por sua vez, Barreto et al. (2005) encontraram 30,77% das cultivares, de um banco de germoplasma da Amazônia, com polpa de raízes tuberosas nesta coloração.

Quanto ao diâmetro de raízes tuberosas, foi verificado um valor médio de 4,25 cm, com variação de 3,36 cm a 5,18 cm por planta. Também foi verificado que a quantidade de raízes tuberosas foi de 4,2 a 18 unidades por planta. Observações realizadas por Kvitschal et al. (2003) indicaram que o diâmetro médio variou de 4,08 cm a 5,02 cm, e a quantidade de raízes tuberosas foi de 5,2 a 9,78 por planta.

Quanto ao comprimento médio de raízes tuberosas, percebeu-se que 58,14% das cultivares avaliadas obtiveram medidas entre 20 e 30 cm. Por sua vez, Barreto et al. (2005) encontraram 30,77% de raízes tuberosas com esta mensuração. Segundo Fukuda (1996), raízes tuberosas que medem entre 20 a 30 cm enquadram-se como mandiocas selecionáveis para mesa.

O resumo da matriz de similaridade entre os caracteres multicategóricos, e os complementos aritméticos está apresentado no Quadro 9. As estimativas mais elevadas de divergência genética foram observadas entre as cultivares UEM-83 e UEM-170 (d_{ij} = 1,000), bem como entre as cultivares UEM-35 e UEM-325 (d_{ij} = 0,941). Entretanto, as mais baixas estimativas de divergência genética foram

observadas entre as cultivares UEM-71 e UEM-86 ($d_{ij} = 0,059$) e entre UEM-79 e UEM-87 ($d_{ij} = 0,118$) (Quadro 9).

Quadro 9. Resumo da matriz de similaridades (s_{ij}) e dissimilaridade (d_{ij}) de 17 variáveis multicategóricas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Combinações entre cultivares mais similares				Combinações entre cultivares mais divergentes			
		s_{ij}	d_{ij}			s_{ij}	d_{ij}
UEM-71	UEM-86	0,941	0,059	UEM-83	UEM-170	0,000	1,000
UEM-79	UEM-87	0,882	0,118	UEM-35	UEM-325	0,059	0,941
UEM-74	UEM-321	0,824	0,176	UEM-35	UEM-83	0,059	0,941
UEM-67	UEM-68	0,824	0,176	UEM-46	UEM-79	0,059	0,941
UEM-61	UEM-67	0,765	0,235	UEM-46	UEM-87	0,059	0,941
UEM-64	UEM-154	0,765	0,235	UEM-64	UEM-72	0,059	0,941
UEM-71	UEM-75	0,765	0,235	UEM-35	UEM-38	0,118	0,882
UEM-130	UEM-144	0,765	0,235	UEM-35	UEM-72	0,118	0,882
UEM-75	UEM-321	0,706	0,294	UEM-35	UEM-79	0,118	0,882
UEM-48	UEM-71	0,706	0,294	UEM-35	UEM-85	0,118	0,882

Estudos desenvolvidos por Colombo et al. (1998) mostraram uma grande similaridade entre acessos de mandioca-de-mesa coletados no Estado de São Paulo, por meio de marcadores RAPD e de nove características botânicas.

No Quadro 10 estão apresentadas as características morfo-agronômicas das cultivares mais divergentes, bem como das cultivares menos divergentes conforme o índice de similaridade de variáveis multicategóricas.

As cultivares UEM-83 e UEM-170 apresentaram o valor máximo de dissimilaridade (Quadro 9), indicando que estas cultivares apresentam diferentes classes fenotípicas para todas as características multicategóricas analisadas. Por sua vez, as cultivares UEM-71 e UEM-86 demonstraram o valor de dissimilaridade mais reduzido ($d_{ij} = 0,059$), sugerindo que o fator determinante para esta pequena dissimilaridade foi a discordância em apenas um caráter multicategórico, qual seja a cor de folha. Ambas as cultivares apresentaram folhas de coloração verde brilhante, no entanto, a cultivar UEM-71 mostrou folhas de coloração um pouco mais escura que UEM-86 (Quadro 10).

Quadro 10. Características morfo-agronômicas e incidência de podridão de raízes tuberosas nas cultivares de mandioca-de-mesa UEM-71, UEM-86, UEM-83 e UEM-170, coletadas em Cianorte-PR

Características	Combinação menos divergente		Combinação mais divergente	
	UEM-71	UEM-86	UEM-83	UEM-170
Altura de planta	139,90	140,20	136,50	158,70
Altura de primeira ramificação	108,10	93,80	94,00	ramificação ausente
Cicatriz foliar	média	média	proeminente	muito proeminente
Cor de córtex do caule	branco / creme	branco / creme	rosado	branco / creme
Comprimento de lóbulos por folha	17,95 cm	19,32 cm	16,25 cm	15,75 cm
Comprimento de pecíolo	25,40 cm	27,80 cm	25,75 cm	24,55 cm
Cor de película suberosa	creme	creme	marrom escuro	marrom claro
Cor de polpa de raízes	branca	branca	rosado	branco
Comprimento de raízes	27,50 cm	30,40 cm	32,40 cm	36,10 cm
Cor de brotação nova	verde arroxeadado	verde arroxeadado	roxo	vinho esverdeado
Cor de rama imatura	verde arroxeadado	verde arroxeadado	verde escuro arroxeadado	verde avermelhado
Cor de rama madura	verde prateado	verde prateado	verde prateado	verde prateado claro
Cor de folha	verde escuro brilhante	verde brilhante	verde	verde escuro
Cor de córtex do caule	verde claro	verde claro	verde	verde claro
Cor de pecíolo	vinho esverdeado	vinho esverdeado	verde avermelhado	vinho intenso
Diâmetro de raízes tuberosas	3,42 cm	3,71 cm	4,18 cm	3,64 cm
Distância de filotaxia	9,72 cm	10,65 cm	10,95 cm	10,20 cm
Formato de lóbulos foliares	linear pandurado	linear pandurado	pandurado	obovado lanceolado
Largura de lóbulos foliares	2,69 cm	2,66 cm	3,44 cm	3,60 cm
Número de lóbulos foliares	9	9	7	9 - 11
Número de raízes tuberosas por planta	14	17	14,34	11,34
Presença de floração	presente	presente	presente	ausente
Presença pedúnculo nas raízes tuberosas	mista	mista	misto	séssil
Posição de pecíolo	inclinado para cima	inclinado para cima	horizontal	horizontal inclinado
Podridão de raízes tuberosas	presente	ausente	ausente	ausente
Tamanho de estípula	pequena	pequena	pequena	grande
Teor de amido nas raízes tuberosas	25,54 %	24,81 %	23,96 %	21,03 %
Teor de matéria seca nas raízes tuberosas	30,19 %	29,46 %	28,61 %	25,68 %
Textura de película suberosa	lisa	lisa	rugosa	lisa
Tipo de ramificação	dico / tricotômica	dico / tricotômica	dico / tricotômica	porte ereto

A descrição das características morfo-agronômicas de cultivares de mandioca é relevante para os programas de melhoramento, principalmente no momento da escolha de parentais para a realização de hibridações. Sobretudo, não basta apenas que os supostos parentais apresentem um bom desempenho *per se*, mas também, é preciso que apresentem resistência ou tolerância às principais doenças que incidem sobre a cultura. Adicionalmente, o cruzamento entre parentais com bom desempenho *per se* e ao mesmo tempo divergentes aumenta a possibilidade de obtenção de segregantes superiores e, aumenta as chances de êxito dos programas que se utilizam de hibridações (Cruz e Carneiro, 2003).

A incidência de bacteriose e de superalongamento, doenças relevantes para a cultura da mandioca e causadoras de prejuízos, está apresentada no Quadro 11.

Quadro 11. Incidência das doenças bacteriose (BACT) e superalongamento (SPRL) em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas no município de Cianorte – PR

Cultivar	BACT	SPRL	Cultivar	BACT	SPRL
UEM-32	baixa	baixa	UEM-74	baixa	baixa-média
UEM-35	média-alta	baixa	UEM-75	alta	baixa
UEM-38	baixa	baixa	UEM-76	baixa	baixa
UEM-39	média	baixa	UEM-78	média	baixa
UEM-42	alta	baixa	UEM-79	baixa	baixa
UEM-46	média-alta	baixa	UEM-83	baixa	média
UEM-47	baixa	baixa	UEM-85	alta	baixa
UEM-48	baixa	baixa	UEM-86	baixa	baixa
UEM-53	baixa	baixa	UEM-87	baixa	baixa
UEM-55	baixa-média	baixa	UEM-97	baixa	baixa
UEM-61	média-alta	baixa	UEM-125	baixa	baixa
UEM-63	baixa	baixa	UEM-126	baixa	baixa
UEM-64	baixa	baixa	UEM-127	média	baixa
UEM-65	média-alta	baixa	UEM-130	baixa	alta
UEM-66	baixa	baixa	UEM-133	alta	baixa
UEM-67	baixa	baixa	UEM-144	baixa-média	baixa
UEM-68	média-alta	baixa	UEM-154	média-alta	baixa
UEM-69	alta	baixa	UEM-170	alta	baixa-média
UEM-70	média	média	UEM-173	alta	baixa
UEM-71	baixa	baixa-média	UEM-321	baixa	baixa
UEM-72	baixa	baixa	UEM-325	baixa	baixa
UEM-73	alta	baixa			

A susceptibilidade às duas doenças, em aproximadamente 44% dos genótipos foi baixa. Analisadas individualmente, 86% das cultivares tiveram baixa susceptibilidade ao superalongamento, enquanto 58% mostraram baixa susceptibilidade à bacteriose (Quadro 11).

As 43 cultivares de mandioca-de-mesa foram agrupadas mediante o método de otimização de Tocher com base no complemento do índice de similaridade das 17 variáveis multicategóricas, sendo possível a formação de seis grupos distintos. A maior divergência entre as cultivares de mandioca-de-mesa foi observada entre as cultivares UEM-71 e UEM-83, sugerindo que hibridações entre elas tendem a proporcionar elevado efeito heterótico (Quadro 12).

O grupo I foi o mais expressivo, sendo este grupo formado por 60,46% das cultivares, totalizando 26 cultivares. O grupo II incorporou quatro cultivares, o que correspondeu a 9,31%, enquanto que o grupo III foi composto por 13,95% das cultivares. Por sua vez, os grupos IV, V e VI foram os menos expressivos, agregando um menor número de cultivares e, juntos, incorporaram apenas 16,28% das cultivares de mandioca-de-mesa (Quadro 12).

Quadro 12. Representação do agrupamento gerado pelo método de otimização de Tocher mediante a dissimilaridade de 17 características multicategóricas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Grupos	Cultivares	(%)
I	UEM-71, UEM-86, UEM-75, UEM-48, UEM-74, UEM-321, UEM-63, UEM-68, UEM-67, UEM-64, UEM-32, UEM-66, UEM-65, UEM-78, UEM-69, UEM-61, UEM-126, UEM-144, UEM-154, UEM-127, UEM-53, UEM-130, UEM-97, UEM-133, UEM-173, UEM-73	60,46
II	UEM-79, UEM-87, UEM-125, UEM-325	9,31
III	UEM-39, UEM-42, UEM-47, UEM-55, UEM- 76, UEM-85	13,95
IV	UEM-35, UEM-46, UEM-170	6,98
V	UEM-38, UEM-72	4,65
VI	UEM-70, UEM-83	4,65
Total		100

As distâncias médias intra e intergrupos baseadas no método de Tocher estão apresentadas no Quadro 13. Pôde-se observar que todos os grupos obtiveram distâncias médias intragrupos, isto porque todos eles foram formados por no mínimo duas cultivares. No entanto, distâncias intragrupos mais elevadas foram apresentadas igualmente para o grupo V ($D_{V,V} = 0,588$) e para o grupo VI ($D_{VI,VI} = 0,588$), enquanto a menor distância intragrupo foi calculada entre as cultivares representantes do grupo II ($D_{II,II} = 0,402$), indicando que este grupo foi, geneticamente, o mais homogêneo.

Quanto às distâncias intergrupos, percebeu-se que entre os grupos II e IV ($D_{II,IV} = 0,863$), IV e V ($D_{IV,V} = 0,853$) e entre os grupos IV e VI ($D_{IV,VI} = 0,823$) estiveram representadas as maiores distâncias. Por outro lado, as menores distâncias intergrupos foram observadas igualmente entre os grupos I e II ($D_{I,II} = 0,624$) e I e III ($D_{I,III} = 0,624$), indicando que hibridações entre as cultivares destes grupos não devam produzir efeito heterótico tão elevado quanto hibridações entre as cultivares dos grupos II com IV, IV com V e IV com VI (Quadro 13).

Quadro 13. Distâncias médias intra e intergrupos geradas pelo método de otimização de Tocher mediante a dissimilaridade de 17 características multicatóricas em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Grupos	I	II	III	IV	V	VI
I	0,531	0,624	0,624	0,645	0,735	0,653
II	-	0,402	0,679	0,863	0,698	0,706
III	-	-	0,553	0,748	0,696	0,676
IV	-	-	-	0,569	0,853	0,823
V	-	-	-	-	0,588	0,691
VI	-	-	-	-	-	0,588

Observou-se que todas as combinações de cultivares apresentadas como mais similares (Quadro 9), estiveram agrupadas dentro de mesmos grupos pelo método de Tocher (Quadro 12). Coincidentemente, todos os pares de cultivares mais divergentes por meio da medida de dissimilaridade (Quadro 9), estiveram concentrados em grupos distintos mediante a metodologia de Tocher (Quadro 12).

As cultivares em estudo foram agrupadas por meio do método do 'Vizinho Mais Próximo' (Figura 3) com base nas características multicategóricas. Ao realizar-se um corte vertical em 77,5% de distância no dendrograma pode-se observar a formação de seis grandes grupos. O grupo I foi o mais expressivo, uma vez que incorporou 86,03% das cultivares, ou, 37 do total. Este grupo incorporou seis subgrupos, que possuíram de duas a nove cultivares. O grupo II incorporou apenas a cultivar UEM-170 (2,33%), enquanto que o grupo III foi constituído por duas cultivares (4,66%). Por sua vez, os grupos IV, V e VI foram constituídos pelas cultivares UEM-35, UEM-83 e UEM-72, respectivamente, totalizando 6,98%.

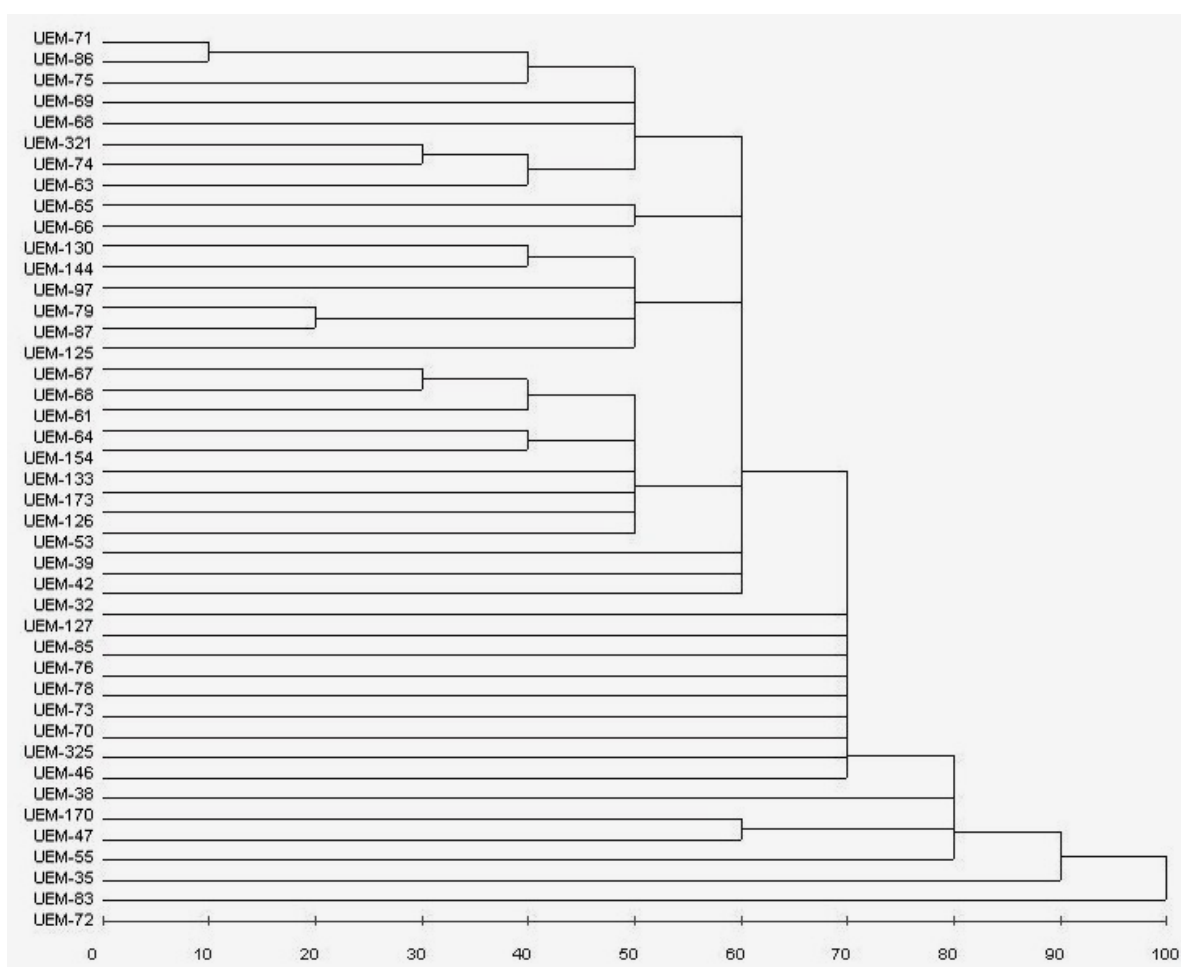


Figura 3. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade estabelecido pelo método hierárquico do "Vizinho Mais Próximo" com base no complemento de similaridade para variáveis multicategóricas, estimada a partir de 17 características morfo-agronômicas qualitativas, analisadas em 43 acessos de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR.

O dendrograma do 'Vizinho Mais Próximo' indicou que a maior divergência genética neste conjunto de cultivares de mandioca-de-mesa foi observada entre as cultivares UEM-71 e UEM-72 (100%). Por sua vez, a menor divergência foi observada entre UEM-71 e UEM-86 (10%) (Figura 3).

Todos os métodos utilizados para medir a divergência genética foram eficazes e parcialmente condizentes, fato já observado em outras culturas, como nos gêneros *Colocasia* (Pereira et al., 2003) e *Capsicum* (Sudré et al., 2005).

As características qualitativas são freqüentemente citadas como menos importantes para a explicação da divergência ou para distintos trabalhos em análise genética, mas têm sua importância principalmente para a discriminação botânica, como pode ser observado nos relatos de Martinello et al. (2001), em estudos realizados com espécies do gênero *Abelmoschus*.

4.3. Análise da divergência genética por meio de marcadores moleculares RAPD

As 43 cultivares de mandioca-de-mesa analisadas neste estudo mediante a utilização de 15 *primers* amplificaram um total de 115 bandas, com uma média de 7,67 bandas por *primer*. Do total, 90 foram polimórficas, o que corresponde a 6,0 bandas polimórficas por *primer*, e um total de 78,26% de polimorfismo (Quadro 14). Proporção superior de polimorfismo foi observada por Asante e Offei (2003), os quais verificaram 95,12%, mediante a utilização de quatro *primers*. Por sua vez, polimorfismo entre os fragmentos de DNA inferior a 50% foi verificado por Costa et al. (2003) e Colombo et al. (2000a). No primeiro caso, os autores encontraram 34,60% de polimorfismo por meio de 12 *primers*, enquanto Colombo et al. (2000a) encontraram 40% de polimorfismo mediante a utilização de 21 *primers*, pois, de 9,5 bandas amplificadas por *primer*, apenas 3,8 foram polimórficas.

No Quadro 14 pode-se observar que o comprimento das bandas variou de 230 a de 2.500 pares de bases, nos *primers* OPK-09 e OPJ-06, respectivamente. Em trabalho de Colombo et al. (2000a) verificou-se fragmentos variando de 300 a 2.000 pb.

Os *primers* OPA-16, OPJ-08, OPK-08 e OPO-19 foram os que proporcionaram a amplificação de maior número de bandas. Os *primers* OPO-19 e OPJ-08 ainda se sobressaíram por terem proporcionado um polimorfismo elevado (90%). Por sua vez, o *primer* OPK-02 foi o que amplificou o menor número de bandas, apenas cinco. No entanto, foi o único *primer* que não amplificou bandas monomórficas, ou seja, expressou polimorfismo de 100%.

Quadro 14. Relação dos *primers* utilizados, número de bandas obtidas e tamanho dos fragmentos de RAPD amplificados de 43 cultivares de mandioca-de-mesa

<i>Primer</i>	Bandas amplificadas	Bandas monomórficas	Bandas polimórficas	Comprimento (pb)
OPA-16	10	3	7	450 – 2.000
OPH-14	7	1	6	450 – 2.000
OPI-02	6	4	2	350 – 1.350
OPJ-06	8	1	7	420 – 2.500
OPJ-08	10	1	9	500 – 2.200
OPK-01	6	3	3	600 – 2.000
OPK-02	5	0	5	650 – 1.400
OPK-03	7	2	5	400 – 1.500
OPK-08	10	3	7	350 – 1.500
OPK-09	7	1	6	230 – 1.200
OPK-12	8	1	7	600 – 2.000
OPK-18	6	1	5	600 – 1.700
OPK-20	8	1	7	450 – 2.200
OPM-12	7	2	5	350 – 1.500
OPO-19	10	1	9	400 – 2.000
Total	115	25	90	-
Média por <i>primer</i>	7,67	1,67	6,00	-

Os resultados obtidos com alguns *primers* apresentados pelo Quadro 14 podem ser comparados com os resultados obtidos por Zacarias et al. (2004). O presente estudo encontrou 10 bandas amplificadas pelo *primer* OPA-16, sendo 70% polimórficas. As mesmas observações foram constatadas para o *primer* OPK-08,

enquanto para o *primer* OPO-19 observou-se 90% de polimorfismo. Para OPJ-06, o polimorfismo encontrado foi de 70%. Por sua vez, Zacarias et al. (2004) encontraram 11 bandas amplificadas pelo *primer* OPA-16, com 81,81% de polimorfismo, oito bandas para OPK-08, sendo todas polimórficas, e para OPO-19, 85% de fragmentos polimórficos foram verificados. Por fim, o *primer* OPJ-06 amplificou o maior número de bandas, um total 20, sendo apenas quatro destas, monomórficas.

O presente estudo considerou sete bandas amplificadas pelo *primer* OPM-12, que geraram 71,43% de polimorfismo. Resultados contrastantes foram obtidos por Colombo et al. (1998), onde o número de bandas encontrado foi de seis, mas o polimorfismo para este *primer* foi de apenas 33,34%.

A Figura 4 apresenta um padrão de bandas amplificadas por meio do *primer* RAPD OPK-09.

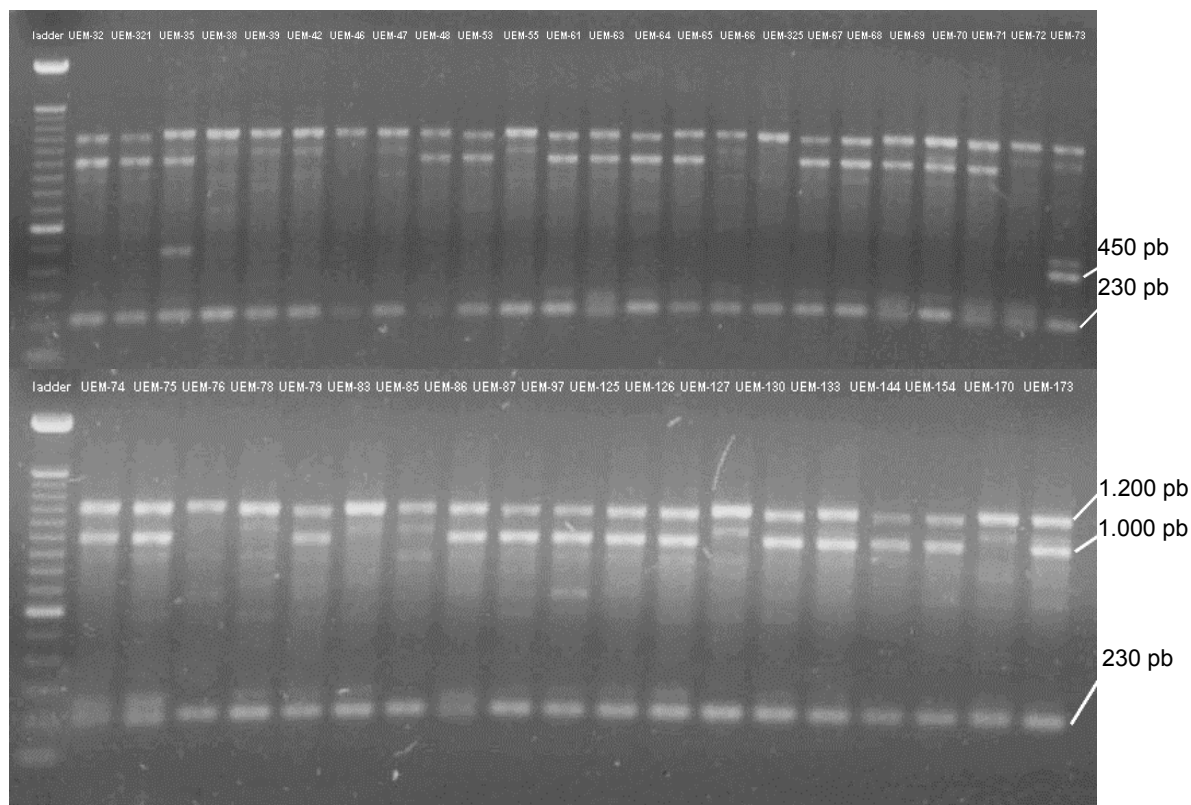


Figura 4. Amplificação de DNA genômico em gel de agarose, visualizado sob luz ultravioleta, utilizando o *primer* RAPD OPK-09 para 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte-PR.

As cultivares UEM-74 e UEM-75 foram positivas para os marcadores de 1.000 pb e de 1.200 pb. A cultivar UEM-48, por sua vez, não apresentou o marcador de 230 pb, enquanto a cultivar UEM-144 mostrou-se positiva para tal marcador. Destaca-se também um marcador de cerca de 450 pb presente somente na cultivar UEM-73 (Figura 4).

4.3.1. Avaliação da divergência genética

A matriz de distância genética entre 43 cultivares de mandioca-de-mesa foi determinada a partir da amplificação de 115 bandas, empregando-se o coeficiente e o complemento aritmético de Jaccard.

O resumo da matriz de complementos aritméticos de Jaccard está apresentado no Quadro 15. Percebeu-se que os pares de cultivares de mandioca-de-mesa mais divergentes foram UEM-48 e UEM-144 (d_{ij} = 0,518), seguido por UEM-69 e UEM-144 (d_{ij} = 0,489). A menor divergência genética esteve representada entre UEM-74 e UEM-75 e entre UEM-32 e UEM-321, ambos pares de genótipos com dissimilaridade menor que d_{ij} = 0,1.

Quadro 15. Resumo da matriz de coeficientes de similaridade de Jaccard (S_{ij}) e de seus complementos (d_{ij}), obtidos com 115 marcas de DNA mediante o método de RAPD entre 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR, 2005

Combinções entre cultivares mais similares				Combinções entre cultivares mais divergentes			
		S_{ij}	d_{ij}			S_{ij}	d_{ij}
UEM-74	UEM-75	0,911	0,089	UEM-48	UEM-144	0,482	0,518
UEM-32	UEM-321	0,905	0,095	UEM-69	UEM-144	0,511	0,489
UEM-125	UEM-126	0,900	0,100	UEM-32	UEM-69	0,527	0,473
UEM-126	UEM-130	0,900	0,100	UEM-69	UEM-321	0,527	0,473
UEM-87	UEM-97	0,893	0,107	UEM-70	UEM-144	0,527	0,473
UEM-61	UEM-67	0,892	0,108	UEM-32	UEM-63	0,530	0,470
UEM-61	UEM-125	0,883	0,117	UEM-63	UEM-321	0,530	0,470
UEM-55	UEM-127	0,878	0,122	UEM-73	UEM-79	0,534	0,466
UEM-144	UEM-321	0,875	0,125	UEM-48	UEM-321	0,537	0,463
UEM-68	UEM-125	0,875	0,125	UEM-69	UEM-73	0,537	0,463

A Figura 4 apresenta um marcador de 230 pb presente na cultivar UEM-144 e ausente na cultivar UEM-48, indicando este, como um fator que contribuiu para a elevada divergência genética entre estas cultivares. A cultivar UEM-48 possui estatura média de 1,29 m e cerca de 18 raízes tuberosas por planta, que apresentaram cerca de 37,50 cm. Por sua vez, a cultivar UEM-144, apresentou estatura média de 1,52 m e apenas 8,34 raízes tuberosas de 32,30 cm, por planta. O teor de amido foi de 30,36% para UEM-48 e de 33,74% para UEM-144.

Quanto à combinação de cultivares mais similares, quais sejam UEM-74 e UEM-75, a Figura 4 indica um marcador de 1.000 pb e um de 1.200 pb presentes em ambas as cultivares, sugerindo que estes foram contribuintes para sua reduzida divergência genética. Estas cultivares foram similares em muitas características, tais como cor da película suberosa (amarela), cor da polpa (branca) e do córtex da raiz tuberosa (branco ou creme), teores de matéria seca e de amido (30,05%), número médio de lóbulos por folha (7 a 9), e tamanho de cicatriz foliar (proeminente).

A divergência genética também pode ser visualizada mediante o método de agrupamento de Tocher, que encontra-se representado no Quadro 16.

Quadro 16. Representação do agrupamento gerado pelo Método de otimização de Tocher mediante a amplificação de 115 marcas de DNA pelo método de RAPD em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Grupos	Cultivares	(%)
I	UEM-74, UEM-75, UEM-86, UEM-71 UEM-69, UEM-63, UEM-48, UEM-126, UEM-130, UEM-125, UEM-68, UEM-61, UEM-67, UEM-97, UEM-64, UEM-87, UEM-79, UEM-72, UEM-321, UEM-38, UEM-55	48,84
II	UEM-70, UEM-173, UEM-133, UEM-170, UEM-127, UEM-46	13,94
III	UEM-39, UEM-42, UEM-85	6,97
IV	UEM-32, UEM-144, UEM-53, UEM-154	9,30
V	UEM-76, UEM-78, UEM-325	6,97
VI	UEM-66	2,33
VII	UEM-35	2,33
VIII	UEM-65	2,33
IX	UEM-83	2,33
X	UEM-47	2,33
XI	UEM-73	2,33
Total		100

O método de Tocher indicou a formação de 11 grupos. O grupo I incorporou a maior proporção de cultivares (48,84%). Os grupos VI a XI foram formados por apenas uma cultivar cada um, totalizando 13,98%. Por meio deste método, UEM-73 e UEM-74 corresponderam à combinação de cultivares mais distantes, enquanto UEM-74 e UEM-75 estão separadas pela menor distância, conseqüentemente, menor divergência genética.

A distância média dentro de um grupo é a média das distâncias entre cada par de parentais que o constitui (Cruz e Regazzi, 2001). O quadro 17 indica que a maior distância intragrupo ocorreu no grupo V ($D_{V,V} = 0,301$), sugerindo a existência de maior divergência entre as cultivares aqui presentes, do que entre as cultivares do grupo II ($D_{II,II} = 0,263$), por exemplo, que apresentou a menor divergência.

Quadro 17. Distâncias médias intra e intergrupos mediante a amplificação de 115 marcas de DNA pelo método de RAPD em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Grupos	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI
I	0,283	0,330	0,346	0,326	0,324	0,357	0,361	0,340	0,378	0,343	0,416
II	-	0,263	0,359	0,415	0,345	0,329	0,336	0,315	0,316	0,367	0,381
III	-	-	0,267	0,383	0,329	0,372	0,367	0,388	0,375	0,347	0,371
IV	-	-	-	0,268	0,387	0,406	0,435	0,408	0,468	0,339	0,449
V	-	-	-	-	0,301	0,352	0,353	0,355	0,373	0,386	0,424
VI	-	-	-	-	-	-	0,337	0,345	0,376	0,395	0,341
VII	-	-	-	-	-	-	-	0,325	0,396	0,398	0,361
VIII	-	-	-	-	-	-	-	-	0,402	0,423	0,369
IX	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,360	0,382
X	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,459
XI	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

A análise da diversidade genética se destina à identificação de parentais adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos (Cruz e Carneiro, 2003). Neste sentido, pode-se inferir que cruzamentos entre as cultivares do grupo IV e a cultivar UEM-83, do grupo IX, são os mais indicados ($D_{IV,IX} = 0,468$). Ainda, o grupo IV propiciou a maior média de distâncias intergrupos ($D_{IV,IV} = 0,401$) diante das combinações (Quadro 17).

Em outras situações, estudos sobre a diversidade genética têm sido realizados com o intuito de identificar grupos de cultivares com maior similaridade (Cruz e Carneiro, 2003). Neste aspecto, cruzamentos entre as cultivares dos grupos II e VIII ($D_{II,VIII} = 0,315$), assim como cruzamentos entre as cultivares do grupo II, seriam indicados (Quadro 17).

Com base na matriz de distâncias ponderada pelo complemento de Jaccard, tornou-se possível a obtenção do dendrograma obtido pelo método hierárquico do 'Vizinho Mais Próximo' (Figura 5).

Ao efetuar um corte vertical a uma distância de cerca de 77,5% no dendrograma do 'Vizinho Mais Próximo', tornou-se possível distinguir 11 grupos (Figura 5), sendo concordante com o método de Tocher. Ao agrupar cultivares de mandioca por meio do método hierárquico de UPGMA, Colombo et al. (2000a) verificaram a composição de quatro grandes grupos, enquanto, por conta do mesmo método de agrupamento, Asante e Offei (2003) verificaram que três grupos foram constituídos.

A representação da Figura 5 indica que o grupo II constituiu-se no mais populoso, representado por 53,48% das cultivares, ou 23 do total. O grupo I foi formado por sete cultivares, o que representa 16,27%. O grupo III formou-se a partir de duas cultivares, ou, 4,64%, enquanto o grupo IV foi formado por quatro cultivares, ou, 9,30%.

Os grupos V a XI estiveram compreendidos por apenas uma cultivar (2,33%, cada), quais sejam UEM-76, UEM-78, UEM-65, UEM-83, UEM-35, UEM-66 e UEM-73, que também estiveram representadas bastante distantes das demais por meio do método de Tocher (Quadro 16). Asante e Offei (2003) também verificaram a formação de grupos com baixo percentual de cultivares, pois, dois de seus grupos visualizados no dendrograma foram constituídos por uma e duas cultivares.

No presente estudo, o dendrograma do 'Vizinho Mais Próximo' foi concordante com o Método de Tocher no sentido de que considerou como mais similares as cultivares UEM-74 e UEM-75, enquanto UEM-73 e UEM-74 foram as mais divergentes. De modo geral às combinações de maiores e menores divergências por ambos os métodos de agrupamento foram condizentes.

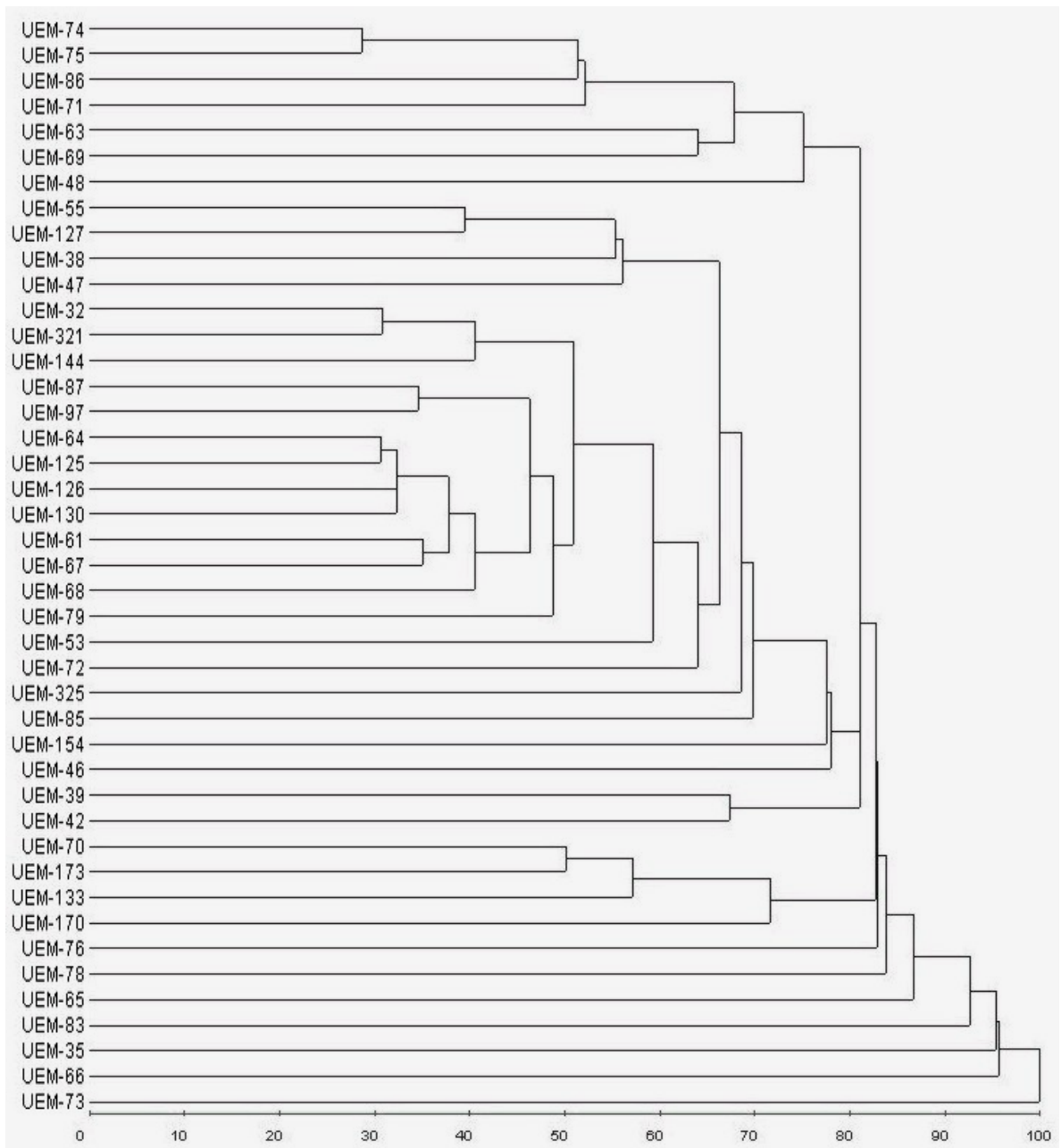


Figura 5. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade estabelecido pelo método Hierárquico do “Vizinho Mais Próximo”, baseado no complemento de similaridade de Jaccard, em 43 acessos de mandioca-de-mesa.

Em análise de cultivares de feijão-de-vagem, Silva et al. (2005) visualizaram a formação de cinco grupos para o método de Tocher e, igual número para o método do ‘Vizinho Mais Próximo’, porém, apesar de a ordem dos grupos ter sido invertida entre os métodos, estes foram condizentes quanto às maiores e menores

divergências. Analisando 42 acessos do gênero *Albemoschus*, Martinello et al. (2003) verificaram a constituição de seis grupos pelo método do 'Vizinho Mais Próximo' e de quatro grupos pelo método de Tocher, e de modo geral, os métodos foram parcialmente concordantes.

No que diz respeito à análise genética molecular em mandioca, tem sido observados poucos trabalhos mediante a utilização do método de agrupamento de Tocher, pois os trabalhos tendem a agrupar as cultivares diretamente pelos métodos hierárquicos. Contudo, o método de agrupamento de Tocher, aliado ao método do 'Vizinho Mais Próximo' tem mostrado resultados condizentes e complementares.

4.4. Possíveis aplicações dos resultados

O cruzamento entre parentais com bom desempenho *per se* e ao mesmo tempo divergentes entre si aumenta a possibilidade de obtenção de segregantes superiores e, assim, aumenta as chances de êxito dos programas que se utilizam de hibridações (Cruz e Carneiro, 2003).

Neste sentido, hibridações entre as combinações UEM-35 e UEM-86, entre UEM-71 e UEM-72, entre UEM-71 e UEM-83 e entre UEM-48 e UEM-144 poderiam ser indicadas para o conjunto de 43 cultivares de mandioca-de-mesa, visto que, por meio dos três marcadores em questão (qualitativos, quantitativos e moleculares), apresentaram significativa divergência.

A hibridação entre UEM-35 e UEM-86 seria indicada por serem estas, significativamente divergentes e possuidoras de características que podem ser complementadas. A cultivar UEM-86 apresentou elevado número de raízes tuberosas por planta (17), que tiveram bom comprimento (30,40 cm) e película suberosa da raiz tuberosa com coloração clara (creme), além de baixa incidência por bacteriose e superalongamento. Por estes motivos, progênies desta cultivar com a cultivar UEM-35 podem mostrar desempenho superior, uma vez que UEM-35 possuiu elevado teor de amido e matéria seca nas raízes tuberosas (27,62% e 32,27%), além de não ter apresentado incidência por podridão nas raízes tuberosas.

Por sua vez, o cruzamento entre UEM-71 e UEM-72 seria indicado pois, ambas cultivares apresentaram bom teor de amido nas raízes tuberosas (30,19 e 32,67 %,

respectivamente), elevado número de raízes tuberosas por planta (14 e 11,34, respectivamente) e comprimento de raízes tuberosas (27,50 e 30,40 cm, respectivamente) compreendido entre o limite selecionável para consumo humano, conforme Fukuda (1996). Adicionalmente, ambas floresceram, o que permite a realização de hibridações naturais ou controladas.

Em relação às cultivares UEM-71 e UEM-83, ambas foram portadoras de elevado número de raízes tuberosas por planta (14 e 14,34) e apresentaram baixa incidência por bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv *manihotis*). Adicionalmente, UEM-71 apresentou bom comprimento de raízes tuberosas e película suberosa das raízes tuberosas com textura lisa. Estas cultivares foram contrastantes por exemplo, em características como cor da polpa das raízes tuberosas e incidência por superalongamento (*Sphaceloma manihoticola*), pois UEM-71 é portadora de polpa creme e pouco susceptível ao superalongamento, enquanto UEM-83 é portadora de polpa rosada e apresentou incidência média ao superalongamento.

A hibridação entre as cultivares UEM-48 e UEM-144 seria desejável por ambas conterem particularidades relevantes para o melhoramento de mandioca-de-mesa. A cultivar UEM-48 produziu elevado número de raízes tuberosas por planta (18) e película suberosa da raiz tuberosa com coloração clara (amarela). Por sua vez, UEM-144 apresentou raízes tuberosas com bom comprimento (32,30 cm) e elevado teor de amido e matéria seca (29,09% e 33,74%, respectivamente), sendo que ambas cultivares apresentaram baixa incidência por bacteriose, superalongamento e podridão de raízes tuberosas.

5. CONCLUSÕES

- a. Ampla variabilidade genética entre as 43 cultivares de mandioca-de-mesa foi observada;
- b. A análise das características morfo-agronômicas quantitativas indicou as combinações entre as cultivares UEM-38 e UEM-130 e entre UEM-38 e UEM-154 como sendo as mais divergentes, enquanto que as menos divergentes foram UEM-53 e UEM-79 e UEM-53 e UEM-68. O método de agrupamento de Tocher propiciou a formação de nove grupos de cultivares, enquanto o método do 'Vizinho Mais Próximo', de sete grupos. 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 as características diâmetro de raízes tuberosas, altura de plantas e altura de primeira ramificação foram as que menos contribuíram;
- c. A análise das características morfo-agronômicas qualitativas (variáveis multicategóricas) indicou a combinação entre UEM-83 e UEM-170 e entre UEM-35 e UEM-325 como as mais divergentes. Por sua vez, as combinações menos divergentes foram UEM-71 e UEM-86, seguida por UEM-79 e UEM-87. Os métodos de Tocher e do 'Vizinho Mais Próximo' indicaram a formação de seis grupos de cultivares;
- d. A análise genética baseada em 15 *primers* de RAPD proporcionou a amplificação de um total de 115 bandas, com um polimorfismo de 78,26%. A combinação de cultivares mais divergentes foi UEM-48 e UEM-144, seguida por UEM-69 e UEM-144. Por outro lado, as cultivares menos divergentes foram UEM-74 e UEM-75, seguida por UEM-32 e UEM-321. Os métodos de agrupamento de Tocher e do 'Vizinho Mais Próximo' indicaram a formação de 11 grupos de cultivares;

- e. A diferença nos resultados obtidos por meio dos três tipos de análise sugere que os marcadores qualitativos, quantitativos e RAPD abrangem regiões distintas no genoma;
- f. As hibridações entre as cultivares UEM-35 e UEM-86, entre UEM-71 e UEM-72, entre UEM-71 e UEM-83 e entre UEM-48 e UEM-144 tendem a proporcionar elevado efeito heterótico e bom desempenho quando utilizadas em programas de melhoramento genético de mandioca.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, J.A.A.; SEDIYAMA, T.; SILVA, A.A.; SEDIYAMA, C.S.; ALVES, J.M.A. Avaliação de clones de mandioca nos aspectos altura de planta e produtividade. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005. Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

ALLEM, A.C. *Manihot* germplasm collection priorities. Report of the First Meeting of the International Network for Cassava Genetics Resources. International Plant Genetic Resources. **International Crop Network**, 10:87-110, 1994.

ALLEM, A.C. The origins and taxonomy of cassava. In: HILLOCKS, R.J.; THRESH, J.M.; BELLOTTI, A.C. (Eds.) **Cassava: biology, production and utilization**. CABI Publishing, p.01-16, 2002.

ALLEM, A.C.; ROA, A.C.; MENDES, R.A.; SALOMÃO, A.N.; BURLE, M.L.; SECOND, G.; CARVALHO, P.C.L.; CAVALCANTI, J. The primary gene pool of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). In: CARVALHO, L.J.C.B.; THRO, A.M.; VILARINHOS, A.D. (Eds.). **Cassava Biotechnology: IV Internacional Scientific Meeting**. CBN, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasil, p.03-14, 2000.

AMARAL JUNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de moranga do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, (17):03-06, 1999.

ARAÚJO, F.S.; OLIVEIRA JÚNIOR, J.O.L.; GOMES, R.L.F.; MORAES, J.C.B.; SAGRILO, E.; ARAÚJO, A.R. Caracterização morfo-agronômica de acessos de mandioca nas condições edafoclimáticas de Teresina, PI. In: **XI Congresso**

Brasileiro de Mandioca, Campo Grande, 2005. Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

ASANTE, I.K.; OFFEI, S.K. RAPD-based genetic diversity study of fifty cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genotypes. **Euphytica**, 131:113–119, 2003.

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**, 49(1):131-132, 2006.

BARRETO, J.F.; XAVIER, J.J.B.N.; DIAS, M.C.; ROCHA, M.Q. Caracterização botânica e agrônômica de cultivares de mandioca em várzea. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005. Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

BEECHING, J.R.; MARMEY, P.; GAVALD, M.; NOIROT, M.; HAYSOM, H.R.; HUGHES, M.A.; CHARRIER, A. An assessment of genetic diversity within a collection o cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm using molecular markers. **Annals of Botany**, 72:515-520, 1993.

BOMFIM, N.N.; HASHIMOTO, D.Y.C.; NASSAR, N.M.A. Desenvolvimento de clones apomíticos da mandioca e seleção de clones apomíticos por meios embriônicos. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005. Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

BORGES, M.F.; FUKUDA, W.M.G.; ROSSETTI, A.G. Avaliação de variedades de mandioca para consumo humano. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 37(11):1559-1565, 2002.

CARVALHO, L.J.C.B.; SCHAAL, B.A. Assessing genetic diversity in the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collection in Brazil using PCR-based markers. **Euphytica**, 120:133-142, 2001.

CEBALLOS, H. La yuca en Colombia y el mundo: nuevas perspectivas para un cultivo milenario. In: OSPINA, B.; CEBALLOS, H. (Eds.) **La Yuca en el tercer milenio**. Cali-Colombia: CIAT, 2002. p.01-13.

CEBALLOS, H.; CRUZ, G.A.A. Taxonomía e morfología de la yuca. In: OSPINA B.; CEBALLOS, H. (Eds.) **La Yuca en el tercer milenio**. Cali-Colombia: CIAT, 2002. p.15-32.

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**, (45):1-9, 2006.

COLOMBO, C.; SECOND, G.; CHARRIER, A. Diversity within american cassava based on RAPD. **Genetics and Molecular Biology**, 23(1):189-199, 2000(a).

COLOMBO, C.; SECOND, G.; CHARRIER, A. Genetic relatedness between cassava (*Manihot esculenta* Crantz) and *M. flabellifolia* and *M. peruviana* based on both RAPD and AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, 23(2):417-423, 2000(b).

COLOMBO, C., SECOND, G.; VALLE, T.L.; CHARRIER, A. Genetic diversity characterization of cassava cultivars (*Manihot esculenta* Crantz). I. RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, 21(1), 1998.

CONCEIÇÃO, A.J. **A mandioca**. 3. ed. São Paulo: Nobel, 1981. 382 p.

COSTA, M.R.; CARDOSO, E.R.; OHAZE, M.M.M. Similaridade genética de cultivares de mandioca (*Manihot esculenta*) por meio de marcadores RAPD. **Ciência e Agrotecnologia**, 27(1):158-164, 2003.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: versão windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV – Imprensa Universitária, 1997. 648p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Divergência genética. In: CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. (Eds.) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. p.287-324.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Diversidade genética. In: CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. (Eds.) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003, v.2, p.357-434.

DEMEY, J.R.; ZAMBRANO, A.Y.; FUENMAYOR, F.; SEGOVIA, V. Relationship between molecular markers and morphological traits in a cassava collection. **Interciencia**, 28(12):684-689, 2003.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, 27:13-15, 1990.

DUARTE, J.M.; SANTOS, J. B.; MELO, L.C. Comparison of similarity coefficients based on RAPD markers in the common bean. **Genetics and Molecular Biology**, 22(3):427-432, 1999.

ELIAS, M.; MCKEY, D. The unmanaged reproductive ecology of domesticated plants in traditional agroecosystems: an example involving cassava and a call for data. **Acta Oncologica**, 21(3):223-230, 2000.

EL-SHARKAWY, M.A.; COCK, H.C.; PORTO, M.C.M. Características fotossintéticas da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, 1(2):143-154, 1989.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solo**. Rio de Janeiro: CNPS, 1999. 180p.

FALEIRO, F.G.; FIALHO, J.F.; BELLON, G.; VIEIRA, E.A.; FUKUDA, W.M.G. Variabilidade genética de acessos de mandioca morfologicamente similares à etnovarietade 'Buriti' com base em marcadores moleculares. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005 (a). Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

FALEIRO, F.G.; FIALHO, J.F.; BELLON, G.; VIEIRA, E.A.; FUKUDA, W.M.G. Variabilidade genética de acessos de mandioca similares às variedades 'Pioneira' e 'Japonesa' mantidos em banco de germoplasma e cultivados em núcleos rurais com base em marcadores moleculares. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005 (b). Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. Production. Crops Primary - Cassava. Disponível em: <http://faostat.fao.org/>. Acesso em 12, julho, 2006.

FAO. 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, novembro, 2005.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2.ed. Brasília - DF: Embrapa/Cenargen, 1996, 220p (Doc. n.20).

FONSECA JÚNIOR, N.S.; GROXKO, M.; RODANTE, A.; TAKAHASHI, M.; PEQUENO, M.G.; VIDIGAL FILHO, P.S. **Cadeia produtiva da mandioca no Paraná - diagnóstico e demandas atuais**. Londrina: IAPAR, 2002. 53p.

FREGENE, M.; ANGEL, F.; GOMEZ, R.; RODRIGUEZ, F.; CHAVARRIAGA, P.; ROCA, W.; TOHME, J.; BONIERBALE, M. A molecular genetic map of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Theoretical Applied Genetics**, 95:431–441, 1997.

FREGENE, M.A.; SUAREZ, M.; MKUMBIRA, J.; KULEMBEKA, H.; NDEDYA, E.; KULAYA, A.; MITCHEL, S.; GULLBERG, U.; ROSLING, H.; DIXON, A.G.O.; DEAN, R.; KRESOVICH, S. Simple sequence repeat marker diversity in cassava landraces: genetic diversity and differentiation in an asexually propagated crop. **Theoretical Applied Genetics**, 107:1083-1093, 2003.

FUKUDA, W.M.G. **Melhoramento genético de mandioca para adaptação em diferentes ecossistemas**. Cruz das Almas: Embrapa, 1986.

FUKUDA, W.M.G. **Prioridades futuras de um programa de melhoramento de mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa, 1994. 18p. (Doc. n.56).

FUKUDA, W.M.G. **Mandioca: estratégia para um programa de melhoramento genético**. Cruz das Almas: Embrapa, 1996. 35p. (Doc. n.71).

FUKUDA, W.M.G.; GUEVARA, C.L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: Embrapa, 1998. 38p. (Doc. n.78).

FUKUDA, W.M.G; IGLESIAS, C.; SILVA, S.O. **Melhoramento de mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa, 2003. 53p. (Doc. n.104).

GODOY, H.; CORREA, A.R.; SANTOS, D. Clima no Paraná. In: **Manual agropecuário para o Paraná**. Londrina: Iapar, 1976. p.17-36.

GOMES, J.C.; LEAL, E.C. **Cultivo da mandioca para a região dos Tabuleiros Costeiros**. Embrapa Mandioca e Fruticultura. 2000. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/>. Acessado em 10, abril, 2006.

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**, 56(2):263-271, 1997.

GROXKO, M. Aspectos econômicos. In: TAKAHASHI, M.; FONSECA JÚNIOR, N.S.; TORRECILLAS, S.M. (Eds.). **Mandioca no Paraná: antes, agora e sempre**. Curitiba: IAPAR, 2002, 209p. (Doc. n.123).

JACCARD, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull. Soc. Vaudoise des Sciences Naturelles*, 44:223-270, 1908.

KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL FILHO, P.S.; PEQUENO, M.G.; SAGRILO, E.; BRUMATI, C.C.; MANZOTI, M.; BEVILAQUA, G. Avaliação de clones de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para indústria na região Noroeste do Estado do Paraná. **Acta Scientiarum – Agronomy**, 25(2):299-304, 2003.

KVITSCHAL, M.V.; VIDIGAL FILHO, P.S.; SCAPIM, C.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; PEQUENO, M.G.; SAGRILO, E.; RIMOLDI, F. Phenotypic stability evaluation of cassava clones in Northwestern region of Parana State by AMMI analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 62:121-128, 2006.

LENIS, J.I.; CALLE, F.; JARAMILLO, G.; PEREZ, J.C.; CEBALLOS, H.; COCK, J.H. Leaf retention and cassava productivity. **Field Crops Research**, 95(2-3):126-134. 2006.

LOPES, R.; LOPES, M.T.G.; FIGUEIRA, A.V.O.; CAMARGO, L.E.A.; FUNGARO, M.H.P.; CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Marcadores moleculares dominantes (RAPD e AFLP). **Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento**, 29:56-60, 2005.

LORENZI, J.O.; DIAS, C.A.C. **Cultura da mandioca**. Campinas: Coordenadoria de Assistência Técnica Integral - CATI, 1993. 41p. (Boletim Técnico, n.211).

LORENZI, J.O. **Mandioca**. Campinas: Coordenadoria de Assistência Técnica Integral – CATI, 2003. 116p. (Boletim Técnico, n.245).

MARMEY, P.; BEECHING, J.R.; HAMON, S.; CHARRIER, A. Evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collections using RAPD markers. **Euphytica**, 74(3):203-209, 1993.

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**, 20(1):52–58, 2001.

MARTINELLO, G.E.; LEAL, N.R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, M.G.; DAHER, R.F. Diversidade genética em quiabeiro baseada em marcadores RAPD. **Horticultura Brasileira**, 21(1):20-25, 2003.

MBA, R.E.C.; STEPHENSON, P.; EDWARDS, K.; MELZER, S.; NKUMBIRA, J.; GULLBERG, U.; APEL, K.; GALE, M.; TOHME, J.; FREGENE, M. Simple sequence repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards a SSR-based molecular genetics map of cassava. **Theoretical Applied Genetics**, 12:21-31, 2001.

Ministério dos transportes. Brasília - DF. Disponível em: <http://www.transportes.gov.br>. Acesso em: 23, novembro, 2006.

MIRANDA, L.A. **Características tecnológicas, agronômicas e de qualidade de mandioca-de-mesa**. 2000. Tese (Mestrado) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2000.

MOLINA, J.L.; EL-SHARKAWY, M.A. Increasing crop productivity in cassava by fertilizing production of planting material. **Field Crops Research**, 44:151-157, 1995.

MONTALDO, A. **La Yuca – mandioca**. San José, Costa Rica: Instituto Interamericano de Ciências Agrícolas: IICA, 1979. 386p.

MONTALVÁN, R.; FARIA, R.T. Variabilidade genética e germoplasma. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. (Eds.). **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: EDUEL, 1999. p.27-38.

MÜHLEN, G.S.; MARTINS, P.S.; ANDO, A. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca avaliada por marcadores de DNA. **Scientia Agricola**, 57(2):319-328, 2000.

NARTEY, F.N. ***Manihot esculenta*, Crantz (Cassava): cyanogenesis, ultrastructure and seed germination**. Copenhagen: Faculty of Natural Science, 1978, 262p. (Tese – PhD.).

NASSAR, N.M.A. Gene flow between cassava, *Manihot esculenta* Crantz and wild relatives. **Gene Conserve**, 4:64-79, 2002. Disponível em: <http://www.geneconserve.pro.br>. Acesso em: 06, abril, 2006.

NASSAR, N.M.A. *Manihot rogersii* Nassar: A new synthetic species!! **Gene Conserve**, 10:111-117, 2003. Disponível em: <http://www.geneconserve.pro.br>. Acesso em 31, maio, 2006.

NASSAR, N.M.A. Cassava: some ecological and physiological aspects related to plant breeding. **Gene Conserve**, 13:229-245, 2004. Disponível em: <http://www.geneconserve.pro.br>. Acesso em: 30, maio, 2006.

NASSAR, N.M.A.; COLLEVATTI, R.G. Microsatellite markers confirm high apomixis level in cassava bred clones. **Hereditas**, 142:33-37, 2005.

OLIVEIRA, M.A.; LEONEL, M.; CABELLO, C.; CEREDA, M.P.; JANES, D.A. Metodologia para avaliação do tempo de cozimento e características tecnológicas associadas em diferentes cultivares de mandioca. **Ciência e Agrotecnologia**, 29(1):126-133, 2005.

OLSEN, K.M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. **Plant Molecular Biology**, 56(4):517-526, 2004.

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. **The American Journal of Botany**, 88:131-142, 2001.

OTSUBO, A.A.; MERCANTE, F.M.; MARTINS, C.S. **Aspectos do cultivo da mandioca em Mato Grosso do Sul**. Dourados - MS: Embrapa Agropecuária Oeste; Campo Grande - MS: UNIDERP, 2002. 219 p.

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**, 4:27-32, 1985.

PEREIRA, F.H.F.; PUIATTI, M.; MIRANDA, G.V.; SILVA, D.J.H.; FINGER, F.L. Divergência genética entre acessos de taro utilizando caracteres morfo-qualitativos de inflorescência. **Horticultura Brasileira**, 21(3):520-524, 2003.

POHL, J.E. **Plantarum brasiliae icones et descriptiones 1**. Alemanha:1827. 136p.

RAMALHO, M.A.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 3.ed., 2004. 472p.

RIMOLDI, F. **Produtividade e divergência genética em *Manihot esculenta* Crantz, com base em caracteres morfo-agronômicos e marcadores moleculares RAPD**. Maringá: Universidade Estadual de Maringá, 2004. 87p. (Tese – Doutorado em Agronomia).

RIMOLDI, R.; VIDIGAL FILHO, P.S.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; CLEMENTE, E.; PEQUENO, M.G.; MIRANDA, L.; KVITSCHAL, M.V. Produtividade, composição química e tempo de cozimento de cultivares de mandioca-de-mesa coletadas no Estado do Paraná. **Acta Scientiarum – Agronomy**, 28(1):63-69, 2006.

SAGRILO, E.; VIDIGAL-FILHO, P.S.; PEQUENO, M.G.; SCAPIM, C.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; DINIZ, S.P.S.S.; MODESTO, E.C.; KVITSCHAL, M.V. Effect of harvest period on the quality of storage roots and protein content of the leaves in five cassava cultivars (*Manihot esculenta*, Crantz). **Brazilian Archives of Biology and Technology**, 46(2):295-305, 2003.

SANCHEZ, G.; RESTREPO, S.; DUQUE, M.; FREGENE, M.; BONIERBALE, M.; VERDIER, V. AFLP assessment of genetic variability in cassava accessions (*Manihot esculenta*) resistant and susceptible to the cassava bacterial blight (CBB). **Genome**, 42(2):163-172, 1999.

SANTOS, A.F. Mandioca - novos tempos para uma antiga cultura. **A Granja**, 59(650):42-44, 2003.

SANTOS, E.A.; JESUS, O.N.; PESTANA, K.N.; SANTOS, V.J.; FERREIRA, C.F.; FUKUDA, W. Caracterização molecular de acessos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) com raízes amarelo-laranja utilizando marcadores do tipo RAPD. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005. Anais do XI Congresso Brasileiro de mandioca. 2005.

SAYRE, R.T. Cyanogenesis in cassava. In: **I Congresso Latino Americano de Raízes Tropicais**. São Pedro, SP, Brasil. Programa e Resumos... São Pedro: CERAT/UNESP/SBM, 1996. (Resumo n.71).

SEAB. Agropecuária no Paraná – Prognóstico Agropecuário – **Mandioca**. Disponível em: <http://www.pr.gov.br/seab/culturas.shtml>. Acesso em 12, julho, 2006.

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**, 27(3):531-539, 2005.

SILVA, G.O.; TAJUZAWA, F.F.; PEDROSO, R.A.; FRANCO, C.M.L.; LEONEL, M.; SARMENTO, S.B.S.; DEMIATE, I.M. Características físico-químicas de amidos modificados de grau alimentício comercializados no Brasil. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, 26(1):188-197, 2006.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, 41:237-245, 1981.

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. 85 p. Tese (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

SOUZA, J.M.L.S.; SIVIERO, A.; MENDONÇA, H.A.; REIS, F.S. Caracterização de raízes e da qualidade da massa de genótipos de mandioca para consumo *in natura* no Estado do Acre. In: **XI Congresso Brasileiro de Mandioca**, Campo Grande, 2005. Anais do XI Congresso Brasileiro de Mandioca. 2005.

SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E.M.; KARASAWA, M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, 23(1):22-27, 2005.

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

TELES, F.F.F. Toxicidade crônica da mandioca (*Manihot esculenta*, Crantz) na África e América Latina. **Revista Brasileira de Mandioca**, 14(1):107-115, 1995.

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

VAVILOV, N.I. The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. **Chronica Botanica**, 13:1-366,1951. (Traduzida do russo para o inglês por CHESTER, K.S.).

VIDIGAL FILHO, P.S.; PEQUENO, M.G.; SCAPIM, C.A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; MAIA, R.R.; SAGRILO, E.; SIMON, G.A.; LIMA, R.S. Avaliação de cultivares de mandioca na região Noroeste do Paraná. **Bragantia**, 59(1):69-75, 2000.

VIDIGAL FILHO, P.S.; RIMOLDI, F.; PEQUENO, M.G.; KVITSCHAL, M.V.; GONÇALVES VIDIGAL, M.C.; ZUIN, G.C. Estabilidade de produção de cultivares de mandioca-de-mesa coletadas na região Norte, Noroeste e Oeste do Paraná. In: **First International Meeting on Cassava Breeding, Biotechnology and Ecology**. Cassava improvement to enhance livelihoods in Sub-Saharan Africa and Northeastern Brasil. First International Meeting on Cassava Breeding, Biotechnology and Ecology. Brasília - DF, 2006. p.43.

VIÉGAS, A.P. **Estudos sobre a mandioca**. São Paulo: Instituto Agrônômico do Estado de São Paulo; BRASCAN – Nordeste, Sociedade Civil de Desenvolvimento e Pesquisas, 1976. 214p.

WILLIAMS, J.G.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, L.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, 18:6531-6535, 1990.

WONG, H-L.; YEOH, H-H.; LIM, S-H.; LOOI, K-C.L. Design of primers for RAPD analyses of cassava, *Manihot esculenta*. **Phytochemistry**, 46(5):805-810, 1997.

WONG, H-L.; YEOH, H-H.; LIM, S-H. Customisation of AFLP analysis for cassava varietal identification. **Phytochemistry**, 50:919-924, 1999.

ZACARIAS, A.M.; BOTHA, A.M.; LABUSCHAGNE, M.T.; BENESI, I.R.M. Characterization and genetic distance analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm from Mozambique using RAPD fingerprinting. **Euphytica**, 138:49–53, 2004.

APÊNDICE

Quadro 19. Matrizes de dissimilaridades (d_{ij}) dos dados obtidos por meio de características morfo-agronômicas qualitativas (índice de similaridade para variáveis multicategóricas), morfo-agronômicas quantitativas (Distância Euclidiana média) e marcadores moleculares RAPD (Índice de similaridade de Jaccard), em 43 cultivares de mandioca-de-mesa coletadas em Cianorte – PR

Combinação entre cultivares		Características qualitativas	Características quantitativas d_{ij}	Marcadores RAPD
UEM-32	UEM-321	0,353	0,992	0,095
UEM-32	UEM-35	0,471	0,955	0,446
UEM-32	UEM-38	0,706	1,569	0,349
UEM-32	UEM-39	0,706	1,214	0,420
UEM-32	UEM-42	0,824	1,349	0,375
UEM-32	UEM-46	0,647	1,390	0,407
UEM-32	UEM-47	0,706	1,317	0,324
UEM-32	UEM-48	0,529	1,345	0,444
UEM-32	UEM-53	0,765	1,074	0,232
UEM-32	UEM-55	0,706	1,541	0,316
UEM-32	UEM-61	0,588	1,160	0,205
UEM-32	UEM-63	0,529	1,070	0,470
UEM-32	UEM-64	0,647	0,755	0,236
UEM-32	UEM-65	0,471	0,909	0,395
UEM-32	UEM-66	0,412	1,294	0,424
UEM-32	UEM-325	0,647	1,190	0,361
UEM-32	UEM-67	0,471	1,066	0,208
UEM-32	UEM-68	0,471	1,074	0,256
UEM-32	UEM-69	0,529	1,236	0,473
UEM-32	UEM-70	0,647	1,294	0,438
UEM-32	UEM-71	0,471	1,230	0,457
UEM-32	UEM-72	0,824	1,455	0,312
UEM-32	UEM-73	0,588	0,867	0,432
UEM-32	UEM-74	0,353	1,082	0,412
UEM-32	UEM-75	0,353	1,149	0,419
UEM-32	UEM-76	0,706	1,176	0,338
UEM-32	UEM-78	0,471	0,855	0,388
UEM-32	UEM-79	0,706	0,757	0,247
UEM-32	UEM-83	0,706	1,301	0,461
UEM-32	UEM-85	0,647	1,068	0,338
UEM-32	UEM-86	0,529	1,011	0,430

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-32	UEM-87	0,765	1,008	0,247
UEM-32	UEM-97	0,529	0,928	0,282
UEM-32	UEM-125	0,647	1,279	0,237
UEM-32	UEM-126	0,765	1,473	0,253
UEM-32	UEM-127	0,706	2,012	0,341
UEM-32	UEM-130	0,706	1,832	0,237
UEM-32	UEM-133	0,647	1,492	0,402
UEM-32	UEM-144	0,647	1,127	0,209
UEM-32	UEM-154	0,647	1,446	0,304
UEM-32	UEM-170	0,588	1,674	0,461
UEM-32	UEM-173	0,588	1,382	0,419
UEM-321	UEM-35	0,588	0,814	0,427
UEM-321	UEM-38	0,588	1,600	0,329
UEM-321	UEM-39	0,588	1,156	0,359
UEM-321	UEM-42	0,588	1,308	0,333
UEM-321	UEM-46	0,588	1,328	0,367
UEM-321	UEM-47	0,471	1,182	0,324
UEM-321	UEM-48	0,471	1,152	0,463
UEM-321	UEM-53	0,588	0,844	0,232
UEM-321	UEM-55	0,529	1,391	0,316
UEM-321	UEM-61	0,588	1,157	0,181
UEM-321	UEM-63	0,294	0,964	0,470
UEM-321	UEM-64	0,471	1,029	0,211
UEM-321	UEM-65	0,588	0,658	0,375
UEM-321	UEM-66	0,529	1,284	0,405
UEM-321	UEM-325	0,529	1,043	0,341
UEM-321	UEM-67	0,412	0,810	0,157
UEM-321	UEM-68	0,412	0,949	0,234
UEM-321	UEM-69	0,588	1,236	0,473
UEM-321	UEM-70	0,647	1,582	0,420
UEM-321	UEM-71	0,353	1,454	0,441
UEM-321	UEM-72	0,647	1,154	0,312
UEM-321	UEM-73	0,529	1,203	0,432
UEM-321	UEM-74	0,176	1,075	0,393
UEM-321	UEM-75	0,294	1,147	0,381
UEM-321	UEM-76	0,529	1,369	0,338
UEM-321	UEM-78	0,412	0,926	0,388
UEM-321	UEM-79	0,647	0,780	0,247
UEM-321	UEM-83	0,647	1,394	0,443
UEM-321	UEM-85	0,588	1,450	0,338
UEM-321	UEM-86	0,412	1,271	0,412
UEM-321	UEM-87	0,765	0,957	0,197
UEM-321	UEM-97	0,529	1,063	0,237
UEM-321	UEM-125	0,706	0,933	0,213
UEM-321	UEM-126	0,588	1,297	0,253

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-321	UEM-127	0,529	1,715	0,360
UEM-321	UEM-130	0,647	1,838	0,213
UEM-321	UEM-133	0,588	1,509	0,384
UEM-321	UEM-144	0,588	0,700	0,125
UEM-321	UEM-154	0,588	1,407	0,254
UEM-321	UEM-170	0,824	1,858	0,443
UEM-321	UEM-173	0,647	1,327	0,400
UEM-35	UEM-38	0,882	1,454	0,322
UEM-35	UEM-39	0,765	1,437	0,388
UEM-35	UEM-42	0,706	1,288	0,325
UEM-35	UEM-46	0,529	1,338	0,357
UEM-35	UEM-47	0,647	0,915	0,398
UEM-35	UEM-48	0,647	1,237	0,373
UEM-35	UEM-53	0,824	1,072	0,422
UEM-35	UEM-55	0,706	1,328	0,368
UEM-35	UEM-61	0,706	1,385	0,353
UEM-35	UEM-63	0,647	0,951	0,381
UEM-35	UEM-64	0,647	0,975	0,381
UEM-35	UEM-65	0,471	0,797	0,325
UEM-35	UEM-66	0,588	1,294	0,337
UEM-35	UEM-325	0,941	1,262	0,333
UEM-35	UEM-67	0,706	0,987	0,357
UEM-35	UEM-68	0,765	1,035	0,352
UEM-35	UEM-69	0,471	1,103	0,356
UEM-35	UEM-70	0,706	1,557	0,356
UEM-35	UEM-71	0,529	1,300	0,362
UEM-35	UEM-72	0,882	1,454	0,365
UEM-35	UEM-73	0,706	1,066	0,361
UEM-35	UEM-74	0,471	0,897	0,345
UEM-35	UEM-75	0,529	1,093	0,333
UEM-35	UEM-76	0,824	1,210	0,386
UEM-35	UEM-78	0,824	1,011	0,341
UEM-35	UEM-79	0,882	0,947	0,369
UEM-35	UEM-83	0,941	1,303	0,396
UEM-35	UEM-85	0,882	1,452	0,388
UEM-35	UEM-86	0,588	1,149	0,364
UEM-35	UEM-87	0,882	1,163	0,407
UEM-35	UEM-97	0,706	0,921	0,393
UEM-35	UEM-125	0,824	1,338	0,356
UEM-35	UEM-126	0,706	1,290	0,310
UEM-35	UEM-127	0,588	1,752	0,333
UEM-35	UEM-130	0,824	1,594	0,318
UEM-35	UEM-133	0,706	1,591	0,356
UEM-35	UEM-144	0,824	0,962	0,446
UEM-35	UEM-154	0,588	1,424	0,425

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-35	UEM-170	0,529	1,612	0,322
UEM-35	UEM-173	0,588	1,443	0,294
UEM-38	UEM-39	0,765	1,671	0,274
UEM-38	UEM-42	0,824	1,643	0,250
UEM-38	UEM-46	0,765	1,549	0,241
UEM-38	UEM-47	0,588	1,222	0,280
UEM-38	UEM-48	0,706	1,444	0,337
UEM-38	UEM-53	0,471	2,076	0,345
UEM-38	UEM-55	0,647	1,078	0,171
UEM-38	UEM-61	0,412	1,518	0,259
UEM-38	UEM-63	0,588	1,451	0,435
UEM-38	UEM-64	0,706	2,000	0,326
UEM-38	UEM-65	0,882	1,336	0,330
UEM-38	UEM-66	0,824	1,736	0,341
UEM-38	UEM-325	0,647	1,722	0,281
UEM-38	UEM-67	0,471	1,856	0,282
UEM-38	UEM-68	0,529	2,144	0,261
UEM-38	UEM-69	0,765	1,375	0,375
UEM-38	UEM-70	0,647	1,834	0,340
UEM-38	UEM-71	0,706	2,053	0,277
UEM-38	UEM-72	0,588	1,847	0,291
UEM-38	UEM-73	0,706	1,619	0,382
UEM-38	UEM-74	0,706	1,933	0,348
UEM-38	UEM-75	0,765	2,047	0,337
UEM-38	UEM-76	0,588	1,585	0,256
UEM-38	UEM-78	0,647	1,916	0,270
UEM-38	UEM-79	0,471	1,878	0,314
UEM-38	UEM-83	0,706	2,034	0,308
UEM-38	UEM-85	0,706	2,124	0,294
UEM-38	UEM-86	0,706	1,863	0,330
UEM-38	UEM-87	0,588	1,988	0,294
UEM-38	UEM-97	0,529	1,927	0,264
UEM-38	UEM-125	0,706	2,370	0,284
UEM-38	UEM-126	0,647	2,339	0,239
UEM-38	UEM-127	0,765	1,759	0,205
UEM-38	UEM-130	0,588	2,550	0,244
UEM-38	UEM-133	0,824	2,019	0,286
UEM-38	UEM-144	0,647	1,442	0,388
UEM-38	UEM-154	0,882	2,512	0,366
UEM-38	UEM-170	0,824	2,142	0,308
UEM-38	UEM-173	0,824	2,011	0,337
UEM-39	UEM-42	0,353	0,730	0,208
UEM-39	UEM-46	0,706	0,938	0,388
UEM-39	UEM-47	0,529	1,359	0,429
UEM-39	UEM-48	0,706	1,470	0,405

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-39	UEM-53	0,706	1,276	0,415
UEM-39	UEM-55	0,647	1,349	0,360
UEM-39	UEM-61	0,529	1,308	0,305
UEM-39	UEM-63	0,529	1,140	0,430
UEM-39	UEM-64	0,529	1,396	0,393
UEM-39	UEM-65	0,588	0,884	0,395
UEM-39	UEM-66	0,647	1,280	0,349
UEM-39	UEM-325	0,529	1,193	0,364
UEM-39	UEM-67	0,529	1,195	0,349
UEM-39	UEM-68	0,353	1,448	0,364
UEM-39	UEM-69	0,882	1,299	0,436
UEM-39	UEM-70	0,647	1,194	0,419
UEM-39	UEM-71	0,706	1,384	0,355
UEM-39	UEM-72	0,765	0,901	0,317
UEM-39	UEM-73	0,588	1,065	0,333
UEM-39	UEM-74	0,706	1,459	0,411
UEM-39	UEM-75	0,647	1,488	0,418
UEM-39	UEM-76	0,588	1,466	0,280
UEM-39	UEM-78	0,471	1,273	0,333
UEM-39	UEM-79	0,647	1,172	0,400
UEM-39	UEM-83	0,765	1,420	0,407
UEM-39	UEM-85	0,529	1,191	0,341
UEM-39	UEM-86	0,706	1,494	0,356
UEM-39	UEM-87	0,588	1,357	0,361
UEM-39	UEM-97	0,529	1,612	0,329
UEM-39	UEM-125	0,647	1,424	0,386
UEM-39	UEM-126	0,471	1,864	0,396
UEM-39	UEM-127	0,647	1,587	0,344
UEM-39	UEM-130	0,647	1,836	0,349
UEM-39	UEM-133	0,588	1,312	0,419
UEM-39	UEM-144	0,588	1,166	0,380
UEM-39	UEM-154	0,471	1,710	0,418
UEM-39	UEM-170	0,706	1,666	0,389
UEM-39	UEM-173	0,765	0,911	0,435
UEM-42	UEM-46	0,647	0,822	0,345
UEM-42	UEM-47	0,588	1,340	0,282
UEM-42	UEM-48	0,824	1,352	0,381
UEM-42	UEM-53	0,647	1,486	0,390
UEM-42	UEM-55	0,706	1,511	0,277
UEM-42	UEM-61	0,588	1,582	0,341
UEM-42	UEM-63	0,588	1,114	0,443
UEM-42	UEM-64	0,588	1,463	0,369
UEM-42	UEM-65	0,647	1,071	0,372
UEM-42	UEM-66	0,706	1,480	0,364
UEM-42	UEM-325	0,706	1,378	0,341

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-42	UEM-67	0,706	1,377	0,325
UEM-42	UEM-68	0,588	1,578	0,282
UEM-42	UEM-69	0,824	1,178	0,415
UEM-42	UEM-70	0,824	1,262	0,363
UEM-42	UEM-71	0,765	1,292	0,351
UEM-42	UEM-72	0,765	0,981	0,293
UEM-42	UEM-73	0,647	0,959	0,369
UEM-42	UEM-74	0,647	1,308	0,407
UEM-42	UEM-75	0,765	1,260	0,396
UEM-42	UEM-76	0,588	1,503	0,356
UEM-42	UEM-78	0,647	1,379	0,310
UEM-42	UEM-79	0,647	1,410	0,376
UEM-42	UEM-83	0,824	1,048	0,330
UEM-42	UEM-85	0,647	1,421	0,253
UEM-42	UEM-86	0,765	1,335	0,352
UEM-42	UEM-87	0,706	1,361	0,317
UEM-42	UEM-97	0,824	1,566	0,326
UEM-42	UEM-125	0,706	1,582	0,326
UEM-42	UEM-126	0,588	1,755	0,299
UEM-42	UEM-127	0,588	1,492	0,284
UEM-42	UEM-130	0,765	1,570	0,306
UEM-42	UEM-133	0,647	1,038	0,380
UEM-42	UEM-144	0,706	1,377	0,354
UEM-42	UEM-154	0,529	1,781	0,392
UEM-42	UEM-170	0,647	1,203	0,310
UEM-42	UEM-173	0,706	0,875	0,341
UEM-46	UEM-47	0,647	0,991	0,358
UEM-46	UEM-48	0,529	1,476	0,412
UEM-46	UEM-53	0,706	1,367	0,363
UEM-46	UEM-55	0,765	1,186	0,268
UEM-46	UEM-61	0,647	1,562	0,333
UEM-46	UEM-63	0,588	1,371	0,419
UEM-46	UEM-64	0,471	1,302	0,361
UEM-46	UEM-65	0,588	1,137	0,345
UEM-46	UEM-66	0,588	1,559	0,298
UEM-46	UEM-325	0,824	1,292	0,294
UEM-46	UEM-67	0,588	1,502	0,317
UEM-46	UEM-68	0,588	1,512	0,274
UEM-46	UEM-69	0,588	1,037	0,374
UEM-46	UEM-70	0,647	1,093	0,318
UEM-46	UEM-71	0,588	1,432	0,362
UEM-46	UEM-72	0,882	1,129	0,325
UEM-46	UEM-73	0,824	1,280	0,419
UEM-46	UEM-74	0,471	1,403	0,345
UEM-46	UEM-75	0,471	1,485	0,352

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-46	UEM-76	0,706	1,416	0,329
UEM-46	UEM-78	0,706	1,533	0,322
UEM-46	UEM-79	0,941	1,329	0,349
UEM-46	UEM-83	0,765	1,328	0,341
UEM-46	UEM-85	0,765	1,461	0,309
UEM-46	UEM-86	0,588	1,408	0,345
UEM-46	UEM-87	0,941	1,642	0,329
UEM-46	UEM-97	0,824	1,502	0,298
UEM-46	UEM-125	0,882	1,701	0,318
UEM-46	UEM-126	0,588	1,656	0,250
UEM-46	UEM-127	0,529	1,258	0,276
UEM-46	UEM-130	0,824	1,488	0,277
UEM-46	UEM-133	0,647	1,432	0,299
UEM-46	UEM-144	0,765	1,175	0,388
UEM-46	UEM-154	0,588	1,517	0,320
UEM-46	UEM-170	0,647	1,573	0,322
UEM-46	UEM-173	0,412	1,170	0,314
UEM-47	UEM-48	0,471	1,444	0,434
UEM-47	UEM-53	0,588	1,362	0,320
UEM-47	UEM-55	0,353	0,795	0,173
UEM-47	UEM-61	0,529	1,507	0,333
UEM-47	UEM-63	0,588	1,254	0,494
UEM-47	UEM-64	0,588	1,305	0,299
UEM-47	UEM-65	0,706	0,969	0,424
UEM-47	UEM-66	0,765	1,554	0,395
UEM-47	UEM-325	0,765	1,378	0,372
UEM-47	UEM-67	0,588	1,441	0,316
UEM-47	UEM-68	0,529	1,387	0,272
UEM-47	UEM-69	0,765	1,095	0,429
UEM-47	UEM-70	0,588	1,570	0,411
UEM-47	UEM-71	0,588	1,689	0,432
UEM-47	UEM-72	0,765	1,565	0,304
UEM-47	UEM-73	0,529	1,376	0,459
UEM-47	UEM-74	0,647	1,369	0,456
UEM-47	UEM-75	0,588	1,640	0,409
UEM-47	UEM-76	0,529	1,366	0,388
UEM-47	UEM-78	0,588	1,509	0,398
UEM-47	UEM-79	0,765	1,247	0,286
UEM-47	UEM-83	0,706	1,762	0,360
UEM-47	UEM-85	0,588	1,651	0,329
UEM-47	UEM-86	0,588	1,551	0,402
UEM-47	UEM-87	0,706	1,754	0,308
UEM-47	UEM-97	0,529	1,432	0,357
UEM-47	UEM-125	0,706	1,790	0,296
UEM-47	UEM-126	0,529	1,671	0,289

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-47	UEM-127	0,647	1,367	0,232
UEM-47	UEM-130	0,706	1,724	0,317
UEM-47	UEM-133	0,647	1,967	0,411
UEM-47	UEM-144	0,647	0,920	0,368
UEM-47	UEM-154	0,588	1,618	0,342
UEM-47	UEM-170	0,824	1,884	0,398
UEM-47	UEM-173	0,706	1,694	0,391
UEM-48	UEM-53	0,529	1,608	0,439
UEM-48	UEM-55	0,647	1,531	0,420
UEM-48	UEM-61	0,588	1,661	0,388
UEM-48	UEM-63	0,529	1,109	0,273
UEM-48	UEM-64	0,471	1,624	0,435
UEM-48	UEM-65	0,647	1,243	0,381
UEM-48	UEM-66	0,588	1,714	0,409
UEM-48	UEM-325	0,588	1,357	0,404
UEM-48	UEM-67	0,471	1,514	0,393
UEM-48	UEM-68	0,471	1,707	0,404
UEM-48	UEM-69	0,529	1,165	0,232
UEM-48	UEM-70	0,529	1,964	0,407
UEM-48	UEM-71	0,294	1,671	0,244
UEM-48	UEM-72	0,882	1,498	0,361
UEM-48	UEM-73	0,647	1,593	0,417
UEM-48	UEM-74	0,412	1,484	0,259
UEM-48	UEM-75	0,294	1,229	0,289
UEM-48	UEM-76	0,588	1,881	0,420
UEM-48	UEM-78	0,529	1,641	0,393
UEM-48	UEM-79	0,765	1,566	0,424
UEM-48	UEM-83	0,588	1,396	0,479
UEM-48	UEM-85	0,647	2,103	0,405
UEM-48	UEM-86	0,294	1,229	0,238
UEM-48	UEM-87	0,824	1,160	0,405
UEM-48	UEM-97	0,647	1,556	0,409
UEM-48	UEM-125	0,706	1,522	0,409
UEM-48	UEM-126	0,588	1,716	0,382
UEM-48	UEM-127	0,706	1,495	0,436
UEM-48	UEM-130	0,647	2,000	0,391
UEM-48	UEM-133	0,647	1,526	0,371
UEM-48	UEM-144	0,588	1,198	0,518
UEM-48	UEM-154	0,647	2,039	0,423
UEM-48	UEM-170	0,824	1,749	0,393
UEM-48	UEM-173	0,529	1,752	0,368
UEM-53	UEM-55	0,706	1,578	0,333
UEM-53	UEM-61	0,294	1,260	0,250
UEM-53	UEM-63	0,588	1,203	0,427
UEM-53	UEM-64	0,529	0,676	0,183

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-53	UEM-65	0,824	0,963	0,410
UEM-53	UEM-66	0,765	1,126	0,419
UEM-53	UEM-325	0,706	0,971	0,395
UEM-53	UEM-67	0,471	0,691	0,253
UEM-53	UEM-68	0,529	0,487	0,296
UEM-53	UEM-69	0,588	1,407	0,416
UEM-53	UEM-70	0,588	1,409	0,433
UEM-53	UEM-71	0,529	1,169	0,436
UEM-53	UEM-72	0,706	1,341	0,350
UEM-53	UEM-73	0,647	1,347	0,446
UEM-53	UEM-74	0,647	1,042	0,425
UEM-53	UEM-75	0,647	1,157	0,432
UEM-53	UEM-76	0,529	1,285	0,393
UEM-53	UEM-78	0,647	0,802	0,420
UEM-53	UEM-79	0,529	0,419	0,243
UEM-53	UEM-83	0,765	1,361	0,489
UEM-53	UEM-85	0,529	1,066	0,395
UEM-53	UEM-86	0,529	1,266	0,388
UEM-53	UEM-87	0,647	1,019	0,243
UEM-53	UEM-97	0,471	0,884	0,300
UEM-53	UEM-125	0,471	0,704	0,256
UEM-53	UEM-126	0,471	1,127	0,272
UEM-53	UEM-127	0,647	1,960	0,375
UEM-53	UEM-130	0,353	1,411	0,234
UEM-53	UEM-133	0,529	1,671	0,416
UEM-53	UEM-144	0,353	0,854	0,306
UEM-53	UEM-154	0,647	0,720	0,275
UEM-53	UEM-170	0,647	1,878	0,456
UEM-53	UEM-173	0,647	1,316	0,414
UEM-55	UEM-61	0,647	1,579	0,286
UEM-55	UEM-63	0,706	1,359	0,444
UEM-55	UEM-64	0,647	1,690	0,293
UEM-55	UEM-65	0,706	1,130	0,337
UEM-55	UEM-66	0,706	1,394	0,367
UEM-55	UEM-325	0,765	1,494	0,267
UEM-55	UEM-67	0,588	1,541	0,247
UEM-55	UEM-68	0,706	1,750	0,205
UEM-55	UEM-69	0,765	1,060	0,400
UEM-55	UEM-70	0,647	1,633	0,348
UEM-55	UEM-71	0,706	1,683	0,354
UEM-55	UEM-72	0,647	1,628	0,256
UEM-55	UEM-73	0,471	1,632	0,391
UEM-55	UEM-74	0,647	1,685	0,374
UEM-55	UEM-75	0,647	1,919	0,363
UEM-55	UEM-76	0,471	1,522	0,282

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-55	UEM-78	0,647	1,757	0,295
UEM-55	UEM-79	0,706	1,528	0,301
UEM-55	UEM-83	0,647	1,978	0,295
UEM-55	UEM-85	0,647	1,811	0,215
UEM-55	UEM-86	0,765	1,727	0,337
UEM-55	UEM-87	0,647	1,925	0,321
UEM-55	UEM-97	0,529	1,841	0,291
UEM-55	UEM-125	0,647	2,022	0,271
UEM-55	UEM-126	0,588	2,164	0,244
UEM-55	UEM-127	0,647	1,312	0,122
UEM-55	UEM-130	0,647	2,065	0,271
UEM-55	UEM-133	0,647	2,027	0,348
UEM-55	UEM-144	0,588	1,073	0,378
UEM-55	UEM-154	0,588	1,982	0,375
UEM-55	UEM-170	0,882	2,151	0,295
UEM-55	UEM-173	0,647	1,747	0,326
UEM-61	UEM-63	0,588	1,246	0,357
UEM-61	UEM-64	0,471	1,397	0,135
UEM-61	UEM-65	0,529	0,891	0,341
UEM-61	UEM-66	0,588	1,063	0,352
UEM-61	UEM-325	0,706	0,853	0,271
UEM-61	UEM-67	0,235	1,070	0,108
UEM-61	UEM-68	0,294	1,373	0,139
UEM-61	UEM-69	0,647	1,743	0,387
UEM-61	UEM-70	0,588	1,435	0,370
UEM-61	UEM-71	0,647	1,731	0,323
UEM-61	UEM-72	0,706	1,515	0,238
UEM-61	UEM-73	0,588	1,372	0,395
UEM-61	UEM-74	0,706	1,669	0,341
UEM-61	UEM-75	0,588	1,703	0,310
UEM-61	UEM-76	0,471	1,111	0,286
UEM-61	UEM-78	0,588	1,074	0,318
UEM-61	UEM-79	0,471	1,041	0,195
UEM-61	UEM-83	0,706	1,708	0,374
UEM-61	UEM-85	0,471	1,303	0,325
UEM-61	UEM-86	0,647	1,696	0,341
UEM-61	UEM-87	0,529	1,272	0,195
UEM-61	UEM-97	0,529	1,241	0,165
UEM-61	UEM-125	0,471	1,530	0,117
UEM-61	UEM-126	0,294	1,730	0,183
UEM-61	UEM-127	0,647	2,200	0,292
UEM-61	UEM-130	0,353	2,180	0,141
UEM-61	UEM-133	0,647	1,856	0,333
UEM-61	UEM-144	0,412	0,929	0,205
UEM-61	UEM-154	0,529	1,759	0,293

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-61	UEM-170	0,588	2,004	0,374
UEM-61	UEM-173	0,706	1,599	0,348
UEM-63	UEM-64	0,353	1,327	0,405
UEM-63	UEM-65	0,529	0,949	0,425
UEM-63	UEM-66	0,647	1,288	0,398
UEM-63	UEM-325	0,529	1,315	0,446
UEM-63	UEM-67	0,412	0,961	0,400
UEM-63	UEM-68	0,353	1,153	0,375
UEM-63	UEM-69	0,588	0,978	0,198
UEM-63	UEM-70	0,647	1,562	0,378
UEM-63	UEM-71	0,412	1,173	0,273
UEM-63	UEM-72	0,765	1,292	0,349
UEM-63	UEM-73	0,647	0,898	0,442
UEM-63	UEM-74	0,235	0,880	0,247
UEM-63	UEM-75	0,471	0,936	0,235
UEM-63	UEM-76	0,588	1,140	0,462
UEM-63	UEM-78	0,471	0,881	0,382
UEM-63	UEM-79	0,706	1,110	0,430
UEM-63	UEM-83	0,706	1,150	0,435
UEM-63	UEM-85	0,647	1,409	0,412
UEM-63	UEM-86	0,353	1,129	0,225
UEM-63	UEM-87	0,824	0,965	0,430
UEM-63	UEM-97	0,588	1,231	0,433
UEM-63	UEM-125	0,824	1,248	0,379
UEM-63	UEM-126	0,529	1,514	0,333
UEM-63	UEM-127	0,471	1,825	0,426
UEM-63	UEM-130	0,706	1,728	0,341
UEM-63	UEM-133	0,588	1,350	0,430
UEM-63	UEM-144	0,647	1,026	0,470
UEM-63	UEM-154	0,588	1,740	0,410
UEM-63	UEM-170	0,706	1,529	0,364
UEM-63	UEM-173	0,647	1,436	0,393
UEM-64	UEM-65	0,412	1,099	0,349
UEM-64	UEM-66	0,588	1,409	0,398
UEM-64	UEM-325	0,471	1,175	0,318
UEM-64	UEM-67	0,353	1,076	0,162
UEM-64	UEM-68	0,412	0,678	0,190
UEM-64	UEM-69	0,588	1,354	0,396
UEM-64	UEM-70	0,706	1,317	0,378
UEM-64	UEM-71	0,471	1,182	0,383
UEM-64	UEM-72	0,941	1,522	0,288
UEM-64	UEM-73	0,706	1,140	0,460
UEM-64	UEM-74	0,412	0,927	0,386
UEM-64	UEM-75	0,471	1,079	0,356
UEM-64	UEM-76	0,647	1,261	0,333

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-64	UEM-78	0,529	0,857	0,364
UEM-64	UEM-79	0,647	0,538	0,151
UEM-64	UEM-83	0,706	1,257	0,418
UEM-64	UEM-85	0,529	1,014	0,354
UEM-64	UEM-86	0,529	1,033	0,386
UEM-64	UEM-87	0,588	1,129	0,200
UEM-64	UEM-97	0,529	0,702	0,169
UEM-64	UEM-125	0,588	1,050	0,095
UEM-64	UEM-126	0,294	1,088	0,188
UEM-64	UEM-127	0,412	1,996	0,337
UEM-64	UEM-130	0,471	1,361	0,169
UEM-64	UEM-133	0,412	1,647	0,341
UEM-64	UEM-144	0,412	1,114	0,260
UEM-64	UEM-154	0,235	0,730	0,301
UEM-64	UEM-170	0,647	1,683	0,418
UEM-64	UEM-173	0,529	1,392	0,356
UEM-65	UEM-66	0,294	0,916	0,345
UEM-65	UEM-325	0,706	0,825	0,341
UEM-65	UEM-67	0,471	0,743	0,345
UEM-65	UEM-68	0,471	1,114	0,322
UEM-65	UEM-69	0,529	1,261	0,398
UEM-65	UEM-70	0,882	1,288	0,326
UEM-65	UEM-71	0,471	1,402	0,333
UEM-65	UEM-72	0,882	1,070	0,333
UEM-65	UEM-73	0,588	1,071	0,369
UEM-65	UEM-74	0,471	1,288	0,294
UEM-65	UEM-75	0,471	1,380	0,302
UEM-65	UEM-76	0,647	1,168	0,393
UEM-65	UEM-78	0,529	0,989	0,330
UEM-65	UEM-79	0,647	0,779	0,357
UEM-65	UEM-83	0,824	1,450	0,402
UEM-65	UEM-85	0,765	1,213	0,395
UEM-65	UEM-86	0,529	1,402	0,294
UEM-65	UEM-87	0,647	1,112	0,337
UEM-65	UEM-97	0,706	1,126	0,326
UEM-65	UEM-125	0,706	1,257	0,345
UEM-65	UEM-126	0,529	1,521	0,299
UEM-65	UEM-127	0,529	1,663	0,341
UEM-65	UEM-130	0,706	1,831	0,326
UEM-65	UEM-133	0,647	1,519	0,267
UEM-65	UEM-144	0,647	0,640	0,395
UEM-65	UEM-154	0,412	1,502	0,432
UEM-65	UEM-170	0,471	1,758	0,330
UEM-65	UEM-173	0,647	1,134	0,282
UEM-66	UEM-325	0,647	0,958	0,387

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-66	UEM-67	0,412	0,849	0,356
UEM-66	UEM-68	0,471	1,422	0,333
UEM-66	UEM-69	0,471	1,563	0,337
UEM-66	UEM-70	0,706	1,360	0,319
UEM-66	UEM-71	0,353	1,189	0,394
UEM-66	UEM-72	0,882	1,484	0,326
UEM-66	UEM-73	0,588	1,459	0,341
UEM-66	UEM-74	0,529	1,590	0,326
UEM-66	UEM-75	0,353	1,644	0,295
UEM-66	UEM-76	0,647	1,284	0,367
UEM-66	UEM-78	0,471	1,200	0,303
UEM-66	UEM-79	0,706	1,113	0,386
UEM-66	UEM-83	0,647	1,583	0,376
UEM-66	UEM-85	0,765	1,214	0,404
UEM-66	UEM-86	0,412	1,561	0,326
UEM-66	UEM-87	0,706	1,278	0,349
UEM-66	UEM-97	0,765	1,421	0,356
UEM-66	UEM-125	0,647	1,511	0,374
UEM-66	UEM-126	0,647	1,934	0,330
UEM-66	UEM-127	0,647	2,023	0,333
UEM-66	UEM-130	0,706	1,876	0,337
UEM-66	UEM-133	0,765	1,709	0,372
UEM-66	UEM-144	0,647	1,103	0,442
UEM-66	UEM-154	0,647	1,625	0,342
UEM-66	UEM-170	0,588	1,894	0,341
UEM-66	UEM-173	0,588	1,260	0,315
UEM-325	UEM-67	0,471	1,057	0,232
UEM-325	UEM-68	0,412	1,281	0,212
UEM-325	UEM-69	0,765	1,606	0,368
UEM-325	UEM-70	0,706	1,508	0,351
UEM-325	UEM-71	0,529	1,523	0,287
UEM-325	UEM-72	0,824	1,446	0,322
UEM-325	UEM-73	0,706	1,531	0,462
UEM-325	UEM-74	0,588	1,572	0,376
UEM-325	UEM-75	0,529	1,479	0,366
UEM-325	UEM-76	0,706	1,498	0,307
UEM-325	UEM-78	0,529	1,227	0,300
UEM-325	UEM-79	0,471	0,950	0,286
UEM-325	UEM-83	0,588	1,486	0,406
UEM-325	UEM-85	0,647	1,432	0,326
UEM-325	UEM-86	0,588	1,395	0,322
UEM-325	UEM-87	0,471	1,060	0,345
UEM-325	UEM-97	0,647	1,203	0,295
UEM-325	UEM-125	0,647	1,233	0,235
UEM-325	UEM-126	0,647	1,573	0,250

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-325	UEM-127	0,706	1,712	0,275
UEM-325	UEM-130	0,647	1,680	0,276
UEM-325	UEM-133	0,647	1,780	0,333
UEM-325	UEM-144	0,588	0,674	0,341
UEM-325	UEM-154	0,588	1,364	0,435
UEM-325	UEM-170	1,000	1,722	0,300
UEM-325	UEM-173	0,765	1,441	0,330
UEM-67	UEM-68	0,176	0,801	0,141
UEM-67	UEM-69	0,529	1,400	0,374
UEM-67	UEM-70	0,529	1,310	0,374
UEM-67	UEM-71	0,471	1,165	0,362
UEM-67	UEM-72	0,824	1,086	0,284
UEM-67	UEM-73	0,529	1,207	0,419
UEM-67	UEM-74	0,529	1,159	0,364
UEM-67	UEM-75	0,412	1,221	0,333
UEM-67	UEM-76	0,471	1,068	0,310
UEM-67	UEM-78	0,471	0,717	0,341
UEM-67	UEM-79	0,471	0,666	0,244
UEM-67	UEM-83	0,588	1,336	0,396
UEM-67	UEM-85	0,588	1,060	0,309
UEM-67	UEM-86	0,529	1,449	0,364
UEM-67	UEM-87	0,529	0,910	0,173
UEM-67	UEM-97	0,529	0,941	0,143
UEM-67	UEM-125	0,529	0,912	0,143
UEM-67	UEM-126	0,353	1,291	0,207
UEM-67	UEM-127	0,529	2,141	0,295
UEM-67	UEM-130	0,412	1,792	0,190
UEM-67	UEM-133	0,588	1,429	0,337
UEM-67	UEM-144	0,353	0,948	0,208
UEM-67	UEM-154	0,529	1,323	0,274
UEM-67	UEM-170	0,706	1,948	0,341
UEM-67	UEM-173	0,588	1,124	0,333
UEM-68	UEM-69	0,647	1,461	0,351
UEM-68	UEM-70	0,588	1,499	0,278
UEM-68	UEM-71	0,471	1,299	0,287
UEM-68	UEM-72	0,824	1,441	0,198
UEM-68	UEM-73	0,588	1,247	0,429
UEM-68	UEM-74	0,529	0,883	0,341
UEM-68	UEM-75	0,412	1,090	0,311
UEM-68	UEM-76	0,588	1,186	0,287
UEM-68	UEM-78	0,412	0,676	0,300
UEM-68	UEM-79	0,529	0,489	0,200
UEM-68	UEM-83	0,588	1,387	0,355
UEM-68	UEM-85	0,588	1,074	0,265
UEM-68	UEM-86	0,471	1,345	0,303

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-68	UEM-87	0,588	1,102	0,222
UEM-68	UEM-97	0,588	0,737	0,193
UEM-68	UEM-125	0,588	0,773	0,125
UEM-68	UEM-126	0,471	0,891	0,145
UEM-68	UEM-127	0,647	2,197	0,236
UEM-68	UEM-130	0,588	1,484	0,148
UEM-68	UEM-133	0,647	1,724	0,333
UEM-68	UEM-144	0,529	1,058	0,256
UEM-68	UEM-154	0,588	0,829	0,295
UEM-68	UEM-170	0,647	1,929	0,300
UEM-68	UEM-173	0,706	1,492	0,292
UEM-69	UEM-70	0,647	1,414	0,337
UEM-69	UEM-71	0,353	1,089	0,217
UEM-69	UEM-72	0,882	1,344	0,363
UEM-69	UEM-73	0,588	1,200	0,463
UEM-69	UEM-74	0,471	1,007	0,250
UEM-69	UEM-75	0,294	1,151	0,239
UEM-69	UEM-76	0,765	1,343	0,383
UEM-69	UEM-78	0,706	1,422	0,323
UEM-69	UEM-79	0,706	1,390	0,367
UEM-69	UEM-83	0,706	1,217	0,408
UEM-69	UEM-85	0,824	1,635	0,402
UEM-69	UEM-86	0,412	1,058	0,209
UEM-69	UEM-87	0,765	1,472	0,385
UEM-69	UEM-97	0,706	1,461	0,372
UEM-69	UEM-125	0,647	1,644	0,355
UEM-69	UEM-126	0,706	1,685	0,330
UEM-69	UEM-127	0,588	1,463	0,384
UEM-69	UEM-130	0,588	1,662	0,355
UEM-69	UEM-133	0,647	1,311	0,337
UEM-69	UEM-144	0,588	1,270	0,489
UEM-69	UEM-154	0,706	1,737	0,437
UEM-69	UEM-170	0,588	1,688	0,323
UEM-69	UEM-173	0,412	1,441	0,315
UEM-70	UEM-71	0,588	1,298	0,309
UEM-70	UEM-72	0,765	1,094	0,267
UEM-70	UEM-73	0,647	1,231	0,378
UEM-70	UEM-74	0,765	1,583	0,344
UEM-70	UEM-75	0,588	1,680	0,333
UEM-70	UEM-76	0,647	0,964	0,433
UEM-70	UEM-78	0,647	1,367	0,375
UEM-70	UEM-79	0,765	1,267	0,385
UEM-70	UEM-83	0,588	1,393	0,323
UEM-70	UEM-85	0,588	0,927	0,385
UEM-70	UEM-86	0,588	1,694	0,344

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-70	UEM-87	0,824	1,670	0,385
UEM-70	UEM-97	0,471	1,343	0,372
UEM-70	UEM-125	0,647	1,798	0,337
UEM-70	UEM-126	0,706	1,695	0,293
UEM-70	UEM-127	0,824	2,229	0,298
UEM-70	UEM-130	0,588	1,925	0,337
UEM-70	UEM-133	0,529	1,276	0,205
UEM-70	UEM-144	0,588	1,557	0,473
UEM-70	UEM-154	0,647	1,600	0,455
UEM-70	UEM-170	0,882	1,977	0,227
UEM-70	UEM-173	0,412	0,935	0,155
UEM-71	UEM-72	0,765	1,498	0,315
UEM-71	UEM-73	0,588	1,157	0,417
UEM-71	UEM-74	0,294	0,955	0,202
UEM-71	UEM-75	0,235	0,993	0,231
UEM-71	UEM-76	0,647	1,336	0,404
UEM-71	UEM-78	0,529	1,119	0,330
UEM-71	UEM-79	0,647	1,238	0,372
UEM-71	UEM-83	0,647	0,906	0,380
UEM-71	UEM-85	0,706	1,168	0,372
UEM-71	UEM-86	0,059	0,934	0,161
UEM-71	UEM-87	0,765	1,185	0,355
UEM-71	UEM-97	0,647	1,340	0,344
UEM-71	UEM-125	0,706	1,386	0,309
UEM-71	UEM-126	0,647	1,698	0,302
UEM-71	UEM-127	0,588	2,005	0,340
UEM-71	UEM-130	0,647	1,320	0,309
UEM-71	UEM-133	0,647	1,213	0,292
UEM-71	UEM-144	0,588	1,528	0,441
UEM-71	UEM-154	0,647	1,415	0,440
UEM-71	UEM-170	0,765	1,444	0,277
UEM-71	UEM-173	0,529	1,158	0,305
UEM-72	UEM-73	0,588	1,329	0,309
UEM-72	UEM-74	0,765	1,521	0,294
UEM-72	UEM-75	0,824	1,471	0,302
UEM-72	UEM-76	0,647	1,403	0,337
UEM-72	UEM-78	0,647	1,382	0,348
UEM-72	UEM-79	0,706	1,304	0,275
UEM-72	UEM-83	0,647	1,327	0,310
UEM-72	UEM-85	0,647	1,424	0,253
UEM-72	UEM-86	0,765	1,739	0,294
UEM-72	UEM-87	0,824	1,388	0,317
UEM-72	UEM-97	0,706	1,462	0,306
UEM-72	UEM-125	0,824	1,396	0,265
UEM-72	UEM-126	0,824	1,526	0,238

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-72	UEM-127	0,765	1,969	0,284
UEM-72	UEM-130	0,765	2,038	0,265
UEM-72	UEM-133	0,882	0,944	0,344
UEM-72	UEM-144	0,824	1,362	0,354
UEM-72	UEM-154	0,882	1,762	0,372
UEM-72	UEM-170	0,882	2,036	0,291
UEM-72	UEM-173	0,882	0,753	0,302
UEM-73	UEM-74	0,647	0,902	0,368
UEM-73	UEM-75	0,529	1,102	0,393
UEM-73	UEM-76	0,529	1,044	0,391
UEM-73	UEM-78	0,412	0,823	0,418
UEM-73	UEM-79	0,529	1,106	0,466
UEM-73	UEM-83	0,647	1,109	0,382
UEM-73	UEM-85	0,647	0,992	0,412
UEM-73	UEM-86	0,647	1,165	0,368
UEM-73	UEM-87	0,588	1,236	0,466
UEM-73	UEM-97	0,529	1,232	0,451
UEM-73	UEM-125	0,588	1,494	0,451
UEM-73	UEM-126	0,647	1,621	0,424
UEM-73	UEM-127	0,529	2,027	0,391
UEM-73	UEM-130	0,588	1,734	0,398
UEM-73	UEM-133	0,588	1,232	0,396
UEM-73	UEM-144	0,529	1,413	0,470
UEM-73	UEM-154	0,647	1,682	0,450
UEM-73	UEM-170	0,647	1,337	0,326
UEM-73	UEM-173	0,588	1,169	0,375
UEM-74	UEM-75	0,294	0,595	0,089
UEM-74	UEM-76	0,647	1,256	0,409
UEM-74	UEM-78	0,529	0,817	0,273
UEM-74	UEM-79	0,765	1,032	0,356
UEM-74	UEM-83	0,765	0,957	0,348
UEM-74	UEM-85	0,706	1,321	0,356
UEM-74	UEM-86	0,353	0,834	0,171
UEM-74	UEM-87	0,882	1,096	0,356
UEM-74	UEM-97	0,647	1,034	0,363
UEM-74	UEM-125	0,824	1,136	0,326
UEM-74	UEM-126	0,706	1,221	0,261
UEM-74	UEM-127	0,471	1,938	0,340
UEM-74	UEM-130	0,765	1,294	0,307
UEM-74	UEM-133	0,588	1,397	0,289
UEM-74	UEM-144	0,706	1,316	0,412
UEM-74	UEM-154	0,588	1,283	0,370
UEM-74	UEM-170	0,706	1,417	0,273
UEM-74	UEM-173	0,529	1,459	0,303
UEM-75	UEM-76	0,647	1,504	0,415

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-75	UEM-78	0,471	0,977	0,281
UEM-75	UEM-79	0,706	1,185	0,345
UEM-75	UEM-83	0,529	0,615	0,319
UEM-75	UEM-85	0,647	1,526	0,400
UEM-75	UEM-86	0,294	0,690	0,159
UEM-75	UEM-87	0,765	0,757	0,345
UEM-75	UEM-97	0,647	1,050	0,333
UEM-75	UEM-125	0,706	0,990	0,295
UEM-75	UEM-126	0,588	1,161	0,250
UEM-75	UEM-127	0,588	1,968	0,330
UEM-75	UEM-130	0,647	1,318	0,276
UEM-75	UEM-133	0,647	1,175	0,278
UEM-75	UEM-144	0,588	1,395	0,400
UEM-75	UEM-154	0,588	1,408	0,378
UEM-75	UEM-170	0,765	1,280	0,281
UEM-75	UEM-173	0,471	1,444	0,292
UEM-76	UEM-78	0,412	0,952	0,295
UEM-76	UEM-79	0,588	1,088	0,280
UEM-76	UEM-83	0,529	1,443	0,404
UEM-76	UEM-85	0,529	0,996	0,321
UEM-76	UEM-86	0,647	1,611	0,409
UEM-76	UEM-87	0,706	1,513	0,341
UEM-76	UEM-97	0,588	1,030	0,291
UEM-76	UEM-125	0,706	1,688	0,330
UEM-76	UEM-126	0,471	1,481	0,322
UEM-76	UEM-127	0,529	2,364	0,308
UEM-76	UEM-130	0,588	1,950	0,310
UEM-76	UEM-133	0,647	1,563	0,400
UEM-76	UEM-144	0,529	1,317	0,358
UEM-76	UEM-154	0,588	1,625	0,375
UEM-76	UEM-170	0,882	1,973	0,421
UEM-76	UEM-173	0,706	1,430	0,415
UEM-78	UEM-79	0,706	0,622	0,294
UEM-78	UEM-83	0,529	1,166	0,308
UEM-78	UEM-85	0,471	0,862	0,333
UEM-78	UEM-86	0,529	1,185	0,330
UEM-78	UEM-87	0,706	0,853	0,333
UEM-78	UEM-97	0,529	0,812	0,303
UEM-78	UEM-125	0,647	0,942	0,322
UEM-78	UEM-126	0,588	1,238	0,258
UEM-78	UEM-127	0,529	2,239	0,264
UEM-78	UEM-130	0,647	1,653	0,264
UEM-78	UEM-133	0,529	1,459	0,358
UEM-78	UEM-144	0,588	1,129	0,407
UEM-78	UEM-154	0,588	1,262	0,424

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-78	UEM-170	0,706	1,642	0,326
UEM-78	UEM-173	0,706	1,307	0,372
UEM-79	UEM-83	0,647	1,375	0,407
UEM-79	UEM-85	0,765	0,869	0,341
UEM-79	UEM-86	0,706	1,257	0,356
UEM-79	UEM-87	0,118	0,998	0,187
UEM-79	UEM-97	0,588	0,734	0,203
UEM-79	UEM-125	0,412	0,864	0,179
UEM-79	UEM-126	0,529	1,140	0,198
UEM-79	UEM-127	0,765	2,023	0,326
UEM-79	UEM-130	0,471	1,586	0,203
UEM-79	UEM-133	0,588	1,634	0,367
UEM-79	UEM-144	0,353	0,826	0,293
UEM-79	UEM-154	0,588	0,915	0,333
UEM-79	UEM-170	0,765	1,840	0,389
UEM-79	UEM-173	0,647	1,287	0,382
UEM-83	UEM-85	0,706	1,466	0,389
UEM-83	UEM-86	0,647	0,885	0,400
UEM-83	UEM-87	0,706	0,959	0,407
UEM-83	UEM-97	0,706	1,177	0,376
UEM-83	UEM-125	0,765	1,316	0,376
UEM-83	UEM-126	0,706	1,346	0,333
UEM-83	UEM-127	0,765	2,002	0,319
UEM-83	UEM-130	0,765	1,332	0,376
UEM-83	UEM-133	0,765	0,821	0,286
UEM-83	UEM-144	0,647	1,565	0,443
UEM-83	UEM-154	0,706	1,541	0,477
UEM-83	UEM-170	1,000	1,118	0,308
UEM-83	UEM-173	0,647	1,168	0,319
UEM-85	UEM-86	0,706	1,561	0,337
UEM-85	UEM-87	0,765	1,437	0,341
UEM-85	UEM-97	0,471	1,212	0,310
UEM-85	UEM-125	0,529	1,438	0,310
UEM-85	UEM-126	0,529	1,646	0,282
UEM-85	UEM-127	0,647	2,393	0,267
UEM-85	UEM-130	0,412	1,747	0,289
UEM-85	UEM-133	0,471	1,591	0,385
UEM-85	UEM-144	0,529	1,480	0,359
UEM-85	UEM-154	0,529	1,296	0,355
UEM-85	UEM-170	0,765	1,853	0,333
UEM-85	UEM-173	0,706	1,129	0,364
UEM-86	UEM-87	0,824	0,992	0,356
UEM-86	UEM-97	0,706	1,257	0,363
UEM-86	UEM-125	0,765	1,322	0,307
UEM-86	UEM-126	0,588	1,587	0,281

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-86	UEM-127	0,647	1,697	0,323
UEM-86	UEM-130	0,706	1,296	0,307
UEM-86	UEM-133	0,706	1,434	0,308
UEM-86	UEM-144	0,647	1,369	0,430
UEM-86	UEM-154	0,706	1,456	0,390
UEM-86	UEM-170	0,765	1,127	0,292
UEM-86	UEM-173	0,588	1,571	0,303
UEM-87	UEM-97	0,588	1,006	0,107
UEM-87	UEM-125	0,294	0,757	0,179
UEM-87	UEM-126	0,471	1,308	0,198
UEM-87	UEM-127	0,765	2,093	0,363
UEM-87	UEM-130	0,471	1,686	0,179
UEM-87	UEM-133	0,588	1,294	0,330
UEM-87	UEM-144	0,353	1,176	0,247
UEM-87	UEM-154	0,529	1,486	0,239
UEM-87	UEM-170	0,765	1,529	0,389
UEM-87	UEM-173	0,706	1,377	0,345
UEM-97	UEM-125	0,471	1,110	0,150
UEM-97	UEM-126	0,588	0,721	0,190
UEM-97	UEM-127	0,706	2,289	0,333
UEM-97	UEM-130	0,353	1,613	0,173
UEM-97	UEM-133	0,353	1,559	0,300
UEM-97	UEM-144	0,294	1,149	0,282
UEM-97	UEM-154	0,471	1,083	0,299
UEM-97	UEM-170	0,706	1,817	0,376
UEM-97	UEM-173	0,529	1,492	0,333
UEM-125	UEM-126	0,529	1,125	0,100
UEM-125	UEM-127	0,647	2,167	0,278
UEM-125	UEM-130	0,294	1,619	0,127
UEM-125	UEM-133	0,471	1,596	0,281
UEM-125	UEM-144	0,353	1,197	0,237
UEM-125	UEM-154	0,529	1,133	0,321
UEM-125	UEM-170	0,706	1,910	0,341
UEM-125	UEM-173	0,647	1,470	0,295
UEM-126	UEM-127	0,529	2,424	0,233
UEM-126	UEM-130	0,353	1,647	0,100
UEM-126	UEM-133	0,588	1,704	0,256
UEM-126	UEM-144	0,353	1,440	0,275
UEM-126	UEM-154	0,353	1,156	0,291
UEM-126	UEM-170	0,706	2,075	0,297
UEM-126	UEM-173	0,706	1,733	0,270
UEM-127	UEM-130	0,647	1,843	0,278
UEM-127	UEM-133	0,588	2,182	0,316
UEM-127	UEM-144	0,647	1,524	0,398
UEM-127	UEM-154	0,529	2,158	0,414

Continua...

Quadro 19, cont.

UEM-127	UEM-170	0,647	1,825	0,264
UEM-127	UEM-173	0,706	1,992	0,293
UEM-130	UEM-133	0,412	1,980	0,319
UEM-130	UEM-144	0,235	1,710	0,237
UEM-130	UEM-154	0,529	1,149	0,253
UEM-130	UEM-170	0,706	1,294	0,341
UEM-130	UEM-173	0,588	1,794	0,295
UEM-133	UEM-144	0,353	1,813	0,420
UEM-133	UEM-154	0,294	1,991	0,455
UEM-133	UEM-170	0,706	1,674	0,267
UEM-133	UEM-173	0,294	0,893	0,176
UEM-144	UEM-154	0,412	1,362	0,279
UEM-144	UEM-170	0,647	1,865	0,443
UEM-144	UEM-173	0,471	1,539	0,437
UEM-154	UEM-170	0,706	1,956	0,442
UEM-154	UEM-173	0,471	1,620	0,398
UEM-170	UEM-173	0,647	1,720	0,221

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)