

**Seleção de Genótipos Superiores de
Mandioca para o Amazonas**



**OBJETIVOS DE
DESENVOLVIMENTO
SUSTENTÁVEL**

**2 FOME ZERO
E AGRICULTURA
SUSTENTÁVEL**



***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Amazônia Ocidental
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

**BOLETIM DE PESQUISA
E DESENVOLVIMENTO
42**

**Seleção de Genótipos Superiores de
Mandioca para o Amazonas**

*Inocencio Junior de Oliveira
João Ferdinando Barreto
Gilmar Antonio Meneghetti*

***Embrapa Amazônia Ocidental
Manaus, AM
2022***

Embrapa Amazônia Ocidental
Rodovia AM-010, Km 29,
Estrada Manaus/Itacoatiara
69010-970 , Manaus, AM
Fone: (92) 3303-7800
Fax: (92) 3303-7915
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações
da Unidade Responsável

Presidente
Kátia Emídio da Silva

Secretária-executiva
Gleise Maria Teles de Oliveira

Membros
*José Olenilson Costa Pinheiro, Maria Augusta
Abtibol Brito de Sousa e Maria Perpétua Beleza
Pereira*

Supervisão editorial e revisão de texto
Maria Perpétua Beleza Pereira

Normalização bibliográfica
Maria Augusta Abtibol Brito de Sousa

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
Gleise Maria Teles de Oliveira

Foto da capa
Siglia Regina dos Santos Souza

1ª edição
Publicação digital (2022): PDF

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Amazônia Ocidental

Oliveira, Inocencio Junior de.
Seleção de genótipos superiores de mandioca para o Amazonas / Inocencio
Junior de Oliveira, João Ferdinando Barreto, Gilmar Antonio Meneghetti. –
Manaus : Embrapa Amazônia Ocidental, 2022.
PDF 18 p. : il. color. - (Boletim de pesquisa e desenvolvimento / Embrapa
Amazônia Ocidental, ISSN 1517-2457; 42).

1. Mandioca. 2. *Manihot esculenta*. 3. Seleção de genótipos. I. Barreto, João
Ferdinando. II. Meneghetti, Gilmar Antonio. III. Título. IV. Série.

CDD 633.682

Sumário

Resumo	5
Abstract	6
Introdução.....	7
Material e Métodos	8
Resultados e Discussão	10
Conclusões.....	16
Referências	17

Seleção de Genótipos Superiores de Mandioca para o Amazonas¹

Inocencio Junior de Oliveira²

João Ferdinando Barreto³

Gilmar Antonio Meneghetti⁴

Resumo – O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos superiores de mandioca por meio de índices de seleção com estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos. Foram avaliados 122 genótipos de mandioca mansa e 77 genótipos de mandioca brava na safra 2020/2021, com semeadura em novembro de 2020, sendo cada parcela experimental composta por uma fileira de 10 m, com espaçamento de 1 m entre fileiras e entre plantas, perfazendo um total de dez plantas por parcela com delineamento experimental em blocos aumentados de Federer. A colheita foi realizada 11 meses após o plantio e os caracteres avaliados foram número de raízes por planta, teor de amido e produtividade de raízes. A partir dos resultados obtidos concluiu-se que há alta probabilidade de ganhos genéticos em ciclos de seleção adicionais com base sobre o fenótipo no programa de melhoramento devido à existência de elevado componente genético na expressão fenotípica dos caracteres avaliados. O índice de seleção de soma das classificações foi eficiente em selecionar 25 genótipos de mandioca mansa e 16 genótipos de mandioca brava para o Amazonas com características agrônômicas favoráveis, promissores para o avanço de geração no programa de melhoramento visando obter novas cultivares de mandioca superiores para uso no Amazonas.

Termos para indexação: *Manihot esculenta* L., número de raiz, teor de amido, produtividade de raiz.

¹ Cadastro nº AABBE1A (SisGen).

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antonio de Goiás, GO

³ Engenheiro-agrônomo, mestre em Agronomia, Fitomelhoramento, pesquisador da Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, AM

⁴ Engenheiro-agrônomo, mestre em Desenvolvimento, Agricultura e Sociedade, pesquisador da Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, AM

Selection of Superior Cassava Genotypes for the Amazon

Abstract – The objective of this work was to select superior cassava genotypes through selection indices with estimates of genetic parameters and prediction of genetic values. A total of 122 genotypes of soft cassava and 77 genotypes of wild cassava were evaluated in the 2020/2021 harvest with sowing in november 2020, with each experimental plot consisting of a 10 m row, with a spacing of 1 m between rows and between plants, making a total of 10 plants per plot with an augmented Federer block experimental design. The harvest was carried out 11 months after planting and the evaluated traits were number of roots per plant, starch content and root productivity. From the results obtained, it was concluded that there is a high probability of genetic gains in additional selection cycles based on the phenotype in the breeding program due to the existence of a high genetic component in the phenotypic expression of the evaluated characters. The sum of classifications selection index was efficient in selecting 25 genotypes of sweet cassava and 16 genotypes of wild cassava for the Amazon with favorable agronomic characteristics, being promising for the advancement of generation in the breeding program aiming to obtain new superior cassava cultivars for use in Amazon.

Index terms: *Manihot esculenta* L., root number, starch content, root yield.

Introdução

No Amazonas o cultivo de mandioca, consumida in natura (mandioca mansa ou de mesa) ou na forma de farinha (mandioca brava), tem sido fundamental no fornecimento de carboidratos, principalmente à população rural de menor renda, contribuindo assim para a segurança alimentar, a geração de trabalho e renda pela venda do produto ou de seus derivados, cumprindo papel estratégico na vida de milhares de agricultores familiares locais (Barreto et al., 2021).

A mandiocultura representa cerca de 70% das lavouras temporárias cultivadas no estado do Amazonas (Filgueiras; Homma, 2016). De acordo com o IBGE (2022), o estado apresentou, no ano de 2021, uma área colhida de 87.250 ha, produção estimada em 1.047.360 t e rendimento médio de 12,0 t ha⁻¹, enquanto que o Brasil produziu 18.496.182 t de raízes numa área colhida de 1.232.818 ha e um rendimento médio de 15,0 t ha⁻¹.

A cultivar de mandioca brava ou mandioca mansa (macaxeira) melhorada é um dos componentes tecnológicos mais importantes do sistema de produção, pois possibilita aumentar a produtividade sem a necessidade de aumentar o custo de produção, favorecendo a adoção da cultivar (Fukuda, 2006). Esse fato, aliado ao manejo adequado da cultura e seguindo as recomendações agronômicas de cultivo, possibilita o alcance do máximo potencial produtivo.

Durante a fase de desenvolvimento da cultivar de mandioca melhorada, é fundamental que a seleção de genótipos seja realizada com base em estimativas de parâmetros genéticos e índices de seleção, visto que o sucesso da seleção depende do grau de correspondência entre o valor fenotípico e o valor genético expresso pelo caráter métrico avaliado nas circunstâncias do ambiente e da população de estudo (Cruz et al., 2014).

Estimativas dos parâmetros de variabilidade, herdabilidade e ganho genético são indicadores confiáveis para o melhoramento das características de um determinado material genético por meio de seleção (Kumar et al., 2015).

Os índices de seleção podem maximizar a seleção simultânea de boas características agronômicas (Sousa et al., 2021).

De acordo com Barreto et al. (2021), no Amazonas, os principais caracteres de interesse do melhoramento estão relacionados a produtividade de raízes tuberosas, teor de amido nas raízes, cor da polpa das raízes, resistência à podridão de raízes, número de raízes por planta, comprimento e diâmetro das raízes.

O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos superiores de mandioca para o Amazonas por meio de índices de seleção com estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos.

Material e Métodos

O trabalho foi realizado no campo experimental da Embrapa Amazônia Ocidental em Manaus, AM (02°53'25" de latitude Sul e 59°58'06" de longitude Oeste) em área de Latossolo Amarelo distrófico e com precipitação pluviométrica anual de 2.627 mm, temperatura média anual de 25,3 °C e umidade relativa média de 86%, segundo Antonio (2017).

Foram avaliados 120 genótipos de mandioca mansa oriundos do cruzamento entre a cultivar Aipim Manteiga, recomendada para o cultivo nas condições edafoclimáticas do Amazonas (Dias et al., 2003), e o acesso IM-1949 do banco ativo de germoplasma de mandioca da Embrapa Amazônia Ocidental; e 75 genótipos de mandioca brava oriundos do cruzamento entre BRS Purus, recomendada para o cultivo nas condições edafoclimáticas do Amazonas (Dias et al., 2003), e o acesso IM-799 do banco ativo de germoplasma de mandioca da Embrapa Amazônia Ocidental.

O plantio foi realizado manualmente em novembro de 2020, sendo cada parcela experimental composta por uma fileira de 10 m, com espaçamento de 1 m entre fileiras e entre plantas, perfazendo um total de dez plantas por parcela, e, nas linhas extremas do experimento, foram plantadas bordaduras com as cultivares Aipim Manteiga e BRS Purus.

O delineamento experimental empregado foi de blocos aumentados de Federer, sem repetição e com blocos divididos em tratamentos comuns (testemunhas) e não comuns (genótipos) em cada bloco, com isso os tratamentos comuns permitiram avaliar a uniformidade dos blocos e, caso necessário, proceder ao ajuste. O experimento de mandioca mansa foi constituído por

6 blocos com 20 tratamentos não comuns e 2 tratamentos comuns (Aipim Manteiga e IM-1949) em cada bloco, totalizando a avaliação dos 120 genótipos. Já o experimento de mandioca brava foi constituído por 5 blocos com 15 tratamentos não comuns e 2 tratamentos comuns (BRS Purus e IM-799) em cada bloco, totalizando a avaliação dos 75 genótipos.

Para implantação do experimento, primeiramente, foram coletadas amostras de solo na camada de 0 cm a 20 cm de profundidade para análise química. A partir dos resultados dessa análise foram prescritos a dose de calcário para a correção da acidez do solo e o fornecimento de cálcio e magnésio, até a dose máxima de 2 t ha⁻¹, segundo Dias et al. (2004). O calcário foi incorporado 2 meses antes do plantio, por meio de aração e gradagens para correção do solo. Na véspera do plantio foi realizada uma gradagem niveladora para nivelar o solo e eliminar torrões e plantas daninhas.

A adubação de plantio foi de 60 kg de P₂O₅ por hectare, utilizando superfosfato triplo como fonte de fósforo, e 100 kg de FTE BR12 (micronutrientes) por hectare, seguindo a recomendação de Dias et al. (2004).

Os tratamentos culturais de adubação de cobertura e controle de plantas daninhas foram realizados aos 30 e 60 dias após o plantio. Cada adubação de cobertura foi realizada utilizando 15 kg de N (com ureia como fonte de nitrogênio) e 20 kg de K₂O (com cloreto de potássio como fonte de potássio), e o controle de plantas daninhas foi realizado por meio de duas capinas manuais com enxada.

As colheitas foram realizadas em dez plantas por parcela aos 11 meses após o plantio, e foram avaliadas as seguintes variáveis:

- Número de raízes por planta.
- Teor de amido (%) – Mensurado em amostras de 3 kg de raízes frescas pelo método da balança hidrostática, segundo Grossman e Freitas (1950).
- Produtividade de raízes (kg/ha).

Para avaliar a existência da variabilidade genética das características quantitativas foi realizada uma análise de variância. Os dados obtidos foram analisados para estimar o ganho de seleção. Além disso, o teste F ($p \leq 0,01$) foi realizado para obter o quadrado médio (QM) e o coeficiente de variação

(CV). O coeficiente de variação genética (CVg), a razão entre o CVg e o coeficiente de variação experimental (CVe): CVg/CVe , e a herdabilidade (h^2) para cada variável também foram avaliados.

As estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas por meio do índice de soma das classificações de Mulamba e Mock (1978) e a intensidade de seleção foi de 20%. O ganho de seleção foi obtido pelo produto do valor de herdabilidade pelo valor do diferencial de seleção, e os resultados foram apresentados em porcentagem.

A soma do índice das classificações (Mulamba; Mock, 1978) inclui variância genotípica e fenotípica, além de estimativas de covariância, e também atribui pesos para as características estudadas (Cruz et al., 2014). Esse índice organiza os genótipos atribuindo maiores valores absolutos para aqueles com melhor desempenho, considerando cada característica analisada. No contexto, a classificação número de cada genótipo relacionado a cada característica estudada é somada, resultando no índice de seleção, como segue:

$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$, em que I é o valor de índice para um dado indivíduo ou família; r é a classificação de um indivíduo relacionado à variável j -ésima; e n é o número de variáveis que o índice inclui. O método pode atribuir pesos diferentes para classificar as variáveis, de acordo com as especificações. O peso adotado foi o coeficiente de variação genética para cada variável, conforme recomendação de Cruz (2012). Os dados foram analisados usando o software GENES (Cruz, 2013).

Resultados e Discussão

Nas Tabelas 1 e 2 observam-se a variabilidade genética para as variáveis número de raiz/planta, o teor de amido e a produtividade de raiz e, diante disso, é possível constatar eficiência na seleção de genótipos superiores de mandioca mansa e mandioca brava para essas variáveis. Silva et al. (2016) também verificaram variabilidade genética entre os genótipos de mandioca e a possibilidade de ganho genético baseado na seleção ao analisarem parâmetros genéticos e avaliação agrônômica de 56 genótipos de mandioca no estado do Pará.

Tabela 1. Quadrado médio, coeficientes de variação e parâmetros genéticos avaliados em 122 genótipos de mandioca mansa em Manaus.

Parâmetros	Variáveis		
	Nº raiz/planta	Teor amido	Produtividade de raiz
Média geral	4,29	28,75%	18.736,4 kg.ha ⁻¹
h ² (%)	92,83	74,92	88,25
CVg (%)	43,90	5,79	37,12
CVe (%)	12,21	3,34	11,99
CVg/CVe	3,59	1,73	3,10
QMG	11,964**	7,399*	8,574*

*, **Significativos aos níveis de 5% e 1%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2. Quadrado médio, coeficientes de variação e parâmetros genéticos avaliados em 77 genótipos de mandioca brava em Manaus.

Parâmetros	Variáveis		
	Nº raiz/planta	Teor amido	Produtividade de raiz
Média geral	5,38	29,64%	26.654,3 kg.ha ⁻¹
h ² (%)	25,43	74,89	95,05
CVg (%)	24,57	5,76	39,01
CVe (%)	15,02	3,31	8,65
CVg/CVe	1,64	1,74	4,51
QMG	7,350*	6,778*	16,47**

*, **Significativos aos níveis de 5% e 1%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F.

As análises de variância apresentaram diferença significativa ($p \leq 0.05$) entre os 122 genótipos de mandioca mansa (Tabela 1) e os 77 genótipos de mandioca brava (Tabela 2) para os caracteres avaliados. Esses resultados sugerem a existência de variabilidade genética nos genótipos avaliados, permitindo assim a exploração dessa variabilidade, visando melhorar as populações e perspectivas de ganhos nas características de interesse.

O coeficiente de variação experimental (CVe) variou de 3,34% para teor de amido a 12,21% para número de raiz/planta no experimento de mandioca mansa (Tabela 1). Enquanto que, no experimento de mandioca

brava, o CVe variou de 3,31% para teor de amido a 15,02% para número de raiz/planta (Tabela 2).

Segundo Pimentel-Gomes (2009), em condições de campo, valores de CV menores que 10% são considerados baixos e valores entre 10% e 20% são considerados médios. Assim, os experimentos de mandioca mansa e mandioca brava apresentaram boa precisão experimental. O coeficiente de variação genética (CVg) é um importante parâmetro genético para determinar a magnitude da variabilidade genética na população para os caracteres analisados (Vencovsky; Barriga, 1992). No experimento de mandioca, o valor de CVg variou de 5,79% para teor de amido a 43,90% para número de raiz/planta no experimento de mandioca mansa (Tabela 1) e variou de 5,76% para teor de amido a 39,01% para produtividade de raiz no experimento de mandioca brava (Tabela 2).

Conforme Rosado et al. (2012), quando o valor da razão CVg/CVe é maior do que 1,0, o ganho de seleção é aumentado, pois a variação genética é o principal fator responsável pela variação estimada do caráter. Isso ocorreu para todos os caracteres avaliados tanto para mandioca mansa quanto para mandioca brava.

As avaliações mostram que pelas estimativas de herdabilidade (h^2), à exceção da variável número de raiz/planta em mandioca brava (Tabela 2), todos os demais caracteres avaliados apresentaram altos valores de herdabilidade (Tabelas 1 e 2).

Segundo Ramalho et al. (2012), valores acima de $h^2 > 70\%$ são de alta magnitude, e caracteres com alta magnitude de h^2 indicam um alto componente da fração herdável da variação (componente genético) em suas expressões fenotípicas, demonstrando que ganhos podem ser alcançados por meio de seleção visual (Silva et al., 2019). A variável número de raiz/planta em mandioca brava apresentou o valor de 25,43% para h^2 . No entanto o CVg/CVe para esse caráter foi maior que 1,0, o que sugere também eficiência na seleção de genótipos superiores baseada nessa variável.

O índice de seleção de soma das classificações possibilitou bons ganhos de seleção para os caracteres avaliados tanto para mandioca mansa quanto para mandioca brava (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas de ganho de seleção (%), com 20% de intensidade de seleção, obtidas pelo índice de soma das classificações, proposto por Mulamba e Mock (1978) para três caracteres avaliados em 122 genótipos de mandioca mansa e 77 genótipos de mandioca brava.

Cultura	Ganho de seleção (%)		
	Nº raiz/planta	Teor amido	Produtividade de raiz
Mandioca mansa	49,80	4,48	49,78
Mandioca brava	10,88	2,41	44,31

Os ganhos genéticos para mandioca mansa, considerando uma intensidade de seleção de 20% (em 25 melhores genótipos), foram de 49,80% (número de raiz/planta), 4,48% (teor de amido) e 49,78% (produtividade de raiz) (Tabela 3). Assim, considerando esses ganhos genéticos estimados, seria possível aumentar as médias de número de raiz/planta de 4,29 raízes para 6,43 raízes, as médias de teor de amido de 28,75% para 30,04% e as médias de produtividade de raiz de 18.736,4 kg ha⁻¹ para 28.063,4 kg ha⁻¹.

Já para mandioca brava, considerando uma intensidade de seleção de 20% (em 16 melhores genótipos), os ganhos genéticos foram de 10,88% (número de raiz/planta), 2,41% (teor de amido) e 44,31% (produtividade de raiz) (Tabela 3). Assim, considerando esses ganhos genéticos estimados, seria possível aumentar as médias de número de raiz/planta de 5,38 raízes para 5,97 raízes, as médias de teor de amido de 29,64% para 30,35% e as médias de produtividade de raiz de 26.654,3 kg ha⁻¹ para 38.464,8 kg ha⁻¹.

Considerando, de acordo com o IBGE (2022), a produtividade média de raízes no Amazonas de 12,0 t ha⁻¹ e no Brasil de 15,0 t ha⁻¹, observa-se o potencial produtivo dos genótipos selecionados baseado no índice de soma das classificações em que a produtividade de raízes seria em média de 28.063,4 kg ha⁻¹ para mandioca mansa e 38.464,8 kg ha⁻¹ para mandioca brava.

O teor de amido é item determinante do rendimento de produção de farinha e fécula (Barreto et al., 2021), e um teor de amido acima de 30%

é uma das características mais importantes que variedades de mandioca devem apresentar, de acordo com Farias et al. (1993).

Assim, observa-se o potencial dos genótipos selecionados com base no índice de soma das classificações em que, em média, o teor de amido seria de 30,04% para mandioca mansa e de 30,35% para mandioca brava. Elevados teores de amido em mandioca são constatados na região Norte contrastando com baixos teores no Centro-Sul, onde a seleção gira em torno de materiais acima de 20% (Valle et al., 2004).

A Tabela 4 apresenta os valores médios dos 25 melhores genótipos de mandioca mansa selecionados com base no índice de seleção de soma das classificações e com intensidade de seleção de 20%. Observa-se que 16 genótipos foram superiores à testemunha IM-1949 enquanto a testemunha Aipim Manteiga não foi selecionada entre os 25 melhores genótipos, indicando assim o potencial dos genótipos selecionados para os caracteres avaliados e perspectiva de seleção de cultivares de mandioca mansa para o Amazonas, com genótipo apresentando produtividade acima de 40 t ha⁻¹ e teor de amido acima de 30%.

Na Tabela 5 podem ser observados os valores médios dos 16 melhores genótipos de mandioca brava selecionados com base no índice de seleção de soma das classificações e com intensidade de seleção de 20%. Observa-se que dez genótipos foram superiores às testemunhas BRS Purus e IM-799, o que evidencia o potencial dos genótipos selecionados para os caracteres avaliados e a perspectiva de seleção de cultivares de mandioca para o Amazonas, com genótipo apresentando produtividade acima de 40 t ha⁻¹ e teor de amido acima de 30%. Observa-se também que o genótipo MD 72 apresentou produtividade de 49.042,1 kg ha⁻¹, apresentando-se superior em 51% à média das testemunhas.

Tabela 4. Valores médios dos 25 melhores genótipos de mandioca mansa selecionados com base no índice de seleção de soma das classificações e com intensidade de seleção de 20%.

Genótipos	Nº raiz/planta	Teor amido (%)	Produtividade de raiz (kg.ha ⁻¹)
MX 24	6,36	31,06	41.895,3
MX 106	8,44	30,37	33.245,7
MX 42	9,95	30,49	28.995,9
MX 102	6,13	32,63	28.801,8
MX 90	5,30	31,64	32.317,3
MX 104	7,64	33,47	25.745,9
MX 110	7,24	30,09	28.246,0
MX 100	5,73	31,36	26.603,4
MX 77	10,19	28,41	43.580,2
MX 65	5,69	30,66	27.191,3
MX 43	8,75	30,49	24.995,8
MX 61	6,06	31,23	25.024,4
MX 99	12,33	27,69	42.317,2
MX 75	3,86	30,58	28.024,1
MX 88	8,93	27,69	27.317,6
MX 69	4,46	34,89	21.524,4
IM-1949	4,50	29,29	28.940,5
MX 115	6,54	28,40	26.245,8
MX 82	8,93	26,56	34.317,3
MX 76	4,72	31,99	18.738,5
MX 80	5,76	28,97	23.024,4
MX 36	2,86	30,95	31.324,2
MX 70	6,04	29,02	19.842,3
MX 64	5,15	29,25	20.167,1
MX 29	3,36	33,29	19.657,6
Média	6,60	30,42	28.323,4

Tabela 5. Valores médios dos 16 melhores genótipos de mandioca brava selecionados com base no índice de seleção de soma das classificações e com intensidade de seleção de 20%.

Genótipos	Nº raiz/planta	Teor amido (%)	Produtividade de raiz (kg.ha ⁻¹)
MD 64	9,40	31,47	46.582,2
MD 52	8,19	31,27	42.863,0
MD 58	9,19	32,68	33.863,7
MD 60	8,13	30,71	44.834,2
MD 67	10,59	30,34	40.153,4
MD 68	6,13	30,06	48.542,3
MD 72	8,69	29,21	49.042,1
MD 20	6,04	31,08	30.868,9
MD 31	5,76	31,12	30.603,7
MD 74	5,19	34,57	30.153,8
BRS Purus	7,15	30,15	30.374,6
IM-799	7,22	28,93	34.582,5
MD 66	6,82	29,21	31.403,6
MD 75	8,59	26,67	47.473,0
MD 63	6,19	28,36	42.653,1
MD 37	5,41	33,94	27.103,9
Média	7,42	30,61	38.193,6

Conclusões

Existe alta probabilidade de ganhos genéticos em ciclos de seleção adicionais com base sobre os fenótipos de mandioca devido à existência de elevado componente genético na expressão fenotípica dos caracteres avaliados.

O índice de seleção de soma das classificações foi eficiente em selecionar genótipos superiores de mandioca para o Amazonas com características agronômicas favoráveis.

Há genótipos promissores para o avanço de geração no programa de melhoramento de mandioca visando à obtenção de novas cultivares.

Referências

- ANTONIO, I. C. **Boletim agrometeorológico série anual**: 2016 – Estação Agroclimatológica da Embrapa Amazônia Ocidental na Rodovia AM-010, Km 29. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2017. 60 p. (Embrapa Amazônia Ocidental. Documentos, 133).
- BARRETO, J. F.; DIAS, M. C.; OLIVEIRA, I. J.; PAMPLONA, A. M. S. **BRS Jacundá**: mandioca de alta produtividade para cultivo no Amazonas. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2021. 16 p. (Embrapa Amazônia Ocidental. Circular técnica, 159). No prelo.
- CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, set. 2013.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Ed. da UFV, 2014. v. 2, 668 p.
- DIAS, M. C.; XAVIER, J. J. B. N.; BARRETO, J. F.; FUKUDA, W. M. G. **Aipim Manteiga**: cultivar de macaxeira para o Amazonas. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2003. 4 p. (Embrapa Amazônia Ocidental. Comunicado técnico, 17).
- DIAS, M. C.; XAVIER, J. J. B. N.; BARRETO, J. F.; PAMPLONA, A. M. S. R. **Recomendações técnicas do cultivo de mandioca para o Amazonas**. Manaus: Embrapa Amazônia Ocidental, 2004. 24 p. (Embrapa Amazônia Ocidental. Circular técnica, 23).
- FARIAS, A. R. N.; ALVES, A. A. C.; SOUZA, A. da S.; FUKUDA, C.; GOMES, J. de C.; SOUZA, J. da S.; CARVALHO, J. E. B. de; SOUZA, L. D.; DINIZ, M. de S.; ALMEIDA, P. A. de; MATTOS, P. L. P. de; FUKUDA, W. M. G. **Instruções práticas para o cultivo da mandioca**. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMPF, 1993. 78 p. (EMBRAPA-CNPMPF. Circular técnica, 19).
- FILGUEIRAS, G. C.; HOMMA, A. K. O. Aspectos socioeconômicos da cultura da mandioca na região Norte. In: MODESTO JUNIOR, M. S.; ALVES, R. N. B. (ed.). **Cultura da mandioca**: aspectos socioeconômicos, melhoramento genético, sistemas de cultivo, manejo de pragas e doenças e agroindústria. Brasília, DF: Embrapa, 2016. p. 15-48.
- FUKUDA, W. M. G. Variedades. In: MATTOS, P. L. P.; FARIAS, A. R. N.; FERREIRA FILHO, J. R. (ed.). **Mandioca**: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa, 2006. p. 35-44.
- GROSSMAN, J.; FREITAS, A. C. Determinação do teor de matéria seca pelo método de peso específico em raízes de mandioca. **Revista Agrônômica**, v. 14, n. 160/162, p. 75-80, 1950.
- IBGE. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/amazonas>. Acesso em: 2 abr. 2022.
- KUMAR, R.; KUMAR, M.; DOGRA, R. K.; BHARAT, N. K. Variability and character association studies in garden pea (*Pisum sativum* var. hortense L.) during winter season at mid hills of Himachal Pradesh. **Legume Research**, v. 38, p. 164-168, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5958/0976-0571.2015.00051.X>.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetic Cytology**, v. 7, p. 40-51, 1978.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. A. M. dos; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices.

Revista Ceres, v. 59, n. 1, p. 95-101, jan./fev. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>.

SILVA, R. S.; MOURA, E. F.; FARIAS NETO, J. T.; SAMPAIO, J. E. Genetic parameters and agronomic evaluation of cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 7, p. 834-841, jul. 2016. DOI: 10.1590/S0100-204X2016000700006.

SILVA, O. M. P.; LOPES, W. A. R.; NUNES, J. H. S.; NEGREIROS, M. Z.; SOBRINHO, J. E. Adaptability and phenotypic stability of lettuce cultivars in a semiarid region. **Revista Caatinga**, v. 32, p. 552-558, 2019. DOI: 10.1590/1983-21252019v32n228rc.

SOUSA, L. A.; MACIEL, G. M.; JULIATTI, F. C.; BELOTI, I. F.; CARDOSO, D. B. O.; SIQUIEROLI, A. C. S. Genetic parameters and selection of biofortified lettuce genotypes based on selection indices. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 25, n. 11, p. 772-778, 2021. DOI: 10.1590/1807-1929/agriambi.v25n11p772-778.

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

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.



Amazônia Ocidental

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO



CGPE 017617