

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA DA EMBRAPA CERRADOS

Eduardo Alano Vieira¹; Josefino de Freitas Fialho¹; Fábio Gelape Faleiro¹; Wania Maria Gonçalves Fukuda²; Nilton Tadeu Vilela Junqueira¹ (¹Embrapa Cerrados; ²Embrapa Mandioca e Fruticultura)

INTRODUÇÃO

A criação e a manutenção de um banco de germoplasma tem como finalidade principal reunir em um local parte da variabilidade genética de uma espécie (Fukuda, 1996). A cultura da mandioca exibe ampla variabilidade genética no Brasil, principalmente, em função de a espécie ter como centro de origem e diversidade o país e ser amplamente cultivada desde o período Pré-Colombiano. Dessa forma, fica evidente que um banco de germoplasma representativo e, sobretudo, bem caracterizado e avaliado pode tornar-se ótima fonte de genitores para programas de melhoramento.

OBJETIVO

O objetivo do trabalho foi caracterizar morfológicamente 356 acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados e agrupar os acessos em função de sua similaridade genética.

METODOLOGIA

No ano de 2004, 356 acessos do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados foram caracterizados por meio de 27 descritores morfológicos: (1) cor da folha apical; (2) pubescência do broto apical; (3) forma do lóbulo central; (4) cor do pecíolo; (5) cor do córtex do caule; (6) cor externa do caule; (7) comprimento da filotaxia; (8) presença de pedúnculo nas raízes; (9) cor externa da raiz; (10) cor do córtex da raiz; (11) cor da polpa da raiz; (12) textura da epiderme da raiz; (13) floração; (14) cor da folha desenvolvida; (15) número de lóbulos; (16) cor da epiderme do caule; (17) hábito de crescimento de caule; (18) cor dos ramos principais nas plantas adultas, 19) constrições da raiz; (20) posição do pedúnculo; (21) forma da raiz; (22) tipo de planta; (23) comprimento médio da raiz; (24) diâmetro médio da raiz; (25) destaque da película da raiz; (26) destaque do córtex da raiz e (27) posição das raízes. As avaliações foram realizadas de acordo com as recomendações de Fukuda e Guevara (1998). Os dados aferidos a campo foram utilizados na estimativa da similaridade genética (SG) entre todos os pares de acessos, por meio do índice de coincidência simples. Posteriormente, os acessos foram agrupados pelo método de otimização de Tocher.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados obtidos evidenciaram que os acessos de mandioca, mantidos no banco de germoplasma da Embrapa Cerrados, exibem ampla variabilidade genética (Figura 1), uma vez que entre os 27 caracteres avaliados, somente para o caráter hábito de crescimento de caule não foi detectada variabilidade. A análise de agrupamento de Tocher distribuiu os 356 acessos de mandioca avaliados em 34 grupos distintos, em função da sua similaridade genética. Os acessos de cada grupo apresentaram uma distância genética média inferior a 0,41, ou seja, a similaridade média em cada grupo foi superior a 0,59, permitindo-se admitir que realmente os grupos formados são bastante homogêneos (Tabela 1). Dessa forma, os resultados obtidos apontam para a possibilidade de o pesquisador amostrar genótipos pertencentes a grupos diferentes os quais poderão ser avaliados quanto a caracteres fenotípicos de interesse agrônomico em ensaios mais elaborados.

CONCLUSÕES

- 1) Os acessos de mandioca do banco de germoplasma da Embrapa Cerrados evidenciam elevada variabilidade genética.
- 2) Os 356 acessos estão divididos em 34 grupos distintos em função de sua similaridade genética.
- 3) A análise de agrupamento é um ponto de partida importante e que pode auxiliar o melhorista no trabalho de amostragem de genótipos a serem avaliados para caracteres de interesse agrônomicos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- FUKUDA, W. M. G. Banco de germoplasma de mandioca: manejo, conservação e caracterização. Cruz das Almas: EMBRAPA - CNPMF, 1996. 103p.
- FUKUDA, W. M. G.; GUEVARA, C. L. Descritores morfológicos e agrônomicos para a caracterização de mandioca (Manihot esculenta Crantz). Cruz das Almas: EMBRAPA - CNPMF, 1998, 38p.

Tabela 1. Grupos de acessos estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade genética, número de acessos em cada grupo e a dissimilaridade genética média dentro de cada grupo. Planaltina/Embrapa Cerrados, 2005.

Grupo	Acessos	Número de acessos	Dissimilaridade média intragrupo
1	1, 3, 11, 42, 48, 69, 81, 85, 108, 103, 112, 124, 142, 148, 158, 162, 181, 205, 230, 238, 255, 260, 261, 263, 276, 279, 283, 304, 305, 308, 311, 312, 313, 314, 315, 341 e 356	37	0,38
2	16, 18, 19, 27, 34, 44, 47, 55, 56, 57, 59, 60, 62, 64, 65, 70, 71, 73, 74, 75, 84, 88, 94, 105, 113, 114, 116, 117, 119, 121, 122, 123, 125, 126, 128, 136, 140, 143, 145, 146, 147, 153, 155, 164, 170, 176, 189, 195, 201, 203, 208, 211, 212, 213, 216, 217, 218, 225, 233, 246, 248, 250, 252, 254, 259, 262, 266, 268, 271, 272, 274, 277, 282, 285, 286, 289, 290, 292, 295, 296, 297, 298, 301, 307, 319, 320, 323, 329, 332, 333, 335, 336, 337, 338, 339, 342, 349, 351 e 352.	99	0,37
3	4, 8, 13, 15, 21, 26, 29, 30, 31, 32, 33, 36, 38, 40, 52, 63, 67, 68, 72, 89, 95, 96, 99, 104, 111, 130, 154, 156, 157, 166, 175, 177, 186, 191 e 224	35	0,37
4	46, 93, 97, 129, 138, 144, 151, 159, 160, 163, 167, 173, 174, 185, 188, 194, 207, 214, 215, 219, 220, 231, 232, 242, 264, 269, 270, 303, 316, 317 e 340.	31	0,37
5	6, 45, 98, 101, 102, 107, 109, 115, 132, 150, 168, 182, 204, 222, 228, 229, 234, 236, 237, 243, 247, 275, 299 e 310.	24	0,38
6	5, 7, 9, 10, 20, 22, 23, 24, 25, 28, 35, 39, 53, 54, 78, 87, 90, 92, 100, 133, 135, 152, 169, 178, 267 e 294	26	0,38
7	134, 137, 223, 258, 284, 306, 325, 347 e 353	9	0,36
8	190, 193, 226, 241, 244, 251, 257, 288, 291, 309, 327, 328 e 334	13	0,32
9	12, 37, 61, 80, 83, 118, 120, 141, 149 e 165	10	0,34
10	187, 202, 210 e 273	4	0,31
11	58, 77, 79, 86, 91 e 161	6	0,33
12	184, 196, 206, 221, 324, 330, 345 e 354	8	0,38
13	198, 199, 245, 278, 280 e 350	6	0,37
14	127, 131, 171 e 209	4	0,35
15	180, 197, 265 e 348	4	0,36
16	293, 322, 300 e 331	4	0,38
17	17, 76, 82 e 183	4	0,37
18	43 e 302	2	0,30
19	50, 106, 110 e 139	4	0,38
20	179, 346, e 355	3	0,35
21	200 e 318	2	0,33
22	235, 240 e 321	3	0,38
23	287 e 343	2	0,33
24	2 e 14	2	0,41
25	41 e 172	2	0,41
26	51 e 249	2	0,41
27	192 e 256	2	0,41
28	239 e 344	2	0,41
29	227	1	-
30	281	1	-
31	253	1	-
32	49	1	-
33	326	1	-
34	66	1	-



Figura 1. Variabilidade genética em mandioca.