

E. Ciências Agrárias - 1. Agronomia - 4. Fitotecnia

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE MANIHOT

Mayana Matos de Oliveira ¹

Carlos Alberto da Silva Ledo ²

Alfredo Augusto Cunha Alves ²

Lívia Pinto Brandão ³

Leônidas Francisco de Queiroz Tavares Filho ⁴

Ariana Silva Santos ⁵

1. Mestrando em Ciências Agrárias □ Universidade Federal do recôncavo da Bahia
2. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, BA
3. Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais □ Universidade Federal do recôncavo da Bahia
4. Doutorando em Ciências Agrárias □ Universidade Federal do recôncavo da Bahia
5. Bolsista CNPq, Graduanda em Ciências Biológicas da UFRB, Cruz das Almas, BA

INTRODUÇÃO:

Como qualquer outra cultura, a mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) é afetada por agentes bióticos e abióticos, os quais dependendo da região e suscetibilidade da cultivar podem causar perdas consideráveis. A medida de controle mais utilizada é o uso de cultivares resistentes. Assim, há necessidade da busca constante por fontes de resistência cujos caracteres de interesse possam vir a ser introgrididos nas cultivares elites (Ceballos et al. 2004). Ainda que em *M. esculenta* possam ser encontradas fontes de resistência, é reconhecido que as espécies silvestres de *Manihot* possuem reservatório de genes úteis para ser transferidos para a espécie comercial (Fokunang et al. 2000; El-Sharkawy, 2003).

De pouco valeria a geração e manutenção de híbridos se os mesmos não fossem devidamente utilizados em trabalhos de melhoramento. Essa estratégia passa obrigatoriamente pelo conhecimento da variabilidade genética disponível, utilizada como critério de seleção. Para tanto é necessário o conhecimento destes sob o ponto de vista morfológico e agrônomo.

Este trabalho teve por objetivo avaliar a variabilidade genética entre híbridos interespecíficos de mandioca por meio da análise simultânea de variáveis quantitativas e qualitativas.

METODOLOGIA:

Foram caracterizados 16 híbridos interespecíficos de *Manihot*. Avaliou-se 10 características quantitativas (comprimento do lóbulo, do pecíolo e sem folha, largura do lóbulo, comp/larg do lóbulo, número de hastes, altura da primeira ramificação e da planta, níveis de ramificação e retenção foliar) e 17 categóricas (cor da folha apical, dos ramos terminais, da folha desenvolvida, da nervura, do pecíolo, externa do caule, do córtex do caule e da epiderme do caule, pubescência do broto apical, número de lóbulos, forma do lóbulo central, posição do pecíolo, hábito de ramificação, presença de látex, proeminência das cicatrizes foliares, comprimento da filotaxia e tipo de planta), conforme metodologia proposta por Fukuda e Guevara (1998). Os dados foram submetidos a análise de agrupamento. Foi utilizado o algoritmo de Gower como medida de dissimilaridade e para a formação do agrupamento, utilizou-se o método de UPGMA. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa R.

RESULTADOS:

O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,71 indicando correlação entre as matrizes de distância e a agrupamento. No dendrograma para os 16 híbridos estudados, pode-se observar que o valor de dissimilaridade variou de 0,154 a

0,611, sendo menor entre AR1616 e AR1237 e maior entre CW45201 e AR424. O número de grupos foi definido através da média da matriz de agrupamento que foi de 0.37. Observa-se a formação de dois grupos formados por apenas um genótipo, grupo I (CW45201) e grupo II (CW44508). O grupo III formado por 4 genótipos (CW44906, CW45012, CW48602 e CW56403) e o grupo IV por 10 genótipos (CW44207, CW48513, AR918, CW48507, AR1616, AR1237, CW48215, AR424, AR3738 e CW 44429). Os genótipos CW44906 e CW45012 têm o mesmo parental feminino (OW181-2) o que justifica o agrupamento desses híbridos em um mesmo grupo, o mesmo ocorre com CW48513 e CW48215, que também compartilham o mesmo parental feminino (OW280), utilizado para obter esses híbridos. Assim como se justifica a presença dos híbridos CW44429 e CW44207 no mesmo grupo, visto que, foram gerados a partir de um mesmo parental materno.

Existe ampla variabilidade genética para as variáveis estudadas, demonstrando certa similaridade entre genótipos de um mesmo grupo e dissimilaridade entre grupos.

CONCLUSÃO:

A análise de agrupamento expressou alto grau de diversidade genética entre os híbridos interespecíficos de Manihot avaliados.

Instituição de Fomento: EMBRAPA CNPq Fapesb

Palavras-chave: caracterização, Manihot, híbrido.