UTILIZAÇÃO DE ANÁLISE MULTIVARIADA NA CARACTERIZAÇÃO DE
GERMOPLASMA DE MANDIOCA (Manihot esculenta Crantz)

ANTÔNIO VANDER PEREIRA

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

Tese apresentada à Escola Superior
de Agricultura "Luiz de Queiroz",
da Universidade de São Paulo, para
obtenção do título de Doutor em
Agronomia - Área de Concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

março de 1989

P436u Pereira, Antonio Vander
 Utilização de análise multivariada na ca-
 racterização de germoplasma de mandioca
 (Manihot esculenta Crantz). Piracicaba, 1989.
 180p. ilus.

 Tese - ESALQ
 Bibliografia

 1. Análise multivariada. 2. Mandioca - Ger-
 moplasma - Análise. 3. Mandioca - Germoplasma -
 Caracterização. 4. Mandioca - Melhoramento.
 I. Escola Superior de Agricultura "Luiz de
 Queiróz", Piracicaba.

CDD 633.4

UTILIZAÇÃO DE ANÁLISE MULTIVARIADA NA CARACTERIZAÇÃO DE
GERMOPLASMA DE MANDIOCA (Manihot esculenta Crantz)

ANTÔNIO VANDER PEREIRA

Aprovada em 28 de abril de 1989.

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Roland Vencovsky	ESALQ/USP
Prof. Dr. Paulo Soderio Martins	ESALQ/USP
Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho	ESAL
Prof. Dr. Cláudio Lopes Souza Junior	ESALQ/USP
Prof. Dr. Juan Ayala Osuna	UNESP

Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY
Orientador

A paz e ao progresso

A meus pais, Maria e José

A meus irmãos

ofereço

A minha esposa, Regina

Aos meus filhos, Gustavo,

Carolina e Daniel,

dedico

AGRADECIMENTOS

Reconhecemos que muitas pessoas e instituições contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho. Entretanto, de maneira especial, gostaríamos de agradecer às seguintes:

A Empresa Capixaba de Pesquisa Agropecuária-EMCAPA e à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"-ESALQ/USP, por nos terem concedido a oportunidade da realização deste curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Professor Dr. Roland Vencovsky pela orientação, exemplos edificantes e incentivo durante o curso.

Ao colega Cosme Damião Cruz pelas valiosas sugestões e auxílio na realização das análises multivariadas.

Ao Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura-CNPF/EMBRAPA, pela cessão dos dados utilizados neste trabalho.

Ao colega Rui Américo Mendes, pesquisador

CENARGEN/EMBRAPA, pelo auxílio na obtenção dos dados.

Aos professores do Departamento de Genética da ESALQ, pelos ensinamentos e cordialidade.

Aos funcionários do Departamento de Genética, principalmente, José L. Zem, Elizabete A.L. Rodrigues, Sérgio R. Bertin, Gerda Spruck, Terezinha L. Barrete e Olívia R. Pachane pela gentileza e colaboração.

A bibliotecária Nilce T. Puga pela correção das citações bibliográficas.

A minha família pelo carinho, apoio, abnegação e estímulo constantes.

Aos colegas, especialmente, João E. C. Miranda, Alvaro Vargas, João Crisóstomo, Alfredo P. Martins, Hernando Ranjel, Angela Maluf e Sebastião O. Silva, pelo companheirismo e amizade.

A cidade de Piracicaba pela acolhida e momentos aqui vividos.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
SUMMARY	xix
1. INTRODUÇÃO	01
2. REVISÃO DE LITERATURA	06
2.1. Comentário	06
2.2. A mandioca	07
2.2.1. Taxonomia, características botânicas e genéticas	09
2.2.2. Melhoramento da mandioca	12
2.2.3. Banco de germoplasma de mandioca	15
2.3. A análise multivariada no melhoramento de plantas.....	18
2.3.1. Relação entre divergência genética e heterose	20
2.3.2. Relação entre origem e divergência genética	25
2.3.3. Uso de técnicas multivariadas no agru- pamento de genótipos	26
2.3.4. Uso da análise de componentes princi- pais no melhoramento	28
2.3.5. Descarte de variáveis através de méto-	

dos multivariados	32
-------------------------	----

3. MATERIAIS E MÉTODOS	40
3.1. Localização do banco de germoplasma, clima e solo	40
3.2. Material e delineamento experimental	41
3.3. Descritores botânico-agronômicos avaliados	42
3.4. Descarte de descritores botânico-agronômicos	51
3.5. Estimativa dos coeficientes de correlação e herdabilidade	52
3.6. Análise de componentes principais	56
3.7. Cálculo das distâncias e agrupamento inter-genotípico	61
3.8. Divisão dos acessos em grupos	64
3.9. Estabilidade dos acessos em dois anos	67
3.10. Divergência genética entre C_{33} e C_{13}	68
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	72
4.1. Comportamento dos descritores botânico-agronômicos estudados, em duas avaliações	72
4.2. Seleção de descritores botânico-agronômicos	75
4.2.1. Estimativa dos coeficientes de herdabilidade para os descritores botânico-agronômicos	79
4.2.2. Estimativa das correlações fenotípi-	

cas entre os descritores botânico- agronômicos.....	83
4.3. Estimativas dos componentes principais	89
4.4. Divisão dos 280 acessos em sub-grupos	98
4.5. Análise de componentes principais dentro do grupo C ₃₃	104
4.5.1. Resultados da avaliação de 1977.....	107
4.5.2. Resultados da avaliação de 1978.....	111
4.5.3. Comparação entre os resultados obtidos em 1977 e 1978.....	114
4.6. Importância dos descritores botânico-agronô- micos na definição dos componentes principais.	117
4.7. Estimativa da distância genética dentro do grupo C ₃₃	120
4.8. Descarte sucessivo de variáveis	131
4.9 Estabilidade fenotípica dos acessos pertencen- tes ao grupo C ₃₃	136
4.10. Divergência genética entre os grupos C ₁₃ e C ₃₃	138
5. CONCLUSÕES	147
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	151
APÊNDICE.....	174

LISTA DE TABELAS

TABELA Nº		Página
01	Esquema da análise de variância com a esperança dos quadrados médios e esperança dos produtos médios, para os caracteres x e y.	55
02	Médias e desvios padrões dos 28 descritores botânico-agronômicos, relativos aos 280 acessos de mandioca, avaliados no BAGM, em 1977 e 1978.	73
03	Quadrados médios da análise de variância para o grupo dos 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.	76
04	Sub-grupos dos 28 descritores botânico-agronômicos descartados e/ou selecionados, através da análise de Componentes Principais.	78
05	Estimativa dos coeficientes de correlação fenotípica entre descritores selecionados (na vertical) e descartados (na horizontal) e estimativas das herdabilidades para os 28 descritores botânico-agronômicos, em duas avaliações.	81

TABELA Nº

Página

06	Estimativa dos coeficientes de correlação fenotípica entre descritores botânico-agronômicos, dentro do grupo selecionado (diagonal inferior) e dentro do grupo de descritores descartados (diagonal superior), baseada na média de duas avaliações.	85
07	Valores característicos (k_1) e percentagem acumulada da variância dos componentes principais (%), para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados e 280 acessos do BAGM, em duas avaliações.	90
08	Distribuição dos 280 acessos de mandioca nos nove grupos C_{13} , obtidos pela combinação de três níveis de produção de raízes e de teor de amido, baseada na média de duas avaliações.	99
09	Médias e desvios dos 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, para os grupos de acessos C_{13}	105
10	Relação dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C_{33} , selecionados com base na média de duas avaliações.	106

TABELA Nº

Página

11	Valores caracterfsticos (k_1) e percentagem acumulada da variância dos componentes principais (%), com base nos 14 descritores botânico-agronômicos selecionados e 29 acessos do grupo C ₃₃ , em duas avaliações.	116
12	Composição dos vetores caracterfsticos associados aos quatro primeiros componentes principais, para o grupo de acessos C ₃₃ , em duas avaliações.	119
13	Distância Euclidiana média entre os 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , com base na avaliação de 1977.	121
14	Distância Euclidiana média entre os 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , com base na avaliação de 1978.	123
15	Composição dos agrupamentos obtidos pelo método de Tocher, em relação aos 29 acessos do grupo C ₃₃ , para duas avaliações.	127
16	Descritores selecionados através de sucessivos descartes da variável de maior coeficiente, nos componentes principais com variância menor que	

TABELA Nº

Página

	0,70, em relação ao grupo de acessos C ₃₃	133
17	Valores característicos (k_1) e percentagem acumulada da variância (%) para os quatro primeiros componentes principais, nas análises com diferentes conjuntos de descritores, para o grupo de acessos C ₃₃ , em duas avaliações.	134
18	Distância Euclidiana média inter ano para cada acesso de mandioca, pertencente ao grupo C ₃₃ , baseado nas avaliações de 1977 e 1978, para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.	137
19	Distância média, variância total dentro, divergência genética dentro e divergência genética entre os grupos de acessos C ₁₃ e o grupo C ₃₃ , com base nos dados obtidos em duas avaliações.	139
20	Análise de regressão das distâncias relativa ao grupo C ₃₃ , em função do valor econômico atribuído aos oito grupos (C ₁₁ a C ₃₂), em duas épocas de avaliação.	143
21	Estimativas e variâncias dos coeficientes de	

TABELA Nº

Página

regressão para os grupos de acessos de C₁₁
até C₃₂, em duas épocas de avaliação. 143

A.1 Número do acesso, nome vulgar e código BGM
dos 280 acessos de mandioca do Banco Ativo
de Germoplasma, avaliados em 1977 e 1978. 175

LISTA DE FIGURAS

FIGURA Nº		Página
01	Fluxograma das etapas da análise de Componentes Principais e cálculo das distâncias intergenotípicas (adaptado do trabalho de ADAMS & WIERMSMA, 1978).....	60
02	Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1977, com base no primeiro e segundo componentes principais, para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.....	92
03	Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1977, com base no terceiro e quarto componentes principais, para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.....	93
04	Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1978, com base no primeiro e segundo componentes principais, para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.....	94

FIGURA Nº

Página

05	Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1978, com base no terceiro e quarto componentes principais, para os 14 descritores botânico agrônômicos selecionados.....	95
06	Frequência de distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, em três classes, baseada na média de duas avaliações, para o descritor peso de raízes, em quilos/parcela, sendo: $C1 \leq 13,40$; $13,40 < C2 \leq 17,15$; $C3 > 17,15$	100
07	Frequência de distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, em três classes, baseada na média de duas avaliações, para o descritor teor de amido, em percentagem, sendo: $C1 \leq 31,65$; $31,65 < C2 \leq 33,30$; $C3 > 33,30$	101
08	Frequência de distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, em nove classes, baseada na média de duas avaliações, considerando a combinação de três níveis de produção de raízes e três de teor de amido.	102
09	Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C33, baseada no primeiro e segundo compo-	

	nentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1977.....	109
10	Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , baseada no terceiro e quarto componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1977.	110
11	Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , baseada no primeiro e segundo componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1978.	112
12	Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , baseada no terceiro e quarto componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1978.	113
13	Dendograma dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , agrupados pelo método do Vizinho Mais Próximo, com base na distância Euclídiana mé-	

	dia, considerando os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, para a avaliação de 1977.....	128
14	Dendograma dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C ₃₃ , agrupados pelo método do Vizinho Mais Próximo, com base na distância Euclidiana média, considerando os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, para a avaliação de 1978...	129
15	Linha de regressão das distâncias dos grupos C ₁₁ a C ₃₂ , em relação a C ₃₃ , para a avaliação de 1977.....	144
16	Linha de regressão das distâncias dos grupos C ₁₁ a C ₃₂ , em relação a C ₃₃ , para a avaliação de 1978.....	145

UTILIZAÇÃO DE ANÁLISE MULTIVARIADA NA CARACTERIZAÇÃO DE
GERMOPLASMA DE MANDIOCA (Manihot esculenta Crantz)

Autor: ANTÔNIO VANDER PEREIRA

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

RESUMO

Este trabalho objetivou avaliar os acessos de mandioca do Banco de Germoplasma - BAGM, da EMBRAPA, através de métodos multivariados, visando: a seleção de descritores para a caracterização do germoplasma; a estimação da divergência genética entre os acessos e a classificação dos acessos em grupos de similaridade genética. Foram avaliados 280 acessos, sem repetição, em duas épocas (1977 e 1978). As parcelas experimentais foram compostas por 24 plantas, dispostas em três fileiras, no espaçamento de 1,0 x 1,0 m., tomando-se os dados de quatro plantas/parcela. Avaliou-se 28 descritores botânico-agronômicos relativos à parte aérea e raízes. Foi utilizada a análise de Componentes Principais para descartar descritores e para estimar o grau da diversidade genética presente no BAGM. Os 280 acessos de mandioca foram divididos em nove grupos (C_{1j}), baseados na combinação de três classes dos descritores Peso de raízes (Pesrz) e Teor de amido (Amid). Foi realizada a análise de agrupamento para o grupo C_{33} , de mais alto valor econômico ou grupo elite. Ainda, foram estudadas as relações de similaridade genética entre o grupo C_{33} e os demais grupos C_{1j} .

As principais conclusões foram as seguintes:

- _ O método de descarte de variáveis permitiu desprezar 50% dos descritores considerados, resultando em uma menor complexidade para realização e interpretação das análises.
- _ A dispersão dos acessos baseada nos primeiros componentes principais revelou que a diversidade genética, presente no BAGM, é de natureza bastante ampla e contínua.
- _ A proposta de sub-divisão dos 280 acessos de mandioca, em grupos, revelou ter sido uma estratégia racional e objetiva para o estudo da divergência genética dentro do BAGM.
- _ A análise de regressão da distância Euclidiana, entre os grupos C_1 , em relação ao C_{33} , mostrou-se linear com referência ao grau de importância econômica atribuído aos grupos.
- _ A elevada magnitude da divergência genética, presente no grupo C_{33} , indica que a seleção de progenitores dentro deste grupo elite, apresenta amplas possibilidades para a obtenção de segregantes transgressivos.
- _ Através das análises de estabilidade e dispersão, observou-se a existência de elevado grau de variação entre os acessos, em relação à interação genótipo x ambiente. Este resultado demonstra a necessidade da realização de um maior número de avaliações, em diferentes anos e/ou locais, a fim de que se possa estabelecer o exato grau da diversidade genética presente no BAGM.
- _ Todavia, a divergência genética dos grupos C_1 , em relação ao grupo elite C_{33} não apresentou alteração relevante em decorrência da variação ambiental entre anos.

APPLICATION OF MULTIVARIATE ANALYSIS FOR CHARACTERIZATION OF
Manihot esculenta Crantz GERMOPLASM

Author: ANTONIO VANDER PEREIRA

Adviser: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

SUMMARY

The objective of this work was to evaluate accessions of cassava in the Germoplasm Collection - BAGM, of EMBRAPA, through multivariate methods for: selection of botanic and agronomic descriptors for germoplasm characterization; estimation of genetic diversity among accessions and classification in groups of genetic similarity. 280 accessions harvested in 1977 and 1978, without replications, were evaluated. Field plots used in the experiment had 24 plants grown in three rows with 1.0 x 1.0 m. distance between plants. For evaluation, 4 plants/plot were used. Twenty-eight parameters related to roots and top part of the plant were evaluated. The Principal Components Analysis was utilized in order to discard descriptors and to estimate the degree of genetic diversity present in the BAGM. The 280 accessions were divided in nine groups (C_{1j}) following classification based on the descriptors root weight (Pesrz) and starch concentration (Amid). Cluster Analysis for C₃₃ group, which has the highest economical value, was carried out. Also, the relation of genetic similarity between C₃₃ and the remaining groups were studied.

The main conclusions are as follows:

— The method of discarding variables allowed to reject 50% of the

descriptors initially taken, resulting in a less complex analysis and interpretation of results without loss of information considered as relevant.

_ The dispersion of accessions based on the first principal components showed that a continuous and large genetic diversity was present in the BAGM here investigated.

_ Subdivision of the 280 accessions of cassava in groups according to their economical importance, showed to be a rational and objective strategy for studying the BAGM genetic diversity.

_ Regression of genetic distance values between C₁ and C₃₃ groups was linear with reference to the degree of importance given to those groups.

_ The high magnitude of genetic divergence present in the C₃₃ group showed that the selection of the parental types within this outstanding group allows large possibilities for obtention of transgressive segregants.

_ Based on analysis of stability and genetic dispersion of accessions it could be observed that there was a high degree of variation among accessions in relation to genotype x environment interaction. Results also indicated that a larger number of evaluations of accessions is necessary in different years and/or locations in order to establish a precise degree of genetic divergence present in the BAGM.

_ However, the genetic divergence of the C₁ groups in relation to the elite group C₃₃, was not much affected by environmental variations due to years effects.

1. INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das mais importantes culturas amiláceas, sendo cultivada na maioria dos países tropicais. A produção mundial de mandioca é da ordem de 130 milhões de toneladas de raízes /ano, ocupando a quarta posição entre os alimentos energéticos mais consumidos nos trópicos, sendo suplantada apenas pelo arroz, açúcar e milho; situando-se na nona colocação entre os produtos agrícolas de importância mundial (BYRNE, 1984; COCK, 1982a; FAO, 1984).

O Brasil, com 20% da produção total, ocupa a primeira colocação entre os países produtores, explorando uma área estimada em 2 milhões de hectares, e alcançando uma produtividade de 12 t/ha (FUNDAÇÃO INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, 1987). Cultivada, principalmente, por pequenos produtores, no regime de subsistência e em áreas marginais de agricultura, a mandioca se destaca pela rusticidade, caracterizada por uma boa tolerância a solos de baixa fertilidade, regimes pluviométricos mínimos e um pequeno número de doenças e pragas importantes a ela associadas.

A mandioca, além de constituir um alimento básico para milhões de pessoas, é também, amplamente utilizada no arraçãoamento animal e como matéria prima para diversos produtos industriais. Devido à sua elevada capacidade de produção sob condições ambientais adversas para a maioria das culturas, a

cultura da mandioca apresenta-se como uma importante alternativa, para aumentar a oferta de alimentos no terceiro mundo.

Normalmente, a mandioca pode ser colhida em uma larga faixa de tempo, variando de 6 a 24 meses, dependendo da cultivar, região, tipo de uso, tratos dispensados e demanda de mercado. Segundo VRIES et alii (1967) e JUSTE (1979), a mandioca pode, potencialmente, converter e armazenar maior quantidade de energia solar em hidratos de carbono, por unidade de área e tempo, que qualquer outra cultura. Ainda, de acôrdo com COCK (1982b), a mandioca pode atingir uma produção de 40 t/ha em solos fracos, com poucos insumos e sem irrigação e, sob condições ideais o seu potencial foi estimado em 90 t/ha. Isto torna evidente o grande progresso a ser alcançado pela cultura, face à produtividade atual.

Em função do enorme potencial que representa, a mandioca vem despertando um interesse crescente entre pesquisadores e governos de todo o mundo. Entretanto, o estoque de conhecimentos científicos e tecnológicos existentes é ainda pequeno, quando comparado a outras culturas amiláceas como o arroz, trigo e milho. Atualmente, vários programas de pesquisa têm sido implementados em todo o mundo, destacando-se os desenvolvidos pelo CIAT, na Colombia; IITA, na Nigéria e EMBRAPA, no Brasil.

Os meios de se conseguir um aumento na produtividade são através do melhoramento genético e do uso de práticas culturais adequadas. Neste contexto, uma das principais áreas de interesse da pesquisa com a cultura, está no seu melhoramento genético, tendo em vista as amplas possibilidades de sucesso. Assim, para escolher a estratégia adequada de melhoramento é de vital importância um conhecimento da variabilidade do germoplasma existente, do comportamento genético da espécie, além de considerar informações complementares a respeito da sua origem, evolução, grau de domesticação, distribuição geográfica, comportamento ecológico, relações interespecíficas, etc.

O conhecimento e a quantificação da diversidade genética entre genótipos é de grande utilidade para o melhorista, uma vez que ele proporciona uma valiosa ajuda na seleção de progenitores para os programas de hibridação. Assim, o agrupamento e avaliação do germoplasma de mandioca, baseado na evidência científica, é de grande importância para o melhoramento da cultura, tendo em vista as milhares de cultivares existentes e a ausência de informações genéticas e ecológicas sobre as mesmas.

As técnicas multivariadas apresentam ampla vantagem no agrupamento e/ou descrição de um conjunto de indivíduos, por considerar simultaneamente várias características, ou seja, levam em consideração a variação bem

como as correlações existentes entre todos os caracteres avaliados. Segundo GOMES (1959) a análise multivariada, para avaliação de um genótipo, baseada em caracteres quantitativos, parece ser um método lógico, considerando a existência de correlação entre grande número destes caracteres. É possível que as informações de cada um dos caracteres se completem, e a análise do conjunto, resulte mais precisa do que a análise univariada.

Diante destas considerações, observa-se a necessidade de conseguir informações genéticas básicas que possam contribuir para o desenvolvimento de programas eficientes de melhoramento da mandioca. Assim, este trabalho foi delineado com o objetivo de proceder uma avaliação dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca-BAGM da EMBRAPA, através do emprego de técnicas de análise multivariada, visando:

- Selecionar os descritores botânico-agronômicos mais importantes na descrição da variabilidade presente no BAGM;
- Obter uma estimativa da divergência genética entre os genótipos de mandioca do BAGM;
- Promover a classificação dos acessos do BAGM em grupamentos de similaridade genética.

- Avaliar a estabilidade ambiental da distância genética entre os acessos em relação a um conjunto de descritores botânico-agronômicos; e

- Propor uma metodologia de classificação dos acessos do BAGM, baseada em caracteres de importância econômica, para efeito do estudo da diversidade genética.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. COMENTÁRIO

A revisão da literatura, deste trabalho, foi dividida em duas partes distintas, quais sejam: considerações gerais sobre a espécie *Manihot esculenta* e aplicações de técnicas de análise multivariada no melhoramento de plantas.

Na primeira parte serão apresentados alguns conhecimentos básicos sobre a mandioca, como aspectos da sua origem, evolução, distribuição, estrutura genética e germoplasma. A presença destes tópicos, na revisão, é justificada pela escassez de informações dessa natureza na literatura e, principalmente, em função da sua importância para um melhor entendimento da variabilidade e divergência dentro da espécie.

A segunda parte enfocada relaciona alguns métodos e aplicações de técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. A utilização da análise multivariada, recentemente, vem experimentando uma maior aplicação no melhoramento, em razão da dependência do uso de computadores, que só há pouco tempo foram incorporados como ferramenta de análise. Contudo, estas técnicas têm demonstrado serem um poderoso instrumento analítico à disposição do melhorista.

2.2. A MANDIOCA

A origem e evolução da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), como a da maioria das espécies tropicais, é difícil de ser reconstituída, uma vez que são raras as evidências arqueológicas de partes vegetativas, em função das dificuldades de conservação dos fósseis, em ambientes tropicais. Entretanto, pelas evidências acumuladas, a mandioca parece ser uma das mais antigas plantas cultivadas pelo homem. Objetos cerâmicos encontrados na Venezuela e Colômbia, relacionam o seu uso entre 3000 e 5000 AC.

Em relação à filogenia da espécie, as únicas unanimidades são que esta é uma planta americana e originária das regiões tropicais. Diversos autores têm levantado hipóteses sobre as prováveis áreas de origem filogenética da espécie (SCHIMIDT, 1951; SAUER, 1969; ROGERS & APPAN, 1973; ROGERS & FLEMING, 1973; SPATH, 1973; NASSAR, 1978a; BOX & RIVE BOX-LASOCKI, 1982). Entretanto, esses estudos demonstram não haver um consenso sobre o exato local de origem e domesticação da espécie. Isto vem reforçar a tese apresentada por HARLAN (1971) de que a mandioca é uma espécie não cêntrica. Assim, embora estejam delimitados os centros de diversidade da espécie, não foi possível determinar o local onde ocorreram os processos da sua domesticação.

Uma das teorias mais aceitas sobre a origem filogenética da mandioca propõe que ela tenha surgido como

produto de hibridações naturais entre espécies do gênero *Manihot*.

O gênero *Manihot* é composto por 98 espécies (ROGERS & APPAN, 1973) que apresentam ampla variabilidade genética para caracteres de interesse agrônomo e perspectivas promissoras de introgressão com a mandioca (MENDES, 1982; BYRNE, 1984). Entretanto, somente um número reduzido de hibridações interespecíficas têm sido realizadas. Esta situação deve-se, principalmente, à ampla variabilidade existente na espécie cultivada e à falta de estudos detalhados sobre as espécies silvestres de *Manihot*.

O gênero *Manihot* apresenta vasta distribuição geográfica, ocorrendo desde o sul dos Estados Unidos (33° N) até o norte da Argentina (33°S). No Brasil e México se concentra a maior parte das espécies deste gênero. NASSAR (1978a,b) e GULICK *et alii* (1983) delimitaram os principais centros de diversidade ou áreas com maior concentração de espécies deste gênero.

Não são conhecidas formas silvestres de *Manihot* esculenta, sendo esta uma espécie puramente domesticada e que exibe uma ampla variabilidade morfológica e de adaptação. No início da colonização do Novo Mundo, os europeus aprenderam, com os índios, a utilizar a mandioca como alimento, vindo, posteriormente, a disseminá-la para as regiões tropicais da África, Ásia e Oceania (BYRNE, 1984; HERSHEY, 1985).

A mandioca é cultivada entre os paralelos de 30°N e 30°S de latitude, e em altitudes que variam do nível do mar até 2000 metros. Normalmente ela não tolera geadas, mas pode ser cultivada em regiões onde a precipitação anual varia de 500 a 5000 milímetros de chuva. Segundo VIEGAS (1976) as características morfológicas e fisiológicas da mandioca são indicativas de uma planta adaptada à caatinga.

De acordo com HERSHEY (1985) a mandioca parece ter evoluído sob a influência de fatores biológicos e físicos altamente localizados. Isto indica que, devido à ampla dispersão e baixo nível de intercâmbio entre os sítios, foram desenvolvidos conjuntos gênicos de adaptação local. Assim, pode-se concluir que o conhecimento desses padrões de evolução são de importância para uma adequada utilização do germoplasma da espécie.

2.2.1. TAXONOMIA, CARACTERÍSTICAS BOTÂNICAS E GENÉTICAS

De acordo com a sistemática botânica de classificação hierárquica, a mandioca pertence à família Euphorbiaceae e gênero *Manihot*. Citologicamente a espécie é considerada alotetraplóide, possuindo 36 cromossomos ($x=9$). Contudo, o seu comportamento é diplóide com meiose regular de 18

bivalentes (GRANER, 1935; MAGOON et alii, 1969; UMANAH & HARTMANN, 1973).

A mandioca é uma espécie monóica, apresentando as flores masculinas e femininas dispostas na mesma inflorescência. As flores femininas, do mesmo cacho, sofrem a antese 10 dias antes das masculinas (MARTIN, 1976; KAWANO et alii, 1978). Entretanto, entre inflorescências da mesma planta pode ocorrer a abertura simultânea das flores masculinas e femininas. Mecanismos fisiológicos e/ou genéticos de incompatibilidade ou para prevenir a autofecundação não têm sido observados.

Desta maneira, tanto a autofecundação como o cruzamento ocorrem naturalmente. Embora a taxa de cruzamento natural dependa, principalmente, da época de florescimento dos genótipos e do arranjo físico das plantas, o que conduz a grandes oscilações entre as avaliações (CIAT, 1974; PEREIRA et alii, 1978; KAWANO et alii, 1978; FUKUDA, 1980; ACOSTA-ESPINOSA, 1983 e 1984), o caráter protogínico da antese floral, a ocorrência da macho esterilidade e a depressão provocada pela autofecundação, indicam a preferência da espécie para a alogamia. A mandioca é uma espécie altamente heterozigótica, apresentando forte depressão endogâmica com a autofecundação. KAWANO et alii (1978) demonstraram este fato, autofecundando 192 progênies, oriundas de 12 genótipos, sendo observada uma média de perda de vigor de 54%, para o caráter produção de raízes. Também, ALLARD (1971) relata

que, geralmente, as espécies de reprodução assexuada são heterozigóticas. Assim, a forte depressão endogâmica, aliada à preferência pela propagação vegetativa na espécie, atuam de forma a manter a sua alta heterozigosidade (KAWANO et alii, 1978).

Botânica e geneticamente, a mandioca pertence a um grupo de plantas, cujo melhoramento apresenta determinadas facilidades, tendo em conta a variabilidade existente bem como as vantagens da propagação vegetativa, que permite a perpetuação de um determinado genótipo; a disposição e tamanho das flores masculinas e femininas, que facilitam os cruzamentos manuais; a possibilidade de se obter sementes autofecundadas e de cruzamento na mesma planta e o caráter perene da espécie, que proporcionam uma ampla alternativa de métodos possíveis de serem empregados.

Contudo, poucos têm sido os estudos básicos de genética e citogenética de mandioca encontrados na literatura. Esta situação, segundo RAMALHO & PEREIRA (1979), HERSHEY & AMAYA (1982), e ACOSTA-ESPINOSA (1984) apresenta-se em função das seguintes causas: número reduzido de geneticistas com dedicação exclusiva à cultura; elevado número de cromossomos de tamanho reduzido e a possível natureza poliplóide da espécie, o que dificulta as interpretações; ciclo de vida relativamente longo; apresentação de forte depressão endogâmica, o que dificulta a obtenção de indivíduos homozigóticos e, grande variação das épocas de florescimento e produção de frutos entre os genótipos.

2.2.2. MELHORAMENTO DA MANDIOCA

A mandioca apresenta ampla variação genotípica para todos os caracteres botânico-agronômicos importantes, como produção de raízes, índice de colheita, conteúdo de matéria seca, teor de ácido cianídrico, resistência à deterioração pós-colheita e outros, sendo que a variabilidade do germoplasma da espécie está bem acima do que tem sido explorado (KAWANO, 1980; ACOSTA-ESPINOSA, 1984; MAHUNGU, 1985).

KAWANO (1985) salienta que, virtualmente, todos os caracteres de importância agronômica na mandioca são controlados por sistemas poligênicos. Segundo este autor, os efeitos aditivos são predominantes, existindo alta herdabilidade para caracteres tais como índice de colheita, teor de matéria seca e resistência a bacteriose. Isto sugere que simples esquemas de hibridação seguidos de seleção fenotípica poderão ser eficientes na obtenção de tipos superiores. Ainda, na mandioca a variância aditiva para uma dada característica pode ser baixa, sem que este fato venha comprometer o progresso pelo melhoramento, quando a seleção é praticada sobre material clonal, visto que a porção não aditiva da variância pode ser fixada vegetativamente.

Vários trabalhos têm sido realizados com o objetivo de estimar parâmetros genéticos na mandioca (CIAT, 1974,

1975, 1981; JENNINGS, 1976; BIRADAR et alii, 1978; KAWANO, 1978, 1980, 1985; KAWANO et alii, 1983; IITA, 1980; TAN, 1981, 1984; CORREA & RAMALHO, 1982; ACOSTA-ESPINOSA, 1984).

Um dos estudos mais interessantes, pelo número de variáveis consideradas, foi desenvolvido por MAHUNGU et alii (1984). Foram avaliadas 22 características de seis populações de mandioca, sendo detectada considerável variabilidade entre e dentro das populações para a maioria dos caracteres. Altos coeficientes de variação fenotípica e genotípica foram detectados para produção de raízes (81% e 62%, respectivamente), número e tamanho das raízes por planta (60% e 40% para as duas características, respectivamente); coeficientes de magnitude intermediária para índice de colheita e número de ramificações (45% e 30%, respectivamente); e, de baixo valor para cicatriz foliar, largura da copa e altura da planta (30% e 15%, respectivamente). As estimativas dos coeficientes de herdabilidade e ganho esperado apresentaram grande variação. Assim, para a maioria das populações, a associação de herdabilidade e ganho genético altos, foi observada para produção de raízes e altura da primeira ramificação. Isto indica que os efeitos aditivos foram importantes e a influência ambiental reduzida para estas características e que, uma seleção direta deve produzir resultados promissores. Ainda, herdabilidades de magnitude intermediária a alta, associadas a baixo ganho genético, foram obtidas para características como altura da

planta florida, época de florescimento (em dias), índice de colheita, resistência ao mosaico africano e teor de matéria seca, indicando sucesso limitado por seleção direta. MAHUNGU et alii (1984) advertem que os baixos ganhos percentuais para estas características, considerando as altas herdabilidades, geralmente, são decorrência dos baixos coeficientes de variação genotípica.

O primeiro trabalho de melhoramento de mandioca foi realizado por ZEHNTNER (1919) que iniciou a produção de clones, através do uso de sementes sexuais, obtidas por polinização aberta. Em 1940, no IAC, foi iniciado um programa de melhoramento, com o plantio de sementes de polinização aberta. Posteriormente, em 1948, no mesmo Instituto, foram produzidos cruzamentos controlados, dirigidos no sentido de incorporar a algumas cultivares comerciais características desejadas. Com este programa foi liberado um grande número de cultivares para mesa, indústria e forragem (NORMANHA, 1971). Algumas destas cultivares, ainda hoje, figuram entre as mais importantes em relação à área plantada, produtividade e resistência a pragas e doenças.

Atualmente, vários programas de melhoramento da mandioca vem sendo desenvolvidos em todo o mundo, destacando-se os do Sistema Cooperativo da EMBRAPA, do CIAT e do IITA. Os objetivos destes programas foram apresentados por GULICK et alii (1983). De uma maneira geral, o objetivo do melhoramento genético

da mandioca, é o de obter genótipos que produzam um maior rendimento de amido por unidade de área e de tempo, sob diversas condições ambientais (KAWANO, 1982). Contudo, do ponto de vista específico, diversos problemas, como a resistência a pragas e doenças, adaptação a solos de baixa fertilidade, produtividade, precocidade e outros podem se constituir na principal meta a ser atingida, como parte do objetivo geral.

2.2.3. BANCO DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA

O termo germoplasma é originário das expressões "plasma" ou matéria primordial dos seres vivos e "germinal", referente as células germinativas, capazes de gerar novas células por simples divisão ou por união com outros elementos germinais.

Germoplasma é definido por ALLARD (1971) e AYAD (1980) como sendo a soma total dos materiais de uma espécie. Assim, estes poderão ser na forma de plantas, anteras, pólen, sementes, tecidos (meristema, calo), células ou estruturas ainda mais simples.

Os Bancos de Germoplasma preservam grande

quantidade de variedades tradicionais de mandioca e de espécies selvagens de *Manihot*. Também constitui atribuição dos Bancos a coleta de material cultivado e silvestre, a caracterização botânico-agronômica e a responsabilidade de promover a introdução e intercâmbio destes recursos.

A expansão das fronteiras agrícolas e o uso cada vez mais intenso de cultivares melhoradas, tem provocado sensíveis mudanças nos centros de diversificação da espécie, e como consequência, uma valiosa perda de germoplasma, sob a forma de espécies silvestres e variedades tradicionais. Em função destas perdas e da importância da cultura, vários Bancos de Germoplasma de mandioca tem sido criados, visando coletar, preservar, avaliar e utilizar estes recursos nos programas de melhoramento.

Atualmente, 28 países mantêm coleções ativas de mandioca, já tendo sido catalogados 12000 acessos (GULICK et alii, 1983). Isto permite que se tenha uma idéia da vasta dimensão da variabilidade armazenada e à disposição dos melhoristas. No Brasil, além do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca - BAGM (904 acessos), da EMBRAPA, existem outros Bancos satélites ou regionais, mantidos por instituições de pesquisa nos estados do Amazonas, Pará, Ceará, Minas Gerais, Espírito Santo, São Paulo, Santa Catarina e Rio Grande do Sul (SILVA & MENDES, 1982).

Nos programas de melhoramento da mandioca os BAGM desempenham um papel de extrema importância, uma vez que são os depositários da variabilidade genética à disposição do melhorista. Os genótipos colecionados podem ser usados de forma direta, como variedades comerciais, ou empregados nos programas de melhoramento, visando a criação de novas cultivares. Desta forma, os acessos nos Bancos necessitam estar avaliados, pelo menos, quanto aos caracteres botânico-agronômicos de maior importância, facilitando o trabalho do melhorista na seleção dos materiais a serem utilizados.

Diversas proposições de descritores botânico-agronômicos de mandioca tem sido apresentadas, objetivando a caracterização dos BAGM (CONCEIÇÃO, 1979; SILVA, 1981b, 1982; SILVA & MENDES, 1982; GOEDERT et alii, 1982; GULICK et alii, 1983). De acordo com GULICK et alii (1983) os descritores de mandioca podem ser divididos em dois grupos, sendo o primeiro formado por descritores que apresentam alta herdabilidade, fácil distinção e estabilidade de expressão em diversos ambientes e o segundo grupo composto por descritores para uma avaliação preliminar e que consiste em registrar um limitado número de caracteres adicionais, de baixa herdabilidade, porém de interesse dos usuários da cultura.

Entre as proposições de descritores de mandioca ocorre uma grande variação quanto ao número de caracteres

sugeridos e seus estados, ou seja, a variação que ocorre na característica. Os descritores mais comumente empregados são: cor da folha adulta; cor do broto; número, largura, comprimento e morfologia dos lóbulos foliares; comprimento do pecíolo; peso da folhagem; altura da primeira ramificação e da planta; cor do caule; peso das ramas; época de florescimento; frutificação; formato da raiz; presença de pedicelo, constrictões, número e peso das raízes; índice de colheita; teor de matéria seca, amido e ácido cianídrico nas raízes; cor da película, da casca e da polpa da raiz e o comportamento em relação às pragas e doenças.

Contudo, poucas são as informações existentes sobre a estabilidade, plasticidade, variabilidade genética e herdabilidade destas características. Esta situação provoca a utilização de um grande número de descritores, muitos deles irrelevantes, bem como conduz à seleção de genótipos, para o melhoramento, baseado em informações de baixa precisão.

2.3. A ANÁLISE MULTIVARIADA NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

Nos programas de melhoramento genético de plantas, são avaliados diversos caracteres morfológicos, fisiológicos e químicos, sendo a seleção de materiais (clones, linhagens, variedades, populações, espécies) fundamentada no conjunto das

características, com base em "índices visuais ou mentais" adotados pelo melhorista. Tal prática, muitas vezes, pode gerar dificuldades para o melhorista, principalmente, quando alguns caracteres são de difícil avaliação. Para estas situações os processos multivariados têm servido como uma técnica auxiliar para a seleção simultânea de vários caracteres.

Nesta e em outras oportunidades, a utilização das técnicas de análise multivariada apresenta-se como uma solução para agrupar e/ou descrever um grupo de indivíduos, uma vez que elas consideram, simultaneamente, todo o conjunto de descritores avaliados. A análise multivariada é caracterizada por considerar um conjunto de materiais genéticos em relação a um complexo de variáveis de interesse do melhorista, possibilitando a seleção de genótipos sob vários aspectos, principalmente os de natureza agronômica.

Segundo KENDALL (1980) a análise multivariada é um ramo da estatística que trata das relações entre um grupo de variáveis dependentes e os indivíduos nas quais elas se apresentam. Sob a denominação de análise multivariada agrupam-se vários métodos de análise multidimensional, como os apresentados por JARDINE & SIBSON (1971), SNEATH & SOKAL (1973), MORRISON (1978) e KENDALL (1980).

Os métodos estatísticos multivariados foram

concebidos há muitos anos, entretanto, por necessitarem de recursos computacionais, só recentemente com a popularização da informática, vêm experimentando uma maior aplicação, em diversas áreas da pesquisa. Entre as técnicas multivariadas aquelas que têm encontrado uma maior utilização no melhoramento de plantas estão a Análise de Componentes Principais, Análise de Agrupamento ("Cluster Analysis"), ~~Distância de Mahalanobis~~, Distância Euclidiana e Análise Canônica. Uma das principais aplicações destas técnicas está na separação de um conjunto de genótipos em grupos de divergência genética, em relação aos descritores considerados.

2.3.1. RELAÇÃO ENTRE DIVERGÊNCIA GENÉTICA E HETEROSE

Em programas de melhoramento genético a escolha dos paternais é de fundamental importância para a obtenção de progênie superiores, pois nem todas as combinações híbridas exibem heterose. Esta situação é particularmente esperada quando tipos geneticamente relacionados são cruzados entre si, podendo o mesmo ocorrer com genótipos semelhantes porém não proximamente relacionados. Outro aspecto a considerar é a não manifestação da heterose para caracteres desejáveis. Observa-se então a necessidade de cuidados especiais na eleição dos paternais,

devendo-se selecionar genótipos divergentes, porém detentores de características superiores.

Entre os melhoristas é fato comum que a magnitude da heterose, medida pela diferença de comportamento dos híbridos em relação a média dos pais, é proporcional à distância genética entre os progenitores. Tal convicção tem sido confirmada por diversos autores como MOLL et alii, 1962; GILL et alii, 1973; MALUF et alii, 1983 e, GHADERI et alii, 1984.

Embora existam várias explicações para o fenômeno da heterose (PATERNIANI, 1974) a sua manifestação depende da existencia de dominância alélica e da divergência genética entre os parentais (FALCONER, 1981). Normalmente, o exato grau da divergência genética entre genótipos é desconhecida, e o recurso para determinação da sua magnitude é através da realização de cruzamentos dialélicos (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). Assim, várias metodologias de análises dialélicas foram propostas (JINKS & HAYMAN, 1953; HAYMAN, 1954a,b; GRIFFING, 1956; GARDNER & EBERHART, 1966; KEMPTHORNE & CURNOW, 1961).

Todavia, quando o número de genótipos a ser testado é muito elevado, o uso de cruzamentos dialélicos torna-se impraticável. Nesta situação uma estimativa da divergência genética pode ser obtida através do uso dos métodos estatísticos multivariados.

Nos Bancos de Germoplasma de mandioca, onde o número de acessos é elevado e o conhecimento genético dos principais descritores botânico-agronômicos é escasso, a orientação dos cruzamentos é feita com base em informações de baixa precisão, já que é impraticável o uso de análises completas sobre a capacidade de combinação de todos os genótipos. Assim, uma estimativa da divergência entre os genótipos, que possa ser obtida antes que os cruzamentos sejam efetuados, permitiria ao melhorista concentrar esforços naquelas combinações que apresentem maior chance de obter sucesso (MALUF & FERREIRA, 1983). Também, o conhecimento prévio da distância genética, pode orientar a escolha dos pais recorrentes, nos programas de retrocruzamento, de modo a prevenir a ocorrência de endogamia em espécies como a mandioca.

A divergência genética entre dez cultivares de trigo foi estimada por SHAMSUDDIN (1985) através de análise multivariada (Distância de Mahalanobis) e esta foi relacionada com a heterose e capacidade específica de combinação nos híbridos produzidos. Foram obtidos três grupos de divergência genética com as cultivares estudadas. Significativos efeitos heteróticos e de capacidade específica de combinação para produtividade e seus componentes foram observados em híbridos oriundos do cruzamento entre pais pertencentes a diferentes grupos, fato não observado para as combinações dentro de cada conglomerado. Também JASTARA & PARODA (1983), analisando a distância genética entre os

progenitores de 28 híbridos de trigo, estimada por processo multivariado, concluíram que a maior ou menor similaridade genética entre os progenitores estava associada com a heterose ou depressão observada nos seus respectivos híbridos.

Resultados semelhantes foram conseguidos por diversos autores, com o emprego de vários métodos multivariados, em feijão (GHADERI et alii, 1984), tomate (MALUF et alii, 1983), amendoim (ISLEIB & WYNNE, 1983; ARUNACHALAM & BANDYOPADHYAY, 1984; ARUNACHALAM et alii, 1984), cana-de-açúcar (BHAGYALAKSHMI et alii, 1986), trigo (SHAMSUDDIN, 1985), mostarda (ANAND & RAWAT, 1984), e grão de bico (JAIN et alii, 1981).

Por outro lado, CHAUDARY & SINGH (1975) trabalhando com cevada, não constatarem relação entre a divergência genética, estimada por técnicas multivariadas, e a heterose para produtividade. Este resultado, foi justificado pelos autores, pelo fato de a produtividade ser um caráter complexo, resultante de uma série de interações inter e intra gênicas, enquanto que a divergência foi estimada em relação a um pequeno número de descritores (oito), considerados insuficientes.

Segundo ARUNACHALAM (1981) pode-se concluir, muito seguramente, que os pais são geneticamente divergentes quando ocorre heterose na sua descendência; entretanto, nem sempre obtem-se heterose como resultado da divergência entre os

progenitores. Assim, fatores como a escolha imprópria do número e natureza dos caracteres, desconsideração do efeito da variação ambiental sobre a expressão do caráter, falhas na experimentação de campo, e inadequado tamanho da amostra, são apontados como as causas mais comuns de erros na estimativa da divergência genética, avaliada por métodos multivariados. Dessa forma, a escolha de progenitores divergentes, para hibridação, fica sujeita a erros o que pode conduzir à não obtenção de segregantes transgressivos.

Outro aspecto a ser considerado é relativo ao nível da divergência genética necessária para ocorrência da heterose. Todavia, o limitado conhecimento sobre as causas da heterose não fornece uma base segura para prever a sua magnitude, nos cruzamentos entre genótipos com variáveis graus de divergência. MOLL et alii (1962) trabalhando com milho, concluíram que a heterose aumenta na mesma proporção da divergência entre os pais. Contudo, sabe-se que quando a divergência é muito grande pode não produzir cruzamentos superiores. Resultados obtidos por ARUNACHALAM (1981), ARUNACHALAM & BANDYOPADHYAY (1984) e ARUNACHALAM et alii (1984) demonstram que a frequência e magnitude da heterose é maior nos cruzamentos entre pais pertencentes a classes intermediárias de divergência do que entre classes extremas. Segundo ARUNACHALAM & BANDYOPADHYAY (1984) ocorre uma maior frequência e grau da heterose quando os pais envolvidos distam entre si num montante

equivalente a média mais ou menos um desvio padrão, do que fora destes limites.

2.3.2. RELAÇÃO ENTRE ORIGEM E DIVERGÊNCIA GENÉTICA

A seleção de progenitores para hibridação se constitui em uma tarefa difícil quando não existem informações genéticas sobre as capacidade de combinação e a divergência entre genótipos. Nestas situações, a diversidade fenotípica e geográfica tem sido consideradas como índice da divergência genética.

Este tipo de critério tem se mostrado adequado para diversas espécies autógamas (JOSHI & DHAWAN, 1966; RAM & PANWAR, 1970; SINGH & SINGH, 1976; RAO et alii, 1981). Estes autores verificaram que o agrupamento dos genótipos, obtido por técnicas multivariadas, mostrou-se associado com a origem geográfica dos materiais.

Entretanto, deve-se ressaltar que o princípio da origem geográfica não quantifica a divergência genética entre populações, bem como, esta associação não tem sido verificada para muitas espécies. A ausência de relação entre a divergência

genética e a origem dos materiais foi constatada por KALDO & SIDHU (1982) em melão; UPADHYAY & MURTY (1970), SINGH et alii (1981), JAIN et alii (1981) em milheto; PETER & RAI (1976) em tomate; KATYAR & SINGH (1979) em grão de bico; SIDHU & PANDITA (1980) em batata; ALMARAJ (1982), SINGH & GILL (1984) em algodão; ANAND & RAWAT (1984) em mostarda; DAS & GUPTA (1984) em vigna; e RAD et alii (1985) em cana-de-açúcar.

Segundo MURTY & ARUNACHALAM (1966) o aumento da distância geográfica entre populações não implica em maior divergência genética. A este respeito UPADHYAY & MURTY (1970) acrescentam que a deriva genética e a seleção em diferentes ambientes podem causar maior divergência que a distância geográfica. Outro fato a ser considerado, é que para muitas espécies, o intenso intercâmbio de materiais entre pesquisadores e Instituições de diferentes regiões, tem provocado uma recombinação geral de todo o germoplasma, com o conseqüente desaparecimento de tipos particulares.

2.3.3. USO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS NO AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS

Vários são os métodos multivariados que se pode

utilizar na estimativa da divergência genética entre cultivares, populações ou outra classe de materiais genéticos. Contudo, as metodologias mais comumente empregadas tem sido a análise de Componentes Principais, a Análise Canônica, a Distância de Mahalanobis e a Distância Euclidiana. Para o melhorista, a escolha do método mais adequado vai depender da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma como foram obtidos os dados.

MARTINEZ et alii (1983) compararam a eficiência de seis procedimentos estatísticos multivariados (Distância Euclidiana, Distância de Mahalanobis, Distância Generalizada, Distância Generalizada Modificada, Distância Aproximada de Dempster, e Distância de Dempster) na estimativa da divergência genética, utilizando populações parentais e F_2 de milho. Os autores relataram que os métodos demonstraram boa aproximação com as técnicas clássicas de taxonomia, na estimativa das distâncias genéticas. Entre os métodos, o grau de concordância, medido pelo coeficiente de correlação variou de $r=0.5$ a $r=0.9$. MARTINEZ et alii (1983) concluíram que a distância Euclidiana parece ser particularmente apropriada para estudos onde os caracteres medidos apresentam pequena intercorrelação, enquanto que a Distância de Dempster é mais conveniente para os casos onde existe alta correlação. Também MALUF et alii (1983), medindo a divergência genética entre seis cultivares de tomate, através das Distâncias Euclidiana e de Mahalanobis, chegaram a resultados

coincidentes com a aplicação das duas técnicas.

GOODMAN (1967) avaliou a similaridade morfológica entre 15 raças de milho Sul-americanas, com o emprego de quatro processos multivariados, chegando, aproximadamente, às mesmas conclusões com todos os métodos, e de acordo com os procedimentos taxonômicos convencionais. Ainda, CHANDRASEKHARIAH et alii (1974) procurando agrupar híbridos de 12 espécies de sorgo com um progenitor comum, observaram estreita concordância entre os conjuntos obtidos com base na Distância de Mahalanobis e na Análise Canônica.

Ao avaliar quatro sistemas de seleção de progenitores (método convencional ou seja baseado em informações obtidas pelo melhorista, seleção ao acaso, pela análise multivariada, e pela origem ecogeográfica), em trigo, BHATT (1973) concluiu que o método multivariado foi o mais eficiente na orientação dos cruzamentos, visando à geração de progênies transgressivas.

2.3.4. USO DA ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS NO MELHORAMENTO

A análise de Componentes Principais tem sido um

dos métodos mais amplamente utilizados no melhoramento de plantas, uma vez que, além da distribuição gráfica da divergência entre os genótipos, ela possibilita a identificação dos caracteres mais e menos representativos para explicar a variância total.

O método de análise de Componentes Principais é devido a PEARSON (1901), o qual apresentou a metodologia, inicialmente destinada ao ajustamento de planos em geometria espacial. Posteriormente, HOTTELING (1933 e 1936) apresentou novos trabalhos com a aplicação da técnica de componentes principais, tornando possível a sua utilização em análises de conjuntos de características estatísticas. Desta maneira, a metodologia assumiu um maior interesse para a biologia e outras áreas da ciência.

A idéia de Componentes Principais é que, combinando um conjunto de variáveis quaisquer, pode-se construir um novo grupamento, menos numeroso, de variáveis principais, e que resumam a informação contida no grupo inicial. Segundo MARDIA et alii (1979) o objetivo da análise de Componentes Principais é buscar combinações lineares das variáveis originais de modo a se preservar um máximo de variância destas. Considerando que os componentes principais são independentes entre si e que a maior parte da variância total disponível concentra-se nos primeiros componentes, isto torna possível uma melhor separação dos

indivíduos e, portanto, facilitando a comparação entre eles.

Segundo JEFFERS (1972) o uso da análise de Componentes Principais, na pesquisa agrícola, pode ser resumido da seguinte forma: exame das correlações entre as variáveis estudadas; redução de um conjunto grande de variáveis para outro menor e de sentido biológico; eliminação das variáveis que contribuem pouco para a variação total; agrupamento taxonômico dos indivíduos em classes; e construção de índices que sirvam para reunir os genótipos mais próximos.

Na realidade, a análise de Componentes Principais permite substituir um grupo de n variáveis por outro grupo n^* de componentes principais, de modo que, as primeiras dessas componentes possam concentrar a maioria das informações incluídas no conjunto original.

HUSSAINI et alii (1977) através da análise de variância, encontrou diferenças, altamente significativas, entre 640 acessos de uma coleção mundial de milheto, para todos os 18 caracteres estudados. Ainda, com a utilização da análise de Componentes Principais, o conjunto de acessos foi separado em 12 agrupamentos com base apenas nos dois primeiros componentes, que envolveram 55,9% da variação total. Também, MARTINEZ WILCHES (1983) e RAD et alii (1981) avaliando a divergência genética entre 34 variedades de amendoim e 120 de arroz, observaram que

com apenas os quatro primeiros componentes, foi possível explicar 74% e 95% da variância total, respectivamente, nos dois trabalhos. No trabalho com arroz, apenas o primeiro componente envolveu 87% da variação.

SMITH (1984) comparou os níveis de divergência genética entre 111 híbridos de milho americanos, com base na frequência alélica de 21 locos, obtida pela análise de isozimas. Através da análise de Componentes Principais, foi possível verificar que 10 híbridos eram idênticos ou muito próximos e que cerca de 90% dos híbridos apresentavam diferenças nas suas frequências alélicas. Entretanto, estas diferenças, na maioria dos casos, eram devidas a pequenas variações na frequência alélica de poucos locos.

Em outro estudo, SMITH et alii (1985) avaliaram a proximidade genética entre as linhagens de milho de maior importância na produção de híbridos, nos Estados Unidos, no período de 1970 a 1979. Foram consideradas 21 variáveis de locos isoenzimáticos. Com a análise de Componentes Principais, foi verificado, em geral, um aumento na variabilidade entre as linhagens, para o período considerado. Dessa maneira, os autores concluíram que, embora a produção de híbridos estivesse concentrada em poucas linhagens elite, havia considerável variabilidade a ser explorada.

Outros trabalhos, utilizando a mesma metodologia de análise, foram realizados por PETER & RAI (1976) com tomate, JAIN et alii (1981) com milheto, VARMA & GULATI (1982) com cevada, ISLEIB & WYNNE (1983) com amendoim, MALUF & FERREIRA (1983) com feijão, e DAS & GUPTA (1984) com vigna.

A identificação dos descritores que mais e/ou menos contribuem para a discriminação entre genótipos constitui outra vantagem da análise de Componentes Principais. Assim, os caracteres mais importantes na determinação da divergência genética, foram, em tomate o número de lóculos por fruto e altura da planta (PETER & RAI, 1976); em amendoim, o comprimento e a largura do fruto (MARTINEZ WILCHES, 1983); em arroz, a época de florescimento (RAD et alii, 1981) e, em vigna, o peso de sementes e número de ramificações por planta.

Desta maneira, é possível não só identificar os descritores de maior interesse, bem como descartar aqueles de pouca relevância para explicação da variância total.

2.3.5. DESCARTE DE VARIÁVEIS ATRAVÉS DE MÉTODOS MULTIVARIADOS

A estimativa do grau de proximidade genética entre

genótipos de plantas, normalmente, pode ser baseada em dados de caracteres qualitativos e quantitativos, de natureza bioquímica ou morfológica e em informações genealógicas ou de "pedigree".

Normalmente, as informações genealógicas são difíceis de serem obtidas em populações naturais, espécies alógamas e cultivares fora do controle do melhorista. Assim, o emprego de informações desta natureza tem encontrado maior aplicação apenas em espécies autógamas.

COX et alii (1985) avaliaram a divergência genética entre cultivares de soja, medida através do coeficiente de parentesco e de três índices de similaridade (obtidos com 20, 13 e 7 locos enzimáticos). Foram observadas correlações significativas entre os métodos, sendo que a melhor concordância ocorreu entre o coeficiente de parentesco e o índice que reuniu o maior número de informações (locos).

Mais recentemente, SMITH (1987) comparou três grupos de variáveis utilizadas na estimação da distância genética entre linhagens de milho, baseadas em relações de parentesco, descritores morfológicos e marcadores bioquímicos. Foi observada correlação significativa entre as distâncias obtidas pelo primeiro e segundo grupo de variáveis e a presença de heterose nos híbridos. A não significância da correlação entre distância genética, medida por marcadores bioquímicos, e a produção dos

híbridos, foi justificada pelo autor através da possibilidade de os locos estudados não constituírem uma amostra do genoma do milho e ao desconhecimento da distribuição dos alelos que afetam a produção.

Normalmente, os ^vdescritores associados aos órgãos reprodutivos das plantas apresentam uma maior estabilidade do que os caracteres vegetativos. GOODMAN & PATERNIANI (1969) estudando 111 descritores, em 55 raças de milho, verificaram que os caracteres reprodutivos foram os que apresentaram menor interação com o ambiente. As características do pendão se comportaram como intermediárias entre as da espiga e os caracteres vegetativos, considerados menos estáveis. Segundo SMITH (1987) os caracteres reprodutivos, pela sua maior estabilidade, são mais confiáveis como descritores. Entretanto, não se pode concluir que o uso de caracteres morfológicos estáveis resultará em estimativas de distância correlacionada com a produção e a heterose. O autor argumenta que a combinação linear dessas características não refletem, exatamente, diferenças entre linhagens, para os alelos que afetam a produtividade.

HUSSANI et alii (1977) estudando o comportamento de 29 descritores botânico-agronômicos, de milheto, observaram que a maioria dos caracteres vegetativos apresentaram baixa estabilidade em relação a mudança ambiental, em contraste com os

caracteres reprodutivos que foram pouco afetados por este tipo de variação. Entretanto, alguns caracteres vegetativos como o comprimento da folha e o diametro da haste foram considerados como relativamente estáveis.

Apesar de serem menos estáveis que os caracteres florais e de fruto, os descritores de partes vegetativas desempenham um importante papel na taxonomia da mandioca. Virtualmente, a capacidade de florescimento e frutificação não constituiu um forte atributo para a seleção evolutiva nesta espécie, em função da sua grande facilidade para a reprodução vegetativa. ROGERS & FLEMING (1973) salientam que, na mandioca, apresentaram maior importância para os processos de seleção a quantidade e qualidade das raízes, a adaptação da planta a diferentes condições de clima e solo e a precocidade de produção que o esforço reprodutivo via semente sexual. Estes autores relatam que, em mandioca, a forma da flor, do fruto e das folhas associadas com a inflorescência são muito uniformes entre as cultivares.

Outro aspecto a ser considerado refere-se à contribuição relativa de cada caráter para a divergência total entre os genótipos. Vários trabalhos têm sido realizados com este objetivo, em trigo (BHATT, 1970), linho (JESWANI et alii, 1970), grão de bico (GUPTA & SING, 1970), batata (SIDHU & PANDITA, 1980), e pimentão (CUARTERO et alii, 1983). Na maioria dos trabalhos tem sido demonstrado que a produtividade, per si, pouco

tem contribuído para o total da divergência. A respeito desses resultados, BHATT (1970) salienta que a escolha de progenitores, baseada em um único caráter complexo como a produtividade, pode não conduzir a obtenção de progenies transgressivas para o potencial produtivo.

Em Bancos de Germoplasma, onde o número de acessos é elevado, e considerando a carência de informações seguras a respeito do comportamento dos principais descritores botânico-agronômicos, tem sido norma geral avaliar uma grande quantidade de caracteres. Em determinados casos, os caracteres são tomados sem a existência de um estudo criterioso da sua contribuição para a variabilidade. Este tipo de procedimento, além de produzir a duplicação da mesma informação para muitos caracteres, vem contribuir para se obter uma análise multivariada confusa e de difícil interpretação.

É sabido que cada caráter deve contribuir algo para a variabilidade e que nenhum descritor sozinho pode ser responsável pela descrição de toda a variação. Assim, a redução do número de descritores, com a eliminação daqueles que menos contribuem, deve facilitar as interpretações, sem causar uma perda considerável da informação.

SNEATH & SOKAL (1973) apresentaram uma longa discussão sobre os problemas relativos a seleção de caracteres

para uso taxonômico, ao descarte de variáveis com baixa estabilidade ambiental (baixo controle genético), à redundância da informação e à correlação entre caracteres.

Diversas proposições nesse sentido tem sido apresentadas. BEDIGIAN et alii (1986) avaliaram a variabilidade morfológica de 300 cultivares de gergelim, agrupando-os através de métodos taxonômicos. Dos 96 descritores morfológicos, inicialmente considerados, foram selecionados apenas 32, que demonstraram um comportamento independente entre si. Vários critérios para eliminação de caracteres foram considerados, como a não variância do caráter, a correlação entre caracteres (remoção dos caracteres com menor contribuição para a informação biológica) e , a "factor analysis" ou seja a seleção dos descritores que concentram um maior volume de informações.

Também HUSSAINI et alii (1977), utilizando a análise de Componentes Principais, agruparam 640 acessos de milheto, com base em 18 caracteres selecionados entre os 29 inicialmente considerados. Como critério, foram descartados, através da análise de variância, os caracteres com pequena variação entre a média relativa dos acessos e a variação ambiental, avaliada pela relação $\sigma^2_{ent}/(\sigma^2_{e} + \sigma^2_{rep})$, onde σ^2_{ent} representa o componente de variância devido às diferenças entre acessos, σ^2_{rep} o componente de variância devido às diferenças entre repetições e σ^2_{e} o componente de variância residual. Os

autores consideraram que um valor baixo para esta relação representa mais provavelmente um efeito ambiental e de interação sobre o caráter do que propriamente diferenças genéticas entre os acessos.

BEALE et alii (1967) desenvolveram uma metodologia para decidir quais variáveis podem ser descartadas na análise de regressão múltipla, por adicionarem pouco ou nada a precisão pela qual a equação de regressão se correlaciona com a variável dependente.

Preocupado em eliminar da análise de Componentes Principais os caracteres com informação redundante (alta correlação com outro caráter) e aqueles com pequena contribuição para a descrição da variabilidade, JOLLIFFE (1972 e 1973) avaliou vários métodos de descarte de variáveis. Foram testados dois métodos baseados em correlação múltipla, dois de agrupamento e quatro utilizando a própria análise de Componentes Principais. O autor concluiu que todos os métodos foram precisos em rejeitar as variáveis redundantes e que o descarte de mais da metade do número de variáveis não alterou, significativamente, os resultados. Como nenhum método foi, consistentemente, superior aos demais, a decisão por um deles deve ser tomada pela maior facilidade de aplicação ou rapidez de processamento.

MARDIA (1979) recomenda o descarte da variável de

maior coeficiente do último componente principal, entretanto, ele alerta que, quando o número de variáveis é muito elevado, uma forma mais realista é proceder o descarte das variáveis de maior coeficiente, nos componentes cujo auto-valor seja inferior a $k = .70$.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. LOCALIZAÇÃO DO BANCO DE GERMOPLASMA, CLIMA E SOLO

O presente estudo foi realizado a partir de uma amostra de 280 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca - BAGM, da EMBRAPA. O referido Banco encontra-se implantado no Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura - CNPMF, na cidade de Cruz das Almas - BA, localizada a 12° 40' 19" de latitude sul, e a 39° 06' 22" de longitude oeste, apresentando uma altitude de 220 metros.

O clima da região é caracterizado por normais médias anuais de 1200 mm. de precipitação, temperatura de 24°C, umidade relativa do ar de 82%, evaporação de 962 mm e 2704 horas de insolação. De acordo com a classificação de Köppen, o clima da região é do tipo Aws, ou seja, quente e úmido. As condições climáticas, durante o período experimental, foram consideradas normais.

Os solos do CNPMF são do tipo tabuleiro, estando o BAGM instalado em um latossolo Vermelho-amarelo, coeso, A moderado, textura argilosa, de baixa fertilidade e com o relevo plano (EMBRAPA, 1980).

3.2. MATERIAL E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL

Foram utilizados, para este estudo, os primeiros 280 acessos (Tabela A1) introduzidos e avaliados, quanto as suas caracterfsticas botânico-agronômicas, no BAGM da EMBRAPA. A avaliação deste grupo de materiais foi realizada por dois anos consecutivos, 1977 e 1978.

Entre os genótipos estudados estão representadas as mais importantes cultivares de mandioca do Nordeste Brasileiro, bem como introduções oriundas das diversas regiões do país. O grupo de acessos, selecionado para este trabalho, foi composto por clones, cultivares melhoradas e variedades de produtor (sem controle genético). Entretanto, para efeito de facilitar e homogeneizar a discussão, todas as classes genéticas representadas foram referidas, simplesmente, como acessos ou genótipos.

O Banco foi, originalmente, avaliado com 288 acessos, sem repetição, sendo oito desprezados para este estudo, em função da ocorrência de falhas no estande. Cada parcela foi constituída por três fileiras de oito metros de comprimento, com 24 plantas totais e quatro plantas úteis. O espaçamento adotado foi de 1,0 metro entre plantas por 1,0 metro entre fileiras,

de modo a permitir uma maior expressão fenotípica dos genótipos. Entre parcelas o espaçamento foi de dois metros, sendo que aquelas localizadas nas laterais do campo, receberam duas fileiras extras de plantas, com o objetivo de garantir uma bordadura mais eficiente.

Os plantios foram realizados no início dos meses de junho de 1976 e de 1977, procedendo-se a colheita do Banco um ano após. No plantio foram utilizadas manivas-semente de 12 meses de idade, com 20 cm de comprimento e cerca de 2,5 cm de diâmetro. Antes da semeadura as manivas receberam um tratamento com uma mistura de inseticida e fungicida.

Visando evitar os problemas causados pelo adensamento do solo, as fileiras foram dispostas sobre camalhões de 20 cm de altura. A adubação seguiu a recomendação da análise de solo e os tratamentos fitossanitários foram os normais para a cultura.

3.3. DESCRITORES BOTÂNICO-AGRONÔMICOS AVALIADOS

Os caracteres botânico-agronômicos pertencentes aos acessos do Banco são denominados descritores e a variação

observada dentro de cada um é conhecida como estado. A maioria das avaliações foi realizada com base na média de quatro plantas competitivas, para cada parcela. Para o descritor peso de raízes, utilizou-se como critério a produção total da parcela útil, sem correção de estande, uma vez que o número de falhas foi baixo. Os descritores estudados foram tomados em plantas com um ano de idade. Para os anos de 1977 e 1978 o número de descritores avaliados sofreu uma variação, sendo considerados para o trabalho apenas aqueles comuns aos dois anos.

Os parâmetros considerados foram os seguintes:

1. Facilidade de colheita (Faccol). A facilidade da colheita manual depende da quantidade e disposição das raízes, do tipo de solo e do esforço empreendido pelo operário. Devido ao caráter subjetivo deste descritor a sua avaliação foi realizada por uma única pessoa, visando a padronização da informação. Em relação a este descritor os acessos foram classificados em:

- 1 - fácil
- 2 - difícil

2. Distância entre cicatriz foliar (Distcf). A mandioca apresenta folhas simples, dispostas no caule de forma alternaspiralada e com filotaxia quincuncial (2/5). Mediu-se, no terço médio do caule, a distância (cm) entre uma cicatriz foliar e a seguinte, dispostas no mesmo plano vertical. Para valor do

descriptor foi considerada a média das determinações na parcela útil.

3. Cor do caule (Corc). Determinação realizada no terço médio do caule de plantas com um ano de idade. Foram considerados os seguintes estados:

- 1 - marron
- 2 - verde-prateado
- 3 - alaranjado

4. Hábito de ramificação (Hram). A observação da característica ramificação, em mandioca, é de grande interesse, pois ela está relacionada com o poder de florescimento da planta e com a determinação do espaçamento para plantios comerciais. Anotou-se, em relação à primeira ramificação, o hábito predominante na parcela, podendo ser:

- 1 - indiviso (não ramifica)
- 2 - dicotômico (duas ramas)
- 3 - tricotômico (três ramas)
- 4 - tetracotômico (quatro ramas)

5. Altura da primeira ramificação (Altram). Mediu-se a altura (cm) desde o nível do solo até a primeira ramificação. Para os acessos que não apresentaram ramificação (indivisos) foi anotada a altura total da planta. Para o dado da parcela foi tomada a média das determinações.

6. Altura da planta (Altpl). Mediu-se a altura, em metros, desde o nível do solo até o ápice da planta. O descritor foi determinado nas mesmas plantas utilizadas para avaliação da Altram. A média das determinações constituiu o valor da parcela.

7. Cor do brôto terminal (Corbt). Consideram-se três classes, para a coloração da brotação nova, sendo:

- 1 - verde
- 2 - verde-arroxeadada
- 3 - roxa

8. Número de lóbulos foliares (Numlob). Para determinação de todos os descritores foliares foram consideradas 20 folhas adultas, amostradas na parte central e ao redor da copa das plantas da parcela útil. O dado da parcela foi representado pela moda das observações, de acordo com a proposição do IBPGR.

9. Morfologia do lóbulo (Morlob). Este descritor foi determinado através da moda presente nas folhas amostradas. Consideraram-se dois estados para o caráter:

- 1 - obovado
- 2 - linear

10. Comprimento do lóbulo (Comlob). Anotou-se o comprimento (cm) do lóbulo central de cada folha da amostra considerada. Para o dado da parcela foi considerada a média das

20 determinações.

11. Largura do lóbulo (Larlob). Anotou-se a largura (cm) da parte mediana do lóbulo central, nas 20 folhas amostradas. O dado da parcela representou a média das observações.

12. Cor do pecíolo (Corpec). Anotou-se a moda presente nas 20 determinações. Foram considerados quatro estados para o descritor:

- 1 - verde
- 2 - verde-avermelhado
- 3 - vermelho-esverdeado
- 4 - vermelho

13. Florescimento (Flor). Descritor indicativo da capacidade do acesso em exibir pelo menos um indivíduo com flores, durante o período considerado. As observações foram realizadas quinzenalmente, a partir de 60 dias após o plantio. Anotaram-se os estados:

- 1 - floresce
- 2 - não floresce

14. Superfície da raiz (Suprz). Descritor relativo à caracterização da superfície da película ou felema, que é a camada mais externa da raiz, e podendo apresentar-se:

1 - lisa

2 - rugosa

15. Cor da película da raiz (Corpel). A cor é determinada na película destacada da raiz. Consideraram-se quatro estados para o caráter:

1 - creme

2 - marron-claro

3 - marron-escuro

4 - roxa

16. Destaque da película (Despel). Para determinação do descritor, as raízes foram lavadas e então contado o número de raízes apresentando a película solta. Atribuiu-se os seguintes estados para o descritor:

1 - fácil (mais de 50% das raízes apresentando a película solta)

2 - difícil (mais de 50% das raízes sem apresentar a película solta)

17. Cor da raiz (Corrz). Descritor relativo à cor da casca da raiz sem a película. Foram considerados os seguintes estados:

1 - branca

2 - creme

3 - amarela

4 - rósea

5 - roxa

18. Cor da polpa (Corpol). Determinação feita, imediatamente, após um corte na raiz, evitando-se assim alterações na coloração provocada pela exposição. Foram considerados os seguintes estados:

1 - branca

2 - creme

3 - amarela

4 - rosada

19. Comprimento da raiz (Comrz). Anotou-se o comprimento (cm) de 10 raízes comerciais, amostradas na parcela útil. Para o dado da parcela foi considerada a média das determinações.

20. Pedicelo (Pedc). O pedicelo ou pedículo corresponde a uma estrutura lenhosa que faz elo de ligação entre a raiz e a maniva-mãe. Foi considerada a existência de duas classes:

1 - presente (mais de 50% das raízes são pediceladas)

2 - ausente (mais de 50% das raízes sem pedicelo)

21. Cintas (Cint). Descritor indicativo da presença de constrições ou estrangulamentos ao longo das raízes. O caráter

foi considerado:

- 1 - presente (ocorre em mais de 50% das raízes)
- 2 - ausente (ocorre em menos de 50% das raízes)

22. Peso das raízes (Pesrz). Anotou-se o peso total das raízes, em quilos, referente à parcela útil. As raízes podres foram consideradas refugos e, portanto, não participaram das pesagens.

23. Percentagem de amido nas raízes (Amid). Descritor determinado em uma amostra de raízes, utilizando o método da balança hidrostática ou peso específico, conforme apresentado por GROSSMAN & FREITAS (1950).

24. Índice de colheita (Indcol) Descritor determinado pela relação entre o peso das raízes (Pesrz) e a produção total da planta (Pesrz + peso das ramas + folhagem + cepas), em percentagem.

25. Antracnose (Antr). Doença causada pelo *Colletotrichum manihotis* P. Henn. As observações foram realizadas em épocas de chuvas prolongadas. Foram atribuídos os seguintes conceitos para a parcela:

- 1 - resistente
- 2 - tolerante
- 3 - suscetível

4 - altamente suscetível

26. Ferrugem (Fer). Doença causada pelo fungo *Uromyces manihotis* P. Henn. O descritor foi determinado nas mesmas plantas e épocas do item anterior. Anotaram-se os seguintes conceitos:

1 - resistente

2 - medianamente resitente

3 - tolerante

4 - suscetível

5 - altamente suscetível

27. Oídio (Oid). Doença causada pelo *Oidium manihotis* P. Henn. A observação foi realizada durante a estação seca. Anotaram-se os seguintes conceitos:

1 - resistente

2 - tolerante

3 - suscetível

4 - altamente suscetível

28. Acaros (Acar). Foi avaliado o ataque dos ácaros *Mononychellus* sp. e *Tetranychus* sp. O descritor foi determinado durante todo o período experimental e na parcela inteira. Foram atribuídas notas que variaram de 1 a 6, de acôrdo com o grau de ataque.

1 a 2 - resistente

3 a 4 - tolerante

5 a 6 - suscetível

Os conceitos atribuídos aos itens relativos as pragas e doenças foram determinados conforme a sintomatologia, avaliação de dano e infestação, propostos por BELLOTTI & SCHOONHOVEN (1978).

Visando quantificar a magnitude e amplitude de variação de cada descritor, em cada ano, estimou-se a média e o desvio padrão para cada um deles, considerando os 280 acessos de mandioca avaliados, Tabela 2.

3.4. DESCARTE DE DESCRITORES BOTÂNICO-AGRONÔMICOS

Para efeito de facilitar as comparações entre ambientes (anos) foram considerados apenas os 28 descritores comuns aos anos de 1977 e 1978, da Tabela 2. Assim, foram abandonados os descritores determinados em apenas um dos anos.

Com os 280 acessos e 28 descritores comuns aos dois anos, foi realizada a análise de Componentes Principais, individualmente, com os dados de 1977 e de 1978.

Baseado no princípio de que a importância ou variância dos componentes principais decresce do primeiro para o último (veja o item 3.6), tem-se que os últimos componentes são responsáveis pela explicação de uma fração muito pequena da variância total. Assim, a variável que domina (maior coeficiente) o componente de menor auto-valor, deve ser a menos importante para explicar a variância total e portanto passível de descarte.

Adotou-se o critério de descartar a variável de maior coeficiente, em cada componente com auto valor menor que 0.70, de acordo com as proposições de JOLLIFFE (1972 e 1973) e MARDIA et alii (1979). Entretanto, considerou-se não ser necessário um novo descarte baseado na próxima variável de maior magnitude, para os casos onde a variável de maior coeficiente já tenha sido descartada, anteriormente, em outro componente.

3.5. ESTIMATIVA DOS COEFICIENTES DE CORRELAÇÃO E HERDABILIDADE

Para estimação da herdabilidade e correlações procedeu-se à análise de variância dos descritores, tendo como fontes de variação os efeitos de tratamentos (acessos), anos e interação tratamentos x anos. Com este procedimento foi possível

obter estimativas da variância e covariância genética entre descritores, removendo-se do quadrado médio e do produto médio dos tratamentos, as variações atribuídas ao efeito de ambiente e de interação tratamento x ambiente, quantificadas pelo quadrado médio e produto médio da interação (Tabela 1).

Pelo fato de os ensaios terem sido conduzidos sem repetições, tornou-se impossível quantificar a magnitude e significância da interação de natureza genética entre os acessos e anos. Normalmente, o componente de variância da interação é um parâmetro adicional utilizado na avaliação da estabilidade de cada variável. Entretanto, na impossibilidade da obtenção de tal estimativa, a estabilidade foi estudada, alternativamente, através do uso das técnicas de componentes principais, como será visto posteriormente.

Para determinação das correlações fenotípicas entre os 28 descritores avaliados, estes foram pareados dois a dois em todas as combinações possíveis. Para tanto, foram realizadas análises de variância para cada descritor, individualmente, e para a soma de cada par formado.

O esquema da análise de variância para os descritores, encontra-se na Tabela 1. Adotou-se o modelo aleatório uma vez que os acessos e anos foram considerados como uma amostra das populações de mandioca e anos. As variâncias e

covariâncias empregadas no cálculo das correlações, foram estimadas pelas seguintes fórmulas:

$$V(x + y) = V(x) + V(y) + 2COV(x, y)$$

de onde tem-se que,

$$COV(x, y) = \frac{V(x + y) - V(x) - V(y)}{2}$$

sendo:

x e y : descritores a serem correlacionados;

V(x + y) : variância da soma dos descritores x e y;

V(x) e V(y) : variância dos descritores x e y, respectivamente;

COV(x, y) : covariância dos descritores x e y.

Note-se que a COV(x, y) corresponde ao produto médio dos descritores x e y, (Tabela 1). MODE & ROBINSON (1959) demonstraram que as esperanças dos produtos médios, em termos de componentes de covariância, são exatamente equivalentes às esperanças dos respectivos quadrados médios, em termos de componentes de variância.

Os coeficientes de correlação foram estimados com dados da Tabela 1, e de acordo com a fórmula:

$$r = \frac{PMt(xy)}{[Mt(x) \cdot Mt(y)]^{1/2}}$$

Tabela 1. Esquema da análise de variância com a esperança dos quadrados médios e esperança dos produtos médios, para os caracteres x e y.

FV	GL	QM/r	E(QM/r)	PM/r	E(PM/r)
Ano (A)	A - 1	Ma			
Tratamentos (T)	T - 1	Mt	$\sigma^2 + \sigma^2_{mat} + A\sigma^2_t$	PMT(xy)	$\sigma_{(xy)} + A\sigma_{t(xy)}$
Interação (AxT)	(A-1) (T-1)	Mat	$\sigma^2 + \sigma^2_{mat}$	PMat(xy)	$\sigma_{(xy)}$

σ^2 = componente de variância ambiental

σ^2_t = componente de variância genética dos tratamentos

σ^2_{mat} = componente de variância, atribuído a interação AxT.

A = número de anos

T = número de tratamentos

r = número de repetições

Ma, Mt, Mat = quadrado médio para anos, tratamento e interação, respectivamente

PMT, PMat = produto médio dos tratamentos e interação, respectivamente

$\sigma_{(xy)}$ = componente de covariância ambiental entre os descritores x e y

$\sigma_{t(xy)}$ = componente de covariância genética entre os descritores x e y

$\sigma_{mat(xy)}$ = componente de covariância atribuído a interação AxT,

entre os descritores x e y.

Ainda, foram estimadas as herdabilidades dos descritores, do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}_{\epsilon}^2 = \frac{Mt - Mat}{A}$$

$$\hat{\sigma}_{\epsilon}^2 = \frac{\hat{\sigma}^2}{A} + \frac{\hat{\sigma}_{\epsilon}^2}{A} + \frac{\hat{\sigma}_{\epsilon}^2}{A} = \frac{Mt}{A}$$

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{\epsilon}^2}{\hat{\sigma}_{\epsilon}^2}$$

sendo:

$\hat{\sigma}_{\epsilon}^2$: componente de variância fenotípica dos tratamentos;

$\hat{h}^2$: herdabilidade no sentido amplo, estimada com base na média de anos.

3.6. ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

A metodologia da análise de Componentes Principais, utilizada neste trabalho, encontra-se, detalhadamente, descrita nos livros de RAO (1952), MARDIA et alii (1979), KENDALL (1980) e MORRISON (1981).

Fundamentalmente, a técnica consiste em transformar um conjunto de p variáveis $x_1, x_2, \dots, x_p$, pertencentes a n indivíduos (genótipos, populações, etc.), em

um novo conjunto de variáveis $y_1, y_2, \dots, y_p$, as quais sejam função linear das x 's, e independentes entre si. Para tanto, tem-se que:

a. Cada y_1 é uma combinação linear das x_i ;

$$y_1 = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_px_p$$

b. Se y_2 representa outra combinação das x_i ;

$$y_2 = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_px_p$$

Então é necessário que:

$$\sum_i a_i^2 = \sum_i b_i^2 = 1, \quad e$$

$$\sum_i a_i b_i = 0$$

Esta última condição garante que os y_i sejam não correlacionados entre si.

c. Entre todas as combinações possíveis para y , tem-se que y_1 apresenta a maior variância, y_2 a segunda maior e assim sucessivamente (MORRISON, 1981).

Considerando p variáveis como eixos coordenados, os genótipos ou variedades, podem ser posicionados em um espaço multidimensional, análogo ao de uma distribuição comum de duas entradas. Assim, quando os dados originais não são transformados e ocorrendo correlação entre as variáveis, a distribuição multidimensional dos genótipos assumirá a forma de uma figura elipsoidal. O primeiro (maior) e os demais eixos desta

configuração representam, respectivamente, o primeiro e subsequentes componentes principais (ADAMS & WIERSMA, 1978).

A análise de Componentes Principais se baseia na padronização e rotação dos eixos originais (variáveis) gerando um novo conjunto de coordenadas (componentes principais). Estas novas coordenadas representam uma combinação linear dos escores dos genótipos sobre as variáveis originais.

Assim, um conjunto de p equações homogêneas irá gerar um grupo de p equações desconhecidas, o que pode ser expresso na forma matricial, como:

$$| R_c - \lambda I | \underline{a} = 0$$

onde,

λ : raiz característica ou auto valor da matriz de covariância.

Existem p auto valores equivalentes à variância dos p componentes principais.

$\underline{a}$: vetor característico ou auto-vetor que representa o conjunto para transformação ortogonal pela qual as variáveis originais padronizadas devem ser multiplicadas para produzir as variáveis transformadas.

I : matriz identidade.

R_c : matriz dos coeficientes de correlação entre pares de variáveis originais ou de covariância entre pares de variáveis padronizadas.

ADAMS & WIERSMA (1978) resumiram as etapas da análise de Componentes Principais através de um fluxograma, o qual é apresentado com modificações relativas a dispersão dos genótipos e "Cluster Analysis", na Figura 1.

O primeiro componente principal (y_1), representado pelo maior eixo da elipse p-dimensional, é associado à maior raiz característica (k_1), sendo também o mais importante. Esta importância é dada pela maior fração da variância total que ele pode explicar. MORRISON (1981) define o primeiro componente principal, de um conjunto de p variáveis $x_1, x_2, \dots, x_p$, como sendo o componente linear $y_1 = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_px_p$, cujos coeficientes a_i são elementos do vetor característico $\underline{a}$, associado a maior raiz característica (k_1) da matriz de covariância das variáveis x_i . O segundo componente principal (y_2) estará associado à segunda maior variância (k_2), e assim, sucessivamente, até que toda a variância tenha sido explicada.

Por imposição, os vetores característicos são ortogonais, implicando que a soma das variâncias de cada componente corresponda ao somatório das variâncias de cada variável, denominada variância total e que a covariância entre os componentes seja nula.

O sinal e a magnitude dos coeficientes de cada variável que compõem um componente principal indicam a direção e

figura 1: Fluxograma das etapas da análise de componentes principais e cálculo das distâncias intergenotípicas (adaptado do trabalho de ADAMS & WIERSMA, 1978).

a importância da variável na definição do componente.

Após a obtenção dos componentes principais foi realizada a dispersão dos escores dos genótipos para os quatro primeiros componentes.

3.7. CÁLCULO DAS DISTÂNCIAS E AGRUPAMENTO INTERGENOTÍPICO

Apesar das distâncias poderem ser calculadas a partir dos escores dos componentes principais, optou-se por estimá-las com base nos dados originais, em função da pequena explicação da variância, contida nos primeiros componentes e da variação, entre anos, do número de componentes principais necessários para incluir 90% da variação total.

A distância Euclidiana média entre dois genótipos ou entre grupos de indivíduos foi estimada como medida da divergência genética entre eles. O cálculo da distância é dado pela fórmula:

$$d_{i i'} = \left[\frac{1}{J} \sum_{j=1}^J (x_{ij} - x_{i'j})^2 \right]^{1/2}$$

onde:

$d_{i i'}$: distância Euclidiana média entre os genótipos i e i' ,

baseada nos dados originais.

J : número de descritores.

Para efeito do cálculo das distâncias Euclidiana média, entre os pares de indivíduos, os dados originais sofreram uma padronização de modo a eliminar os problemas causados pela diferença de unidade dos descritores selecionados. A padronização foi obtida da seguinte forma:

$$Z_{ij} = \frac{x_{ij}}{S_j}$$

onde:

i : 1,2,.... I

j : 1,2,.... J

Z_{ij} : dado padronizado

S_j : desvio padrão dos dados para o descritor j

x_{ij} : dado original, correspondente ao i-ésimo acesso e j-ésimo descritor

Os genótipos foram agrupados e distribuídos em um dendograma, através do método do Vizinho Mais Próximo ("Single Linkage Method") e pelo método de Tocher apresentados por SNEATH (1957) e RAD (1952), respectivamente.

O método do Vizinho Mais Próximo ou de Encadeamento Simples pertence ao grupo das técnicas aglomerativas

multivariadas. Ele consiste, inicialmente, em identificar na matriz de distâncias ou similaridades o par de genótipos mais próximos, os quais constituirão o grupo inicial. Na sequência é calculada a distância entre este grupo e os demais genótipos; ou ainda, em etapas mais avançadas, o cálculo é feito em relação a outros grupamentos já formados. Desta forma, as sucessivas etapas de agrupamento irão operar com uma matriz de distância ou similaridade de dimensão reduzida, até que todos os genótipos tenham sido agrupados.

A cada nova matriz de distância estarão fundidos os genótipos ou grupos mais próximos. Assim, a distância entre um grupo formado pelos genótipos ij em relação ao genótipo k será dado pela menor distância d_{ik} ou d_{jk} , ou seja:

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

Da mesma forma, a distância entre dois grupos de genótipos será dada por:

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

O método de Tocher impõe, como critério para o agrupamento de indivíduos, que a média dos valores relativos ao quadrado da distância Euclidiana (d^2) intra-grupo seja menor que os valores de d^2 inter-grupos.

Para aplicação do método, inicialmente, identifica-se na matriz das distâncias, o par de genótipos mais próximos, os quais constituirão o primeiro grupo. A seguir, é analisada a possibilidade da entrada de novos genótipos ao grupo inicial. Para tanto, é adotado o critério de limitar a entrada de um novo genótipo, ao grupo já estabelecido, se o acréscimo proporcionado pelo mesmo no valor médio da d^2 intra-cluster, for menor que a maior das distâncias mínimas, que envolve cada um dos genótipos.

Ao contrário do método anterior, o método de Tocher agrupa os indivíduos construindo "clusters" independentes entre si.

Outros detalhes e a descrição de cada passo, para a composição dos grupos é apresentada por SNEATH & SOKAL (1973), SINGH & CHAUDHARY (1979), MORRISON (1981) e CRUZ (1987).

3.8. DIVISÃO DOS ACESSOS EM GRUPOS

De forma resumida, para o estabelecimento de grupos, através de técnicas estatísticas ou mesmo de forma visual, existem duas alternativas a serem consideradas. A

primeira relaciona-se com a dispersão dos acessos, em um sistema de coordenadas, utilizando como eixos os primeiros componentes principais, por serem não correlacionados e envolverem a maior fração da variação total disponível. A eficiência desta técnica é dependente da concentração de grande parte da variância total em poucos componentes, portanto, apresentando uso restrito.

A segunda alternativa refere-se à utilização de técnicas aglomerativas como a do Vizinho Mais Próximo e a de Tocher, entre outras, a partir de uma matriz previamente estimada. Neste caso, o problema reside na dimensão da matriz a ser trabalhada.

Assim, quando o número de acessos é muito grande torna-se difícil a identificação dos mesmos nos gráficos de dispersão multidimensional, bem como, compromete-se a realização da análise de agrupamento, por esta necessitar do cálculo de uma matriz de dimensão muito elevada. No presente caso, com uma matriz de 280x280, além do requerimento de excessivo tempo de processamento e elevada capacidade de memória, seriam necessárias 39060 estimativas de distâncias entre pares de genótipos, onerando as análises e dificultando as interpretações.

Desta maneira, decidiu-se por dividir os 280 acessos em nove grupos com base no comportamento em relação à produção de raízes e ao teor de amido. A escolha destas duas

características foi fundamentada nas suas importâncias econômicas e para o melhoramento da mandioca.

Adotou-se o critério de distribuir os 280 acessos de mandioca em relação ao descritor Pesrz, em três sub-grupos, através dos seguintes procedimentos:

- i) Estimou-se a média ($\bar{x}$) e desvio padrão (S_x) deste descritor, com base em duas avaliações (anos);
- ii) Utilizou-se a distribuição normal reduzida para estimar o parâmetro u^* , de tal forma que:

$$P(|u| < u^*) = 0,33, \text{ onde}$$

$$u^* = \frac{x - \bar{x}}{S_x}$$

- iii) Com base nos itens anteriores estabeleceu-se três sub-grupos, a saber,

Grupo 1: indivíduos com média inferior a $(\bar{x} - u^* S_x)$

Grupo 2: indivíduos com média entre $(\bar{x} - u^* S_x)$ a $(\bar{x} + u^* S_x)$

Grupo 3: indivíduos com média superior a $(\bar{x} + u^* S_x)$

O mesmo procedimento foi adotado para dividir os 280 acessos de mandioca em relação ao descritor Amid.

A seguir procedeu-se a distribuição dos acessos em

nove grupos, com base na combinação dos três intervalos para os dois descritores Pesrz e Amid. Os grupos estabelecidos foram caracterizados nas análises por C_{ij} , onde $i, j = 1, 2, 3$.

O grupo dado pela combinação C_{33} , denominado grupo elite, por concentrar os genótipos com mais alta produção de raízes e teor de amido, foi, separadamente, submetido a análise de Componentes Principais, dispersão multivariada com base nos quatro primeiros componentes e análise de agrupamento ("Cluster Analysis").

3.9. ESTABILIDADE DOS ACESSOS EM DOIS ANOS

A estabilidade de comportamento dos acessos pertencentes ao grupo C_{33} , considerada em relação ao conjunto dos descritores selecionados, foi avaliada para dois ambientes (anos), através de processos multivariados. Sabe-se que sob a influência da variação ambiental ocorre uma resposta diferencial dos genótipos, em decorrência da interação genótipo x ambiente. Para efeito da quantificação relativa dessa mudança de comportamento entre os dois anos, um dado acesso foi considerado como dois, estimando-se a distância Euclidiana média entre eles. Assim, a menor distância, entre as avaliações do mesmo genótipo, entre os dois anos, correspondeu a uma maior estabilidade.

3.10. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE C_{33} E C_{1j}

Após a divisão do grupo original (280 acessos) em nove sub-grupos, conforme item 3.8, foram obtidas as estimativas da divergência genética do grupo C_{33} , de maior interesse para os melhoristas, em relação aos demais grupos. Para tanto, estimou-se, inicialmente, o quadrado da distância Euclidiana entre os oito grupos C_{1j} e o grupo C_{33} , expresso por:

$$d^2_{\overline{C_{33}}, \overline{C_{1j}}} = \sum_{k=1}^p (\overline{x_{33k}} - \overline{x_{1jk}})^2$$

sendo,

p : número de descritores (variáveis originais não transformadas)

$\overline{x_{1jk}}$: média do k -ésimo descritor no grupo C_{1j} , onde:

$$\overline{x_{1jk}} = \frac{1}{n_{1j}} \sum_{ij=1}^{n_{1j}} x_{1jk}, \text{ para todo } k.$$

$d^2_{\overline{C_{33}}, \overline{C_{1j}}}$: quadrado da distância entre os grupos C_{33} e C_{1j} , com base na média de p descritores.

A estatística $d^2_{\overline{C_{33}}, \overline{C_{1j}}}$ apesar de estimar a distância intergenotípica entre o grupo C_{33} e os demais (C_{1j}), não representa uma medida possível de ser comparada, pois esta é influenciada pelo número de acessos pertencentes a cada grupo e

pela variância total do grupo (CRUZ¹). Na realidade, ela expressa uma medida de divergência entre epicentros dos grupos comparados, ou seja a distância média em relação a C_{33} , portanto, não refletindo a distância real.

Desta maneira, a divergência entre C_{33} e os outros grupos C_{1j} , considerando o efeito do número de acessos e a variância de cada grupo, pode ser estimada pela seguinte fórmula:

$$\bar{d}_{C_{33}.C_{1j}}^2 = d_{C_{33}.C_{1j}}^2 + \frac{n_{33} - 1}{n_{33}} \cdot d_{C_{33}}^2 + \frac{n_{1j} - 1}{n_{1j}} \cdot d_{C_{1j}}^2$$

sendo,

$\bar{d}_{C_{33}.C_{1j}}^2$: divergência genética entre os grupos C_{33} e C_{1j}

n_{1j} : número de acessos do grupo C_{1j}

$d_{C_{1j}}^2$: variância total dentro do grupo C_{1j}

Ao contrário das outras estimativas, os dados não foram padronizados para que as estimativas da divergência genética entre os grupos pudesse ser sensível à variação existente dentro de cada grupo. Caso a padronização fôsse realizada, a variação interna de cada grupo seria constante e função do número de variáveis analisadas.

1. CRUZ, C.D. (Universidade Federal de Viçosa, Viçosa)

Comunicação pessoal, 1988.

Estudou-se a possibilidade de prever a divergência genética dos grupos C_{1j} em relação ao grupo C_{33} , através de um modelo de regressão linear.

Na análise de regressão considerou-se como variável independente o grau de importância econômica assumido pelos grupos, baseado na média de produção de raízes e teor de amido. Adotou-se o critério de considerar ascendente o nível de importância de C_{11} a C_{33} , portanto, atribuindo uma escala que variou de 1 a 8, com a exclusão do grupo C_{33} .

Assim, foi verificada a possibilidade da ocorrência de uma alteração, de forma linear ou quadrática, na divergência dos grupos em relação ao C_{33} , à medida que fôsse assumido um menor valor de importância dos mesmos.

A comparação entre as equações de regressão, para os anos de 1977 e 1978, foi realizada através do teste de homogeneidade dos coeficientes b 's de regressão, conforme apresentado por STEEL & TORRIE (1980). Assim tem-se que:

$$t = \frac{\hat{b}_{11} - \hat{b}_{12}}{\left[\hat{V}(\hat{b}_{11}) + \hat{V}(\hat{b}_{12}) \right]^{1/2}}$$

onde:

$\hat{b}_{11}, \hat{b}_{12}$: estimativa dos coeficientes de regressão obtida nos anos de 1977 e 1978, respectivamente.

$\hat{\hat{V}}(b_{11})$, $\hat{\hat{V}}(b_{12})$: variância de $\hat{b}_{11}$ e $\hat{b}_{12}$, respectivamente.

Todas as estimativas, de estatística simples e multivariada, foram realizadas no setor de processamento de dados, do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", com a utilização do pacote "Sistema de Análise Estatística e Genética - SAEG-2", desenvolvido pela Universidade Federal de Viçosa.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. COMPORTAMENTO DOS DESCRITORES BOTÂNICO-AGRONÔMICOS ESTUDADOS, EM DUAS AVALIAÇÕES

As médias e desvios padrões para os 28 descritores botânico-agronômicos estudados, nas avaliações de 1977 e 1978, encontram-se na Tabela 2. Para uma expressiva parcela dos caracteres avaliados, foi observada uma sensível alteração nas médias obtidas entre os anos, demonstrando a existência de significativo efeito da mudança ambiental sobre a manifestação dos descritores.

Analisando os resultados alcançados, nos dois anos, observa-se que descritores como Distcf, Altpl, Comlob, Larlob, Despel, Comrz e Indcol apresentaram um aumento nas médias, na avaliação de 1978; enquanto que, para este mesmo ano, houve uma redução das médias para os descritores Altram, Flor, Pesrz, Did e Acar. É interessante notar que embora a média do descritor Pesrz (produção de raízes) tenha sofrido uma drástica redução, na avaliação de 1978 (menos 54,17%), esta queda foi, proporcionalmente, menor que a apresentada pela produção da parte aérea. Este fato é comprovado pelo aumento de valor do descritor Indcol, naquele ano, visto que o mesmo representa a proporção de raízes em relação à produção total da planta.

Tabela 2. Médias e desvios padrões dos 28 descritores botânico-agronômicos, relativos aos 280 acessos de mandioca, avaliados no BAGM, em 1977 e 1978.

Descritores		1977		1978		Geral	
Nº	Nome	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x
1	Faccol	1,343	0,475	1,478	0,500	1,411	0,343
2	Distcf	5,502	3,250	10,081	2,001	7,978	1,779
3	Corc	1,614	0,487	1,586	0,493	1,600	0,468
4	Hram	2,218	0,579	2,271	0,520	2,244	0,378
5	Altram	1,013	0,525	0,821	0,316	0,917	0,390
6	Altpl	2,304	0,386	2,577	0,360	2,441	0,343
7	Corbt	1,893	0,764	1,825	0,651	1,859	0,634
8	Numlob	6,307	1,093	6,207	1,250	6,257	1,174
9	Morlob	1,053	0,225	1,053	0,225	1,053	0,217
10	Comlob	12,814	2,335	15,985	2,096	14,400	1,893
11	Larlob	3,862	0,849	4,634	0,859	4,248	0,762
12	Corpec	2,075	0,997	2,332	0,785	2,203	0,842
13	Flor	1,653	0,476	1,418	0,494	1,536	0,426
14	Suprz	1,814	0,389	1,764	0,425	1,789	0,369
15	Corpel	2,464	0,756	2,536	0,712	2,500	0,692
16	Despel	1,278	0,449	1,828	0,377	1,553	0,288
17	Corrz	1,193	0,534	1,250	0,678	1,221	0,548
18	Corpol	1,039	0,194	1,032	0,176	1,036	0,170
19	Comrz	26,006	4,750	28,637	4,801	27,321	3,669
20	Pcdc	1,464	0,499	1,311	0,463	1,387	0,379
21	Cint	1,211	0,408	1,303	0,460	1,257	0,341
22	Pesrz	19,841	6,526	10,749	3,479	15,294	4,229
23	Amid	32,638	2,212	32,319	2,034	32,478	1,871
24	Indcol	43,129	11,967	50,936	10,667	47,033	9,845
25	Antr	1,046	0,242	1,661	0,759	1,353	0,406
26	Fer	1,586	0,604	1,353	0,592	1,469	0,454
27	Did	1,675	0,591	1,236	0,473	1,455	0,398
28	Acar	2,111	0,747	1,096	0,296	1,603	0,408

Por outro lado, os descritores Corc, Hram, Corbt, Numlob, Morlob, Corpec, Suprz, Corpel, Corrz, Corpol, Pedc, Cint e Amid apresentaram, aproximadamente, o mesmo comportamento nas duas épocas avaliadas, demonstrando, portanto, serem portadores de uma maior estabilidade.

A estabilidade de manifestação é reconhecida como um dos mais importantes atributos apresentados por um descritor, com vistas à caracterização de germoplasma. Para a maioria das espécies tem sido recomendado o uso de caracteres associados aos órgãos reprodutivos, em função da maior estabilidade de manifestação apresentada pelos mesmos. Entretanto, em mandioca, o florescimento e a frutificação, por não constituírem processos de grande importância, do ponto de vista reprodutivo e econômico, não foram privilegiadas pelos processos de seleção (ROGERS & FLEMING, 1973). Assim, o uso deste tipo de descritor pouco contribui para a estimativa da divergência genética na espécie, além de apresentar dificuldades de avaliação pela irregularidade de sua manifestação. Desta maneira, os descritores devem ser selecionados entre os caracteres vegetativos importantes na descrição da divergência e com mais ampla estabilidade de manifestação.

De uma maneira geral, os descritores qualitativos apresentaram uma maior estabilidade, entre os anos considerados. Este resultado pode ser entendido com base na menor complexidade

de controle genético, envolvendo este tipo de caráter, o que confere uma maior estabilidade.

Os desvios padrões e teste F da análise de variância, apresentados nas Tabelas 2 e 3, respectivamente, demonstram existir uma acentuada variabilidade genética para quase todos os descritores avaliados. Isto vem comprovar a importância dos Bancos de Germoplasma, como depositário da variabilidade genética, à disposição do melhorista.

4.2. SELEÇÃO DE DESCRITORES BOTÂNICO-AGRONÔMICOS

A importância de uma característica botânico-agronômica para caracterização de germoplasma está em função do seu poder de discriminação entre os acessos e da sua estabilidade de manifestação. Entretanto, quando o número de descritores utilizados torna-se elevado, é possível que muitos deles sejam redundantes ou altamente correlacionados entre si. Esta situação apresenta como consequência um aumento no trabalho de caracterização, sem melhoria da precisão, além de tornar mais complexa a análise dos dados. Diante disso, a eliminação dos caracteres redundantes e de difícil mensuração torna-se desejável, a fim de facilitar o estudo de caracterização e

Tabela 3. Quadrados médios da análise de variância, para o grupo dos 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.

Q M				
	Anos (A) (1 GL)	Acessos (T) (279 GL)	Interação (AxT) (279 GL)	CV ¹ (%)
Faccol	2,578**	0,235	0,241	34,84
Distcf	2787,859**	6,328	7,899	35,80
Hram	0,401	0,286	0,319	25,17
Altpl	10,395**	0,189**	0,090	12,28
Larlob	83,614**	1,163**	0,297	12,82
Corpec	9,257**	1,418**	0,192	19,91
Suprz	0,350*	0,273**	0,059	13,65
Despel	42,350**	0,166	0,178	27,15
Corpol	0,007	0,062**	0,007	8,16
Pedc	3,302**	0,288**	0,176	30,26
Cint	1,207**	0,233**	0,146	30,41
Pesrz	11572,320**	35,770**	18,926	28,44
Amid	14,437**	7,007**	2,026	4,38
Antr	52,828**	0,329	0,305	40,81

* e ** significante a 5% e 1%, pelo teste F, respectivamente.

$$1_{-}/ CV = \frac{100 (QM AxT)^{1/2}}{m}$$

conhecimento da variabilidade dentro do Banco.

Na Tabela 4 são apresentados os descritores selecionados e/ou descartados, entre os 28, inicialmente, considerados. Com a utilização da análise de Componentes Principais e aplicando a metodologia de descarte de variáveis, apresentada por JOLLIFFE (1972, 1973) foi possível desprezar os descritores considerados não discriminantes, os quais foram em número de 10 e 12, nas avaliações realizadas em 1977 e 1978, respectivamente. Entre estes descritores, identificaram-se dois grupos, sendo o primeiro composto por oito descritores (Corc, Altram, Numlob, Comlob, Flor, Corpel, Indcol e Acar), descartados nas duas avaliações, portanto, sem interesse para a estimativa da divergência genética, no BAGM. E ainda, o segundo grupo, formado por seis descritores (Corbt, Morlob, Corrz, Comrz, Fer e Did) que ora foram selecionados (discriminantes), ora foram descartados (não discriminantes ou reduntantes), demonstrando não apresentar consistência para discriminação.

Através da análise destes resultados, pode-se concluir que a utilização dos dois grupos de descritores, anteriormente citados, é plenamente dispensável para o estudo da divergência genética, através de métodos multivariados. Isto é compreensível, uma vez que o uso dos mesmos, acrescentaria muito pouca ou nenhuma informação extra, além de consumir maior tempo para processamento dos dados e contribuir para tornar mais

Tabela 4. Sub-grupos dos 28 descritores botânico-agronômicos descartados e/ou selecionados, através da análise de Componentes Principais.

Sub-grupos	Numeração dos descritores*	
	1977	1978
Descritores descartados (não discriminantes ou redundantes)	3,5,8,9,10,13,15, 24, 27,28	3,5,7,8,10,13,15, 17,19,24,26,28
Descritores descartados comuns as duas avaliações	3,5,8,10,13, 15, 24,28	3,5,8,10,13,15, 24,28
Descritores selecionados em cada ano	1,2,4,6,7,11,12, 14,16,17,18, 19, 20,21,22,23, 25, 26	1,2,4,6,9,11,12, 14,16,18,20, 21, 22,23,25,27
Descritores selecionados não comuns	7,17,19,26	9,27
Descritores selecionados e comuns aos dois anos (discriminantes e estáveis)	1,2,4,6,11,12,14, 16,18,20, 21, 22, 23,25	1,2,4,6,11,12,14, 16,18 20, 21, 22, 23,25

* - numeração de acordo com a Tabela 2.

complexas as análises e interpretações.

Entre os dois grupos de variáveis selecionadas, em 1977 e 1978, compostos por 18 e 16 descritores, respectivamente, pode-se observar a existência de um conjunto de 14 descritores comuns às duas seleções. Este grupo de descritores selecionados e comuns aos dois anos, doravante também denominados de discriminantes e estáveis, foi tomado como base para todos os tipos de análises realizadas neste estudo.

Assim, com a utilização desta metodologia foi possível promover uma redução de 50% dos 28 descritores, inicialmente considerados, para efeito de realização das análises. De acordo com JOLLIFFE (1972), na análise multivariada, quando o número de variáveis é elevado, a utilização de um sub-grupo selecionado, pouco afetará os resultados, além de conferir vantagens a realização das análises.

4.2.1. ESTIMATIVA DOS COEFICIENTES DE HERDABILIDADE PARA OS DESCRITORES BOTÂNICO-AGRONÔMICOS

O coeficiente de herdabilidade constitui-se em um dos parâmetros genéticos mais comumente estimados, face a sua

propriedade de descrever a proporção da variância que é devida aos efeitos genéticos e, portanto, disponível para uso dos melhoristas. Uma herdabilidade elevada, além de indicar uma alta influência dos fatores genéticos sobre o caráter, apresenta implicações sobre a estabilidade do mesmo sob a influência da variação ambiental. Assim, descritores com alta herdabilidade demonstram uma maior estabilidade ambiental, sendo pois de maior interesse ou importância para caracterização de germoplasma.

Na Tabela 5 são apresentadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para os descritores avaliados (selecionados e descartados). Os resultados indicam que a maioria dos descritores utilizados apresenta alta herdabilidade. Entretanto, embora apresentando valores de baixa magnitude, foram obtidas estimativas negativas para os descritores selecionados Faccol, Distcf, Hram e Despel.

Pelo exposto deve-se interpretar estes resultados em conformidade com a maneira como os dados foram tomados. A ausência de repetições, em cada ano, foi compensada pelo replantio de cada acesso, no ano seguinte, em parcelas não coincidentes. Desta forma, os anos substituíram as repetições e as estimativas das variâncias genéticas não ficaram confundidas com as variâncias devidas aos erros entre parcelas e aos efeitos da interação de tratamentos x anos. SILVA (1982) observa que os componentes estimados através da análise de variância estão

Tabela 5. Estimativa do coeficiente de correlação* fenotípica entre os descritores selecionados (na vertical) e descartados (na horizontal), e do coeficiente de herdabilidade para os 28 descritores botânico-agronômicos, em duas avaliações.

Descritor**	3	5	7	8	9	10	13	15	17	19	24	26	27	28	h ²
1	0,005	0,073	0,003	-0,074	-0,007	-0,011	0,034	0,041	-0,071	0,115	-0,071	0,126	0,049	-0,004	-2,87
2	-0,057	0,056	-0,064	0,092	-0,023	0,052	-0,098	-0,139	0,011	0,017	0,017	0,019	0,081	-0,062	-24,82
4	-0,047	-0,257	-0,027	-0,095	0,036	-0,113	0,056	-0,061	0,027	-0,128	-0,125	-0,081	0,055	-0,037	-11,39
6	-0,043	0,367	-0,037	0,069	-0,116	0,139	-0,088	0,071	0,089	-0,190	-0,534	0,190	0,134	-0,062	52,43
11	-0,054	0,193	-0,282	0,357	-0,489	0,562	-0,444	-0,019	0,188	0,062	-0,045	0,193	-0,011	-0,316	74,46
12	-0,031	-0,071	-0,123	0,103	-0,040	0,017	0,012	-0,009	-0,177	-0,089	0,002	0,091	0,016	-0,033	86,42
14	0,588	0,014	0,041	0,021	0,052	-0,017	-0,014	0,873	0,076	0,010	0,128	0,004	0,106	0,080	78,13
16	0,112	0,018	0,056	-0,066	0,025	-0,042	-0,008	0,197	0,027	-0,072	0,059	-0,022	-0,057	0,051	-7,02
18	0,021	-0,137	0,101	-0,295	-0,050	-0,297	0,198	-0,029	0,419	-0,038	-0,150	-0,110	0,048	0,123	88,47
20	0,013	0,026	-0,081	-0,107	-0,003	-0,104	0,053	0,034	0,081	0,136	-0,075	-0,035	-0,004	-0,069	38,81
21	0,144	0,079	-0,142	0,188	-0,065	0,125	-0,002	-0,083	-0,042	0,130	0,056	-0,042	0,091	-0,102	37,21
22	0,060	0,080	-0,146	0,207	0,129	0,150	-0,113	0,104	-0,113	0,379	0,780	-0,049	0,030	-0,135	47,29
23	0,016	-0,007	-0,175	0,216	-0,063	0,181	-0,253	0,024	-0,308	0,193	-0,053	0,015	-0,094	-0,073	71,09
25	0,039	-0,207	0,149	-0,157	0,028	-0,190	-0,082	0,137	0,138	-0,035	-0,004	-0,009	-0,018	0,059	74,15
h ²	90,28	44,89	74,65	47,04	92,42	62,59	70,16	87,15	75,80	30,59	67,42	26,11	19,12	6,47	

* os coeficientes de correlação, com valor absoluto, maior que 0,12 são significativos a 1%, pelo teste de t.

** numeração de acordo com a Tabela 2.

sujeitos a erros associados ao método utilizado, em particular à escolha do modelo matemático, sendo comum o aparecimento de coeficientes de herdabilidade negativos ou maiores que 1. Também SEARLE (1971) sustenta que a obtenção de estimativas negativas, através da análise de variância, é exclusivamente uma consequência de problemas nos dados e do método. Para este autor, uma estimativa negativa para um componente de variância pode ser considerada como uma evidência de que o seu verdadeiro valor seja zero ou pequeno.

No presente caso, é interessante observar que as estimativas negativas foram alcançadas para descritores bastante sujeitos a erros de mensuração devido à sua natureza e, principalmente, quando avaliados entre anos. Pode-se notar que as estimativas negativas, além da baixa magnitude, estiveram sempre associadas a descritores com altos valores do coeficiente de variação, bem como não mostraram significância para o teste F, Tabela 3. Com relação ao coeficiente de variação vale ressaltar, novamente, que as estimativas dos mesmos não apresentam conotação relacionada, unicamente, com a precisão experimental. Nele estão confundidos, além do componente de variação residual, também uma fração do componente devido à interação.

Desta maneira, considerar estas estimativas como tendo o seu verdadeiro valor igual a zero, conforme tem sido recomendado pela maioria dos autores, pode se constituir em uma

atitude errônea. Deve-se então considerar a necessidade da realização de novas estimativas, a partir de dados tomados com maior critério, visando à obtenção de resultados mais conclusivos.

4.2.2. ESTIMATIVAS DAS CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE DESCRITORES BOTÂNICO-AGRONÔMICOS

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os descritores selecionados e descartados e entre os descritores dentro de cada grupo, tomados dois a dois, são apresentadas nas Tabelas 5 e 6, respectivamente.

Os coeficientes de correlação entre os descritores selecionados e descartados (Tabela 5), mostraram 58 combinações de pares de variáveis com valores estatisticamente significativos. Entretanto, somente as correlações entre os descritores Altpl x Indcol, Larlob x Comlob, Corc x Suprz, Suprz x Corpel e Pesrz x Indcol apresentaram coeficientes superiores a 0,5. Geralmente, os melhoristas tendem a só considerar de alta magnitude, as correlações cujos coeficientes são superiores a $r=0,5$. Segundo MIRANDA (1987) isto acontece por não se ter uma definição exata sobre o número de graus de liberdade a ser

empregado no teste das correlações. Tal fato implica em dizer que o nível das correlações deve ser visto com reservas, principalmente no presente caso, onde o grande número de acessos envolvidos propicia a fácil significância dos coeficientes com baixa magnitude.

Dentro dos grupos de descritores selecionados e descartados foram observadas, respectivamente, 13 e 39 combinações de dois caracteres, cujos coeficientes de correlação se mostraram estatisticamente significativos. Foram encontradas, para o grupo de descritores descartados, quatro combinações com estimativa de correlação maiores que $r=0,5$; enquanto que, para o grupo de descritores selecionados nenhuma estimativa atingiu este valor.

É importante notar que entre os descritores selecionados, além de poucas combinações de pares de caracteres apresentarem coeficientes de correlação significativos, a magnitude dos mesmos pode ser considerada muito baixa, Tabela 6. Estes resultados demonstram que o método de descarte de caracteres empregado, foi eficiente na seleção de descritores discriminantes e não associados entre si. Por outro lado, esta mesma situação não se apresenta para as combinações entre descritores selecionados x descartados e dentro do grupo dos descritores descartados.

Tabela 6. Estimativa dos coeficientes de correlação fenotípica entre os descritores* botânico-agronômicos, dentro do grupo selecionado (diagonal inferior) e dentro do grupo de descritores descartados (diagonal superior), baseada na média de duas avaliações.

Descritor**	5	7	8	9	10	13	15	17	19	24	26	27	28
2	-0,050	0,077	-0,077	0,044	-0,100	0,031	0,661	0,112	-0,015	0,056	-0,118	-0,029	0,053
4	-0,046	-0,134	0,272	0,004	0,391	-0,269	0,042	-0,044	-0,043	0,062	0,142	0,040	-0,158
6	-0,031	0,001	-0,232	0,120	-0,216	0,217	0,065	0,211	-0,056	-0,093	-0,174	-0,099	0,375
11	0,030	-0,002	-0,038	-0,096	0,653	-0,536	0,010	-0,244	0,181	0,092	0,194	0,024	-0,166
12	0,086	0,080	-0,034	0,042	-0,096	0,134	0,047	-0,025	-0,028	0,163	-0,138	-0,013	0,119
14	-0,095	0,119	-0,050	-0,038	0,053	-0,562	-0,028	-0,328	0,162	-0,008	0,237	0,003	-0,262
16	0,049	-0,107	-0,066	0,093	-0,045	0,023	-0,021	0,211	-0,123	0,041	-0,230	-0,017	0,138
18	0,030	-0,154	-0,071	-0,063	0,012	0,029	0,182	0,125	-0,036	0,103	-0,025	0,062	0,105
20	-0,051	0,033	-0,064	0,122	-0,220	-0,013	-0,021	-0,060	-0,189	-0,106	-0,070	0,029	0,157
21	0,136	0,031	-0,020	0,025	-0,096	0,113	0,022	0,060	-0,018	0,280	0,025	-0,007	-0,134
22	0,074	0,061	0,045	-0,059	0,093	-0,158	0,078	-0,004	-0,123	0,047	-0,139	0,021	-0,034
23	-0,076	0,039	-0,097	-0,292	0,040	0,126	-0,095	-0,137	-0,123	0,047	0,016	0,225	-0,104
25	-0,004	0,066	-0,033	0,006	0,175	0,037	-0,005	-0,074	-0,018	0,047	-0,064	0,034	0,034
	-0,017	0,059	0,088	-0,144	-0,065	0,040	-0,129	-0,039	-0,142	-0,044	-0,064	-0,108	
1		2	4	6	11	12	14	16	18	20	21	22	23

* os coeficientes de correlação, com valor absoluto, maior que 0,12 são significativos a 1%, pelo teste de t.

** numeração de acordo com a Tabela 2.

De acordo com JOLLIFFE (1972, 1973) o método de descarte de variáveis, baseado na análise de Componentes Principais, constitui-se em um eficiente instrumento estatístico para eliminar variáveis redundantes, ou seja, variáveis correlacionadas com outras já selecionadas, e portanto, aquelas que explicam o mesmo fenômeno. Neste sentido, o elevado número de pares de combinações (58), entre descritores selecionados e descartados, apresentando correlação significativa, reforça essa afirmação.

Entre os descritores selecionados, aqueles que apresentaram maior número de combinações significativas (coeficiente de correlação) com os descritores descartados foram Altpl (com 6), Larlob (com 9), Corpol (com 7), Pesrz (com 7), Amid (com 6), e Antr (com 6). Estes resultados concordam com a idéia apresentada anteriormente, de que os descritores descartados por explicarem o mesmo fenômeno que os descritores selecionados, são redundantes, e portanto, sendo de interesse a suas eliminação, para efeito de uso em análise multivariada.

Na caracterização de germoplasmas quando dois descritores são responsáveis pelo mesmo tipo de informação, o melhorista, opta por avaliar o caráter de mais fácil mensuração. Neste estudo, a discussão dos resultados da análise de correlação, por variável, apresenta maior interesse para aqueles descritores de importância botânico-agronômica ou com

coeficiente de correlação de elevada magnitude ($r > 0.5$). X

Entre os descritores descartados, com base na técnica utilizada, destaca-se o índice de colheita. O Indcol tem sido relacionado por diversos melhoristas (BIRADAR et alii, 1978; ACOSTA-ESPINOSA, 1973; FUKUDA et alii, 1983; KAWANO, 1982, 1985; DANTAS, 1984) como um caráter de grande importância para a discriminação de genótipos em relação a produtividade, sendo o mesmo recomendado como estratégia de seleção para programas de melhoramento da mandioca. Entretanto, verifica-se que o Indcol apresentou correlação significativa e de elevada magnitude com os descritores selecionados Altpl ($r = -0,534$) e Pesrz ($r = 0,780$), evidenciando, indiretamente, que plantas mais altas apresentam uma maior produção de parte aérea e, portanto, um menor índice de colheita; e que estes dois descritores mostram-se estreitamente associados ao Indcol. Pesquisas desenvolvidas por BIRADAR et alii (1978), FUKUDA et alii (1983), RAMALHO & PEREIRA (1979), ACOSTA-ESPINOSA (1984), DANTAS (1984), SILVA et alii (1983) chegaram a resultados semelhantes. Desta maneira, pode-se considerar que o descarte do descritor Indcol foi compensado pela seleção de outros descritores, igualmente importantes para explicar a produção de raízes e de parte aérea.

O descritor selecionado Larlob apresentou correlação significativa e positiva com os descritores descartados Altram, Numlob, Comlob e Fer, e correlações negativas

com Corbt, Morlob, Flor, Corrz e Acar. Este resultado indica haver uma tendência de o descritor Larlob em resumir parte das informações contidas neste grupo de descritores descartados, para efeito de uso dos dados na análise multivariada.

Analogamente, o descritor Suprz apresentou associações positivas, e de elevada magnitude ($r > 0,5$), com os descritores descartados Corc e Corpol.

Ainda, o descritor Amid apresentou correlações significativas, positivas e negativas, embora de baixa magnitude ($r < 0,5$), com seis outros descritores descartados. Correlações significativas entre o teor de amido e quatro descritores associados à produção, foram obtidas por DANTAS (1984), em estimativas baseadas no comportamento de 156 genótipos. Posteriormente, em outro experimento contendo apenas 56 genótipos, nenhuma combinação envolvendo o descritor Amid mostrou correlação significativa. Para o autor os resultados do primeiro experimento são mais confiáveis, uma vez que foram testados com um maior número de graus de liberdade.

Semelhantemente, pode-se considerar, para este estudo, que as estimativas obtidas devem refletir com boa exatidão as associações existentes entre os descritores, tendo em vista o elevado número de genótipos (280) considerados. Segundo VENCDOVSKY (1978) o estudo das correlações entre variáveis é de

grande importância para o melhoramento de plantas, pois em geral busca-se aprimorar os genótipos para uma série de caracteres, conjuntamente. Além disso, este tipo de estudo possibilita a vantagem de se poder trabalhar com um menor número de descritores sem perda da informação global.

4.3 ESTIMATIVAS DOS COMPONENTES PRINCIPAIS

Os valores característicos e a percentagem acumulada da variância total, obtidos através da análise de Componentes Principais, considerando os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados e os 280 acessos de mandioca do BAGM, para as avaliações de 1977 e 1978, encontram-se na Tabela 7.

Observa-se que, nas duas avaliações, os seis primeiros componentes principais ($k \geq 1$) explicaram pouco mais de 50% da variância total entre os acessos. As estimativas dos valores característicos (variância dos componentes principais) e a sua percentagem acumulada (mede a contribuição relativa dos componentes) apresentaram valores muito semelhantes para cada componente principal, nas avaliações de 1977 e 1978. Também, a variância entre os componentes, dentro de cada avaliação, não

Tabela 7. Valores característicos (k_1) e percentagem acumulada da variância dos componentes principais (%), para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados e 280 acessos do BAGM, em duas avaliações.

Componente	1977		1978	
	k_1	%	k_1	%
1	1,676	11,97	1,756	12,54
2	1,436	22,23	1,555	23,66
3	1,289	31,45	1,359	33,37
4	1,244	40,37	1,239	42,22
5	1,158	48,64	1,163	50,53
6	1,083	56,37	1,053	58,70
7	0,987	63,43	0,954	64,87
8	0,960	70,29	0,924	71,48
9	0,854	76,39	0,871	77,71
10	0,799	82,11	0,762	83,15
11	0,736	87,37	0,737	88,42
12	0,666	92,13	0,636	92,97
13	0,618	96,54	0,557	96,95
14	0,483	100,00	0,426	100,00

mostrou uma distribuição concentrada entre os primeiros componentes. Este comportamento indica que a variância encontrase bastante diluída entre os 14 componentes e que nenhum deles, sózinho, foi capaz de resumir um volume de informação satisfatório.

Assim, os dois componentes principais mais importantes (primeiro e segundo) foram responsáveis pela explicação, de apenas, 11,97% e 10,26% da variação, em 1977; e de 12,54% e 11,12%, em 1978, respectivamente. Estes resultados divergem dos alcançados por ISLEIB & WYNNE (1983), MARTINEZ WILCHES (1983) e HUSSAINI et alii (1977) os quais obtiveram uma alta concentração da variância entre os primeiros componentes principais. Estas diferenças podem ser entendidas com base no fato de que a concentração da variância nos primeiros componentes está associada a natureza e ao número dos descritores utilizados na análise.

As Figuras 2,3,4 e 5 apresentam a dispersão multivariada dos 280 acessos de mandioca, com base no primeiro e segundo, e terceiro e quarto componentes principais. Em nenhuma das figuras, se observa uma tendência geral da formação de conjuntos isolados de genótipos, decorrente da divisão dos acessos do BAGM, em sub-grupos de divergência genética. Pelo contrário, a dispersão dos genótipos demonstrou uma ampla variância, com distribuição contínua dentro do Banco e sem a

Figura 2. Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1977, com base no primeiro e segundo componentes principais obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.

Figura 3. Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1977, com base no terceiro e quarto componentes principais obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.

Figura 4. Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1978, com base no primeiro e segundo componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.

Figura 5. Dispersão dos 280 acessos de mandioca, avaliados em 1978, com base no terceiro e quarto componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânicos-agronômicos selecionados.

existência de conjuntos gênicos muito divergentes que possam provocar uma ruptura ou formação de conjuntos isolados. Entretanto, é possível notar que ocorrem, no Banco, alguns genótipos cuja divergência genética em relação ao grupo é mais ampla, o que é demonstrado pelo acentuado desvio apresentado nas dispersões.

De outra forma, uma situação relativa a formação de conglomerados isolados de genótipos, sómente seria esperada, se entre os 280 acessos de mandioca estudados, fossem encontrados representantes de ecossistemas extremamente divergentes entre si. Entretanto, a origem dos acessos é basicamente de uma única região, o Nordeste Brasileiro, com maior concentração de representantes do estado da Bahia.

Resultados de estudos conduzidos por MURTY & ARUNACHALAM (1966), SINGH & GUPTA (1968), SIDHU & PANDITA (1980), JAIN et alii (1981), SINGH et alii (1981), KALLOO & SIDHU (1982), e ALMARAJ (1982) tem demonstrado que nem sempre a diversidade de origem geográfica e a divergência genética estão relacionadas. Estes estudos indicam, ser provável que a variação ambiental contida dentro de uma mesma região possa provocar igual pressão de seleção que a obtida pela diversidade geográfica. Este fato pode explicar a ampla variabilidade genética presente entre os genótipos avaliados, conforme demonstrado pela dispersão multivariada.

Outro aspecto importante a considerar é que a divergência foi estimada em relação a um conjunto de descritores morfológicos, portanto, mais prováveis de sofrerem alterações fenotípicas pela mudança ambiental do que os caracteres reprodutivos.

Também, nas Figuras 2,3,4 e 5 pode-se observar a ocorrência de sobreposição e/ou grande proximidade entre muitos pontos (genótipos). Este fato evidencia a existência de uma estreita relação ou similaridade genética entre os acessos envolvidos. Tal evidência está de acordo com os resultados obtidos por SMITH et alii (1985). Esses autores estudando a divergência genética, dentro do germoplasma de milho americano, demonstraram que o grau de proximidade apresentado pelos genótipos nos gráficos de dispersão, com base no primeiro e segundo componentes principais, mostrou-se proporcional as suas relações de "pedigree". Também, SMITH (1984) observou que a sobreposição de pontos, encontrada para alguns pares de híbridos, com base na dispersão do primeiro e segundo componentes principais, mostrou o mesmo comportamento quando considerados o terceiro e quarto componentes, além de corresponder a uma estimativa nula de distância genética entre os mesmos.

Diversos autores, entre eles SILVA (1981a), têm apontado a presença, nos Bancos de Germoplasma, de expressivo número de acessos muito semelhantes entre si, porém apresentando

diferentes registros no BAGM. Da mesma forma, pode ocorrer que, entre os acessos de origem distinta, possa se encontrar genótipos com o mesmo nome, porém fenotipicamente diferentes. Este tipo de problema, relacionado com a nomenclatura das cultivares de mandioca ocorre, principalmente, entre os acessos originários de coletas entre produtores. Assim, a identificação de materiais duplicados, tem se constituido em um dos objetivos da avaliação dos Bancos. A presença de duplicatas, no BAGM, não apresenta interêsse, pois além de requerer um aumento de gastos e trabalho de avaliação e manutenção dos estoques, não apresenta vantagem para a preservação da variabilidade.

4.4. DIVISÃO DOS 280 ACESSOS EM SUB-GRUPOS

As Figuras 6 e 7 apresentam a distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, baseada na média de duas avaliações, em relação a três níveis dos descritores Pesrz e Amid, respectivamente. Os níveis estabelecidos para cada descritor, individualmente, mostraram-se eficientes em separar o conjunto de genótipos em três classes de tamanho homogêneo.

A Figura 8 e Tabela 8 apresentam, respectivamente, a distribuição e composição numérica dos nove grupos de acessos,

formados pela combinação dos três níveis dos descritores Pesrz e Amid. Os nove grupos formados (C_{1j}) apresentaram uma composição que variou de 22 a 42 acessos. O grupo C_{23} (produção intermediária de raízes e alto teor de amido), concentrou o maior número de acessos; enquanto que, o grupo C_{31} (alta produção de raízes e baixo teor de amido), apresentou o menor número de elementos. O grupo mais importante, C_{33} (alta produção de raízes e de amido), com 29 genótipos representou 10,36% dos acessos estudados.

Tabela 8. Distribuição dos 280 acessos de mandioca nos nove grupos C_{1j} , obtidos pela combinação de três níveis de produção de raízes e de teor de amido, baseada na média de duas avaliações.

	Grupos formados C_{1j}								
	C_{11}	C_{12}	C_{13}	C_{21}	C_{22}	C_{23}	C_{31}	C_{32}	C_{33}
Número de acessos (n_{1j})	26	33	33	29	33	42	22	33	29

A separação e grau de importância atribuído ao grupo C_{33} , está relacionada ao maior interesse do melhorista, em trabalhar com materiais de elevado potencial de produção de raízes e amido.

Figura 6. Frequência de distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, em três classes, baseada na média de duas avaliações, para o descritor peso de raízes, sendo: C1 $\leq 13,40$; C2 $13,40 < C2 \leq 17,15$; C3 $> 17,15$.

Figura 7. Frequência de distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, em três classes, baseada na média de duas avaliações, para o descritor teor de amido, sendo: C1 $\leq$ 31,65; C2 $\leq$ 33,30; C3 $>$ 33,30.

Figura 8. Frequência de distribuição dos 280 acessos de mandioca do BAGM, em nove classes, baseada na média de duas avaliações, considerando a combinação de três níveis de produção de raízes e teor de amido.

Embora toda a variabilidade presente no BAGM seja de grande importância, sob o ponto de vista dos recursos genéticos, na maioria dos casos, os acessos com baixo potencial para os caracteres de valor econômico não despertam, de imediato, o interesse do melhorista. Geralmente, esses materiais são mais utilizados em programas de retrocruzamento, por serem portadores de alguma característica de interesse e que se deseja transferir para outro genótipo de alto valor econômico. Por outro lado, os cruzamentos visando à obtenção de segregantes transgressivos, normalmente, são realizados entre genótipos portadores de elevada soma de atributos desejáveis. A causa disso é que os cruzamentos, entre materiais superiores, porém não aparentados entre si, apresentam maiores chances de sucesso no melhoramento, razão pela qual tem sido dada preferência a este tipo de combinação. Entretanto, essa situação somente pode ser esperada quando os cruzamentos envolverem progenitores bem adaptados e que se complementem para os fatores responsáveis pelo fenômeno da heterose.

Por essa razão, foi dada maior atenção ao grupo de acessos C₃₃ ou grupo elite, na realização das análises genéticas multivariadas. Este procedimento visou dar uma contribuição ao processo de seleção de progenitores, baseado nas estimativas da divergência genética entre os genótipos.

A Tabela 9 apresenta as médias e desvios para os

14 descritores selecionados, em relação aos nove grupos de acessos ($C_{1,9}$). Excetuando os descritores Pesrz e Amid, parece não ocorrer grandes variações nas médias e desvios dos demais descritores, para todos os nove grupos. Este fato demonstra que a variância destes descritores encontra-se distribuída ao acaso dentro do BAGM; e que nenhum dos descritores se mostra associado a níveis de produção de raízes ou teor de amido.

4.5. ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DENTRO DO GRUPO C_{33}

A Tabela 10 apresenta a relação dos acessos pertencentes ao grupo C_{33} . O grupo ficou composto pelos 29 acessos que apresentaram as maiores médias, em relação às duas avaliações, para os descritores Pesrz e Amid.

Os resultados da análise de Componentes Principais para este grupo de acessos, considerando os 14 descritores selecionados, encontra-se na Tabela 11. Para os quatro primeiros componentes principais, a percentagem acumulada da variância foi capaz de abranger 56,43% e 57,47% da variação total, para os anos de 1977 e 1978, respectivamente.

Além do baixo grau de explicação da variância envolvido nos primeiros componentes, observa-se ser necessário incluir 10 e 9 componentes principais, em 1977 e 1978,

Tabela 9. Médias e desvios padrões dos 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, com base em duas avaliações, para os grupos de acessos C13

Descritor	C11		C12		C13		C21		C22	
	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x
Faccol	1,442	0,501	1,469	0,503	1,439	0,500	1,448	0,501	1,394	0,492
Distcf	7,583	3,911	8,149	4,507	7,667	3,382	7,712	3,552	7,814	3,471
Hram	2,301	0,544	2,227	0,576	2,333	0,564	2,327	0,473	2,197	0,561
Altpl	2,513	0,422	2,638	0,354	2,439	0,382	2,410	0,450	2,454	0,410
Larlob	3,999	0,770	4,358	0,953	4,224	0,850	3,977	1,053	4,203	0,810
Corpec	2,211	0,848	2,030	0,859	2,182	0,858	2,414	1,009	2,166	0,904
Suprz	1,731	0,448	1,682	0,469	1,727	0,449	1,810	0,395	1,712	0,456
Despel	1,596	0,495	1,636	0,485	1,500	0,504	1,517	0,504	1,545	0,502
Corpol	1,115	0,322	1,060	0,240	1,015	0,123	1,052	0,223	1,000	0,000
Pedc	1,500	0,505	1,364		1,439	0,500	1,327	0,473	1,485	0,503
Cint	1,154	0,364	1,197	0,401	1,227	0,422	1,276	0,451	1,303	0,463
Pesrz	10,467	3,756	10,483	3,984	10,933	4,242	15,378	5,821	15,668	5,649
Amid	29,986	2,058	32,571	1,201	34,330	1,261	30,015	1,392	32,401	1,070
Antr	1,442	0,698	1,439	0,682	1,288	0,627	1,500	0,707	1,288	0,651

Descritor	C23		C31		C32		C33		Geral	
	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x	$\bar{x}$	S _x
Faccol	1,333	0,474	1,386	0,495	1,303	0,463	1,517	0,504	1,411	0,492
Distcf	8,095	2,885	7,953	2,980	7,855	3,112	7,693	3,473	7,850	3,477
Hram	2,202	0,533	2,273	0,585	2,151	0,503	2,224	0,622	2,244	0,550
Altpl	2,457	0,401	2,327	0,313	2,312	0,397	2,377	0,333	2,441	0,397
Larlob	4,333	1,030	4,157	0,824	4,457	1,014	4,405	0,942	4,248	0,937
Corpec	2,297	1,027	2,045	0,963	2,257	0,882	2,172	0,729	2,203	0,906
Suprz	1,893	0,311	1,841	0,370	1,788	0,412	1,914	0,283	1,789	0,409
Despel	1,583	0,496	1,636	0,486	1,530	0,503	1,448	0,501	1,553	0,497
Corpol	1,047	0,214	1,000	0,000	1,000	0,000	1,034	0,184	1,036	0,186
Pedc	1,416	0,496	1,295	0,461	1,318	0,469	1,310	0,466	1,387	0,487
Cint	1,333	0,474	1,227	0,424	1,348	0,480	1,189	0,395	1,257	0,437
Pesrz	15,321	5,071	20,618	8,352	19,732	7,808	20,429	6,918	15,295	6,928
Amid	34,262	1,062	30,190	1,827	32,604	1,032	34,065	1,190	32,479	2,129
Antr	1,286	0,572	1,363	0,613	1,273	0,621	1,362	0,612	1,353	0,641

Tabela 10. Relação dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C₃₃, selecionados com base na média de duas avaliações.

Nº	Nome comum	Código	Nº	Nome comum	Código
01	Aipim Canário	BGM 266	16	Jaqueira	BGM 058
02	Aparecida	BGM 123	17	Lagoa	BGM 008
03	Camaçari	BGM 137	18	Maria Pau	BGM 118
04	Canquem	BGM 052	19	Milagrosa 1	BGM 126
05	Caravela Branca	BGM 037	20	Mulata Boa	BGM 056
06	CEPEC 005-71-A	BGM 220	21	Palmeira	BGM 155
07	Clone EAB-83	BGM 233	22	Palmeira Preta	BGM 033
08	Corrente	BGM 176	23	Pedro Barão	BGM 157
09	Duas Cores	BGM 094	24	Salangor Preta	BGM 072
10	Embuzeiro	BGM 128	25	SIPEAL-02	BGM 010
11	Escondida	BGM 085	26	SIPEAL-04	BGM 012
12	Feluca	BGM 210	27	Tola	BGM 168
13	Gemedeira	BGM 196	28	Tola Roxa	BGM 086
14	Graveto do Iguape	BGM 136	29	Variedade 64	BGM 093
15	IAC-7-127	BGM 020			

respectivamente, para atingir um grau de explicação de 90% da variância total disponível. A baixa concentração da variância nos primeiros auto-valores não permite, com base em poucos componentes principais, que se tenha uma estimativa exata do grau de divergência ou de similaridade genética que envolve os acessos do grupo C₃₃.

4.5.1. RESULTADOS DA AVALIAÇÃO DE 1977

A Figura 9 apresenta a dispersão dos acessos do grupo C₃₃, para o ano de 1977, com base no primeiro e segundo componentes principais, os quais explicaram 17,76% e 16,33% da variação, respectivamente (Tabela 11). A dispersão dos acessos pertencentes a este grupo, demonstra haver uma tendência à separação do mesmo em dois conglomerados. O primeiro parece ser composto pelos acessos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 12, 14, 15, 17, 18, 20, 21, 22, 23, 25, 26 e o segundo constituído dos acessos 1, 9, 13, 24, 27, 28, 29 (numeração de acordo com a Tabela 10). Ainda, os acessos 16 (BGM 058) e 19 (BGM 126) mostraram um comportamento bastante divergente em relação ao restante dos acessos.

A dispersão baseada no terceiro e quarto

componentes principais, representando 13,11% e 9,23% da variação, respectivamente (Figura 10) revelou um comportamento mais disperso do grupo C₃₃. Entretanto, pode ser considerada a existência de três conglomerados de pontos, quais sejam, o primeiro composto pelos genótipos 2, 3, 4, 19, 22, 23, 27 e 28; o segundo, 1, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 14, 17, 20, 21, 25 e 29; e o terceiro, 24, 15 e 26 (numeração conforme a Tabela 10). Os acessos de número 5 (BGM 037), 10 (BGM 128), 13 (BGM 196), 16 (BGM 058) e 18 (BGM 118) apresentaram uma distribuição isolada entre si e em relação ao restante dos genótipos.

Embora os conglomerados tenham sido delineados de forma subjetiva, e a quantidade da variância explicada pelos primeiros componentes principais seja pequena, é possível observar uma determinada coerência no posicionamento espacial para alguns dos acessos, conforme as Figuras 9 e 10. Analisando neste sentido, pode-se notar que os acessos 16 (BGM 058) e 19 (BGM 126) apresentaram uma distribuição similar nas duas dispersões, bem como divergentes em relação ao restante do grupo.

Os resultados das dispersões com base nos primeiros componentes principais, demonstram a existência de uma ampla variabilidade genética dentro do grupo C₃₃. Isto mostra que é possível ao melhorista a seleção de genótipos divergentes, porém portadores de caracteres de importância econômica superiores, para os programas de hibridação.

Figura 9. Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C33, baseada no primeiro e segundo componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1977.

Figura 10. Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C33, baseada no terceiro e quarto componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânicos agrônômicos selecionados, na avaliação de 1977.

4.5.2. RESULTADOS DA AVALIAÇÃO DE 1978

A Figura 11 apresenta a dispersão dos acessos do grupo C₃₃, relativa à avaliação realizada em 1978, com base no primeiro e segundo componentes principais. Estes dois componentes foram responsáveis pela explicação de 17,32% e 16,03% da variância total, respectivamente.

A distribuição espacial dos acessos demonstra haver uma tendência à formação de uma única nuvem de pontos (genótipos), compreendendo quase todos os acessos, a exceção dos genótipos 13 (BGM 196), 14 (BGM 136), 16 (BGM 038), 19 (BGM 126) e 25 (BGM 010), que apresentaram-se dispersos em relação aos demais acessos.

A dispersão dos acessos com base no terceiro e quarto componentes principais, responsáveis por 12,52% e 11,60% da variação, respectivamente (Figura 12), sugere a separação dos genótipos em três conglomerados, sendo o primeiro composto pelos acessos 5, 6, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 17, 18, 21, 22, 24, 27 e 28; o segundo, 1, 2, 3, 4, 20, 23 e 25; e o terceiro, 7, 26 e 29 (numeração conforme a Tabela 10). Os acessos de número 14 (BGM 136), 16 (BGM 058) e 19 (BGM 126) apresentaram uma distribuição independente entre si e em relação aos demais genótipos.

Figura 11. Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo Css, baseada no primeiro e segundo componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1978.

Figura 12. Dispersão dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C33, baseada no terceiro e quarto componentes principais, obtidos com os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, na avaliação de 1978.

Através da comparação entre as duas figuras de distribuição foi possível observar uma certa analogia entre a localização e mudança de posicionamento dos acessos, quando tomados em relação ao primeiro e segundo, e terceiro e quarto componentes principais. O comportamento distinto dos acessos 14 (BGM 136), 16 (BGM 058) e 19 (BGM 126), comuns às duas dispersões, reforça a hipótese de que estes genótipos sejam portadores de uma maior divergência genética, em relação aos demais membros do grupo C₃₃.

4.5.3 COMPARAÇÃO ENTRE OS RESULTADOS OBTIDOS EM 1977 E 1978

Os resultados apresentados na Tabela 11, demonstram que as estimativas dos valores característicos, para cada componente principal, em relação às avaliações realizadas em 1977 e 1978, são de magnitude muito semelhante entre si. O nível de concordância entre as variâncias dos componentes principais, para as duas épocas, faz pressupor a existência de um significativo grau de estabilidade, para os descritores selecionados.

Através da análise das figuras de dispersão dos 29 acessos do grupo C₃₃, com base no primeiro e segundo, e, terceiro

e quarto componentes principais (Figuras 11,12,13,14) pode-se constatar que apesar da existência de sensíveis discrepâncias no posicionamento multivariado, formando diferentes conglomerados de acessos, entre anos, a relação de mudança de coordenadas e a associação entre alguns pares de genótipos foi mantida. As discrepâncias observadas, dentro do mesmo ano, podem ser devidas, principalmente, ao efeito de mudança de coordenadas e ao nível de variância considerada pelos componentes principais. Entre anos, essa discordância pode ser atribuída, principalmente, ao efeito da interação genótipo x ambiente, decorrente do diferencial de resposta fenotípica existente entre os acessos, em virtude da mudança ambiental. Resultados concordantes também foram obtidos por UPADHYAY & MURTY (1970) e MURTY et alii (1973); enquanto, que, KATIHAR (1978), SINGH & GUPTA (1979), JAIN et alii (1981), JASTARA & PARODA (1983) e SINGH & GILL (1984) não observaram relação na composição dos conglomerados, entre anos.

A estabilidade do número e composição dos agrupamentos de genótipos, através de ambientes, a despeito da existência de mudanças sazonais e das práticas fitossanitárias, pode ser explicada por uma estabilidade das populações, conferida pelos caracteres avaliados, MURTY et alii (1973). A situação inversa, segundo SINGH & GILL (1984), é decorrente de uma resposta diferenciada dos genótipos, para os caracteres considerados, em função da mudança ambiental. JAIN et alii (1981) e JASTARA & PARODA (1983) relatam que a variação ambiental é a

Tabela 11. Valores característicos (k_1) e percentagem acumulada da variância dos componentes principais (%), com base nos 14 descritores botânico-agronômicos selecionados e os 29 acessos do grupo C₃₃, em duas avaliações.

Componente	1977		1978	
	k_1	%	k_1	%
1	2,4875	17,76	2,4250	17,32
2	2,2861	34,09	2,2447	33,35
3	1,8345	47,20	1,7520	45,87
4	1,2925	56,43	1,6242	57,47
5	1,2752	65,54	1,1587	65,74
6	1,2036	74,14	1,0043	72,92
7	0,8706	80,35	0,9403	79,63
8	0,7371	85,62	0,8485	85,69
9	0,5533	89,57	0,7814	91,28
10	0,5169	93,27	0,4591	94,56
11	0,3890	96,04	0,3082	96,76
12	0,2502	97,83	0,2367	98,45
13	0,1902	99,19	0,1149	99,27
14	0,1126	100,00	0,1014	100,00

principal causa de mudança na composição dos conglomerados.

Em todas as figuras de dispersão, os acessos 13 (BGM 196), 16 (BGM 058) e 19 (BGM 126) apresentaram uma distribuição acentuadamente independente em relação ao restante do grupo. Este comportamento demonstra serem os mesmos mais divergentes geneticamente, considerando-se os demais elementos do grupo C₃₃.

Os resultados das dispersões para os dois anos demonstram haver uma significativa diversidade genética entre os acessos do grupo C₃₃. Tal fato permite predizer a possibilidade da obtenção de indivíduos superiores, em populações segregantes e/ou híbridos, a partir da seleção e cruzamento entre genótipos divergentes, pertencentes a este grupo.

4.6. IMPORTÂNCIA DOS DESCRITORES NA DEFINIÇÃO DOS COMPONENTES PRINCIPAIS

Na Tabela 12 são apresentados os quatro primeiros vetores característicos associados aos descritores botânico-agronômicos selecionados, para as avaliações de 1977 e 1978.

A taxa de explicação da variância associada a cada componente principal é dada pela combinação linear dos coeficientes dos descritores padronizados. Portanto, um coeficiente com maior valor absoluto corresponde a uma mais alta importância da variável original, na definição do componente principal.

Os descritores com maior efeito ou influência sobre o primeiro componente principal foram Corpol, Suprz e Faccol, para a avaliação de 1977; e, Distcf, Antr e Pedc, para 1978. Em 1977, o primeiro componente ressalta melhor a importância dos descritores da raiz, enquanto que, em 1978, ele recebeu uma maior influência dos descritores da parte aérea. O maior coeficiente, para o segundo vetor, correspondeu aos descritores de raiz Cint e Suprz, para 1977 e 1978, respectivamente.

Na primeira avaliação, o terceiro vetor mostrou-se mais influenciado pelos descritores Hram e Pesrz, enquanto que, para o quarto vetor, o descritor Amid foi mais importante. Já para a segunda avaliação, o terceiro vetor demonstrou sofrer uma maior influência dos descritores Corpec e Pesrz, enquanto que o quarto vetor mostrou-se mais relacionado ao caráter Faccol.

De uma forma geral, todos os descritores demonstraram apresentar forte influência sobre um ou mais

Tabela 12. Composição dos vetores característicos associados aos quatro primeiros componentes principais, no grupo de acessos C₃₃, em duas avaliações.

Descritor	1977				1978			
	1	2	3	4	1	2	3	4
Faccol	0,413	0,381	0,079	0,103	0,145	-0,032	-0,212	0,556
Distcf	0,213	-0,026	-0,103	0,345	0,535	0,058	0,118	-0,099
Hram	0,010	0,006	0,576	-0,157	0,208	-0,409	0,385	0,029
Altpl	-0,366	-0,365	0,012	0,323	0,243	0,243	0,129	-0,118
Larlob	0,316	0,238	-0,233	-0,319	-0,326	-0,144	-0,214	-0,246
Corpec	0,085	-0,353	-0,229	0,223	0,141	-0,153	-0,426	0,195
Suprz	0,419	-0,309	0,092	-0,166	0,021	0,527	-0,230	-0,081
Despel	0,167	-0,056	-0,336	0,347	-0,267	0,242	-0,115	0,451
Corpol	-0,421	0,344	0,013	0,327	0,060	0,257	0,253	0,324
Pedc	-0,328	0,016	0,065	-0,079	-0,394	-0,083	0,007	-0,250
Cint	-0,028	0,419	-0,193	0,295	-0,024	-0,360	-0,192	0,322
Pesrz	-0,075	-0,145	-0,533	-0,246	0,085	-0,178	-0,422	-0,199
Amid	0,170	-0,329	0,233	0,485	-0,144	-0,333	0,324	0,172
Antr	0,195	0,130	0,203	0,190	0,398	-0,205	-0,312	-0,125
variância explicada (%)	17,76	16,33	13,11	9,23	17,32	16,03	12,52	11,60

vetores. Estes resultados, demonstram a existência de um alto nível de importância, para todos os descritores selecionados, na definição dos genótipos.

4.7. ESTIMATIVA DA DISTÂNCIA GENÉTICA DENTRO DO GRUPO C₃₃

Conforme foi mostrado na metodologia a distância genética, entre cada par de acessos do grupo C₃₃, foi estimada através da distância Euclidiana média, com base na matriz de dados transformados. As distâncias estimadas, para cada combinação de dois acessos, referentes às avaliações realizadas em 1977 e 1978, encontram-se nas Tabelas 13 e 14, respectivamente.

A média obtida das distâncias entre os pares de acessos, na avaliação de 1977, foi de $d=1,36$. Também para este ano, a maior e menor distâncias alcançadas foram de $d=2,63$ e $d=0,43$, envolvendo os pares de genótipos 16 (BGM 058) com 24 (BGM 072), e 3 (BGM 137) com 7 (BGM 233), respectivamente. Entre os pares de acessos que apresentaram maior distância entre si, em 1977, destacam-se os BGM 058 com BGM 072 ($d=2,63$), BGM 058 com BGM 118 ($d=2,53$), BGM 196 com BGM 058 ($d=2,41$), BGM 058 com BGM 086 ($d=2,40$), BGM 058 com BGM 020 ($d=2,31$), e BGM 058 com BGM 266

Tabela 13. Distância Euclidiana média entre os 29 acessos de mandioca pertencentes ao grupo C₃₃, com base na avaliação de 1977.

[illegible]

($d=2,30$). Por outro lado, as menores distâncias foram obtidas pelos pares BGM 137 com BGM 233 ($d=0,43$), BGM 220 com BGM 155 ($d=0,61$), BGM 176 com BGM 210 ($d=0,61$), BGM 233 com BGM 056 ($d=0,63$), BGM 128 com BGM 210 ($d=0,66$), e BGM 210 com BGM 052 ($d=0,66$).

Para 1978, a média das estimativas das distâncias foi de $d=1,37$, sendo que os extremos encontrados foram de $d=2,53$ e $d=0,42$, para a maior e menor distâncias, respectivamente. Estes resultados são muito próximos dos obtidos para o ano anterior.

Entre as combinações com maior distância entre si sobressairam as seguintes composições: BGM 058 com BGM 196 ($d=2,53$), BGM 058 com BGM 126 ($d=2,29$), BGM 058 com BGM 093 ($d=2,23$), BGM 058 com BGM 136 ($d=2,21$), BGM 196 com BGM 137 ($d=2,22$) e BGM 196 com BGM 010 ($d=2,20$). Por outro lado, as menores distâncias foram conseguidas pelas combinações do BGM 128 com BGM 155 ($d=0,42$), BGM 052 com BGM 157 ($d=0,45$), BGM 052 com BGM 233 ($d=0,54$), BGM 094 com BGM 085 ($d=0,60$), BGM 133 com BGM 157 ($d=0,62$) e BGM 094 com BGM 210 ($d=0,64$).

Entre os pares de genótipos que se destacaram por apresentarem as maiores ou menores distância Euclidiana entre si, verificam-se algumas discrepâncias na relação obtida para cada ano. Estas diferenças podem ser justificadas através do comportamento diferenciado dos genótipos, quando submetidos a

mudança ambiental, tendo como consequência uma alteração na posição relativa entre os acessos.

Entretanto, a extensão destas modificações parece não apresentar grande significância, conforme pode ser constatado através dos agrupamentos formados, com a utilização dos métodos de Tocher e do Vizinho Mais Próximo, Tabela 15 e Figuras 13 e 14.

Analisando apenas no sentido da maior divergência ou isolamento em relação ao restante do grupo, as maiores médias de distâncias, na avaliação de 1977, foram alcançadas pelos acessos BGM 058 ($\bar{x}_d=2,19$), BGM 072 ($\bar{x}_d=1,87$), BGM 126 ($\bar{x}_d=1,61$) e BGM 196 ($\bar{x}_d=1,49$). Em 1978, as maiores médias foram obtidas pelos acessos BGM 058 ($\bar{x}_d=1,89$), BGM 126 ($\bar{x}_d=1,86$), BGM 196 ($\bar{x}_d=1,72$) e BGM 136 ($\bar{x}_d=1,60$). Nota-se que, a exceção dos acessos BGM 136 e BGM 072, houve uma concordância total entre os acessos mais divergentes, para as duas épocas. Este nível de concordância foi igualmente verificado, no agrupamento pelos métodos de Tocher e do Vizinho Mais Próximo.

Desta forma, parece que as maiores alterações foram causadas por diferenças de magnitude com alteração de coordenadas, sendo no entanto, mantidas as posições relativas.

Outro aspecto a salientar, refere-se a satisfatória concordância entre os resultados obtidos através dos

Tabela 15. Composição dos agrupamentos, obtidos pelo método de Tocher, em relação aos 29 acessos do grupo C33, para duas avaliações.

Grupos	Acessos* incluídos	
	1977	1978
I	3, 7, 20, 21, 12, 8, 10, 11, 4, 17, 6, 14, 26, 15, 23, 29, 22, 2, 5, 28, 9, 1, 25, 27, 18, 13, 19, 24	10, 21, 11, 17, 18, 9, 12, 8, 24, 3, 4, 23, 7, 6, 20, 28, 5, 2, 27, 22, 15, 26, 1, 25, 29
II	16	14
III	-	16
IV	-	19
V	-	13

* numeração de acordo com a Tabela 10.

Figura 13. Dendrograma dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C₃₃, agrupados pelo método do Vizinho Mais Próximo, com base na distância Euclidiana média, considerando os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados para a avaliação de 1977.

Figura 14. Dendrograma dos 29 acessos de mandioca, pertencentes ao grupo C33, agrupados pelo método do Vizinho Mais Próximo, com base na distância Euclidiana média, considerando 14 descritores botânico-agronômicos selecionados, para a avaliação de 1978.

métodos anteriormente mencionados e aqueles alcançados pela dispersão dos acessos, com base nos primeiros componentes principais, Figuras 9,10,11,12,13,14 e Tabela 15. Resultados concordantes entre métodos multivariados, também foram obtidos por CUARTERO et alii (1983).

A coerência entre os resultados obtidos pelas diferentes técnicas, permite uma boa confiabilidade nas estimativas e nos métodos de avaliação da divergência genética utilizados. A obtenção de resultados desta natureza, representa um grande auxílio para classificação e manipulação dos acessos, tendo em conta o objetivo da sua utilização no melhoramento da cultura.

Por outro lado, a ocorrência de algumas discrepâncias entre os resultados das duas avaliações, sugere a necessidade da inclusão de novos descritores, mais estáveis a mudança ambiental; ou então, a realização de um maior número de avaliações, em diversos locais ou anos, visando obter uma média das estimativas. Entretanto, deve ser lembrado que o uso de descritores de órgãos reprodutivos, considerados mais estáveis, origina um maior grau de dificuldade na avaliação do germoplasma de mandioca, em razão da irregularidade no processo de florescimento da espécie. Este é o principal motivo da não inclusão desta classe de descritores na maioria das avaliações dos Bancos de Germoplasma de mandioca.

A existência de considerável nível de diversidade genética, entre os acessos de mandioca do grupo C₃₃, demonstra ser possível a seleção de genótipos divergentes, apenas entre o material elite. Assim, o cruzamento entre genótipos divergentes, contudo apresentando elevado potencial produtivo, deve aumentar a possibilidade da obtenção de segregantes transgressivos. Neste sentido, deve ser lembrado que o sucesso nos programas de melhoramento está em se combinar materiais divergentes entre si, porém portadores de complementação alélica, para caracteres de importância.

Outro aspecto a considerar, é com relação aos efeitos negativos, causados pelos retrocruzamentos, em espécies heterozigotas como a mandioca. Assim, os cruzamentos podem ser orientados com base em informações sobre a divergência genética entre os paternais, o que deve contribuir para se evitar os problemas de endogamia, em ciclos recorrentes.

4.8. DESCARTE SUCESSIVO DE VARIÁVEIS

Na Tabela 16 são apresentados os descritores selecionados, em sucessivas análises de Componentes Principais, com descarte de variáveis. Os valores característicos e

percentagem acumulada da variância para os quatro primeiros componentes principais, referentes às análises com diferentes grupos de descritores, encontra-se na Tabela 17.

Procedeu-se ao descarte sucessivo dos 14 descritores, inicialmente selecionados, até restarem o mínimo de quatro variáveis, para cada avaliação. Este procedimento visou avaliar o efeito do descarte sucessivo sobre o tipo de variável retida, em cada ano, e sobre a concentração da variância nos primeiros componentes. MARDIA (1979) recomenda que se deve reter um mínimo de quatro variáveis, sendo que, com menos de oito descritores, uma significativa parcela da variância total deixa de ser considerada, juntamente com as variáveis descartadas.

Foram necessários três e quatro descartes sucessivos, até serem obtidas um mínimo de quatro variáveis, para os anos de 1977 e 1978, respectivamente. Observa-se que foi grande o número de descritores comuns retidos, para as duas avaliações, na primeira e segunda seleções. Entretanto, apenas um único descritor mostrou-se comum as duas avaliações, quando considerados os últimos quatro descritores selecionados. Este resultado demonstra que diferentes tipos de descritores apresentaram maior importância na descrição da variância total, para os dois anos considerados.

Levando-se em conta a primeira análise, quando

Tabela 16. Descritores selecionados através de sucessivos descartes da variável de maior coeficiente, nas componentes principais com variância menor que 0.70, em relação ao grupo de acessos C33.

Ano	descritores* iniciais	1ª seleção	2ª seleção	3ª seleção	4ª seleção
1977	1,2,4,6, 11 12,14,16,18 20,21,22,23 25	11,12,14,16 18,20,21,22 23	12,16,18 20,21,22	12,20 21,22	-
1978	1,2,4,6, 11 12,14,16,18 20,21,22,23 25	6,11, 12 14,16,18 20,21,23	6,11,16 20,21,23	6,16, 20,21 23	6,16 21,23

* numeração de acordo com a Tabela 2.

Tabela 17. Valores característicos (k_1) e percentagem acumulada da variância (%) para os quatro primeiros componentes principais, nas análises com diferentes conjuntos de descritores, para o grupo de acessos C33, em duas avaliações.

Descritores*	Componente	1977		1978	
		k_1	%	k_1	%
grupo dos descritores selecionados	1	2,487	17,76	2,425	17,32
	2	2,286	34,09	2,244	33,30
	3	1,834	47,20	1,752	45,87
	4	1,292	56,43	1,624	57,47
1ª seleção	1	2,340	26,00	1,968	21,86
	2	1,457	42,19	1,412	37,55
	3	1,332	57,00	1,273	51,70
	4	1,216	70,51	1,234	65,41
2ª seleção	1	1,808	30,13	1,528	25,47
	2	1,254	51,04	1,084	43,54
	3	0,973	67,27	0,974	59,77
	4	0,803	80,67	0,937	75,38
3ª seleção	1	1,294	32,36	1,414	28,27
	2	1,013	57,70	0,974	47,75
	3	0,897	80,13	0,938	66,52
	4	0,794	100,00	0,928	85,09
4ª seleção	1	-	-	1,212	30,29
	2	-	-	0,957	50,23
	3	-	-	0,929	77,46
	4	-	-	0,901	100,00

* de acordo com as Tabelas 2 e 16.

todos os descritores foram comuns aos dois anos, nota-se que o volume da variância abrangida pelos primeiros componentes foi muito próxima, para as duas avaliações. Entretanto, à medida que aumentaram as discrepâncias entre os conjuntos de descritores, o nível de informação contido em cada componente, para os dois anos, também variou. Este resultado demonstra a ocorrência de uma diferente perda de informação, causado pelo descarte de descritores, nos dois anos.

Embora a redução do número de variáveis tenha provocado um aumento da variância explicável para cada componente, este aumento parece ter sido proporcional a todos eles. Com os descartes não ficou demonstrada uma grande concentração da informação nos primeiros componentes, sendo necessário a consideração de vários componentes de modo a abranger a maior parte da variância total. Ainda, pode-se afirmar que entre os descritores considerados, nenhum deles sozinho concentrou suficiente informação para descrever a variância total contida, no grupo de acessos.

Desta maneira, pode-se concluir que, embora o descarte das variáveis redundantes apresente um efeito benéfico sobre a realização das análises, a drástica redução do número de descritores traz como consequência uma sensível perda de informação sobre a variabilidade genética contida no grupo de genótipos.

4.9. ESTABILIDADE FENOTÍPICA DOS ACESSOS PERTENCENTES AO GRUPO C₃₃

A Tabela 18 apresenta as estimativas das distâncias Euclidiana para os acessos do grupo C₃₃, decorrente da própria variação fenotípica de cada um, quando estes foram submetidos a influência da variação de dois anos (ambientes).

O grau de variação fenotípica, entre as duas avaliações, oscilou de $d=0,95$ a $d=6,24$, para os acessos BGM 136 e BGM 118, respectivamente. Entre os acessos que apresentaram maior estabilidade, em ordem decrescente, destacam-se: BGM 136, BGM 176, BGM 196, BGM 072, BGM 012, BGM 093, BGM 056, BGM 085 e BGM 233. Por outro lado, os acessos que apresentaram maior variação entre as avaliações foram: BGM 118, BGM 168 e BGM 052.

Os resultados obtidos indicam que a influência ambiental sobre a manifestação dos descritores é bastante significativa, para grande parte dos genótipos. Assim, a caracterização do germoplasma de mandioca, deve ser baseada em um maior número de avaliações, visando reduzir os problemas na classificação dos acessos, decorrentes da plasticidade fenotípica apresentada pelos mesmos.

Tabela 18. Distância Euclidiana média inter ano para cada acesso de mandioca, pertencente ao grupo C₃₃, baseado nas avaliações de 1977 e 1978, para os 14 descritores botânico-agronômicos selecionados.

Acessos	d _{1,2}	Acessos	d _{1,2}
BGM 266	3,79	BAGM 058	3,23
BGM 123	4,66	BAGM 008	3,22
BGM 137	4,92	BAGM 118	6,24
BGM 052	5,18	BAGM 126	5,66
BGM 037	4,59	BAGM 056	2,53
BGM 220	4,00	BAGM 155	4,32
BGM 233	2,97	BAGM 033	3,75
BGM 176	1,53	BAGM 157	4,86
BGM 094	3,68	BAGM 072	1,91
BGM 128	4,27	BAGM 010	4,39
BGM 085	2,57	BAGM 012	2,26
BGM 210	4,13	BAGM 168	5,42
BGM 196	1,63	BAGM 086	3,71
BGM 136	0,95	BAGM 093	2,53
BGM 020	4,36		

4.10. DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE OS GRUPOS C_{1j} E C_{33}

Em muitas situações o melhorista pode se ver obrigado também a usar outros genótipos, que não aqueles pertencentes ao grupo C_{33} . Nestes casos, apresenta enorme importância o conhecimento da divergência genética entre os materiais envolvidos. De uma forma simplificada, pode-se avaliar as relações de similaridade genética que envolvem os acessos pertencentes a diferentes grupos, através de uma estimativa da distância que separa esses grupos. Entretanto, a informação de maior interesse ou utilidade é aquela relativa a divergência existente entre os grupos C_{1j} e o grupo C_{33} .

Na Tabela 19 são apresentadas a distância média, a variância total dentro, a divergência total dentro e a divergência genética dos grupos C_{1j} em relação a C_{33} , para as duas épocas avaliadas.

A diversidade genética total dentro dos oito grupos C_{1j} parece ser de magnitude semelhante à do grupo C_{33} . Este resultado pode ser considerado como esperado, uma vez que todos os grupos representam amostras do Banco, exceto em relação aos descritores *Pesrz* e *Amid*.

Para a avaliação realizada em 1978, pode-se

Tabela 19. Distância média, variância total dentro, divergência genética dentro e divergência genética entre os grupos de acessos C_{1j} e o grupo C_{33} , em duas épocas de avaliação.

Ano	Grupo C_{1j}	distância média dos grupos C_{1j} em relação a C_{33}	$(d^2_{C_{33}-C_{1j}})$	número de acessos por grupo (n_{ij})	variância total dentro dos grupos C_{1j} $(\sigma^2_{d_{1j}})$	divergência genética dentro dos grupos C_{1j} $(2\sigma^2_{d_{1j}})$	divergência dos grupos C_{1j} em relação a C_{33} $(\bar{d}^2_{C_{33}-C_{1j}})$
1977	C_{11}	194,33		26	29,64	59,28	256,39
	C_{12}	177,26		33	30,40	60,80	240,30
	C_{13}	156,02		33	29,04	58,08	217,74
	C_{21}	48,02		29	24,95	49,90	105,67
	C_{22}	33,36		33	26,57	53,14	92,69
	C_{23}	43,38		42	22,41	44,82	98,82
	C_{31}	21,28		22	44,17	88,34	97,01
	C_{32}	2,05		33	30,78	61,56	65,46
	C_{33}	-		29	34,76	69,42	-
1978	C_{11}	63,69		26	16,41	32,82	100,04
	C_{12}	51,45		33	17,01	34,02	88,51
	C_{13}	45,42		33	13,27	26,54	78,86
	C_{21}	37,57		29	15,93	31,86	73,52
	C_{22}	19,34		33	12,93	25,86	52,45
	C_{23}	13,95		42	12,84	25,68	47,06
	C_{31}	13,29		22	21,65	43,30	54,53
	C_{32}	6,98		33	14,98	29,96	42,08
	C_{33}	-		29	21,31	42,62	-

observar que as estimativas da variância total, dentro de todos os grupos, foram de magnitude inferior às obtidas em 1977. Contudo, a diferença relativa demonstrou ser proporcional para todos os grupos. Essa desigualdade de magnitude das variâncias, entre os anos, também pode ter sido causada pela influência da mudança ambiental sobre a expressão dos caracteres, fato já discutido anteriormente. Resultados semelhantes foram obtidos por UPADHYAY & MURTY (1970) e SINGH & GUPTA (1979), os quais concluíram que a expressão máxima dos caracteres pode ser inibida em condições de estresse ambiental.

Dessa maneira, a maior manifestação da variância, em 1977, pode ser atribuída a uma melhor condição ambiental obtida naquele ano. É importante salientar que os cálculos destas variâncias foram realizados a partir de dados não transformados. Assim, as diferenças de escala e magnitude, para cada descritor, entre anos, deve ter sido significativa para a ocorrência das discrepâncias entre as estimativas.

A divergência genética dentro dos grupos, sendo o dobro da variância total dentro, resultou na mesma relação entre os grupos, conforme a discussão anterior. Nas duas avaliações, os grupos C₃₁ e C₂₃ apresentaram a maior e menor divergência dentro, respectivamente. Neste sentido, esta observação merece destaque, uma vez que o grupo C₂₃ apresentou o maior número de elementos (n=42), enquanto, o grupo C₃₁ é o que exibiu o número mais

reduzido ($n=22$). Este resultado demonstra que deve ocorrer genótipos mais divergentes entre si, no grupo C_{31} , do que no grupo C_{23} .

A distância média entre os grupos C_{1j} e o grupo C_{33} não constitui uma medida comparável da divergência entre os grupos, uma vez que a mesma é influenciada pela variância e pelo número de genótipos considerados. Dessa forma podemos considerá-la como uma medida da distância entre epicentros, e portanto, a sua estimativa apresenta pouca importância na descrição da divergência entre grupos.

Por outro lado, a divergência dos grupos C_{1j} em relação ao grupo C_{33} , quando estimada pela expressão contida na Tabela 19, constitui-se em uma medida de distância que leva em consideração estas duas fontes de erro. Desta forma podemos considerá-la como uma estimativa mais precisa da distância genética entre os grupos comparados.

Os resultados das estimativas da divergência genética entre os grupos C_{1j} e o grupo C_{33} , demonstra haver um aumento crescente da distância de C_{32} em direção a C_{11} . Este mesmo resultado foi verificado para os dois anos avaliados, observando-se, apenas, uma diferença de magnitude.

Uma análise do grau de divergência que envolve os

grupos C_1 , em relação a C_{33} , para as duas avaliações, permite deduzir que os níveis dos descritores Pesrz e Amid, adotados para compôr os grupos, foram decisivos na discriminação da divergência. Esta conclusão foi fundamentada pelo fato de que, apenas os valores destes dois descritores foram determinados para cada grupo, enquanto que, os níveis assumidos pelos outros caracteres podem ser considerados como uma amostra do BAGM. Esta mesma influência foi também observada para as estimativas da distância média, medida esta que não leva em consideração os efeitos da variância dentro e o número de acessos de cada grupo.

A Tabela 20 apresenta um resumo da análise de regressão para os grupos C_1 , em relação a C_{33} . Os resultados obtidos demonstram haver um ajustamento significativo para o modelo de regressão linear. Os coeficientes de determinação alcançados foram de 83,58% e 91,28%, para a regressão de 1977 e 1978, respectivamente.

As equações de regressão apresentadas nas Figuras 15 e 16, indicam que a divergência genética em relação a C_{33} , aumenta linearmente de C_{32} para C_{11} , nas duas épocas avaliadas.

O paralelismo entre as duas retas, testado pelos coeficientes b 's das duas regressões, resultou em um $t = -3,87$, altamente significativo. Este resultado demonstra que, embora as duas regressões exibam o mesmo sentido e direção, elas não

Tabela 20. Análise de regressão das distâncias relativa ao grupo de acessos C₃₃, em função do valor econômico atribuído aos oito grupos (C₁₁ até C₃₂), em duas épocas de avaliação.

Ano	FV	GL	SQ	QM	F
1977	Regressão	1	34937,36	34937,36	30,54**
	Desvios	6	6864,24	1144,04	
	Total	7	41801,59		
1978	Regressão	1	2151,12	2851,12	62,88**
	Desvios	6	272,05	45,04	
	Total	7	3323,17		

** significativo a 1%.

Tabela 21. Estimativas e variâncias dos coeficientes de regressão para os grupos de acessos de C₁₁ a C₃₂, em duas épocas de avaliação.

	1977	1978
Intercepto (coeficiente linear) b_0	276,547	104,207
Inclinação (coeficiente angular) b_1	- 28,842	- 8,239
Variância de b_0	694,595	27,528
Variância de b_1	27,239	1,079
Covariância (b_0, b_1)	-122,576	- 4,858
Coeficiente de determinação (%)	83,579	91,289

Figura 15. Linha de regressão das distâncias dos grupos C_{11} a C_{32} , em relação a C_{33} , para a avaliação de 1977.

Figura 16. Linha de regressão das distâncias dos grupos C_{11} a C_{32} , em relação a C_{33} , para a avaliação de 1978.

apresentam homogeneidade entre si. Isto pode ser visto pelo ângulo de inclinação apresentado pelas duas retas, de $91,92^\circ$ e $96,92^\circ$, para 1977 e 1978, respectivamente. O não paralelismo apresentado pelas duas retas pode ter sido causado pela maior variância associada aos coeficientes de regressão, estimados para 1977, em comparação com a obtida em 1978, Tabela 21.

5. CONCLUSÕES

Considerando as condições em que foi realizado este trabalho, os resultados obtidos permitem apresentar as seguintes conclusões:

1. Em relação ao estudo do descarte de descritores, pode-se generalizar que,

_ O método de descarte de variáveis, através da utilização da análise de Componentes Principais, possibilitou uma redução de 50% dos descritores inicialmente considerados. Essa redução, de 28 para 14 descritores, resultou em uma menor complexidade para a realização e interpretação das análises, assim como exigiu um menor tempo para processamento do dados.

_ Através da análise de Componentes Principais foram selecionados os descritores Faccol, Distcf, Hram, Altpl, Larlob, Corpec, Suprz, Despel, Corpol, Pedc, Cint, Pesrz, Amid e Antr, considerados discriminantes e estáveis, enquanto que, foram descartados Corc, Altram, Corbt, Numlob, Morlob, Comlob, Flor, Corpel, Corrz, Comrz, Indcol, Fer, Did e Acar por se mostrarem instáveis, não discriminantes e/ou redundantes.

_ Foi grande o número de combinações de descritores selecionados e descartados que apresentaram correlação significativa, entre

si. Assim, ficou confirmado que os descritores descartados são plenamente dispensáveis por serem redundantes, ou seja, eles são responsáveis pelo mesmo tipo de informação já contida nos descritores selecionados.

_ Entre os descritores selecionados foram poucas as combinações que apresentaram correlação significativa; fato inverso, ocorreu entre os descritores descartados. Isto indica que, cada descritor selecionado é responsável por um tipo de informação biológica exclusiva e que a ação conjunta dos mesmos é complementar para a descrição geral dos acessos.

_ O comportamento dos 28 descritores considerados apresentou elevado grau de variação entre os dois anos. Entretanto, alguns descritores mostraram ser mais estáveis e, portanto, mais precisos para a caracterização do germoplasma de mandioca.

2. Com base na análise de Componentes Principais, pode-se salientar que,

_ A participação relativa de cada descritor selecionado, na composição dos primeiros componentes principais, demonstrou que todos apresentam um elevado grau de importância para a descrição dos acessos.

_ As dispersões dos acessos, com base nos primeiros componentes

principais, evidenciaram que a variabilidade genética, presente no BAGM, parece ser de natureza bastante ampla e contínua.

_ A estreita proximidade e sobreposição de alguns pontos, relativa à dispersão multivariada dos 280 acessos do BAGM, revelou a existência de genótipos muito semelhantes entre si, ou iguais e com registros diferentes.

° 3. A proposta de análise da divergência genética considerando a divisão dos acessos em sub-grupos, conforme sua importância econômica, constituiu-se em uma estratégia eficiente, tendo em vista uma manipulação mais racional e objetiva da variabilidade presente no BAGM.

° 4. Através da divisão dos acessos em grupos, conforme a produção de raízes e amido, notou-se que,

_ O estudo da divergência genética, dentro do grupo de acessos com mais alta produção de raízes e amido (C₃₃), demonstrou que a mesma parece ser de magnitude bastante ampla. Este resultado indica que a seleção de progenitores, para programas de melhoramento, pode ser realizada dentro do grupo C₃₃, com boas possibilidades da obtenção de segregantes transgressivos.

_ Dentro do grupo C₃₃, os acessos que demonstraram apresentar a maior divergência genética, em relação ao restante do grupo, nas

duas avaliações, foram o BGM 196, BGM 058 e BGM 126.

5. As análises de conglomeração ("Cluster Analysis") dos acessos do grupo C₃₃, realizadas através dos métodos de Tocher e do Vizinho Mais Próximo, apresentaram resultados estreitamente concordantes. Tal fato demonstrou haver uma boa precisão, na hierarquia estabelecida, para a divergência entre os genótipos.

6. A análise de estabilidade dos acessos do grupo C₃₃, estimada com base na distância Euclidiana média, decorrente da alteração fenotípica de cada genótipo, entre os anos, demonstrou haver elevado grau de variação entre os materiais, oriundo do efeito da interação genótipo x ambiente. Assim, uma única avaliação do BAGM, parece não ser suficiente para estimar a real variabilidade presente entre os genótipos.

7. Através da análise de regressão, pôde-se constatar uma associação linear e significativa entre as divergências genéticas dos oito grupos (C₃₂ a C₁₁), em relação ao grupo elite (C₃₃), e a medida do grau de importância econômica atribuída a estes grupos.

8. A conformidade entre os resultados obtidos com os métodos utilizados, para descarte de variáveis e estimação da divergência genética, permitem a recomendação destas técnicas para a avaliação do BAGM, quando o objetivo for a utilização do germoplasma no melhoramento da mandioca.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACOSTA-ESPINOSA, J. Eficiência de policruzamentos para recombinação gênica e estimação de parâmetros genéticos em mandioca (Manihot esculenta Crantz). Piracicaba, 1983. 79p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

ACOSTA-ESPINOSA, J. Variabilidade e associações genéticas entre caracteres de mandioca (Manihot esculenta Crantz) combinando policruzamentos e propagação vegetativa. Piracicaba, 1984. 118p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

ADAMS, M.W. & WIERSMA, J.V. An adaptation of principal components analysis to an assessment of genetic distance. Research Report; Michigan State University, East Lansing, 347: 2-7, 1978.

ALLARD, R.W. Princípios do melhoramento genético de plantas. Rio de Janeiro, USAID, 1971. 331 p.

ALMARAJ, S.F.A. Genetic divergence in *Gossypium barbadense* L. Genetica Agraria, Roma, 36: 23-30, 1982.

- ANAND, I. J. & RAWAT, D. S. Genetic diversity combining ability and heterosis in brown mustard. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 44: 226-34, 1984.
- ANUARIO ESTATISTICO DO BRASIL - 1986, Rio de Janeiro, 47: 281, 1987.
- ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 41: 226-36, 1981.
- ARUNACHALAM, V. & BANDYOPADHYAY, A. Limits to genetic divergence for occurrence of heterosis - experimental evidence from crop plants. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 44: 548-54, 1984.
- ARUNACHALAM, V.; BANDYOPADHYAY, A.; NIGAM, S. M.; GIBBONS, R. W. Heterosis in relation to genetic divergence and specific combining ability in groundnut (Arachis hipogaea L.). Euphytica, Wageningen, 33: 33-9, 1984.
- AYAD, W.G. A glossary of plant genetic resources terms; english/arabic. Rome, IBPGR, 1980. 105 p.
- BEALE, E.M.L.; KENDALL, M.G.; MANN, D.W. The discarding of the variables in multivariate analysis. Biometrika, Cambridge, 54:

357-65, 1967.

BEDIGIAN, D.; SMITH, C.A.; HARLAN, J.R. Patterns of morphological variation in Sesamum indicum. Economic Botany, New York, 40: 353-65, 1986.

BELLOTTI, A. & SCHOONHOVEN, A. Plagas de la yuca y su control. Cali, CIAT, 1978. 73 p.

BHAGYALAKSHMI, K. V.; NAGARAJAN, R.; NATARAJAN, B. V. Heterosis in some divergent sugarcane clones. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 56: 15-9, 1986.

BHATT, G.M. Multivariate analysis approach to selection of parents for hybridization aiming at yield improvement in self-pollinated crops. Australian Journal of Agricultural Research, Melbourne, 21: 1-7, 1970.

BHATT, G.M. Comparison of various methods of selecting for hybridization in common bread wheat (Triticum aestivum L.) Australian Journal of Agricultural Research, Melbourne, 24: 457-64, 1973.

BIRADAR, R.S.; REGENDRAN, P.G.; HRISNI, N. Genetic variability and correlation studies in cassava (Manihot esculenta Crantz). Journal Roots Crops, New York, 4: 7-10, 1978.

Apud, Resúmenes Analíticos sobre Yuca (Manihot esculenta, Crantz) Cali, 6: 123, 1978.

BOX, L. & RIVE BOX-LASOCKI, B. de la. Bread of the earth; cassava cultivation, processing and consumption among amerindians. In: BOX, L. & DOORMAN, F., ed. Man and Manihot; case studies on cassava cultivators. Wageningen, s.ed., 1982. v.1.

BYRNE, D. Breeding cassava. In: JANICK, J. ed. Plant breeding reviews. Westport, AVI, 1984. v. 2, p. 73-134.

CHANDRASEKHARIAH, S.R.; MURTY, B.R.; ARUNACHALAM, V. Genetic divergence and phenotypic stability in some interspecific hybrids of eu-sorghum. Indian Journal of Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 34: 294-9, 1974.

CHAUDHARY, B. D. & SING, V. P. Genetic divergence in some indian and exotic barley varieties and their hybrids. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 35: 409-13, 1975.

CIAT. Informe anual. Cali, 1974. 118 p.

CIAT. Informe anual. Cali, 1975. 110 p.

CIAT. Cassava program; annual report 1980. Cali, 1981. 259 p.

COCK, J.H. Cassava; a basic energy source in the tropics.

Science, Washington, 218: 755-62, 1982a.

COCK, J.H. Aspectos fisiológicos del crecimiento y desarrollo de la planta de yuca. In: DOMINGUEZ, C.E.: Yuca; investigación, producción y utilización. Cali, PNDC/CIAT, 1982b. cap.1, p. 51-72.

CONCEIÇÃO, A.J. A mandioca. Cruz das Almas, UFBA/EMBRAPA/BRASCAN NORDESTE, 1979. 382 p.

CORREA, H. & RAMALHO, M.A.P. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da mandioca. In: EFAMIG. Projeto mandioca; Relatório 76/77. Belo Horizonte, 1982. p. 115-6.

COX, T.S.; KIANG, Y.T.; GORMAN, M.B.; RODGERS, D.M. Relationship between coefficient of parentage and genetic similarity indices in the soybean. Crop Science, Madison, 25: 529-32, 1985.

CUARTERO, J.; GOMES-GUILLAMON, M.L.; DIAZ, G.; SIMON, J.J.; CARBONELL, E. Agrupación intraespecífica en variedades de pimiento. Anales de Edafología y Agrobiología, Madrid, 42: 1209-19. 1983.

CRUZ, C.D. Algunas técnicas de análise multivariada no

melhoramento de plantas. Piracicaba, ESALQ-Departamento de Genética, 1987. 75p. (monografia)

DANTAS, J.L.L. Genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para programas de seleção no Recôncavo Baiano. Piracicaba, 1984. 132 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP)

DAS, P.K. & GUPTA, T.D. Multivariate analysis in black gram (*Vigna mungo* (L.) Hepper). Indian Journal genetics & Plant Breeding, New Delhi, 44: 243-7, 1984.

EMBRAPA. Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura. Relatório Técnico Anual - 1979. Cruz das Almas, EMBRAPA/CNPMPF, 1980. 183 p.

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. London, Longman, 1981. 340 p.

FAO PRODUCTION YEARBOOK - 1983, Rome, 37: 128-9, 1984.

FUKUDA, W.M.G. Técnica de polinização manual de mandioca. Cruz das Almas, EMBRAPA/CNPMPF, 1980. 3 p. (CNPMPF. Miscelânea, 1).

FUKUDA, W.M.G.; CARVALHO, H.W.L.; SILVA, S.O.; CALDAS, R.C. Avaliação de clones de mandioca no Centro Nacional de

Mandioca e Fruticultura. Revista Brasileira de Mandioca, Cruz das Almas, 2: 1-7, 1983.

FUNDAÇÃO INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Anuário estatístico do Brasil - 1986. Rio de Janeiro, 47: 281, 1987.

GARDNER, C.O. & EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variaty cross diallel and related populations. Biometrics, Raleigh, 22: 439-52, 1966.

GHADERI, A.; ADAMS, M. W.; NASSIB, A. M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. Crop Science, Madison, 24: 37-42, 1984.

GILL, H.S.; THAKUR, P.C.; THAKUR, T.C. Combining ability in sweet-pepper (Capsicum annum L. var. grossum Gendt.). Indian Journal Agricultural Science, New Delhi, 43: 918-21, 1973.

GOEDERT, C. O.; SILVA, S. O.; MENDES, R. A. Manual de caracterização e avaliação de mandioca. EMBRAPA/CENARGEN, Brasília. 1982. 46p. (datilografado).

GOMES, F.R. Análise multivariada aplicada a competições de produção de milho. Viçosa, 1959. 56 p. (Câtedra - Escola Superior de Agricultura da Universidade Rural do Estado de

Minas Gerais).

- GOODMAN, M.M. The races of maize; I. The use of Mahalanobis generalized distances to measure morphological similarity. Fitotecnica Latinoamericana, San José, 4: 1-23, 1967.
- GOODMAN, M.M. & PATERNIANI, E. The races of maize; III. Choices of the appropriate characters for racial classification. Economic Botany, New York, 23: 265-73, 1969.
- GRANER, E.A. Contribuição para o estudo citológico da mandioca. Piracicaba, ESALQ/USP, 1935, 28p.
- GRIFFING, B. Concept of the general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Sciences, Melbourne, 9: 462-93, 1956.
- GROSSMAN, J. & FREITAS, A.C. Determinação do teor de matéria seca pelo peso específico em raízes de mandioca. Revista Agronômica, Porto Alegre, 14: 75-80, 1950.
- GULICK, P.; HERSHEY, C.H.; ALCAZAR, J.E. Genetic resources of cassava and wild relatives. Rome, IBPGR, 1983. 56 p.
- GUPTA, M.P. & SING, R.B. Genetic divergence for yield and its components in green gram. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 30: 212-21, 1970.

HARLAN, J.R. Agricultural origins; centers and non centers.

Science, Washington, 174: 468-74, 1971.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in

maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468

p.

HAYMAN, B.I. The analysis of variance of diallel tables.

Biometrics, Raleigh, 10: 235-44, 1954a.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses.

Genetics, Baltimore, 39: 789-809, 1954b.

HERSHEY, C.H. Cassava germoplasm resources. In: UNDP CASSAVA

BREEDING WORKSHOP, Visca - Philippines, 1985. 36 p. (

datilografado).

HERSHEY, C.H. & AMAYA, A. Genetica, citogenetica, estructura

floral y tecnicas de hibridación de la yuca. In: DOMINGUEZ,

C.E. Yuca; investigación, producción y utilización. Cali,

PNDU/CIAT, 1982. cap.2, p. 113-26.

HOTELLING, H. Analysis of a complex of statistical variables in

to principal components. Journal of Education Psvchology,

Washington, 24: 417-41, 1933.

- HOTELLING, H. Simplified calculation of principal components. Psychometrika, Baltimore, 1: 27-35, 1936.
- HUSSAINI, S.H.; GOODMAN, M.M.; TIMOTHY, D.H. Multivariate analysis and the geographical distribution of the world collection of finger millet. Crop Science, Madison, 17: 257-63, 1977.
- IITA. Annual report. Ibadan, 1980. 185 p.
- ISLEIB, T.G. & WYNNE, J.C. Heterosis in testcrosses of 27 exotic peanut cultivars. Crop Science, Madison, 23: 832-41, 1983.
- JAIN, K.C.; PANDYA, B.P.; PANDE, K. Genetic divergence in chickpea. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 41: 220-5, 1981.
- JARDINE, N. & SIBSON, R. Mathematical taxonomy. London, John Wiley & Sons, 1971. 286 p.
- JASTARA, D.S. & PARODA, R.S. Genetic divergence in wheat. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 43: 63-7, 1983.
- JEFFERS, J.H.R. Principal component analysis of designed experiments. The Statistician, London, 12: 230-42, 1972.
- JENNINGS, D.L. Breeding for resistance to african cassava mosaic

- disease: progress and prospects. In: AFRICAN CASSAVA MOSAIC WORKSHOP, Muguga - Kenya, 1976. Report. Ottawa, International Development Research Centre/IDRC, 1976. P. 39-44.
- JESWANI, L.M.; MURTY, B.R.; MEHRA, R.B. Divergence in relation to geographical origins in a world collection of linseed. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 30: 11-25, 1970.
- JINKS, J.L. & HAYMAN, B.I. The analysis of diallel crosses. Maize Genetics Cooperation Newsletters, Ithaca, 27: 48-54, 1953.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis; I. Artificial data. Applied Statistics, London, 21: 160-73, 1972.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis; II. Real data. Applied Statistics, London, 22: 21-31, 1973.
- JOSHI, M. G. & DHAWAN, N. L. Genetic improvement in yield with special reference to self-fertilizing. Crop Indian Journal Genetics, New Delhi, 26: 101-13, 1966.
- JUSTE JUNIOR, E.S.G. Produtos e subprodutos da mandioca. Informe Agropecuário, Belo Horizonte, 5: 89-93, 1979.

- KALOO, J.D. & SIDHU, A.S. Genetic divergence in muskmelon (*Cucumis melo* L.). Genetica Agraria, Roma, 36: 1-7, 1982.
- KATİYAR, R.P. Genetic divergence for morphophysiological and quality determinants of yield in chickpea. Indian Journal Agricultural Science, New Delhi, 48: 451-4, 1978.
- KATİYAR, R. P. & SINGH, S. P. Genetic divergence in chickpea. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 39: 354-8, 1979.
- KAWAND, K. Genetic improvement of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) for productivity. Tropical Agriculture Research Series, Tokyo, (11): 300-21, 1978.
- KAWAND, K. Mejoramiento genetico de yuca para productividad. In: CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Manual de producción de yuca; programa de yuca. Cali, 1980. p. 27-48.
- KAWAND, K. Mejoramiento genetico de yuca para productividad. In: DOMINGUEZ, C.E., Yuca; investigación, producción y utilización. Cali, CIAT/PNDU, 1982. cap. 2, p. 91-112.
- KAWAND, K. Inherent and environmental factors related to cassava varietal selection. In: UNDP CASSAVA BREEDING WORKSHOP, Visca - Philippines, 1985. 43 p. (datilografado)

- KAWANO, K.; AMAYA, P.; RIOS, M. Factors affecting efficiency of hybridization and selection in cassava. Crop Science, Madison, 17: 373-6, 1978.
- KAWANO, K.; UMEMURA, Y.; KANO, Y. Field assessment and inheritance of cassava resistance to superelongation disease. Crop Science, Madison, 23: 201-5, 1983.
- KEMPTHORNE, D. & CURNOW, R. N. The partial diallel cross. Biometrics, Raleigh, 17: 229-50, 1961.
- KENDALL, M. Multivariate analysis. High Wycombe, Charles Griffin, 1980. 209 p.
- MAGOON, M.L.; KRISHNAN, R.; BAI, K.V. Morphology of the pachytene chromosome and meiosis in Manihot esculenta Crantz. Cytologia, Tokyo, 34: 612-25, 1969.
- MAHUNGU, N.M. Selection for improved root quality. In: UNDP CASSAVA BREEDING WORKSHOP, Visca - Philippines, 1985. 35 p. (datilografado).
- MAHUNGU, N.M.; CHEEDA, H.R.; KAHN, S.K.; FATOKUN, C.A. Genetic parameters of cassava. In: TRIENNIAL SYMPOSIUM OF THE INTERNATIONAL SOCIETY FOR TROPICAL ROOT CROPS, 2, Douala, 1984. Tropical root crops; production and uses in Africa;

proceedings. p. 37-40.

MALUF, W.R. & FERREIRA, P.E. Análise multivariada da divergência genética em feijão vagem (Phaseolus vulgaris L.). Horticultura Brasileira, Brasília, 1: 31-4, 1983.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F_1 hybrids. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 6: 453-60, 1983.

MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. Multivariate analysis. London, Academic Press. 1979. 521 p.

MARTIN, F.W. Cytogenetics and plant breeding of cassava. Plant Breeding Abstracts, Cambridge, 46: 909-12, 1976.

MARTINEZ WILCHES, O.J. Evaluacion de 34 variedades de mani mediante tecnicas multivariadas. Revista ICA, Bogota, 18: 67-76, 1983.

MARTINEZ WILCHES, O.J.; GOODMAN, M.M.; TIMOTHY, D.H. Measuring racial differentiation in maize using multivariate distance measures standardized by variation in F_2 populations. Crop Science, Madison, 23: 775-81, 1983.

- MENDES, R.A. Melhoramento genético da mandioca no Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 2., Vitória, 1982. Anais. Vitória, Sociedade Brasileira de Mandioca, 1982. p. 142-5.
- MIRANDA, J.E.C. Análise genética de um cruzamento dialélico em pimentão (*Capsicum annuum* L.). Piracicaba, 1987. 159 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MODE, C.J. & ROBINSON, H.F. Pleiotrism and the genetic variance and covariance. Biometrics, Washington, 15: 518-37, 1959.
- MOLL, R. H.; SALHUANA, W. S.; ROBINSON, H. F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses in maize. Crop Science, Madison, 2: 197-8, 1962.
- MORRISON, D.F. Multivariate statistical methods. 2 ed. Tokyo, McGraw Hill, 1981. 415 p.
- MURTY, B.R. & ARUNACHALAM, L. The nature of genetic divergence in relation to breeding system in crop plants. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 26: 188-9, 1966.
- MURTY, B.R.; ARUNACHALAM, V.; ANAND, I.J. Effect of environment in the genetic divergence among some populations of linseed.

Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 33: 304-13, 1973.

NASSAR, N.M.A. Conservation of the genetic resources of cassava (Manihot esculenta); determination of wild species localities with emphasis on probable origin. Economic Botany, New York, 32: 311-20, 1978a.

NASSAR, N.M.A. Microcenters of wild cassava, Manihot, spp. diversity in central Brazil. Turrialba, Turrialba, 28: 345-7, 1978b.

NORMANHA, E.S. O trabalho de melhoramento da mandioca no Instituto Agronômico do Estado de São Paulo. O Agrônomo, Campinas, 23: 91-100, 1971.

PATERNIANI, E. Estudos recentes sobre heterose. São Paulo, Fundação Cargill, 1974. 36 p. (Boletim, 1).

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. Philosophical Magazine, 2: 559-72, 1901.

PEREIRA, S.C.; LORENZI, J.O.; NORMANHA, E.S.; SILVA, J.R. Taxa de fecundação cruzada no cultivar Branca de Santa Catarina. Bragantia, Campinas, 37: 95-6, 1978.

- PETER, K.V. & RAI, B. Genetic divergence in tomato. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 36: 379-83, 1976.
- RAM, J. & PANWAR, D. V. S. Intraspecific divergence in rice. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 30: 1-10, 1970.
- RAMALHO, M.A.P. & PEREIRA, P.A. Genética e melhoramento da mandioca. Informe Agropecuário, Belo Horizonte, 5: 37-40, 1979.
- RAO, A. V. Advanced statistical methods in biometrics research. New York, John Wiley and Sons. 390 p., 1952.
- RAO, A.V.; PRASAD, A.S.R.; SAI KRISHNA, T.; SIDHU, D.V.; SRINIVASAN, T.E. Genetic divergence among some brown planthopper resistant rice varieties. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 41: 179-85, 1981.
- RAO, C. P.; RAHMAN, M. A.; REDDY, J. R. Genetic divergence analysis in sugarcane. Genetica Agraria, Roma, 39: 237-48, 1985.
- ROGERS, D.J. & APPAN, S.G. Manihot and Manihotoides (Euphorbiaceae); a computed-assisted study. New York,

Organization for Flora Neotropica, 1973. 272 p. (Monograph, 13).

ROGERS, D.J. & FLEMING, H.S. A monograph of Manihot esculenta with an explanation of the taximetrics methods used. Economic Botany, New York, 27: 1-113, 1973.

SAUER, C.O. Agricultural origins and dispersals. 2 ed. Massachusetts, Massachusetts Institute of Technology Press. 1969. 175 p.

SCHIMIDT, C.B. A mandioca, contribuição para o conhecimento da sua origem. Boletim de Agricultura, São Paulo, 52: 53-128, 1951.

SEARLE, S.R. Topics in variance component estimation. Biometrics, Washington, 27: 1-76, 1971.

SHAMSUDDIN, A. K. M. Genetic diversity in relation to heterosis and combining ability in spring wheat. Theoretical Applied Genetics, Berlin, 70: 306-8, 1985.

SIDHU, A.S. & PANDITA, M.L. Genetic divergence for yield and its components in potato (Solanum tuberosum L.). Genetica Agraria, Roma, 34: 235-44, 1980.

- SILVA, R.G. da. Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1982. 162 p.
- SILVA, S.O. Cultivares de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) e problemas relativos a sua nomenclatura. In: Congresso Brasileiro de mandioca, 1., Salvador, 1979, Anais, Salvador, EMBRAPA/ Sociedade Brasileira de Mandioca, 1981a. p. 559-68.
- SILVA, S.O. Instalação e caracterização botânico-agronômico de coleções de mandioca. Cruz das Almas, EMBRAPA/CNPMPF, 1981b. 51 p.
- SILVA, S.O. Germoplasma de mandioca no Brasil. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA, 2, Vitória, 1981. Anais. Cruz das Almas, EMBRAPA/CNPMPF, 1982. v. 1, p. 85-91.
- SILVA, S.O. & MENDES, R.A. Banco de germoplasma e caracterização de cultivares. Cruz das Almas, EMBRAPA/CNPMPF, 1982. 30 p.
- SILVA, S.O.; FUKUDA, W.M.G.; CARVALHO, H.W.L.; CALDAS, R.C. Estudo do comportamento de cultivares de mandioca no Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura. Revista Brasileira de Mandioca, Cruz das Almas, 2: 9-16, 1983.

- SINGH, R.R. & GUPTA, M.P. Multivariate analysis of divergence in upland cotton. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 28: 151-7, 1968.
- SINGH, R.R.; AWADHESH, K.; CHAUHAN, P.S. Genetic divergence in pearl millet. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 41: 168-90, 1981.
- SINGH, R.K. & CHAUDHARY, B.D. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. New Delhi, Kalyani Publishers, 1979. 304 p.
- SINGH, S. & GUPTA, P.K. Genetic divergence in pearl millet. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 39: 210-5, 1979.
- SINGH, T.H. & GILL, S.S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 44: 506-13, 1984.
- SINGH, A. & SINGH, H. N. Inheritance of quantitative characters in chilli.. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 36: 420-30, 1976.
- SMITH, J.C.S. Genetic variability within U.S. hybrid maize; multivariate analysis of isozyme data. Crop Science, Madison, 24: 1041-5, 1984.

- SMITH, J.C.S.; GOODMAN, M.M.; STUBER, C.N. Genetic variability within maize germoplasm; II. Widely used inbred lines 1970 to 1979. Crop Science, Madison, 25: 681-5, 1985.
- SMITH, H. Prediction of heterosis using pedigree relationships, biochemical and morphological data. In: ANNUAL ILLINOIS CORN BREEDERS SCHOOL, 23., Champaign, 1987. Urbana, University of Illinois, 1987. p. 1-21.
- SNEATH, P.H.A. The application of computers to taxonomy. Journal General Microbiology, Washington, 17: 201-26. 1957.
- SNEATH P.H. & SOKAL, R.R. Numerical taxonomy; the principles and practice of numerical taxonomy. San Francisco, W.H. Freeman, 1973. 573 p.
- SPATH, C.D. Plant domestication; the case of Manihot esculenta. Steward Anthropological Society Journal, Urbana, 5: 47-53, 1973.
- STEEL, R. G. D. & TORRIE, J. H. Principles and procedures of statistics. 2 ed. New York, McGraw Hill, 1980. 481p.
- TAN, S.L. Heritability estimates and correlation studies on agronomic characters of cassava. In: WORKSHOP ON ROOT CROPS AND SUGARCANE, Serdang - Malaysia, 1981. Proceedings. Serdang,

MARDI, 1981. p. 1-18.

TAN, S.L. G x E interactions, heritability estimates and varietal adaptability in important agronomic characters of cassava. MARDI Research Bulletin, Serdang, 12: 136-47, 1984.

UMANAH, E.E. & HARTMANN, R.W. Chromosome numbers and karyotypes of some Manihot species. Journal American Society Horticultural Science, St. Joseph, 98: 272-4, 1973.

UPADHYAY, M.K. & MURTY, B.R. Genetic divergence in relation to geographical distribution in pearl millet. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 30: 704-15, 1970.

VARMA, N.S. & GULATI, S.C. Genetic divergence in 2-rowed and 6-rowed barley. Indian Journal Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 42: 314-8, 1982.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. coord. Melhoramento e produção de milho (Zea mays L.) no Brasil. Campinas, Fundação Cargill. 1978. p. 122-99.

VIEGAS, A.P. Estudos sobre a mandioca. São Paulo, Instituto Agrônomo do Estado de São Paulo, 1976. 214 p.

VRIES, C.A.; FERWERDA, J.D.; FLACH, M. Choice of food crops in

relation to actual and potential production in the tropics.

Netherlands Journal of Agricultural Science, Wageningen, 15:
241-8, 1967.

ZEHNTNER, L. Estudo sobre algumas variedades de mandioca
brasileiras. Rio de Janeiro, Sociedade Nacional de
Agricultura, 1912. 112 p.

A P Ê N D I C E

Tabela A1. Número do acesso, nome vulgar e código BGM dos 280 acessos de mandioca, do Banco Ativo de Germoplasma, avaliados em 1977 e 1978.

Número do acesso	Nome comum	Código do BGM
001	ABISMO	BGM 084
002	AIPIM AIPINZINHO	BGM 277
003	AIPIM AIPINZINHO I	BGM 281
004	AIPIM AMARGOSO	BGM 245
005	AIPIM BAHIA	BGM 246
006	AIPIM BAHIA BRANCA	BGM 259
007	AIPIM BATATA	BGM 269
008	AIPIM BATATA I	BGM 279
009	AIPIM BOM JARDIM I	BGM 287
010	AIPIM BOM JESUS	BGM 284
011	AIPIM BRAVO	BGM 001
012	AIPIM BRAVO BRANCO	BGM 007
013	AIPIM CACAU BRANCO	BGM 288
014	AIPIM CACAU MARAGÓJIPE	BGM 263
015	AIPIM CACAU ROXO	BGM 272
016	AIPIM CANÁRIO	BGM 266
017	AIPIM CASCA DE QUEIJO	BGM 248
018	AIPIM CASCA ROXA	BGM 255
019	AIPIM CASCO BRANCO	BGM 283
020	AIPIM CASCO ROXO I	BGM 275
021	AIPIM CAVALO	BGM 261
022	AIPIM CIGANO	BGM 264
023	AIPIM COLOMBO	BGM 271
024	AIPIM CROXINHO	BGM 286
025	AIPIM FOGO	BGM 257
026	AIPIM GOIANO	BGM 280
027	AIPIM GRANDE	BGM 274
028	AIPIM GRANDE I	BGM 278
029	AIPIM IAC-24-2-M	BGM 267
030	AIPIM MANTEIGA	BGM 252
031	AIPIM MANTEIGA C.Q.	BGM 285
032	AIPIM MANTEIGA I	BGM 282
033	AIPIM MANTEIGUINHA	BGM 250
034	AIPIM MARAGÓJIPE	BGM 249
035	AIPIM PANGUA	BGM 265
036	AIPIM PAO	BGM 262
037	AIPIM PARAGUAI	BGM 270
038	AIPIM PAULO ROSO	BGM 247
039	AIPIM POCA	BGM 268
040	AIPIM PRETO M.N.	BGM 253
041	AIPIM ROSA	BGM 260
042	AIPIM SÃO BENTO	BGM 251
043	AIPIM SÃO JOÃO II	BGM 258

044	AIPIM SARACURA	BGM 215
045	AIPIM SARACURA I	BGM 254
046	AIPIM SARACURA II	BGM 256
047	AIPIM SILVERO	BGM 273
048	ALAGOANA	BGM 024
049	APARECIDA	BGM 123
050	ATALAIA	BGM 111
051	BAIANINHA	BGM 223
052	BANHA DE GALINHA	BGM 202
053	BARRA DA COSTA	BGM 119
054	BARRINHA	BGM 117
055	BEIRA MAR	BGM 146
056	BEIRA MAR BRANCA	BGM 182
057	BONITINHA	BGM 051
058	BOTICUDA	BGM 112
059	BOTICUDA I	BGM 171
060	BRANCA DE SANTA CATARINA	BGM 082
061	BRANQUINHA	BGM 035
062	BRANQUINHA I	BGM 121
063	BRAVA DE PADUA	BGM 042
064	BROTO ROXO	BGM 077
065	CABELO DE NEGRO	BGM 079
066	CABOCLINHA	BGM 148
067	CACAU	BGM 063
068	CACAU PEQUENO	BGM 213
069	CACHIMBO	BGM 021
070	CACHOEIRINHA	BGM 147
071	CAIANA	BGM 105
072	CAIANINHA	BGM 164
073	CAMAÇARI	BGM 137
074	CAMBADINHA	BGM 189
075	CAMBRAIA	BGM 026
076	CAMBRAIA I	BGM 226
077	CAMUQUEM	BGM 227
078	CANDEIA	BGM 166
079	CANELA DE JACU	BGM 191
080	CANQUEM	BGM 052
081	CARAVELA	BGM 161
082	CARAVELA BRANCA	BGM 037
083	CASCA GROSSA	BGM 083
084	CASCA ROXA	BGM 047
085	CASCO GROSSO	BGM 205
086	CEPEC-002/71-A	BGM 160
087	CEPEC-004-71-A	BGM 100
088	CEPEC-005-71-A	BGM 220
089	CEPEC-009-71-A	BGM 190
090	CEPEC-024-71-A	BGM 097
091	CEPEC-049-71-A	BGM 090
092	CEPLAC	BGM 144
093	CIDADE	BGM 073
094	CIDADE BRANCA	BGM 039
095	CIDADE BRANCA I	BGM 167
096	CIDADE RICA	BGM 032

097	CIGANA PRETA	BGM 116
098	CLONE 282	BGM 244
099	CLONE 420-54-4	BGM 192
100	CLONE 448-54-1	BGM 110
101	CLONE 448-54-1 I	BGM 194
102	CLONE EAB-105	BGM 243
103	CLONE EAB-182	BGM 232
104	CLONE EAB-190	BGM 237
105	CLONE EAB-238	BGM 201
106	CLONE EAB-245	BGM 207
107	CLONE EAB-77	BGM 240
108	CLONE EAB-83	BGM 233
109	COQUEIRO	BGM 050
110	CORRENTE	BGM 176
111	CORRENTEZA	BGM 099
112	CRAMUQUEM	BGM 130
113	CRIA MENINO	BGM 053
114	CRUEIRA	BGM 061
115	DESCOBERTA	BGM 188
116	DESCONHECIDA 20	BGM 107
117	DESCONHECIDA 24	BGM 018
118	DESCONHECIDA 25	BGM 022
119	DUAS CORES	BGM 094
120	EMBUZEIRO	BGM 128
121	ENGANA LADRAO	BGM 080
122	ESCONDIDA	BGM 085
123	EUCALIPTO	BGM 212
124	FAVELA	BGM 180
125	FELISBERTA	BGM 088
126	FELUCA	BGM 210
127	GEMEDEIRA	BGM 196
128	GRAVETINHA	BGM 140
129	GRAVETO	BGM 135
130	GRAVETO DO IGUAPE	BGM 136
131	GRAVETO GARRANCHO	BGM 062
132	GRAVETO GARRANCHO BRANCO	BGM 241
133	GRAVETO GRANDE	BGM 074
134	GRAVETO PRETA	BGM 068
135	GUAMANARA	BGM 054
136	HIBRIDA	BGM 017
137	IAC 5-36	BGM 276
138	IAC 5-5-I	BGM 236
139	IAC-14-18	BGM 214
140	IAC-5-35	BGM 199
141	IAC-5-5	BGM 177
142	IAC-7-127	BGM 020
143	IEA 5-36	BGM 216
144	IMBRUXEIRO	BGM 238
145	IRACEMA	BGM 209
146	IRARA	BGM 142
147	ITABAIANA	BGM 143
148	ITAPARICA	BGM 108
149	ITAPICURU	BGM 200

150	ITAPICURU DA BARRA	BGM 087
151	ITAPICURU DA SERRA	BGM 038
152	ITAPICURU GRANDE	BGM 113
153	ITAPICURU PRETA	BGM 204
154	JABOTI	BGM 070
155	JABURU	BGM 187
156	JACARE	BGM 040
157	JACARE I	BGM 064
158	JACOBINA	BGM 065
159	JACOBINA I	BGM 069
160	JACUMOA	BGM 103
161	JAQUEIRA	BGM 058
162	JOANA GRANDE	BGM 138
163	LAGOA	BGM 008
164	LANDIR	BGM 156
165	LAPINHA	BGM 041
166	MACAXEIRA PRETA	BGM 239
167	MAMAÔ	BGM 002
168	MAMAÔ BRANCO	BGM 178
169	MAMELUCA	BGM 081
170	MANGUE	BGM 185
171	MANGUE I	BGM 197
172	MANGUE II	BGM 219
173	MANTIQUEIRA	BGM 211
174	MARACANA	BGM 198
175	MARIA PAU	BGM 118
176	MATA NEGRO	BGM 175
177	MENDUBI	BGM 186
178	MILAGROSA	BGM 004
179	MILAGROSA I	BGM 126
180	MIMOSA	BGM 158
181	MULATA-BOA	BGM 056
182	MURITUBA	BGM 059
183	NIPLE	BGM 067
184	OLHO DE GATO	BGM 151
185	OLHO DE POMBA	BGM 145
186	OLHO DE PORCO	BGM 109
187	OLHO ROXO	BGM 036
188	OLHO VERDE	BGM 091
189	PALMEIRA	BGM 155
190	PALMEIRA PRETA	BGM 033
191	PALMEIRA PRETA I	BGM 134
192	PALMEIRINHA	BGM 225
193	PANGOLA	BGM 071
194	PARAGUAIANA	BGM 095
195	PAULO ROSA	BGM 120
196	PEDRO BARÃO	BGM 228
197	PEDRO BARÃO	BGM 157
198	PERIQUITA	BGM 159
299	PERIQUITO	BGM 206
200	PERU BRANCA	BGM 152
201	PIRAIBA	BGM 060
202	PIRIQUITINHA	BGM 129

203	PLANTINHA	BGM 224
204	PLATINA	BGM 076
205	PLATINA PRETA	BGM 153
206	PRETA DA MATA	BGM 044
207	PRETINHA	BGM 096
208	PRETINHA I	BGM 104
209	PRETINHA II	BGM 170
210	PUSSI	BGM 048
211	PUSSI I	BGM 221
212	PUSSI PRECOCE	BGM 179
213	QUITERIA	BGM 106
214	RIO GRANDE	BGM 203
215	RIQUEZA	BGM 043
216	RIQUEZA I	BGM 193
217	RIQUEZINHA	BGM 184
218	ROXA	BGM 028
219	ROXE	BGM 034
220	ROXINHA	BGM 173
221	ROXINHA I	BGM 218
222	ROXONA	BGM 102
223	SABIA	BGM 181
224	SACO NAS COSTAS	BGM 092
225	SALANGOR BRANCA	BGM 115
226	SALANGOR PRETA	BGM 072
227	SALANGORZINHA	BGM 003
228	SALGUEIRO	BGM 230
229	SANTA CATARINA	BGM 030
230	SANTA CATARINA I	BGM 031
231	SANTA CRUZ	BGM 149
232	SÃO JOÃO	BGM 169
233	SÃO JOÃO I	BGM 195
234	SÃO PEDRO	BGM 133
235	SERRINHA	BGM 217
236	SILIVELÔ	BGM 045
237	SIPEAL 01	BGM 009
238	SIPEAL 02	BGM 010
239	SIPEAL 03	BGM 011
240	SIPEAL 04	BGM 012
241	SIPEAL 05	BGM 013
242	SIPEAL 06	BGM 014
243	SIPEAL 07	BGM 015
244	SIPEAL 08	BGM 016
245	SUTINGA	BGM 078
246	SUTINGA BRANCA	BGM 023
247	SUTINGA I	BGM 231
248	SUTINGA PRETA	BGM 114
259	TALO ROXO	BGM 234
260	TOLA	BGM 168
251	TOLA ROXA	BGM 086
252	TREMPE DE POTE	BGM 029
253	TUCUM	BGM 122
254	TUPIM BRANCA	BGM 242
255	UAPICHUMA	BGM 131

256	URUBU	BGM 025
257	UVAR	BGM 163
258	VARGEM GRANDE	BGM 154
269	VARGEM GRANDE PRETA	BGM 229
270	VARIEDADE 15	BGM 089
261	VARIEDADE 15-I	BGM 124
262	VARIEDADE 16	BGM 027
263	VARIEDADE 24	BGM 049
264	VARIEDADE 43	BGM 183
265	VARIEDADE 57	BGM 101
266	VARIEDADE 58	BGM 098
267	VARIEDADE 59	BGM 075
268	VARIEDADE 60	BGM 139
269	VARIEDADE 64	BGM 093
270	VARIEDADE 73	BGM 172
271	VARIEDADE 76	BGM 174
272	VARIEDADE 77	BGM 141
273	VARIEDADE 81	BGM 057
274	VARJAO	BGM 125
275	VASSOURA BRANCA	BGM 150
276	VASSOURINHA IP	BGM 005
277	VASSOURINHA MG	BGM 006
278	VELOSA	BGM 127
279	VERMELHINHA	BGM 165
280	VERMELHINHA BRANCA	BGM 222