

MAIARA CRISTINA METZDORF DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E MOLECULAR
DE MANDIOCAS CULTIVADAS EM
ASSENTAMENTOS DO NORTE DO MATO
GROSSO, BRASIL**

Dissertação de Mestrado

ALTA FLORESTA-MT

2022

	MAIARA CRISTINA METZDORF DA SILVA	Diss. MESTRADO	PPGBioAgro 2022



**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E
AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
BIODIVERSIDADE E AGROECOSSISTEMAS
AMAZÔNICOS**



MAIARA CRISTINA METZDORF DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E MOLECULAR
DE MANDIOCAS CULTIVADAS EM
ASSENTAMENTOS DO NORTE DO MATO
GROSSO, BRASIL**

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos, para a obtenção do título de Mestre em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos.

Orientadora: Prof.(a) Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi
Coorientadora: Dra. Auana Vicente Tiago

ALTA FLORESTA-MT

2022

AUTORIZO A DIVULGAÇÃO TOTAL OU PARCIAL DESTE
TRABALHO, POR QUALQUER MEIO, CONVENCIONAL OU
ELETRÔNICO, PARA FINS DE ESTUDO E PESQUISA, DESDE
QUE CITADA A FONTE.

CIP – CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

S586c Silva, Maiara Cristina Metzdorf.

Caracterização fenotípica e molecular de mandiocas cultivadas em assentamentos do Norte do Mato Grosso, Brasil / Maiara Cristina Metzdorf Silva.
– Alta Floresta, 2022.
75 f. ; 30 cm. il. color.

Trabalho de Conclusão de Curso (Dissertação/Mestrado) – Curso de Pós-graduação *Stricto Sensu* (Mestrado Acadêmico) Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos, Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias, Câmpus de Alta Floresta, Universidade do Estado de Mato Grosso, 2022.

Orientadora: Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi.

Coorientadora: Dra. Auana Vicente Tiago.

1. Euphorbiaceae. 2. *Manihot esculenta*. 3. ISSR. 4. Variabilidade Genética.
5. Conservação I. Rossi, A. A. B., Dra. II. Tiago, A. V., Dra. III. Título.

CDU 633.493(817.2)

Ficha catalográfica elaborada pelo bibliotecário Luiz Kenji Umeno Alencar - CRB1 2037.

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E MOLECULAR DE MANDIOCAS CULTIVADAS EM ASSENTAMENTOS DO NORTE DO MATO GROSSO, BRASIL

MAIARA CRISTINA METZDORF DA SILVA

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos, para a obtenção do título de Mestre em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos.

Aprovada em 28 de fevereiro de 2022

Documento assinado digitalmente
 ANA APARECIDA BANDINI ROSSI
Data: 27/04/2022 13:31:37-0300
Verifique em <https://verificador.ibe.br>

Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi
Orientadora – UNEMAT/ PPGBioAgro

Documento assinado digitalmente
 AUANA VICENTE TIAGO
Data: 13/04/2022 10:09:03-0300
Verifique em <https://verificador.ibe.br>

Dra. Auana Vicente Tiago
Pesquisadora na Embrapa Agrossilvipastoril no Programa de Desenvolvimento Científico e Tecnológico Regional (PDCTR) – FAPEMAT/CNPq

Documento assinado digitalmente
 ALEXANDRE DE AZEVEDO OLIVAL
Data: 26/04/2022 16:32:55-0300
Verifique em <https://verificador.ibe.br>

Prof. Dr. Alexandre de Azevedo Olival
UNEMAT/ PPGBioAgro

Documento assinado digitalmente
 JULLIANE DUTRA MEDEIROS
Data: 15/04/2022 14:38:39-0300
Verifique em <https://verificador.ibe.br>

Profa. Dra. Julliane Dutra Medeiros
UNEMAT/FACBA

Documento assinado digitalmente
 GABRIEL MORENO BERNARDO GONCALVES
Data: 21/04/2022 16:05:00-0300
Verifique em <https://verificador.ibe.br>

Prof. Dr. Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves
UFEN

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho à minha família, especialmente ao meu esposo, Fabio Junior dos Santos, pelo apoio, incentivo e companheirismo; aos meus pais, José Carlos Ferreira da Silva e Serli Metzdorf, pelo incentivo, carinho e compreensão nos momentos de correria ao longo desses dois anos; e às minhas orientadoras, Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi e Profa. Dra. Auana Vicente Tiago, pelo carinho, dedicação e ensinamentos.

AGRADECIMENTOS

A DEUS, pelas bênçãos, força, ânimo, pois, sem o Senhor, nada posso, Tu és minha fortaleza, refúgio e o meu guia, me incentivando a fazer tudo com excelência.

À Universidade do Estado de Mato Grosso, pela oportunidade, é uma instituição de grande valor, capacitando pessoas para futuros prósperos.

Ao Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicas (PPGBioAgro).

À CAPES - Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pelo apoio disponibilizando à bolsa de mestrado, auxiliando no desenvolvimento do presente estudo.

Aos colegas do Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, pela recepção e pelo trabalho colaborativo ao longo destes dois anos. Eliane, Daniele, Mary, Geovana, Viviane, Elisa, Kelli, Auana e Angelo, meu muito obrigada, aprendi muito com vocês.

Às minhas orientadoras, Profa. Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi e Dr. Auana Vicente Tiago, pela confiança depositada, pelos ensinamentos, pelo cuidado e pelo exemplo de profissional, senti-me imensamente acolhida por vocês, Deus abençoe grandemente suas vidas.

Aos profissionais que trabalham no PPGBioAgro, em especial ao Diego, sempre solícito, tirando dúvidas e orientando.

À minha família:

Aos meus pais, José e Serli, e ao meu esposo Fabio, pelo carinho, apoio, incentivo, dedicação e amor, vocês são incríveis, amo muito!

Aos meus sogros, pelo apoio, disponibilizando o carro para realização das visitas aos assentamentos.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	v
LISTA DE FIGURAS	vi
LISTA DE ABREVIATURAS.....	viii
RESUMO.....	x
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	4
3. CAPÍTULOS	7
3. 1 LEVANTAMENTO E CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA CULTIVADAS EM ASSENTAMENTOS RURAIS NO ESTADO DE MATO GROSSO.....	7
Resumo.....	8
Abstract	9
Introdução	10
Material e Métodos.....	12
Área de estudo	12
Coleta de dados	13
Análise dos dados	15
Resultados e Discussão.....	16
Diversidade de mandiocas nos assentamentos rurais	16
Caracterização fenotípica.....	21
Conclusões.....	28
Referências bibliográficas	29
3.2.DIVERSIDADE GENÉTICA EM CULTIVOS DE MANDIOCA NOS ASSENTAMENTOS RURAIS DO NORTE DE MATO GROSSO.....	33
Resumo.....	34
Abstract	35
Introdução	36
Material e Métodos.....	38
Área de estudo	38
Coleta de material foliar	38

Extração e Quantificação de DNA.....	39
Reações de amplificação do DNA e eletroforese	41
Análise de dados.....	42
Análise dos fragmentos amplificados	42
Análise por <i>Primer</i>	42
Análise de Diversidade Genética e Estrutura Populacional	43
Resultados e Discussão.....	45
Conclusões.....	52
Referências Bibliográficas.....	53
4. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	57

LISTA DE TABELAS

TABELAS	Página
CAPÍTULO 1	
Tabela 1. Descritores morfológicos utilizados para caracterizar as etnovariedades de mandioca cultivadas nos três assentamentos no norte de Mato Grosso, fundamentados em Fukuda & Guevara (1998).	14
Tabela 2. Etnovariedades de mandioca citadas pelos agricultores nos três assentamentos rurais pesquisados no norte do estado de Mato Grosso.	17
Tabela 3. Separação dos pares de etnovariedades de mandioca com maior e menor similaridade e valores das distâncias genéticas (D.G) encontradas.	24
CAPÍTULO 2	
Tabela 1. Código atribuído às 76 etnovariedade de mandioca, nome popular denominado pelos agricultores, nos assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP).	39
Tabela 2. Descrição dos quinze iniciadores ISSR utilizados para a caracterização molecular das 76 etnovariedades de mandioca.	41
Tabela 3. <i>Primers</i> , número total de bandas (NTB), número de bandas polimórficas (NFP), porcentagem de polimorfismo (%P) e conteúdo de informação polimórfica (PIC).	45
Tabela 4. Relação das etnovariedades de mandioca que apresentaram maior ou menor similaridade e o valor da distância genética par a par com base no complemento aritmético do Índice de Jaccard, usando 223 fragmentos ISSR.	47
Tabela 5. Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC), Distorção (D%) e Estresse (E%) dos métodos de agrupamentos testados.	47
Tabela 6. Índices de diversidade genética e percentual de polimorfismo dos assentamentos, Nossa Senhora aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP).	49
Tabela 7. Análise de Variância Molecular (AMOVA) entre 76 etnovariedades de mandioca com marcadores ISSR.	50

LISTA DE FIGURAS

FIGURAS	Página
CAPÍTULO 1	
Figura 1 - Localização geográfica da área de estudo. (A) América do Sul, Brasil e Mato Grosso; (B) destaque do estado de Mato Grosso e dos municípios em estudo; (C) destaque dos assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD), no município de Alta Floresta, e assentamento São Pedro (ASP), no município de Paranaíta.	12
Figura 2 - Localização geográfica das 18 propriedades visitadas nos assentamentos NSA e JFD. (A) Brasil, Mato Grosso; (B) Município de Alta Floresta; (C) Assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD).	13
Figura 3 - Localização geográfica das 15 propriedades visitadas no ASP. (A) Brasil, Mato Grosso; (B) Município de Paranaíta; (C) Assentamento São Pedro (ASP).....	13
Figura 4 - Número de propriedades em que cada etnovarietade de mandioca foi encontrada nos assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD), Alta Floresta.	18
Figura 5 - Número de propriedades em que cada etnovarietade de mandioca foi encontrada no assentamento São Pedro (ASP), Paranaíta.	19
Figura 6 - Percentual de propriedades em que cada etnovarietade de mandioca foi encontrada durante as visitas aos assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP), municípios de Alta Floresta e Paranaíta - MT.	19
Figura 7 - Frequência relativa (%) das classes fenotípicas. FLC = Forma do lóbulo central; CN = Cor da nervura; CEC = Cor externa do caule; PR = Posição das raízes; FR = Forma da raiz; PPR = Presença de pedúnculo nas raízes; CR = Condições da raiz; TER = Textura da epiderme da raiz; CER = Cor externa da raiz; DPR = Destaque da película da raiz; CCR = Cor do córtex da raiz; DCR = Destaque do córtex da raiz e CPR = Cor da polpa da raiz.	22
Figura 8 - Características fenotípicas observadas entre as 76 etnovarietades de mandioca. FLC = Forma do lóbulo central: A) OD = ovóide, B) EL = elíptica-lanceolada e CN-v = nervura da folha verde, C) CN-vvmm = cor da nervura da folha verde avermelhado em menos de metade, D) LD = lanceolada, E) RL = reta ou linear; F) LP = linear-pandurada. CER = Cor externa da raiz: G) AM = amarela, H) MC = marrom-claro, I) ME = marrom escuro. CCR = Cor do córtex da raiz: J) BC = branca ou creme, k) AM = amarelo, L) RS = rosado, M) RX = roxo. CPR = Cor da polpa da raiz: N) BC = branca, O) CM = creme, P) AM = amarela. CEC = Cor externa do caule: Q) LR = Laranja, R) VM = verde-amarelado, S) DR = dourado, T) MC = marrom-claro, U) PT = prateado, V) CZ = cinza.....	23

Figura 9 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA com 76 indivíduos de mandioca com base em 13 descritores qualitativos. Coeficiente de correlação cofenética (CCC) = 0,68; ponto de corte 74,14%. 25

Figura 10 - Características fenotípicas apresentadas pelas etnovariedades JFD40 (*amarela*) e ASP59 (*roxa de fritar*). Cor externa da raiz (CER); Cor córtex da raiz (CCR); Cor da polpa da raiz (CPR); Forma do lóbulo central (FLC); Cor da nervura (CN); Cor externa do caule (CEC). 26

Figura 11 - Características fenotípicas apresentadas pelas etnovariedades JFD26 (mandioca roxa) e JFD42 (não identificada). Cor externa da raiz (CER); Cor córtex da raiz (CCR); Cor da polpa da raiz (CPR); Forma do lóbulo central (FLC); Cor da nervura (CN); Cor externa do caule (CEC). 27

CAPÍTULO 2

Figura 1. Localização geográfica da área de estudo. (A) América do Sul e Brasil; (B) Estado de Mato Grosso; (C) Assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD), município de Alta Floresta e assentamento São Pedro (ASP), município de Paranaíta. 38

Figura 2. Resultado da eletroforese em gel de agarose do DNA total extraído de 20 indivíduos de *Manihot esculenta*. M = Marcador (100 ng μL^{-1}). 41

Figura 3. Eletroforese de 21 etnovariedades de mandioca do assentamento Júlio Firmino Domingues (JFD), utilizando o primer UBC 891. M = marcador molecular KAPA Universal DNA Ladder 100 bp. 46

Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade genética gerado usando a análise de agrupamento UPGMA com 76 etnovariedades, com base em marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeats). CCC = 0,79; ponto de corte 77,51%. 48

Figura 5. Agrupamento das 76 etnovariedade de mandioca segundo bases moleculares com quinze (15) primers ISSR utilizando a análise bayesiana. Os números entre parêntese representam os assentamentos, (1) Nossa Senhora Aparecida, (2) Júlio Firmino Domingues e (3) São Pedro. 50

LISTA DE ABREVIATURAS

UNEMAT Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado

PPGBioAGRO Programa de Pós-graduação em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos

CAPES Coordenação de Pesquisa Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior

EMBRAPA Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

NSA Nossa Senhora Aparecida

JFD Júlio Firmino Domingues

ASP Assentamento São Pedro

ISSR *Inter Simple Sequence Repeats*

PCR *Polymerase Chain Reaction*

UBC *University of British Columbia*

PIC Conteúdo de informação polimórfica

CCC Coeficiente de Correlação Cofenética

AMOVA Análise de Variância Molecular

UPGMA Ligação média entre grupos

SL Vizinho mais próximo

WARD Método da variância mínima

GPS Sistema de Posicionamento Global

°C temperatura em graus Celsius

h hora

g grama

μL microlitro

μg micrograma

mL mililitro

mM milimolar

mg miligrama

ml mililitros

mm milímetro

m/v massa por volume

ng nanograma

rpm rotações por minuto

RESUMO

SILVA, Maiara Cristina Metzdorf. M.Sc. Universidade do Estado de Mato Grosso, fevereiro de 2022. **Caracterização fenotípica e molecular de mandiocas cultivadas em assentamentos do Norte do Mato Grosso, Brasil.** Orientadora: Dra. Ana Aparecida Bandini Rossi; Coorientadora: Dra. Auana Vicente Tiago.

A *Manihot esculenta* Crantz pertence à família Euphorbiaceae, conhecida popularmente como mandioca, aipim e macaxeira, seu cultivo é realizado, em maioria, por agricultores familiares. O presente estudo objetiva realizar o levantamento e a caracterização fenotípica e molecular das etnovariedades cultivadas por pequenos agricultores no Norte do Estado de Mato Grosso. A pesquisa foi realizada em três assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD), de Alta Floresta, e Assentamento São Pedro (ASP), em Paranaíta. O levantamento e a caracterização fenotípica foram realizados durante as visitas às roças dos produtores. Foi calculada a frequência de cultivo e a frequência das classes fenotípicas de cada descritor. Para avaliação da diversidade genética, foram coletadas amostras foliares de cada etnovariabilidade para extração do DNA. Um total de 33 propriedades foram visitadas, sendo levantadas e identificadas 76 etnovariedades e, destas, 21 etnovariedades com diferentes denominações. A mandioca “*cacau*” apresenta elevada frequência, cultivada em 69,7% das propriedades, sendo dominante nos três assentamentos. A caracterização morfológica por meio de 13 descritores qualitativos revela um total de 44 classes fenotípicas, evidenciando variabilidade genética entre as etnovariedades. Quanto à caracterização molecular, os 15 *primers* ISSR amplificam 223 fragmentos, revelando 95% de polimorfismo. Os valores de dissimilaridade genética variam entre 0,091 e 0,618. O agrupamento pelo método UPGMA forma 9 grupos distintos, o grupo GI é o mais representativo (44,47%), enquanto os grupos GVII, GVIII e GIX alocam apenas uma etnovariabilidade, respectivamente as NSA1 (*copinha*), NSA20 (*amarela*) e JFD25 (*cacau*). Os índices de diversidade de Nei (*H) e de Shannon (*I) demonstram a existência de variabilidade genética dentro dos assentamentos e a AMOVA indica que a maior diversidade genética está presente dentro dos assentamentos (76%). A análise da estrutura populacional

por meio do Structure forma dois grupos, segundo o valor de ΔK , alocando as etnovarietades em conformidade com as regiões de estudo. As caracterizações, fenotípica e molecular, revelam que há variabilidade genética entre as etnovarietades. Essa diversidade pode ser utilizada na construção de coleções ativas de germoplasma e em futuros programas de melhoramento.

Palavras-chave: Euphorbiaceae, *Manihot esculenta*, ISSR, variabilidade genética, conservação.

ABSTRACT

SILVA, Maiara Cristina Metzdorf. M.Sc. Mato Grosso State University, February 2022. **Phenotypic and molecular characterization of cassava cultivated in settlements in the Northern of Mato Grosso, Brazil.** Advisor: Dr. Ana Aparecida Bandini Rossi; Co-advisor: Dr. Auana Vicente Tiago.

Manihot esculenta Crantz belongs to the Euphorbiaceae family, popularly known as cassava or manioc, and its cultivation is carried out mostly by family farmers. The present study aimed to carry out a survey and phenotypic and molecular characterization of the landraces cultivated by small farmers in the North of the State of Mato Grosso, Brazil. The research was carried out in three settlements, Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) in the municipality of Alta Floresta and the São Pedro settlement (ASP) in the municipality of Paranaíta. The survey and phenotypic characterization were carried out during visits to the farmers' plantations in the three settlements. The data collected in the field were tabulated in an Excel spreadsheet, and the frequency of cultivation and the frequency of the phenotypic classes of each descriptor were calculated. To evaluate the genetic diversity, leaf samples of each landrace were collected for DNA extraction. A total of 33 properties were visited, 76 cassava landraces were surveyed and characterized, identifying 21 landraces with different names. The “*cacau*” cassava showed high frequency, cultivated in 69.7% of the properties, being the dominant landrace in the three settlements. Morphological characterization using 13 qualitative descriptors revealed a total of 44 phenotypic classes, evidencing genetic variability among the landraces. For molecular characterization, the 15 ISSR primers amplified 223 fragments, revealing 95% of polymorphism. Genetic dissimilarity values ranged between 0.091 and 0.618. The groupings by the UPGMA method formed 9 distinct groups, the group GI was the most representative (44.47%), the GVII, GVIII and GIX groups allocated only one landrace each, respectively the individuals NSA1 (“*copinha*” cassava), NSA20 (“*amarela*” cassava) and JFD25 (“*cacao*” cassava). The Nei (*H) and Shannon (*I) diversity indices demonstrated the existence of genetic variability within the settlements and AMOVA indicated that the greatest genetic diversity is present within the settlements (76%). The analysis of the population structure using Structure

formed two groups, according to the value of ΔK , allocating the ethnovarieties in accordance with the study regions. Phenotypic and molecular characterization revealed that there is genetic variability among individuals of *M. esculenta*. This diversity can be used in the construction of active germplasm collections and in future breeding programs.

Keywords: Euphorbiaceae, *Manihot esculenta*, ISSR, genetic variability, conservation.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é amplamente cultivada nas regiões tropicais e subtropicais, afigurando-se uma das espécies mais importantes da família Euphorbiaceae (MÜHLEN et al., 2000; NINA et al., 2021). A mandioca pertence ao gênero *Manihot*, é de origem da América do Sul, não endêmica do Brasil, porém, com ampla distribuição no território brasileiro, entre as regiões do Norte, Nordeste, Centro-oeste e Sudeste (SECCO et al., 2015).

É uma planta lenhosa, com caule cilíndrico, folhas simples, palmada e lobulada, cujo número de lobos pode variar entre três a nove. Sua inflorescência apresenta-se como uma panícula ou aglomerado e as flores têm cinco sépalas e dez estames, assim, considerada uma planta monóica, ou seja, com flores macho e fêmea unissexuais em uma mesma planta. Os frutos, quando maduros e secos, abrem rapidamente liberando as sementes, que são meios de reprodução sexuada da planta, contribuindo na melhoria, uma vez que se podem obter novos genótipos geneticamente superiores (NINA et al., 2021). A reprodução vegetativa é a mais utilizada pelos agricultores, a qual ocorre por meio de propagação vegetativa, ou seja, pedaços do caule da planta (maniva), viabilizando a multiplicação das mandiocas. Uma das vantagens dessa forma de reprodução é que as plantas mantêm suas características morfológicas e agronômicas de origem, assim, os agricultores selecionam as mandiocas de interesse econômico e produtivo (SILOTO & FERNANDES, 2016).

A mandioca é consumida na alimentação de diversas formas, cozida, frita ou, ainda, em subprodutos, com base em sua farinha, polvilho e goma. Também se utiliza em diversas fabricações de alimentos, como mingau, sequilho, bolo e tapioca (XAVIER et al., 2020). A produção de mandioca no Brasil está na sexta posição em produtividade, destacando o estado da Bahia, que produziu cerca de 1,5 milhões de toneladas de mandioca em 2018 (GUIMARÃES & SCHNEIDER, 2020). No Mato Grosso, a produção de mandioca gira em torno de 287 mil toneladas (IBGE, 2019), grande parte dessa produção oriunda da agricultura familiar, utilizando-se de pouca tecnologia para o manejo, restringindo-se aos pequenos plantios.

A agricultura familiar visa ao autoconsumo, garantido a alimentação da família, além de movimentar o mercado local com a comercialização dos produtos cultivados em suas roças (SOARES et al., 2018), além disso, grande parte dos agricultores familiares residem em assentamentos. O INCRA (Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária) define os assentamentos como conjuntos de unidades agrícolas, com objetivo de fornecer moradia e produção alimentar, garantido a segurança alimentar das famílias da zona rural. Nesse aspecto, os agricultores se comprometem a morar e explorar a terra para seu sustento, usando exclusivamente a mão de obra familiar. Segundo o INCRA, os assentamentos da reforma agrária são destinados às famílias sem condições econômicas para adquirir e manter o imóvel rural, no entanto, recebem apoio de crédito, assistência técnica e outros benefícios, contribuindo para o estabelecimento e desenvolvimento das famílias assentadas (FIGUEREDO, 2019).

O cultivo de mandioca, por ser mais acessível, devido ao baixo custo, fácil desenvolvimento, resistência a solos pobres, pragas e doenças, destaca-se entre os realizados pelos agricultores familiares por demandar apenas cuidados esporádicos e a colheita ser viável entre 6 a 24 meses, dependendo da variedade utilizada (CARVALHO et al., 2007; SILVEIRA, 2019). Ademais, ao longo do tempo, os agricultores se tornaram mantenedores e conservadores de uma ampla diversidade de variedades de mandioca (MÜHLEN et al., 2000). Nesse sentido, estima-se que haja cerca de 7.000 variedades distribuídas no mundo (EMPERAIRE et al., 1998).

Dessa forma, a conservação *on farm* vem recebendo grande atenção em relação à conservação dos recursos genéticos, especialmente as etnovariedades, definidas como planta geograficamente distinta, resultado de seleção local realizada pelos agricultores (SILVA et al., 2001). Essa diversidade apresenta grande importância para a segurança alimentar, sendo uma estratégia complementar à conservação *in situ*, permitindo que as espécies continuem seu processo evolutivo, ampliando a variabilidade genética em um processo natural (NAIME, 2016; SANTONIERI & BUSTAMANTE, 2016).

Em razão do avanço da agricultura em grande escala, estudos de diversidade genética de espécies domesticadas, como a mandioca, têm-se

intensificado, buscando-se conhecer e analisar as características fenotípicas, bem como a caracterização molecular, visando a identificar e a registrar a diversidade genética nas roças dos agricultores, contribuindo para estratégias de conservação e programas de melhoramento. Nesse aspecto, estudos realizados com a caracterização fenotípica e molecular apresentam bons resultados na identificação da diversidade genética da espécie mandioca, demonstrando excelentes resultados (SILVA et al., 2011; LORENZONI et al., 2014; TIAGO et al., 2016; GOMES et al., 2016; AFONSO et al., 2019; HOOGERHEIDE et al., 2019).

O objetivo deste estudo consiste em realizar levantamento das etnovariedades de mandioca, em três assentamentos no norte do Estado de Mato Grosso, e caracterizá-las por marcadores moleculares e descritores fenotípicos qualitativos. O estudo está organizado em dois capítulos. O capítulo 1 refere-se ao levantamento e caracterização fenotípica das etnovariedades enquanto o capítulo 2 descreve a diversidade genética das etnovariedades encontradas nos assentamentos através de marcadores moleculares ISSR.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AFONSO, S. D. J., MOREIRA, R. F. C., DA SILVA LEDO, C. A., FERREIRA, C. A. F., DA SILVA SANTOS, V., & MUONDO, P. A. O. Genetic structure of cassava populations (*Manihot esculenta* Crantz) from Angola assessed through (ISSR) markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 18, n. 7, p. 144-154, 2019. <https://doi.org/10.5897/AJB2018.16720>.

CARVALHO, F. M. D., VIANA, A. E. S., MATSUMOTO, S. N., REBOUÇAS, T. N. H., CARDOSO, C. E. L., & GOMES, I. R. Manejo de solo em cultivo com mandioca em treze municípios da região sudoeste da Bahia. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 2, p. 378-384, 2007. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542007000200017>.

EMPERAIRE, L.; PINTON, F.; SECOND, G. Gestion dynamique de la diversité variétale du manioc en Amazonie du Nord-Ouest. **Natures Sciences Sociétés**, v.6, n. 2, p.27-42, 1998. [https://doi.org/10.1016/S1240-1307\(98\)80006-X](https://doi.org/10.1016/S1240-1307(98)80006-X).

FARALDO, M. I. F., SILVA, R. M. D., ANDO, A., & MARTINS, P. S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 3, p. 499-505, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000300020>.

FIGUEREDO, Cleria. **A política de assentamento rurais executada pelo INCRA: os gargalos na implantação e acompanhamento dos projetos de assentamento**. 2019. Dissertação (Mestrado em Planejamento e Governança Pública) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Curitiba, 2019.

FUKUDA, W. M. G & GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agrônômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: EMBRAPA – CNPMF. Documento, 78. 1998. 38 p. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/638631>.

GOMES, R. S., DE ALMEIDA, C. F., DA SILVA COSTA, J. R., JUNIOR, R. M., DELAZARI, F. T., DA SILVA SANTOS, F. C., & DA SILVA, D. J. H. Genetic diversity in sweet cassava from the Brazilian Middle North Region and selection of genotypes based on morpho-agronomical descriptors. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 38, p. 3710-3719, 2016. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11267>.

GUIMARÃES, A. R. D., & SCHNEIDER, L. C. Caracterização físico-química de farinhas de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) oriundas do Município de São Desidério–BA. **Brazilian Journal of Health Review**, v. 3, n. 6, p. 16820-16829, 2020. <https://doi.org/10.34119/bjhrv3n6-113>.

HOOGERHEIDE, E. S. S., FIGUEREDO, P. E., ZANETTI, G. T., TIAGO, A. V., PINTO, J. M. A., & ROSSI, A. A. B. Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil. **Magistra**, v. 30, p. 143-153, 2019.

INCRA – INSTITUTO NACIONAL COLONIZAÇÃO E REFORMA AGRÁRIA.
Assentamentos. Disponível em:
<https://antigo.incra.gov.br/pt/assentamentos.html>. Atualizado em 18 de março
de 2020.

LORENZONI, R. M., SOARES, T. C. B., SANTIAGO, V. F., SILVA, J. A. D., &
COELHO, R. I. Utilização de marcadores ISSR na avaliação da divergência
genética entre acessos de Biribazeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**,
Jaboticabal, v. 36, p. 251-257, 2014. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452014000500029>.

MÜHLEN, G. S; MARTINS, P. S; ANDO, A. Variabilidade genética de
etnovarietades de mandioca, avaliada por marcadores de DNA. **Scientia
Agricola**, v. 57, n. 2, p. 319-328, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000200020>.

NAIME, Roberto. Portal EcoDebate: Conservação *in situ*, *ex situ* e *on farm*.
2016. Disponível em: <https://www.ecodebate.com.br/2016/04/27/conservacao-in-situ-ex-situ-e-on-farm-parte-ii-artigo-de-roberto-naime/>. Acesso em: 02 de
outubro de 2021.

NINA, M. M., DOS SANTOS, C. P., DA ROCHA, S. F., CAVALCANTE, F. S. A.,
& LIMA, R. A. Potencialidade de *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae) na
Floresta Amazônica, Brasil. **Diversitas Journal**, v. 6, n. 2, p. 2247-2260, 2021.
<https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v6i2-1253>.

SANTONIERI, L., & BUSTAMANTE, P. G. Patricia Goulart. Conservação ex
situ e on farm de recursos genéticos: desafios para promover sinergias e
complementaridades. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências
Humanas**, v. 11, p. 677-690, 2016.
<https://doi.org/10.1590/1981.81222016000300008>.

SECCO, R., SILVA, M. J. DA., SODRÉ, R. C., & MARTINS, M. L. L.
Manihot in **Lista de Espécies da Flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de
Janeiro. 2015. Disponível em:
<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB17600>.

SILOTO, E. D., & FERNANDES, A. M. Brotação de manivas de mandioca no
sistema de propagação rápida sob diferentes níveis de adubação. **Revista
Raízes e Amidos Tropicais**, v. 12, n. 1, p. 15-25, 2016.
<https://doi.org/10.17766/1808-981X.2016v12n1p15-25>.

SILVA, K. V. P. D., ALVES, A. A. D. C., MARTINS, M. I. G., MELO, C. A. F. D.,
& CARVALHO, R. D. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot*
por meio de marcadores moleculares ISSR. **Pesquisa Agropecuária
Brasileira**, v. 46, n. 9, p. 1082-1088, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011000900016>.

SILVA, R.M.; BANDEL, G.; FARALDO, M.I.F.; MARTINS, P.S. Biologia
reprodutiva de etnovarietades de mandioca. **Scientia Agricola**, v.58, n.1,
p.101-107, 2001.

SILVEIRA, Rebeqa Borges. B. **Características agronômicas e bromatológicas de cultivares de mandioca**. 2019. Tese (Doutorado em Zootecnia) Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2019.

SOARES, K. R., FERREIRA, E. E. D. S., SEABRA, S., & NEVES, S. M. A. D. S. Extrativismo e Produção de Alimentos como Estratégia de Reprodução de Agricultores Familiares do Assentamento Seringal, Amazônia Meridional2. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 56, n. 4, p. 645-662, 2018. <https://doi.org/10.1590/1234-56781806-94790560406>.

TIAGO, A. V., ROSSI, A. A., TIAGO, P. V., CARPEJANI, A. A., SILVA, B. M., HOOGERHEIDE, E. S., & YAMASHITA, O. M. Genetic diversity in cassava landraces grown on farms in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genetics and Molecular Research: GMR**, v. 15, n. 3, 2016. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038615>.

XAVIER, A. R., LIMA, L. A., & DE ANDRADE, F. A. Saberes tradicionais do cultivo da mandioca (*Manihot esculenta*) e a produção de farinha: estudo em Beberibe, Ceará. **Revista Cocar**, v. 14, n. 28, p. 781-801, 2020.

3. CAPÍTULOS

3. 1 LEVANTAMENTO E CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA CULTIVADAS EM ASSENTAMENTOS RURAIS NO ESTADO DE MATO GROSSO

Resumo – (Levantamento e caracterização fenotípica de etnovariedades de mandioca cultivadas em assentamentos rurais no Estado de Mato Grosso).

A mandioca apresenta ampla diversidade genética, a qual é cultivada, em grande parte, por agricultores familiares. O presente estudo objetiva realizar um levantamento e caracterizar fenotipicamente as etnovariedades cultivadas por agricultores familiares em assentamentos rurais no Estado de Mato Grosso. O estudo foi conduzido em três assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingos (JFD), no município de Alta Floresta, e assentamento São Pedro (ASP), em Paranaíta. As etnovariedades cultivadas nas propriedades foram caracterizadas, utilizando 13 descritores qualitativos. Foi calculada a frequência de cultivo das etnovariedades e a frequência das classes fenotípicas de cada descritor. Para caracterização da diversidade fenotípica, as variáveis qualitativas foram analisadas como multicategóricas, com múltiplas classes e agrupadas pelo método UPGMA, através do programa Genes. Foram visitadas 33 propriedades, nas quais se identificaram 76 etnovariedades cultivadas nos três assentamentos. Dessas, a etnovariedade “*cacau*” foi a mais frequente, registrada em 69,7% das propriedades, portanto, consiste na etnovariedade dominante. A caracterização fenotípica apresentou um total de 44 classes, evidenciando variabilidade fenotípica entre as etnovariedades avaliadas. O agrupamento UPGMA formou nove grupos, sendo o grupo GI o mais representativo (72,37%). Os grupos GVIII e GIX foram compostos por uma etnovariedade cada, ASP59 (*roxa de fritar*) e JFD40 (*amarela*), respectivamente. Foram identificadas 21 etnovariedades com diferentes denominações, das quais 15 são consideradas raras, por apenas aparecerem citadas um ou duas vezes pelos agricultores. O UPGMA realizado por meio da análise de caracterização fenotípica evidenciou uma ampla diversidade de etnovariedades nas propriedades dos agricultores, tidas como unidades mantenedoras e locais de conservação.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*, Descritores morfológico, Variabilidade fenotípica.

Abstract - (Survey and phenotypic characterization of cassava landraces cultivated in rural settlements in the State of Mato Grosso, Brazil).

Cassava has a wide genetic diversity, being largely cultivated by family farmers. The present study aimed to characterize by phenotype the landraces cultivated by family farmers in rural settlements in the State of Mato Grosso, Brazil. The study was carried out in three settlements, Nossa Senhora Aparecida (NSA) and Júlio Firmino Domingos (JFD) in the municipality of Alta Floresta and the São Pedro (ASP) settlement in Paranaíta. The landraces cultivated on the properties were surveyed and characterized, using 13 qualitative descriptors. The frequency of cultivation of landraces and the frequency of the phenotypic classes of each descriptor was calculated. To characterize the phenotypic diversity, the qualitative variables were analyzed as multicategorical multiple classes and grouped by the UPGMA method, using the Genes program. We visited 33 properties, and 76 landraces of cassava cultivated in the three settlements were identified. The “*cacau*” landrace was the most frequent, present in 69.7% of the properties, therefore it is the dominant landrace. The characterization presented a total of 44 phenotypic classes, evidencing phenotypic variability among the evaluated landraces. The UPGMA group formed nine groups, the GI group was the most representative (72.37%). The GVIII and GIX groups were composed of one landrace each, ASP59 (“*roxa de fritar*”) and JFD40 (“*amarela*”) respectively. Twenty-one landraces were identified, 15 of which were considered rare. The UPGMA carried out through the analysis of phenotypic characterization showed a wide diversity of landraces in the properties of the farmers, considered as maintaining units and conservation areas.

Keywords: *Manihot esculenta*, Morphological descriptors, Phenotypic variability.

Introdução

A espécie *Manihot esculenta* Crantz, conhecida popularmente como mandioca, aipim e macaxeira, recebe diferentes denominações conforme a região de cultivo (SOUSA et al., 2021), presente na mesa dos brasileiros de forma abundante, em diversas receitas (NINA et al., 2021). É uma espécie que apresenta grande importância para o Brasil, cultivada principalmente por pequenos agricultores familiares (OLIVEIRA CAMPOS et al., 2021), devido ao seu fácil desenvolvimento e baixo custo. É utilizada na alimentação da família e de animais, além disso, seu excedente comumente é vendido para complementar a renda familiar (CARNEIRO, 2017).

As mandiocas cultivadas pelos agricultores familiares são caracterizadas por se desenvolverem em solos que não suportariam outros cultivos de maior valor, já a resistência às pragas e às doenças garante ampla diversidade de etnovarietades, características favoráveis para conservação (FARALDO et al., 2000; PEQUENO et al., 2007).

O Ministério do Meio Ambiente (MMA) destaca a importância da conservação *in situ*, *ex situ* e *on farm*, garantido maior segurança no desenvolvimento sustentável e manutenção da diversidade genética. Na conservação *in situ*, as plantas são conservadas em suas comunidades naturais. Por sua vez, a conservação *ex situ* envolve a manutenção fora do habitat, permite que se reúnam recursos genéticos de várias procedências, assegurando a disponibilidade contínua, assim preservando espécies que ocorrem em habitat ameaçado. Já a conservação *on farm* possibilita a continuação do processo evolutivo da espécie, sendo uma forma de conservação genética da agrobiodiversidade, referindo-se à diversidade de cultivos em diferentes estados de domesticação. A conservação *on farm* envolve, em especial, espécies crioulas e domesticadas, cultivadas por pequenos agricultores, além de comunidades tradicionais e indígenas (OLER & AMOROZO, 2017).

As roças caracterizam-se como importantes unidades para manutenção e conservação do tipo *on farm* (SALOMÃO, 2010). Estudos mostram que as roças são unidades básicas evolutivas locais (CARRASCO, 2012; TIAGO et al., 2016; ZAGO et al., 2017; OLER, 2017; PEDRI et al., 2019),

onde atuam os processos de geração, amplificação e manutenção da diversidade de etnovariedades de mandioca (FARALDO et al., 2000).

Para identificar a diversidade de mandioca, empregam-se inúmeras metodologias de avaliação, dentre as quais destaca-se a caracterização fenotípica (FUKUDA & GUEVARA, 1998), utilizada na identificação e diferenciação de etnovariedades de mandioca, descrevendo as características observadas de um indivíduo. Estudos realizados com a caracterização fenotípica apresentaram bons resultados, contribuindo principalmente para o conhecimento e o registro da diversidade de etnovariedades nas roças, bem como auxiliando na elaboração de estratégias e programas de conservação (MEZETTE et al., 2013; TIAGO et al., 2016; GUIMARAES et al. 2020; MONTEIRO-ALTAMIRANO et al., 2021).

O objetivo desse estudo foi realizar levantamento da diversidade de etnovariedades cultivadas por agricultores de assentamentos rurais nos municípios de Alta Floresta e Paranaíta, Mato Grosso, Brasil, e, posteriormente, caracterizá-las via descritores fenotípicos qualitativos.

Material e Métodos

Área de estudo

O estudo foi realizado no norte do Estado de Mato Grosso, nos municípios de Alta Floresta e Paranaíta, em três assentamentos rurais (Figura 1), localizados às margens da BR-208, com distância de cerca de 789 km e 837 km da capital Cuiabá, cuja estimativa de habitantes nos dois municípios é de 52.105 e de 11.291, respectivamente (IBGE 2021). Cerca de 87% da população de Alta Floresta concentra-se na zona urbana e 13%, na zona rural. Em Paranaíta, 53% vivem na zona urbana e 47%, na zona rural (IBGE, 2010).

No município de Alta Floresta, localizam-se os assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD) (Figura 1), abertos nos anos de 2005 e 2001, os quais possuem 33 e 176 famílias assentadas, respectivamente, com áreas de 50 e 250 hectares. O assentamento São Pedro (ASP) pertence ao município de Paranaíta (Figura 1), aberto em 1997, cuja área é de 35 mil hectares, com 770 famílias assentadas (ICV, 2015).

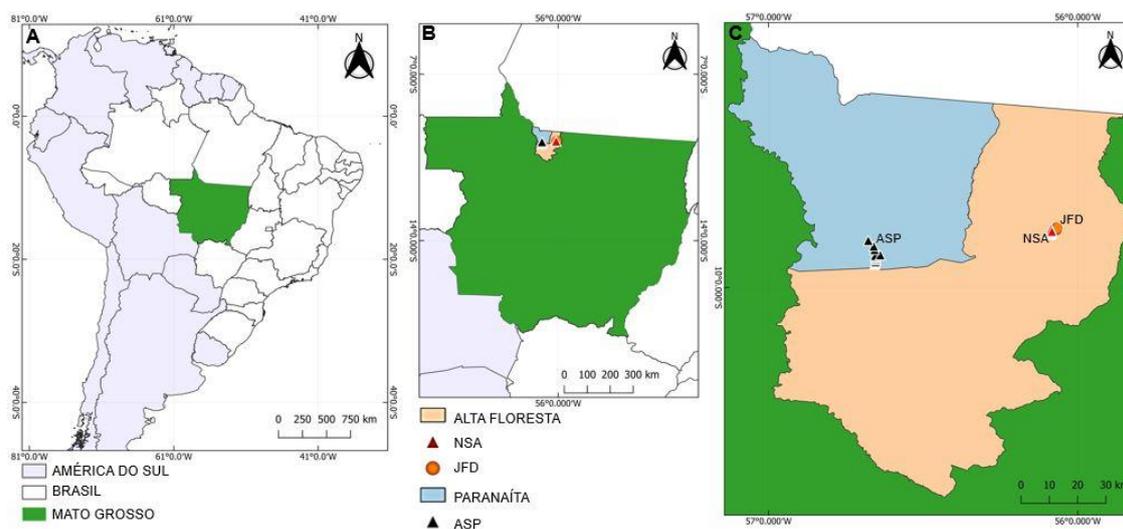


Figura 1 - Localização geográfica da área de estudo. (A) América do Sul, Brasil e Mato Grosso; (B) destaque do estado de Mato Grosso e dos municípios em estudo; (C) destaque dos assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD), no município de Alta Floresta, e Assentamento São Pedro (ASP), no município de Paranaíta.

Coleta de dados

Entre os meses de novembro de 2020 a janeiro de 2021, realizaram-se expedições a campo nos três assentamentos na região de Alta Floresta e Paranaíta, para conhecer e identificar as propriedades rurais que mantinham o cultivo de mandioca; após essa identificação, selecionou-se um total de 33 propriedades, 10 no assentamento NSA, 8 no JFD de Alta Floresta e 15 no ASP de Paranaíta, como demonstrado nas figuras 2 e 3.

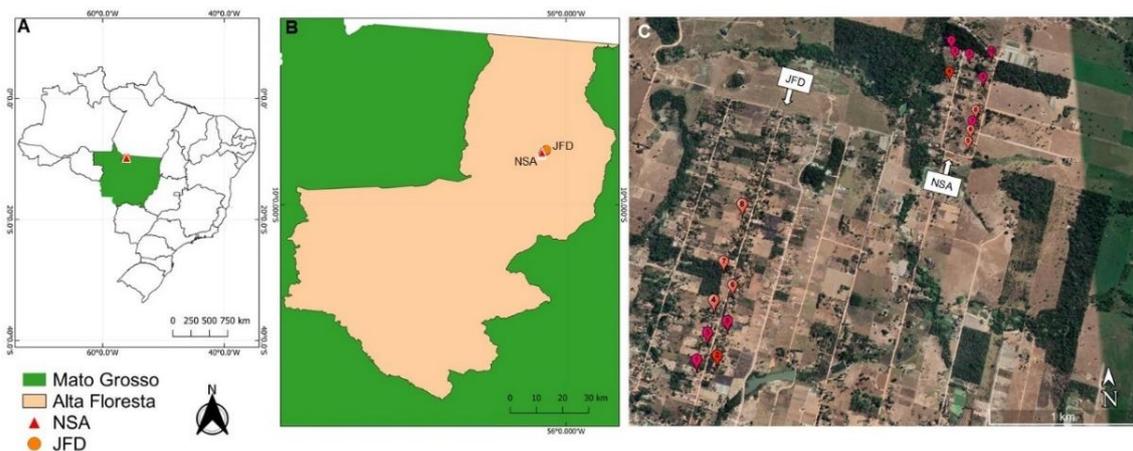


Figura 2 - Localização geográfica das 18 propriedades visitadas nos assentamentos NSA e JFD. (A) Brasil, Mato Grosso; (B) Município de Alta Floresta; (C) Assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD).



Figura 3 - Localização geográfica das 15 propriedades visitadas no ASP. (A) Brasil, Mato Grosso; (B) Município de Paranaíta; (C) Assentamento São Pedro (ASP).

Em cada propriedade visitada, realizou-se o levantamento das diferentes etnovariedades cultivadas e identificadas conforme o conhecimento do agricultor. Em seguida, fez-se a caracterização fenotípica, através de 13 descritores morfológicos qualitativos discriminados na Tabela 1, fundamentados a partir do trabalho desenvolvido por Fukuda & Guevara (1998). Ainda em campo, efetuaram-se registros fotográficos das etnovariedades avaliadas.

Tabela 1. Descritores morfológicos utilizados para caracterizar as etnovariedades de mandioca cultivadas nos três assentamentos no norte de Mato Grosso, fundamentados em Fukuda & Guevara (1998).

Descritores	Código	Classes Fenotípicas
Forma do lóbulo central	FLC	(1) ovóide; (2) elíptica-lanceolada; (3) obovada-lanceolada; (4) oblongo-lanceolada; (5) lanceolada; (6) reta ou linear; (7) pendurada; (8) linear-piramidal; (9) linear-pandurada; (10) linear-hostatilobada
Cor da nervura	CN	(1) verde; (2) verde avermelhado em menos de metade; (3) verde avermelhado em mais da metade; (4) tudo vermelho
Cor externa do caule	CEC	(1) laranja; (2) verde amarelado; (3) dourado; (4) marrom claro; (5) prateado; (6) cinza; (7) marrom escuro
Posição das raízes	PR	(1) tendência vertical; (2) tendência horizontal; (3) irregular
Forma da raiz	FR	(1) cônica; (2) cônica-cilíndrica; (3) cilíndrica; (4) irregular
Presença de pedúnculo nas raízes	PPR	(0) sésil; (1) pedunculada; (2) misto (ambos)
Constrições da raiz	CR	(1) poucas ou nenhuma; (2) médias; (3) muitas
Textura da epiderme da raiz	TER	(3) lisa; (7) rugosa
Cor externa da raiz	CER	(1) branca ou creme; (2) amarela; (3) marrom claro; (4) marrom escura
Destaque da película da raiz	DPR	(1) fácil; (2) mediano; (3) difícil
Cor do córtex da raiz	CCR	(1) branco ou creme; (2) amarelo; (3) rosado; (4) roxo
Destaque do córtex da raiz	DCR	(1) fácil; (2) mediano; (3) difícil
Cor da polpa da raiz	CPR	(1) branca; (2) creme; (3) amarela; (4) rosada

As análises se realizaram em plantas com mais de seis meses de plantio, conforme recomendado por Fukuda & Guevara (1998).

Análise dos dados

Os dados foram tabulados em planilhas eletrônicas do Excel 2016 e calculada a frequência de cultivo e frequência relativa das classes fenotípicas de cada descritor, pela seguinte fórmula:

$$\text{Frequência relativa} = \frac{\text{Frequência absoluta}}{\text{Total da amostra}} * 100$$

Para caracterizar a diversidade fenotípica das etnovariedades, analisaram-se as 13 variáveis qualitativas como multicategóricas e múltiplas classes, cuja matriz de dissimilaridade se calculou por meio do índice:

$$S_{ij} = \frac{C}{C + D}$$

em que:

C: total de concordância de categorias para todas as variáveis consideradas

D: total de discordância de categorias para todas as variáveis consideradas

Com base na matriz de dissimilaridade, construiu-se um dendrograma, pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Usingan Arithmetic Average*). A validação do agrupamento foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC) de acordo com Sokal & Rohlf (1962) e o ponto de corte, baseado em Mojena (1977). Já as análises foram realizadas por meio do software Genes (CRUZ, 2016).

Resultados e Discussão

Diversidade de mandiocas nos assentamentos rurais

Nas visitas às 33 propriedades nos três assentamentos, citou-se um total de 76 etnovariedades, destas, 21 eram diferentes, mediante as denominações dadas pelos agricultores, enquanto as demais (54) se tratavam das mesmas etnovariedades por possuírem nomes iguais. Dentre as etnovariedades listadas, três foram comuns aos três assentamentos, a “*mandioca cacau*”, com 30,3% de citações; a “*mandioca amarela*”, com 11,8%, e a “*mandioca pão*”, com 4% (Tabela 2). Podemos inferir, portanto, que essas três etnovariedades de mandiocas são as preferidas na região pesquisada, com destaque para a “*mandioca cacau*”.

Cada agricultor cultiva de uma a seis etnovariedades, observando uma média geral de 2,3 etnovariedades por propriedade. Quando analisamos a média de etnovariedades por propriedade em cada um dos assentamentos, observamos os valores de 2,1 (NSA), 2,6 (JFD) e 2,26 (ASP). Quanto à média geral de etnovariedades, mantidas pelos agricultores, analisou-se levando em consideração apenas as que apresentaram diferentes denominações (21) nas 33 propriedades e se obteve um valor de 0,64. Comparando esses resultados com outros autores, como Oler et al., (2019) e Tiago et al., (2016), nos quais se apresentam médias de 2,3 e 1,23, respectivamente, percebe-se que a diversidade de etnovariedades com diferentes denominações mantidas pelos agricultores nos três assentamentos é relativamente baixa (0,66).

Nos três assentamentos, encontraram-se etnovariedades de mandiocas “*não nomeadas*” (Tabela 2). Nesse sentido, é importante destacar que se entende por etnovariedades “*não nomeadas*” as que foram apontadas como diferentes, porém, não nomeadas pelos agricultores. Também foram registradas diferentes variedades de cacau com nomeações como cacau V1, cacau V2 e cacau V3, (tabela 2), no caso, os agricultores não souberam denominar, relatando que eram variedades de cacau diferentes, por meio das características morfológicas, cujos registros ocorreram em duas propriedades.

Tabela 2. Etnoviedades de mandioca citadas pelos agricultores nos três assentamentos rurais pesquisados no norte do estado de Mato Grosso.

Assentamento – Nossa Senhora Aparecida (NSA)					
Cód.	Etnoviedade	Cód.	Etnoviedade	Cód.	Etnoviedade
NSA1	<i>Copinha</i>	NSA8	<i>Cacau maranhense</i>	NSA15	<i>Amarela</i>
NSA2	<i>Cacau</i>	NSA9	<i>Cacau</i>	NSA16	<i>Cacau</i>
NSA3	<i>Apronta a mesa</i>	NSA10	<i>Mandioca pão</i>	NSA17	<i>Cacau</i>
NSA4	<i>Amarela</i>	NSA11	<i>Vassourinha</i>	NSA18	<i>Amarela</i>
NSA5	<i>Cacau</i>	NSA12	<i>Cacau cuiabana</i>	NSA19	<i>Não nomeada1</i>
NSA6	<i>Cacau cuiabana</i>	NSA13	<i>Cacau</i>	NSA20	<i>Amarela</i>
NSA7	<i>Cacau cuiabana</i>	NSA14	<i>Cacau</i>	NSA21	<i>Cacau</i>
Assentamento – Júlio Firmino Domingues (JFD)					
JFD22	<i>Branca</i>	JFD29	<i>Amarela</i>	JFD36	<i>Mandioca pão</i>
JFD23	<i>Amarela</i>	JFD30	<i>Cacau</i>	JFD37	<i>Não nomeada3</i>
JFD24	<i>Não nomeada2</i>	JFD31	<i>Branca</i>	JFD38	<i>Cacau</i>
JFD25	<i>Cacau</i>	JFD32	<i>Cacau</i>	JFD39	<i>Cacau vermelho</i>
JFD26	<i>Mandioca roxa</i>	JFD33	<i>Cacau amarela</i>	JFD40	<i>Amarela</i>
JFD27	<i>Amarela</i>	JFD34	<i>Mandioca preta</i>	JFD41	<i>Cacau branca</i>
JFD28	<i>Mandioca de fritar</i>	JFD35	<i>Cacau</i>	JFD42	<i>Não nomeada4</i>
Assentamento – São Pedro (ASP)					
ASP43	<i>Cacau</i>	ASP55	<i>Manteiga</i>	ASP67	<i>Cacau roxa</i>
ASP44	<i>Não nomeada5</i>	ASP56	<i>Cacau</i>	ASP68	<i>Vassourinha</i>
ASP45	<i>Cacau</i>	ASP57	<i>Branca</i>	ASP69	<i>Branca</i>
ASP46	<i>Branca</i>	ASP58	<i>Cacau</i>	ASP70	<i>Cacau</i>
ASP47	<i>Cacau branca</i>	ASP59	<i>Roxa de fritar</i>	ASP71	<i>Branca</i>
ASP48	<i>Cacau amarela</i>	ASP60	<i>Cacau</i>	ASP72	<i>Cacau V1</i>
ASP49	<i>Amarela</i>	ASP61	<i>Cacau</i>	ASP73	<i>Cacau V2</i>
ASP50	<i>Cacau</i>	ASP62	<i>Branca</i>	ASP74	<i>Cacau V3</i>
ASP51	<i>Branca</i>	ASP63	<i>Branca</i>	ASP75	<i>Cacau V1</i>
ASP52	<i>Cacau</i>	ASP64	<i>Cacau</i>	ASP76	<i>Cacau V2</i>
ASP53	<i>Branca</i>	ASP65	<i>Branca</i>		
ASP54	<i>Mandioca pão</i>	ASP66	<i>Mandioca roxa</i>		

Cód. = Código da etnoviedade.

No assentamento Nossa Senhora Aparecida (NSA), identificaram-se 21 etnoviedades, oito com diferentes denominações (Figura 4). A etnoviedade conhecida popularmente como “*cacau*” foi encontrada com maior frequência, aparecendo em oito das dez propriedades (80%), dominante no assentamento NSA. As etnoviedades “*amarela*” e “*cacau cuiabana*” apareceram na sequência, registradas em quatro (40%) e três (30%)

propriedades, respectivamente, consideradas intermediárias. As demais, por serem citadas apenas uma vez, foram consideradas raras (Figura 4).

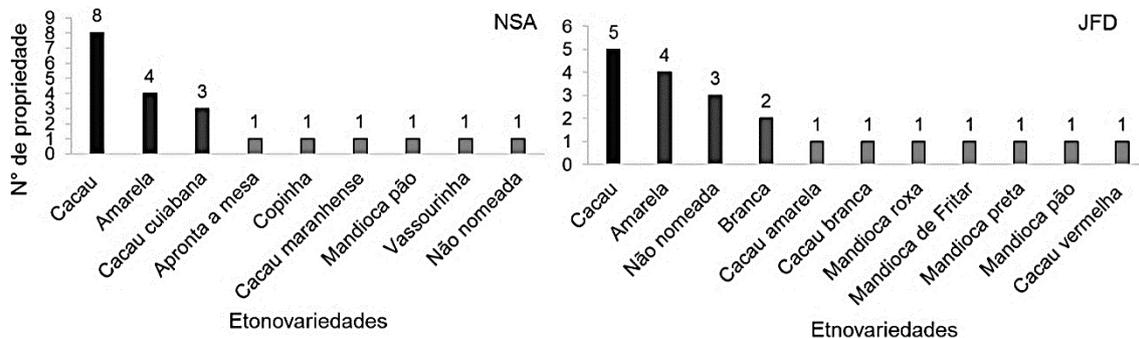


Figura 4 - Número de propriedades em que cada etnovariedade de mandioca foi encontrada nos assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD), Alta Floresta.

No assentamento Júlio Firmino Domingues (JFD), identificaram-se 21 etnovariedades, com dez diferentes denominações. A etnovariedade “*cacau*” apresentou maior frequência, cultivada em 62,5% das propriedades, semelhantemente ao assentamento NSA, portanto, considerada dominante no assentamento JFD (Figura 4). Em seguida, a mandioca “*amarela*” foi citada quatro vezes, ou seja, encontrada em 50% das propriedades, considerada intermediária. As etnovariedades que aparecem exclusivamente em uma propriedade ou citadas duas vezes foram caracterizadas como raras (Figura 4).

No assentamento São Pedro (ASP), foram identificadas 34 etnovariedades, dentre as quais 14 possuem diferentes denominações. A mandioca “*cacau*” apresentou maior frequência, registrada em 10 das 15 propriedades visitadas, ou seja, 66,7% dos produtores pesquisados cultivam-na. A mandioca “*branca*” também foi encontrada em alta frequência, cultivada em 60% das propriedades. As duas etnovariedades de mandioca denominadas como “*cacau e branca*” foram consideradas dominantes no assentamento ASP (Figura 5).

Os resultados indicam uma preferência de etnovariedades para cultivo, pelos agricultores. Nos assentamentos de Alta Floresta, as duas etnovariedades cultivadas com maior frequência foram a “*mandioca cacau*” e a

“*mandioca amarela*”; já em Paranaíta, no ASP, foram a “*mandioca cacau*” e a “*mandioca branca*”.

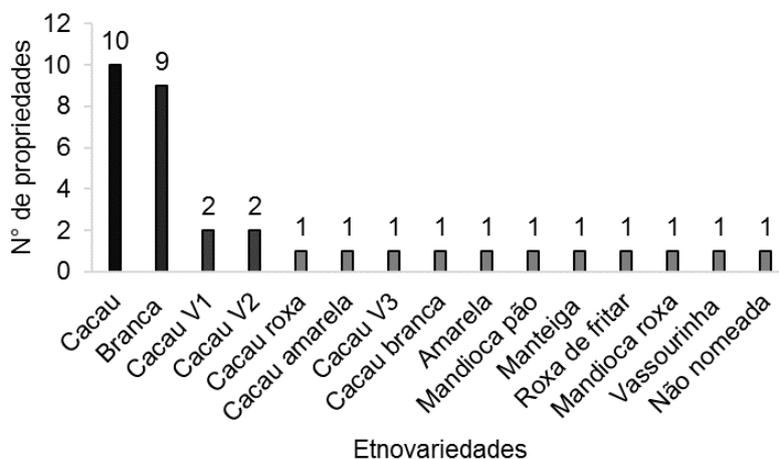


Figura 5 - Número de propriedades em que cada etnovarietade de mandioca foi encontrada no assentamento São Pedro (ASP), Paranaíta.

Quando as análises foram realizadas sem levar em consideração os assentamentos, observa-se que a etnovarietade popularmente conhecida como “*cacau*” é cultivada em 69,7% das propriedades, reforçando novamente a sua alta frequência de cultivo, sendo a etnovarietade dominante entre as 21 com diferentes denominações (Figura 6).

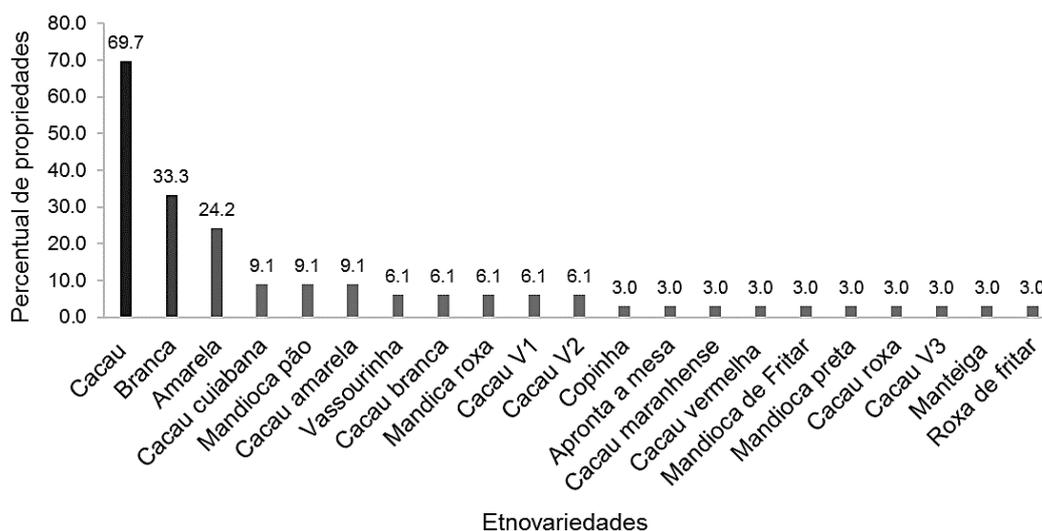


Figura 6 - Percentual de propriedades em que cada etnovarietade de mandioca foi encontrada durante as visitas aos assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP), municípios de Alta Floresta e Paranaíta - MT.

A preferência pelo cultivo da etnovarietade “*cacau*” pelos agricultores dos três assentamentos avaliados neste estudo também foi observada por Oler (2012) ao realizar um levantamento de etnovarietades cultivadas em comunidades e assentamentos em Porto Estrela – MT. O autor relata que essa etnovarietades foi encontrada em 50% das propriedades e sugere que o seu cultivo deve-se, principalmente, à aceitação no mercado consumidor e à produtividade; semelhantemente, os agricultores dos assentamentos NSA, JFD e ASP relataram que dão preferência ao cultivo da etnovarietade “*cacau*” em suas propriedades (69,7%) devido ao desenvolvimento rápido, quando comparada às demais etnovarietades, com ponto de colheita já aos seis meses e bom cozimento mesmo após um ano do plantio.

Os assentamentos com maior e menor número de etnovarietades foram, respectivamente, São Pedro (ASP) e Nossa Senhora Aparecida (NSA), com 14 e 8 etnovarietades com diferentes denominações. A quantidade de etnovarietades presente em cada assentamento pode estar relacionada ao número de agricultores e ao tamanho dos assentamentos, pois o ASP contém 770 famílias com território de 35.000 mil hectares enquanto o assentamento NSA, 33 famílias e território de 50 hectares (ICV, 2015). Oler (2017) também identificou maior diversidade de etnovarietades de mandioca em assentamentos com maior número de agricultores.

Estudos realizados por Marchetti, (2018); Pedri et al. (2021) e Inozile (2021) mostram a relação dos agricultores com a diversidade de etnovarietades de mandioca, destacando a importância dos agricultores, apontados como mantenedores da agrobiodiversidade. A sua forma de manejo, experiência e conhecimento contribuem para conservação on farm, colaborando para manutenção dos processos evolutivos e da diversidade nessas unidades (MARCHETTI, 2018).

Caracterização fenotípica

O resultado da caracterização das 76 etnovariedades nos três assentamentos revelou um total de 44 classes fenotípicas para os treze descritores, evidenciando, portanto, a variabilidade fenotípica entre as etnovariedades (Figura 7). No assentamento ASP, observou-se um total de 40 das 44 classes fenotípicas, ou seja, foi o assentamento que teve maior variação das classes para os descritores. Os assentamentos NSA e JFD apresentaram 38 das 44 classes cada. Na Figura 8, estão representadas algumas características observadas entre as 76 etnovariedades avaliadas.

Por meio dos descritores morfológicos qualitativos, foi possível caracterizar e diferenciar as etnovariedades cultivadas pelos agricultores nos assentamentos NSA, JFD e ASP. Assim como Barros et al. (2020) e Pedri et al. (2021), que também utilizaram descritores qualitativos e puderam caracterizar e identificar a diversidade fenotípica entre etnovariedades cultivadas no estado de Mato Grosso, o presente estudo teve êxito na identificação da variabilidade fenotípica de etnovariedades cultivadas em assentamentos no norte do MT. Juntos, esses trabalhos também evidenciam a região central do Brasil como centro de diversidade de etnovariedades de mandioca (ZAGO et al., 2017).

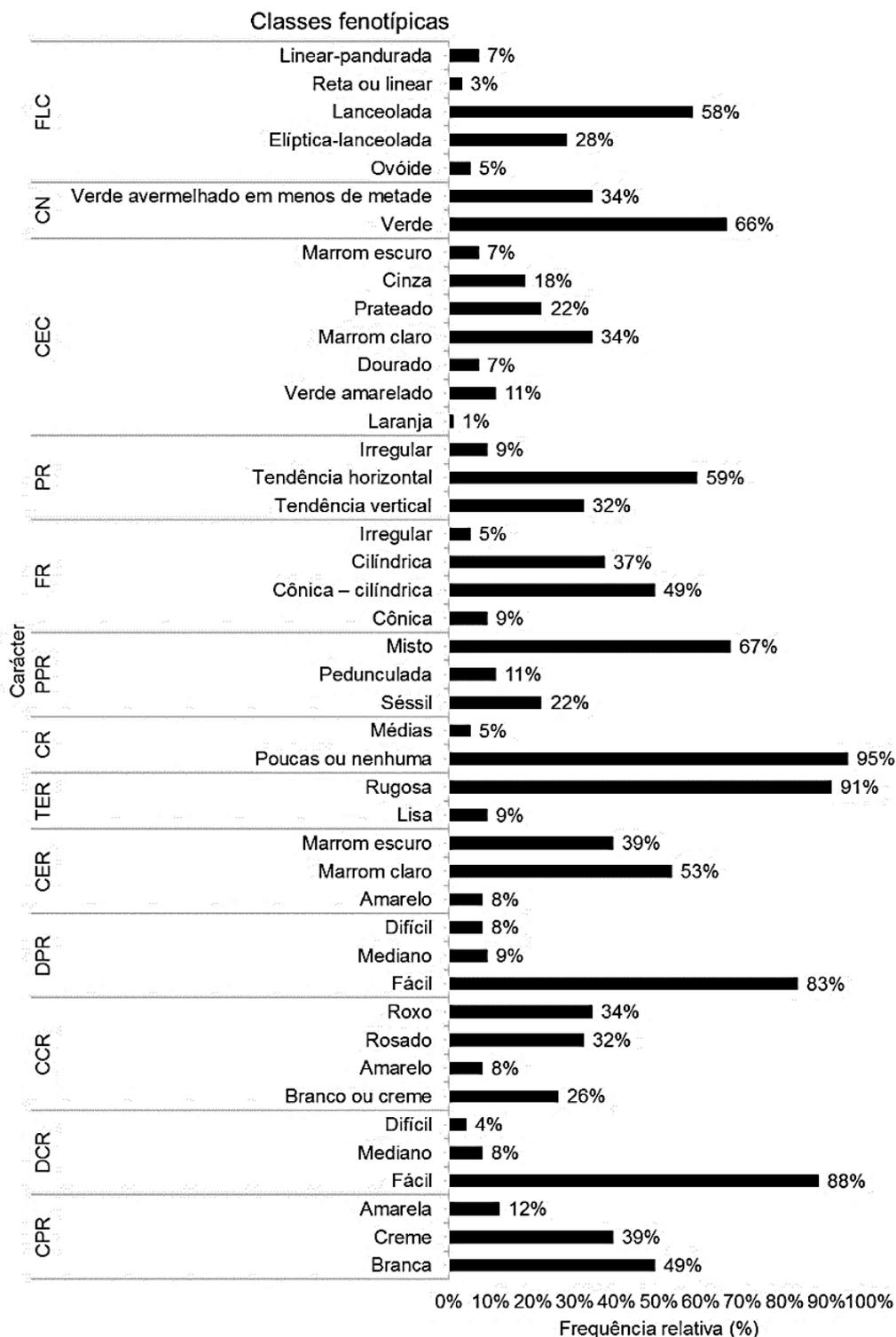


Figura 7 - Frequência relativa (%) das classes fenotípicas. FLC = Forma do lóbulo central; CN = Cor da nervura; CEC = Cor externa do caule; PR = Posição das raízes; FR = Forma da raiz; PPR = Presença de pedúnculo nas raízes; CR = Condições da raiz; TER = Textura da epiderme da raiz; CER = Cor externa da raiz; DPR = Destaque da película da raiz; CCR = Cor do córtex da raiz; DCR = Destaque do córtex da raiz e CPR = Cor da polpa da raiz.



Figura 8 - Características fenotípicas observadas nas 76 etnovariedades de mandioca. FLC = Forma do lóbulo central: A) OD = ovóide, B) EL = elíptica-lanceolada e CN-v = nervura da folha verde, C) CN-vvmm = cor da nervura da folha verde avermelhado em menos de metade, D) LD = lanceolada, E) RL = reta ou linear; F) LP = linear-pandurada. CER = Cor externa da raiz: G) AM = amarela, H) MC = marrom-claro, I) ME = marrom escuro. CCR = Cor do córtex da raiz: J) BC = branca ou creme, k) AM = amarelo, L) RS = rosado, M) RX = roxo. CPR = Cor da polpa da raiz: N) BC = branca, O) CM = creme, P) AM = amarela. CEC = Cor externa do caule: Q) LR = Laranja, R) VM = verde-amarelada, S) DR = dourada, T) MC = marrom-clara, U) PT = prateada, V) CZ = cinza.

Os pares de etnovariedades de mandioca com maior e menor similaridade estão representados na Tabela 3. Os valores das distâncias genéticas variam de 0,000 para as etnovariedades JFD26 (*mandioca roxa*) e JFD42 (*não nomeada 4*) a 0,920 para os pares NSA10 (*pão*) - ASP52 (*cacau*),

e NSA11 (*vassourinha*) - ASP59 (*roxa de fritar*). As duas etnovariedades mais similares (JFD26 – “*mandioca roxa*” e JFD42 – “*não nomeada 4*”) encontram-se no mesmo assentamento e pode-se inferir que a JFD42 “*não nomeada*” pelos agricultores seja a *mandioca roxa*.

Tabela 3. Separação dos pares de etnovariedades de mandioca com maior e menor similaridade e valores das distâncias genéticas (D.G) encontradas.

Similaridade	Etnovariedades	D.G
Maior	JFD26 – JFD42	0,000
	NSA1 – ASP46; NSA1 – ASP56; NSA2 – JFD30; NSA3 – NSA7; NSA3 – JFD42; NSA9 – ASP70; NSA13 – JFD25; NSA17 – JFD38; JFD30 – JFD32; JFD37 – ASP62; JFD39 – ASP49; ASP44 – ASP48; ASP54 – ASP55; ASP54 – ASP57	0,080
Menor	NSA3 – NSA10; NSA5 – ASP71; NSA10 – ASP71; NSA11 – NSA15; NSA11 – NSA16; NSA11 – JFD24; NSA11 – JFD33; NSA11 – ASP61; NSA12 – ASP71; NSA15 – JFD23; NSA21 – ASP73; JFD23 – ASP59; JFD23 – ASP71; JFD28 – JFD40	0,850
	NSA10 – ASP52; NSA11 – ASP59	0,920

A caracterização fenotípica permitiu inferir as denominações de algumas etnovariedades “*não nomeadas*” pelos agricultores, além da JFD42, pela similaridade genética apresentada (0,08), sendo as etnovariedades “*não nomeadas*” JFD37, JFD42 e ASP44 como *mandioca branca*, *apronta a mesa* e *cacau amarela*, respectivamente.

O agrupamento das 76 etnovariedades baseado nos descritores qualitativos avaliados está representada no dendrograma da figura 9. É possível identificar a formação de nove grupos, sendo o grupo G1 o mais representativo (72,37%), compreendendo etnovariedades dos três assentamentos.

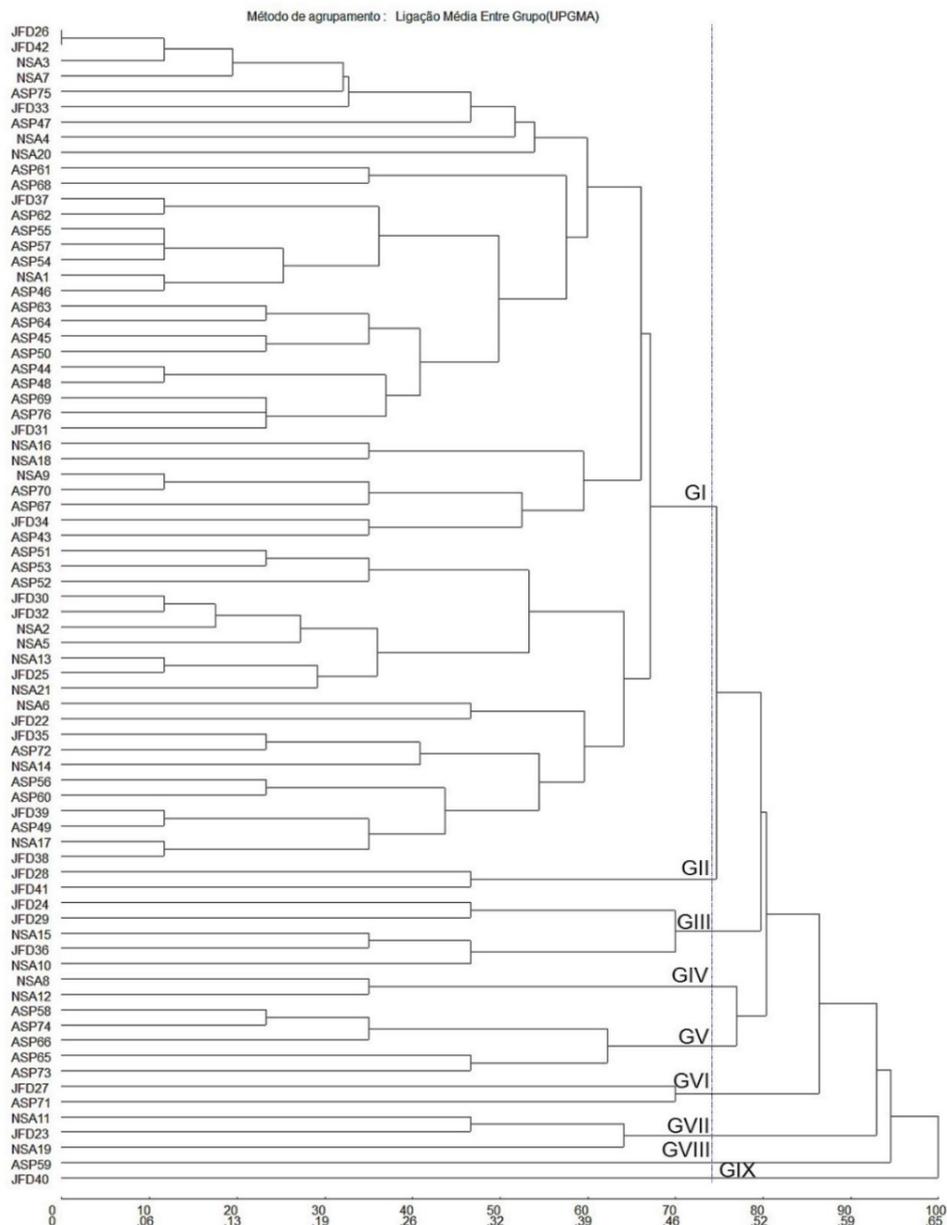


Figura 9 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA com 76 indivíduos de mandioca com base em 13 descritores qualitativos. Coeficiente de correlação cofenética (CCC) = 0,68; ponto de corte 74,14%.

Os grupos GVIII e GIX alocaram apenas uma etnovarietade cada, ASP59 (*roxa de fritar*) e JFD40 (*amarela*), portanto, as mais divergentes. A etnovarietade JFD40 do GIX, identificada como “*amarela*”, destacou-se por apresentar características como: forma do lóbulo lanceolada, cor da raiz marrom clara, cor do córtex roxa, cor da polpa creme e cor do caule laranja (Figura 10). A etnovarietade ASP59 do GVIII, denominada “*roxa de fritar*”,

apresentou forma do lóbulo reta ou linear, cor da raiz marrom escura, cor do córtex amarela, cor da polpa creme e cor do caule marrom escura, essas combinações de características foram somente encontradas para essas etnovarietades, diferenciando-as das demais (Figura 10).

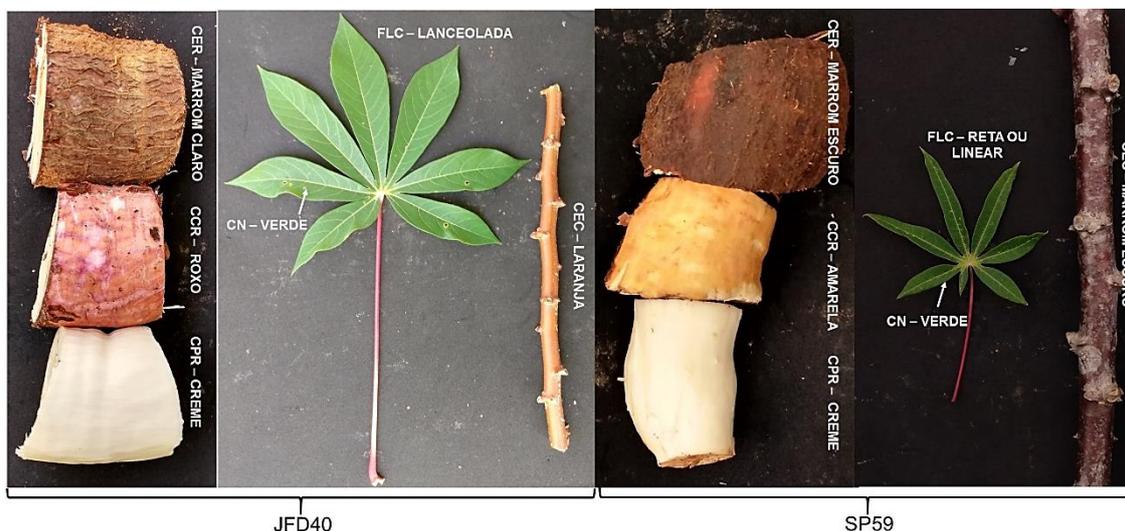


Figura 10 - Características fenotípicas apresentadas pelas etnovarietades JFD40 (*amarela*) e ASP59 (*roxa de fritar*). Cor externa da raiz (CER); Cor córtex da raiz (CCR); Cor da polpa da raiz (CPR); Forma do lóbulo central (FLC); Cor da nervura (CN); Cor externa do caule (CEC).

As etnovarietades JFD26 (*mandioca roxa*) e JFD42 (*não nomeada*), que apresentaram 100% de similaridade genética, compartilham as mesmas características fenotípicas conforme demonstrado na figura 11, ressaltando a importância da metodologia de caracterização fenotípica, pois possibilita a identificação e diferenciação de etnovarietade “*não nomeada*” pelos agricultores, conforme já ressaltado por Pedri et al., 2020.

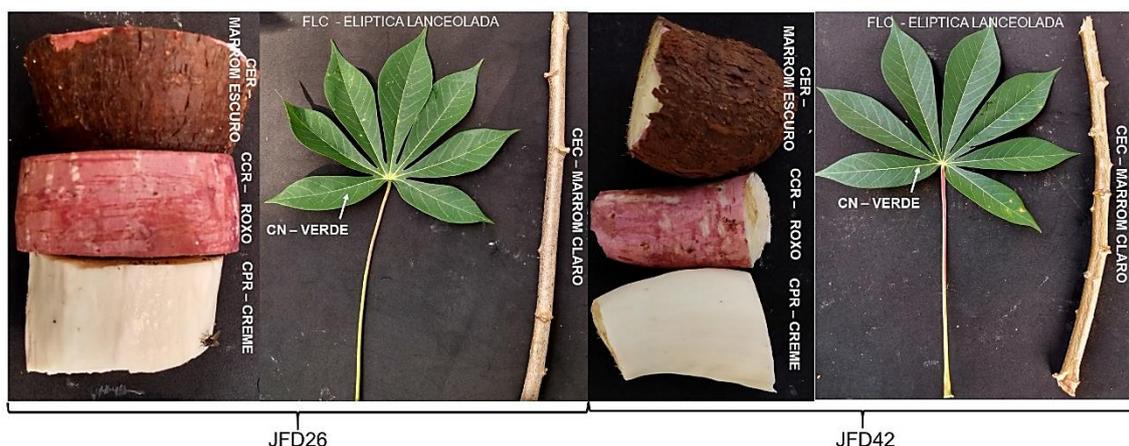


Figura 11 - Características fenotípicas apresentadas pelas etnovariedades JFD26 (mandioca roxa) e JFD42 (não identificada). Cor externa da raiz (CER); Cor córtex da raiz (CCR); Cor da polpa da raiz (CPR); Forma do lóbulo central (FLC); Cor da nervura (CN); Cor externa do caule (CEC).

Em estudo sobre a diversidade fenotípica de 71 etnovariedades de mandioca, Pedri et al. (2021) observaram a formação de 10 grupos distintos por meio do método UPGMA, identificando ampla variabilidade fenotípica para os materiais avaliados. Resultados semelhantes foram observados nesse estudo, em que a formação dos 9 grupos evidenciou a diversidade fenotípica das 76 etnovariedades.

Perante a diversidade detectada entre as etnovariedades nos assentamentos rurais pesquisados, destaca-se o importante papel dos agricultores na manutenção e conservação dos recursos genéticos. De acordo com Carrasco (2012) e Pedri et al. (2021), a troca de manivas é um dos fatores que contribuem para o aumento da variabilidade fenotípica das etnovariedades de mandioca.

Conclusões

As roças dos agricultores dos assentamentos NSA e JFD, do município de Alta Floresta, e do ASP, de Paranaíta, possuem diversidade de etnovariedades de mandioca, garantindo a conservação *on farm* desses recursos. As etnovariedades “*cacau*”, “*branca*” e “*amarela*” são as mais cultivadas pelos agricultores dos três assentamentos, consistindo, portanto, nas preferidas para o cultivo na região de estudo. A caracterização fenotípica é uma ferramenta útil para análise da diversidade fenotípica, para auxiliar na nomeação de etnovariedades de mandioca e revelar as etnovariedades mais divergentes.

Referências bibliográficas

ALMEIDA, A. C. O., DALMORA, E. Dinâmica de troca de variedades de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) em assentamento rural de Sergipe. **Revista Cadernos de Agroecologia, Recife**. v. 8, n. 2, nov., 2013. Trabalho apresentado no Congresso Brasileiro de Agroecologia, 8. Porto Alegre, 2013. <https://repositorio.ifs.edu.br/biblioteca/handle/123456789/183>.

BARROS, P. P. V., AGUILERA, J. G., REZENDE, J. R. M., TAVEIRA, A. C., MARTINS, W. C., ABREU, M. S., & MARTÍNEZ, L. A. Diversidade Genética Entre Acessos de Mandioca Por Meio de Caracteres Agronômicos. **Ensaio e Ciência Biológicas Agrárias e da Saúde**, v. 24, n. 1, p. 29-35, 2020. <https://doi.org/10.17921/1415-6938.2020v24n1p29-35>.

CARNEIRO, Lucas dos Santos. **Segurança alimentar e agricultura urbana: uma análise do potencial produtivo**. 2017. 37 f. Monografia (Bacharelado em Gestão Ambiental) – Universidade de Brasília, Planaltina-DF, 2017. <https://bdm.unb.br/handle/10483/18275>.

CARRASCO, Nancy Farfán. **Diversidade genética de variedades tradicionais de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) cultivada em comunidades da Baixada Cuiabana em Mato Grosso por meio de microssatélites**. 2012. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012. doi:10.11606/D.11.2012.tde-19092012-145332.

CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

FARALDO, M. I. F., SILVA, R. M. D., ANDO, A., & MARTINS, P. S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 3, p. 499-505, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000300020>.

FUKUDA, W. M. G & GUEVARA, C. L. **Descritores morfológicos e agronômicos para a caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Cruz das Almas: EMBRAPA – CNPMF. Documento, 78. 1998. 38 p. <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/638631>.

GUIMARAES, J. G., DE PAULA LOURENÇO, J. N., DE SOUSA LOURENÇO, F., RAMOS, S. L. F., & NASCIMENTO, A. M. Variedades tradicionais de mandioca (*Manihot sculenta* Crantz), na região do Rio Arari em Itacoatiara-AM. **Cadernos de Agroecologia**, v. 15, n. 2, 2020.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Censo, Amostra – **Nupcialidade em 2010**. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/mt/paranaita/pesquisa/23/22714>. Acesso em: 27 de setembro 2021.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento Sistemático da Produção em 2019**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/>. Acesso em: 03 março. 2020.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **População estimada do município de Alta Floresta**. <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/mt/paranaita.html>. Acesso em: 03 março. 2021.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **População estimada do município de Paranaita**. <https://www.ibge.gov.br/cidades-e-estados/mt/alta-floresta.html>. Acesso em: 03 março. 2021.

ICV - INSTITUTO CENTRO DE VIDA. **Situação fundiária no município de Alta Floresta (MT)**. 2015. Disponível em: https://www.icv.org.br/drop/wp-content/uploads/2016/06/An%C3%A1lise_fundi%C3%A1ria_AltaFloresta.pdf.

ICV - INSTITUTO CENTRO DE VIDA. **Situação fundiária no município de Paranaita (MT)**. 2015. Disponível em: https://www.icv.org.br/drop/wp-content/uploads/2016/06/An%C3%A1lise_fundi%C3%A1ria_Parana%C3%ADta.pdf.

INOZILE, Jean Wisguen. **Direitos dos agricultores e conservação da agrobiodiversidade da mandioca (*Manihot esculenta crantz*) e do guaraná (*Paullinia cupana H.B.K*)**. 2021. 165 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia Tropical) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus, 2021. <https://tede.ufam.edu.br/handle/tede/8356>.

MARCHETTI, Fábio Frattini. **Manejo de variedades de mandioca em áreas de reforma agrária: manutenção ou perda de agrobiodiversidade?** 2018. Tese (Doutorado em Ecologia Aplicada) - Ecologia de Agroecossistemas, University of São Paulo, Piracicaba, 2018. doi:10.11606/T.91.2019.tde-28112018-183143.

MEZETTE, T. F., BLUMER, C. G., & VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 510-518, 2013.

MMA – Ministério do Meio Ambiente. **Conservação *in situ*, *ex situ* e *on farm***. Disponível em: <https://antigo.mma.gov.br/component/k2/item/7611-conserva%C3%A7%C3%A3o-in-situ,-ex-situ-e-on-farm.html>. Acesso em: 20 de outubro de 2021.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: As evaluation. **The Computer Journal**, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MONTEROS-ALTAMIRANO, Á., TAPIA, C., PAREDES, N., ALULEMA, V., TACÁN, M., ROURA, A., & SØRENSEN, M. Morphological and Ecogeographic Study of the Diversity of Cassava (*Manihot esculenta Crantz*) in Ecuador. **Agronomy**, v. 11, n. 9, p. 1844, 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091844>.

NINA, M. M., DOS SANTOS, C. P., DA ROCHA, S. F., CAVALCANTE, F. S. A., & LIMA, R. A. Potencialidade de *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae) na Floresta Amazônica, Brasil. **Diversitas Journal**, v. 6, n. 2, p. 2247-2260, 2021. <https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v6i2-1253>.

OLER, J. R. L., & AMOROZO, M. C. D. M. Etnobotânica e conservação *on farm* de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala no Estado de Mato Grosso, Brasil. **Interações (Campo Grande)**, v. 18, p. 137-153, 2017. <http://dx.doi.org/10.20435/inter.v18i4.1600>.

OLER, Juliana Rodrigues Larrosa. **Conservação da agrobiodiversidade por agricultores de pequena escala em Mato Grosso - Brasil**. 2012. 90 f. Dissertação - (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências de Rio Claro, 2012. <http://hdl.handle.net/11449/87834>.

OLER, Juliana Rodrigues Larrosa. **Etnobotânica e diversidade genética de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz.): a manutenção da agrobiodiversidade em comunidades tradicionais de Jangada, Mato Grosso, Brasil**. 2017. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas – Biologia vegetal) - Universidade Estadual Paulista, Júlio de Mesquita Filho, São Paulo, 2017. <http://hdl.handle.net/11449/152357>.

OLER, J. R. L., HOOGERHEIDE, E. S. S., PINTO, J. M. A., TIAGO, A. V., SILVA, J. F. V., & VEASEY, E. A. Influence of the use of manioc on its genetic diversity conservation in a quilombo community in Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, 2019.

OLIVEIRA CAMPOS, C., DE CARVALHO ROCHA, R., & DE SOUZA, J. H. F. Multiplicação rápida da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz): duas técnicas que podem beneficiar os produtores. **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**, v. 4, n. 2, p. 1920-1928, 2021. <https://doi.org/10.34188/bjaerv4n2-029>.

PEDRI, E. C. M., DOS SANTOS, L. L., WOLF, M. S., TIAGO, A. V., DOS SANTOS CARDOSO, E., HOOGERHEIDE, E. S. S., & ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovarietades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 5, p. e25410514871-e25410514871, 2021. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i5.14871>.

PEDRI, E. C. M., HOOGERHEIDE, E. S. S., TIAGO, A. V., CARDOSO, E. D. S., PINTO, J. M. A., SANTOS, L. L., & ROSSI, A. A. B. Genetic diversity of cassava landraces cultivated in northern Mato Grosso State, Brazil, using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 3, p. 18315, 2019. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1113273>.

PEQUENO, M. G., VIDIGAL FILHO, P. S., TORMENA, C., KVITSCHAL, M. V., & MANZOTTI, M. Efeito do sistema de preparo do solo sobre características agrônômicas da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 11, n. 5, p. 476-481, 2007.

SALOMÃO, A. N. **Manual de curadores de germoplasma - vegetal: glossário**. (Documentos/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 326). Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 14 p.

SOKAL, R. R. & ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, n. 2, p. 33-40, 1962. <https://doi.org/10.2307/1217208>.

SOUSA, R. M., DE SOUSA, M. A., DOS SANTOS, R. S., & PALOMINO, E. C. Avaliação agronômica de novos clones de *Manihot esculenta* Crantz no segundo ciclo vegetativo. **Nativa**, v. 9, n. 3, p. 310-317, 2021.

TIAGO, A. V., ROSSI, A. A., TIAGO, P. V., CARPEJANI, A. A., SILVA, B. M., HOOPERHEIDE, E. S., & YAMASHITA, O. M. Genetic diversity in cassava landraces grown on farms in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genetics and Molecular Research: GMR**, v. 15, n. 3, 2016. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038615>.

ZAGO, B. W., BARELLI, M. A. A., HOOPERHEIDE, E. S. S., CORRÊA, C. L., DELFORNO, G. I. S., & DA SILVA, C. J. Morphological diversity of cassava accessions of the south-central mesoregion of the State of Mato Grosso, Brazil. **Embrapa Agrossilvipastoril-Artigo em periódico indexado (ALICE)**, 2017. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1086088>.

3. CAPÍTULOS

3.2. DIVERSIDADE GENÉTICA EM CULTIVOS DE MANDIOCA NOS ASSENTAMENTOS RURAIS DO NORTE DE MATO GROSSO

Resumo – (Diversidade genética em cultivos de mandioca nos assentamentos rurais do Norte de Mato Grosso).

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é, principalmente, cultivada por agricultores familiares, cujas roças apresentam ampla diversidade genética de etnovariedades de mandioca. Setenta e seis indivíduos de *M. esculenta*, cultivados por agricultores familiares em assentamentos rurais localizados nos municípios de Alta Floresta e Paranaíta, MT, foram submetidos à análise molecular usando 15 *primers* ISSR, objetivando avaliar e caracterizar a diversidade genética. Os *primers* amplificaram 223 fragmentos, revelando 95% de polimorfismo. Os valores de dissimilaridade genética variaram entre 0,091 e 0,618. O dendrograma gerado usando a análise de agrupamento UPGMA separou as 76 etnovariedades em 9 grupos principais. O GI foi o mais representativo, com 44,74% dos indivíduos. Os índices de diversidade de Nei (*H) e de Shannon (*I) demonstraram a existência de diversidade genética dentro dos assentamentos e a AMOVA indicou que há maior diversidade genética dentro dos assentamentos (76%) do que entre eles (24%). O agrupamento utilizando a análise bayesiana formou dois grupos, alocando os indivíduos em conformidade com suas localizações geográficas. O GI formado por 42 indivíduos dos assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD), município de Alta Floresta, e o GII com 34 indivíduos do assentamento São Pedro (ASP) município de Paranaíta. Concluiu-se que há diversidade genética entre as etnovariedades de mandioca cultivadas nos assentamentos rurais. Os resultados ressaltam o importante papel dos agricultores na manutenção e conservação, assegurando a variabilidade genética da espécie *M. esculenta*.

Palavra-chave: *Manihot esculenta*, Agricultura familiar, Variabilidade genética.

Abstract – (Genetic diversity of cassava crops in rural settlements in Northern Mato Grosso state, Brazil).

Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) is mainly cultivated by family farmers. The cassava plantations have a wide genetic diversity of cassava landraces. Seventy-six individuals of *M. esculenta* cultivated by family farmers in rural settlements located in the municipalities of Alta Floresta and Paranaíta, Mato Grosso state, Brazil, were submitted to molecular analysis using 15 ISSR primers, aiming to evaluate and characterize the genetic diversity. The primers amplified 223 fragments, revealing 95% of polymorphism. Genetic dissimilarity values ranged from 0.091 to 0.618. The dendrogram generated using the UPGMA cluster analysis separated the 76 landraces into 9 main groups. The GI was the most representative with 44.74% of the individuals. The Nei (*H) and Shannon (*I) diversity indices demonstrated the existence of genetic diversity within the settlements and AMOVA indicated that there is greater genetic diversity within the settlements (76%) than between (24%). Clustering using Bayesian analysis formed two groups, allocating individuals according to their geographic location. The GI was formed by 42 individuals from the settlements Nossa Senhora Aparecida (NSA) and Júlio Firmino Domingues (JFD), from the municipality of Alta Floresta, and the GII was formed by 34 individuals from the settlement São Pedro (ASP), municipality of Paranaíta. We concluded that there is genetic diversity among the cassava landraces cultivated in rural settlements. The results highlight the role of farmers in maintenance and conservation, ensuring the genetic variability of the species *M. esculenta*.

Keywords: *Manihot esculenta*, Family-based agriculture, Genetic variability.

Introdução

A mandioca, amplamente distribuída pela América Latina e parte da América do Norte (NINA et al., 2021), tornou-se uma das culturas alimentares mais importantes, por suas raízes serem valiosa fonte de carboidrato. As raízes da mandioca podem ser utilizadas para o consumo humano ou animal, na fabricação de farinha ou subprodutos (SILVA et al., 2011).

Devido ao seu fácil desenvolvimento em diferentes regiões, a mandioca é uma espécie muito usada por pequenos agricultores rurais (SILVEIRA, 2019). Eles realizam a troca de manivas, que são pedaços do caule da planta, entre vizinhos, contribuindo para circulação do material de propagação, e, dessa forma, os agricultores detêm importância significativa na manutenção e conservação das variedades de mandiocas (HOOGERHEIDE & RONDON, 2020; PEDRI et al., 2021; NOZILE, 2021).

A mandioca apresenta diversidade genética natural (SILVA et al., 2011). Essa diversidade pode ser avaliada através de marcadores moleculares, ferramenta eficaz em estudo de diversidade genética, independente do estágio de desenvolvimento da planta, detectando polimorfismo diretamente no DNA (FALEIRO, 2007). Dentre os marcadores moleculares, o ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) tem se destacado para inúmeras espécies.

Os marcadores ISSR são baseados na amplificação de fragmentos de DNA através da reação em cadeia da polimerase (PCR), tendo como *primer* uma sequência de um microsatélite (são unidades de repetição de pares de bases do DNA) conhecido, capaz de identificar muitos polimorfismos internos a esses microsatélites. Estudos como o de Silva et al., 2011; Tiago et al., 2016; Afonso et al., 2019; Hoogerheide et al., 2019 e Hartanti et al., 2020, destacam a eficiência dos marcadores moleculares para a espécie mandioca. Os marcadores ISSR não demandam conhecimento prévio do DNA a ser analisado, configurando-se, assim, uma técnica rápida, de baixo custo, com aplicação a qualquer espécie. Desse modo, apresenta-se como valiosa ferramenta para análise da diversidade genética de etnovarietades de mandioca (AFONSO et al., 2019).

Dessa forma, o objetivo desse capítulo foi avaliar a diversidade genética de etnovariedades de mandioca, cultivadas por pequenos agricultores nos municípios de Alta Floresta e Paranaíta, utilizando marcadores ISSR.

Material e Métodos

Área de estudo

Foram amostrados 76 etnov variedades de mandioca em três assentamentos, Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD), localizados no município de Alta Floresta, e São Pedro (ASP), no município de Paranaíta (Figura 1).

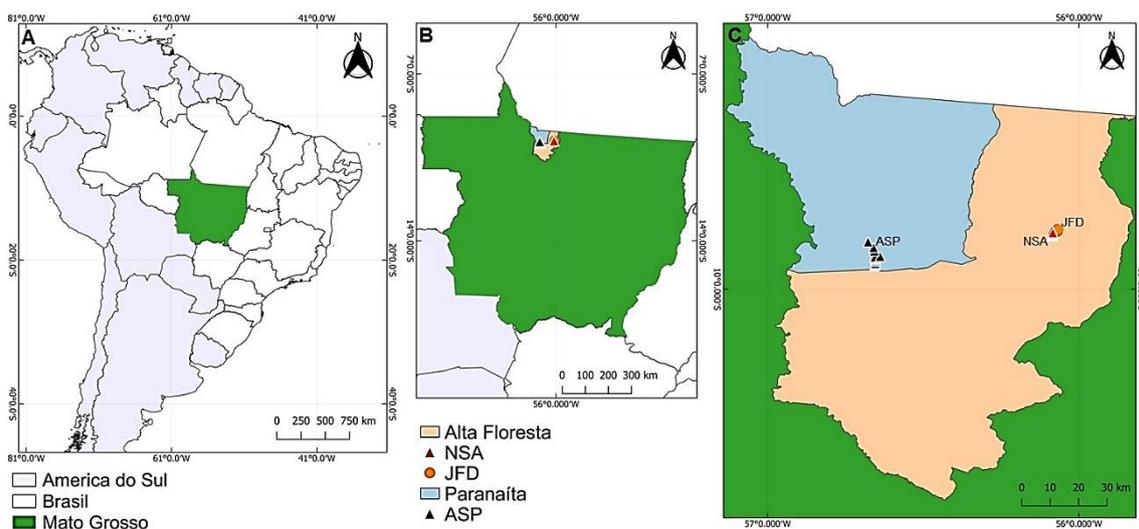


Figura 1. Localização geográfica da área de estudo. (A) América do Sul e Brasil; (B) Estado de Mato Grosso; (C) Assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA) e Júlio Firmino Domingues (JFD), município de Alta Floresta, e Assentamento São Pedro (ASP), município de Paranaíta.

Coleta de material foliar

Para coleta do material foliar, selecionaram-se folhas jovens, sem sinais de danos ou doenças. O material foliar coletado, ainda em campo, foi identificado com seu respectivo código (Tabela 1) e envolto em papel filtro, acondicionado em saco plástico tipo Ziplock contendo sílica gel e transportado para o Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular do Campus da Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado (UNEMAT) em Alta Floresta, MT.

O material foliar foi lavado em água corrente, seco com auxílio de papel toalha e acondicionado em envelopes de papel alumínio e armazenado a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ para posterior extração do DNA.

Tabela 1. Código atribuído às 76 etnovariedades de mandioca, nome popular denominado pelos agricultores, nos assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP).

Assentamento – Nossa Senhora Aparecida (NSA)					
Cód.	Etnovariedade	Cód.	Etnovariedade	Cód.	Etnovariedade
NSA1	<i>Copinha</i>	NSA8	<i>Cacau maranhense</i>	NSA15	<i>Amarela</i>
NSA2	<i>Cacau</i>	NSA9	<i>Cacau</i>	NSA16	<i>Cacau</i>
NSA3	<i>Apronta a mesa</i>	NSA10	<i>Mandioca pão</i>	NSA17	<i>Cacau</i>
NSA4	<i>Amarela</i>	NSA11	<i>Vassourinha</i>	NSA18	<i>Amarela</i>
NSA5	<i>Cacau</i>	NSA12	<i>Cacau cuiabana</i>	NSA19	<i>Não nomeada1</i>
NSA6	<i>Cacau cuiabana</i>	NSA13	<i>Cacau</i>	NSA20	<i>Amarela</i>
NSA7	<i>Cacau cuiabana</i>	NSA14	<i>Cacau</i>	NSA21	<i>Cacau</i>
Assentamento – Júlio Firmino Domingues (JFD)					
JFD22	<i>Branca</i>	JFD29	<i>Amarela</i>	JFD36	<i>Mandioca pão</i>
JFD23	<i>Amarela</i>	JFD30	<i>Cacau</i>	JFD37	<i>Não nomeada3</i>
JFD24	<i>Não nomeada2</i>	JFD31	<i>Branca</i>	JFD38	<i>Cacau</i>
JFD25	<i>Cacau</i>	JFD32	<i>Cacau</i>	JFD39	<i>Cacau vermelho</i>
JFD26	<i>Mandioca roxa</i>	JFD33	<i>Cacau amarela</i>	JFD40	<i>Amarela</i>
JFD27	<i>Amarela</i>	JFD34	<i>Mandioca preta</i>	JFD41	<i>Cacau branca</i>
JFD28	<i>Mandioca de fritar</i>	JFD35	<i>Cacau</i>	JFD42	<i>Não nomeada4</i>
Assentamento – São Pedro (ASP)					
ASP43	<i>Cacau</i>	ASP55	<i>Manteiga</i>	ASP67	<i>Cacau roxa</i>
ASP44	<i>Não nomeada5</i>	ASP56	<i>Cacau</i>	ASP68	<i>Vassourinha</i>
ASP45	<i>Cacau</i>	ASP57	<i>Branca</i>	ASP69	<i>Branca</i>
ASP46	<i>Branca</i>	ASP58	<i>Cacau</i>	ASP70	<i>Cacau</i>
ASP47	<i>Cacau branca</i>	ASP59	<i>Roxa de fritar</i>	ASP71	<i>Branca</i>
ASP48	<i>Cacau amarela</i>	ASP60	<i>Cacau</i>	ASP72	<i>Cacau</i>
ASP49	<i>Amarela</i>	ASP61	<i>Cacau</i>	ASP73	<i>Cacau</i>
ASP50	<i>Cacau</i>	ASP62	<i>Branca</i>	ASP74	<i>Cacau</i>
ASP51	<i>Branca</i>	ASP63	<i>Branca</i>	ASP75	<i>Cacau</i>
ASP52	<i>Cacau</i>	ASP64	<i>Cacau</i>	ASP76	<i>Cacau</i>
ASP53	<i>Branca</i>	ASP65	<i>Branca</i>		
ASP54	<i>Mandioca pão</i>	ASP66	<i>Mandioca roxa</i>		

Cód. = Código da etnovariedade.

Extração e Quantificação de DNA

A extração do DNA total seguiu o protocolo de CTAB (Brometo de Cetil Trimetil Amônio) descrito por Doyle e Doyle (1987), com algumas modificações, como acréscimo de polivinilpirrolidona (PVP) na concentração de 1% e aumento nas concentrações de CTAB de 2 para 3% e de β -

mercaptoetanol de 0,2% para 2% no tampão de extração, além do aumento na temperatura de incubação de 60 para 65°C, por 30 minutos (PEDRI, 2018).

Aproximadamente 100 mg de material foliar foram triturados, em almofariz e pistilo de porcelana, com nitrogênio líquido. O material triturado foi transferido para microtubos de 2 mL devidamente identificados, onde foram adicionados 800 µL do tampão de extração (CTAB 3%, β-mercaptoetanol 2% e polivinilpirrolidona 1%), agitados e colocados em banho-maria a 65° por 30 minutos. Em seguida, foram adicionados 500 µL de CIA (clorofórmio: álcool isoamílico (24:1); após agitação, os tubos foram microcentrifugados por 10 minutos a 8000 rpm.

Logo após, coletou-se a fase aquosa superior, a qual foi transferida para um novo microtubo de 2 mL, sendo adicionados 200 µL do tampão de extração sem o β-mercaptoetanol, juntamente com 500 µL de CIA (clorofórmio: álcool isoamílico (24:1)), e microcentrifugada por 10 minutos a 8000 rpm, processo realizado duas vezes.

A fase aquosa foi transferida para um novo microtubo de 1,5 mL, adicionada a um volume igual de isopropanol gelado e, então, levada ao freezer (-18 °C) por 3 horas para precipitação. Após esse período, o *pellet* formado foi lavado duas vezes com álcool etílico a 70% e uma vez com álcool etílico a 95%. A cada lavagem, o material era novamente centrifugado por 3 minutos a 12.000 rpm. Posteriormente o material foi seco em temperatura ambiente e o pellet ressuspendido em 40 µL de TE 0,1 mM (10 mM Tris-HCl; 1 mM EDTA, pH 8,0) com 0,12 µL RNase na concentração de 10 mg/mL. A solução foi incubada em banho-maria a 35°C por 30 minutos. Na sequência, os microtubos foram armazenados em geladeira (4°C) por 24 h e depois em freezer (-20°C).

A pureza e a quantificação do DNA foram verificadas por meio de eletroforese em gel de agarose a 1% (Figura 2). A quantificação por meio da eletroforese foi realizada por comparação com o DNA-λ (100 ng µL⁻¹). O DNA extraído foi diluído à concentração de, aproximadamente, 50 ng µL⁻¹ e armazenado a -20°C para posterior amplificação.

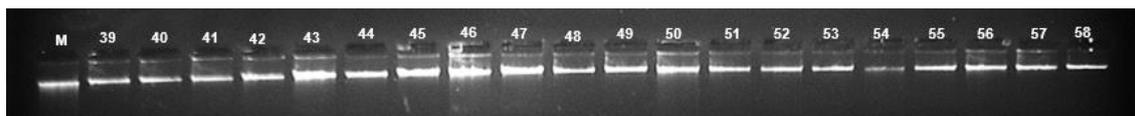


Figura 2. Resultado da eletroforese em gel de agarose do DNA total extraído de 20 indivíduos de *Manihot esculenta*. M = Marcador (100 ng μL^{-1}).

Reações de amplificação do DNA e eletroforese

Para amplificação do DNA, foram utilizados 15 *primers* do tipo ISSR (*Inter Sequence Simple Repeats*), desenvolvidos pela University of British Columbia (UBC), Vancouver, Canadá, selecionados no estudo realizado por Tiago et al. (2016) (Tabela 2).

Tabela 2. Descrição dos quinze iniciadores ISSR utilizados para a caracterização molecular das 76 etnovarietades de mandioca.

Primer	Sequência do Primer (5'----3')	TA (°C) *
UBC 835 - Di(AG) ₈ 3'YC	AGAGAGAGAGAGAGAGYC*	51,0
UBC 856 - Di(AC) ₈ 3'YA	ACACACACACACACACYA*	51,0
UBC 891 - Di(TG) ₇ 5'HVH	HVHTGTGTGTGTGTGTG	47,0
UBC 807 - Di(AG) ₈ 3'T	AGAGAGAGAGAGAGAGT	47,0
UBC 811 - Di(GA) ₈ 3'C	GAGAGAGAGAGAGAGAC	52,8
UBC 815 - Di(CT) ₈ 3'G	CTCTCTCTCTCTCTCTG	52,8
UBC 888 - Di(CA) ₇ 5'BDB	BDBCACACACACACACA	49,0
UBC 844 - Di(CT) ₈ 3'RC	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	48,6
UBC 808 - Di(CT) ₈ 3'RC	AGAGAGAGAGAGAGAGC	48,8
UBC 857 - Di(AC) ₈ 3'YG	ACACACACACACACACYG*	52,0
UBC 840 - Di(GA) ₈ 3'YT	GAGAGAGAGAGAGAGAYT*	47,4
UBC 828 - Di(TG) ₈ 3'A	TGTGTGTGTGTGTGTGA	51,3
UBC 868 - Tri(GAA) ₆	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	50,0
Tri - (GTG) ₅	GTGGTGGTGGTGGTG	58,9
UBC 834 - Di(AG) ₈ 3'YT	AGAGAGAGAGAGAGAGYT*	49,2

*Y = C ou T; R = A ou G; V = A, C ou G; H = A, C ou T. TA = Temperatura de Anelamento.

As reações de amplificações via PCR (*Polymerase Chain Reaction*) foram realizadas em um volume final 20 μL , contendo: DNA (2 ng); tampão 1X (1M KCl; 1M Tris pH 8.3; 1M MgCl₂; 10% Tween 20); MgCl₂ (4 mM); *primer* (0,2 μM); dNTP (0,1 mM); DMSO (5%) e Taq polimerase (5U).

As amplificações foram conduzidas em termociclador Aeris®, seguindo o programa descrito por Silva et al. (2011), com uma fase inicial de desnaturação a 94°C por 4 min, seguidas de 35 ciclos nas seguintes condições: 30 segundos para desnaturação a 94°C por 4 min, 35 segundos

para anelamento a 47 – 58,9°C (dependendo do *primer* utilizado) e 2 minutos para extensão a 72°C, além de uma extensão final a 72°C por sete minutos.

Os produtos das ampliações foram separados por eletroforese em gel de agarose a 1,5%, com tampão TBE 1 X, sob voltagem constante de 100 V por aproximadamente quatro horas. Para auxiliar a análise dos fragmentos amplificados (bandas), utilizou-se o marcador molecular KAPA Universal DNA Ladder 100 bp. Posteriormente, os géis foram corados com solução de brometo de etídeo (0,6 µg mL⁻¹), por 20 minutos. Em seguida, os géis foram visualizados em transiluminador UVB LTB-20x20 STi (Loccus Biotecnologia®) e fotodocumentados.

Análise de dados

Análise dos fragmentos amplificados

A matriz de presença (1) e ausência (0) de bandas (fragmentos amplificados) foi obtida a partir de avaliação visual das bandas mais definidas para cada *primer*, nas 76 etnovariedades estudadas. Os marcadores ISSR são de carácter dominante, portanto, assume-se que cada banda representa o fenótipo em um loco bi-alélico (WILLIAMS et al., 1990).

Análise por *Primer*

A partir da matriz binária, calculou-se a percentagem de polimorfismo obtida com cada *primer*, por meio da equação 1:

$$P = \frac{nbp}{nbt} * 100$$

Onde, P = percentagem de polimorfismo do *primer*; nbp = número de bandas polimórficas e nbt = número total de bandas do referido *primer*.

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) de cada *primer* foi calculado conforme proposto por Anderson et al. (1993), em função do número de alelos detectados, da sua distribuição e da frequência na população

estudada. Para determinar os valores de cada marcador na detecção de polimorfismo, os valores de PIC foram determinados pela equação 2:

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$$

Nesta expressão, P_{ij} é a frequência do alelo "j" no primer "i" (a soma se estende por todos os alelos). O cálculo foi baseado no número de alelos detectados por marcador, para um determinado loco, e a frequência relativa de cada alelo no conjunto das 76 etnovariedades analisadas. O valor do PIC varia de "0", para perfis monomórficos, até "1", para perfis altamente polimórficos.

Análise de Diversidade Genética e Estrutura Populacional

Para obtenção da matriz de dissimilaridade genética entre cada par de indivíduos, utilizou-se o complemento aritmético do Índice de Jaccard. Essa análise consiste na comparação do número de presenças de bandas comuns e o número total de bandas, excluindo o número de ausências conjuntas (MEYER, 2002) por meio da equação 3:

$$D_{ij} = 1 - S_{ij}$$

Onde:

$$S_{ij} = \frac{a}{a + b + c}$$

em que, a = número de casos em que ocorre a presença da banda em ambos os indivíduos; b = número de casos em que ocorre a presença da banda somente no indivíduo i; c = número de casos em que ocorre a presença da banda somente no indivíduo j.

Com a matriz obtida por meio do índice de Jaccard, foi possível realizar a análise de agrupamento das 76 etnovariedades, pelos métodos hierárquicos, Ligação média entre grupos (UPGMA), Vizinho mais Próximo (SL) e Método da variância mínima (WARD). Para cada agrupamento, calculou-se o Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC), estresse e distorção, a partir

disso, selecionou-se o método de agrupamento que melhor representou graficamente a divergência do material estudado. Essas análises foram realizadas utilizando o software Genes (CRUZ, 2016).

O programa “POPGENE” 1.31 (YEH et al., 2000) foi utilizado para estimar os parâmetros de diversidade dos assentamentos por meio dos índices de Shannon (I) (LEWONTIN, 1972) e de Nei (H) (NEI, 1978) e do percentual de locos polimórficos (%P). A diversidade genética entre e dentro dos assentamentos foi demonstrada a partir da AMOVA (Análise de Variância Molecular), realizada de acordo com Peakall & Smouse (2012), com o auxílio do programa GenAlEx 6.5.

Para determinar a estrutura populacional, empregou-se o programa “STRUCTURE” 2.3.4 (PRITCHARD et al., 2000), baseado em estatística bayesiana, para inferir o número de grupos (K) e atribuindo indivíduos a estes grupos. Foram realizadas 20 corridas para cada valor de K, 200.000 interações iniciais (*burn-ins*) e 500.000 simulações de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC). A variável K equivale ao número de populações geneticamente distintas. Para definição do K mais provável, em relação aos propostos, usaram-se os critérios descritos por Pritchard e Wen (2004) e Evanno et al. (2005), utilizando os arquivos de saída do Structure baseado no STRUCTURE HARVEST (EARL & VONHOLDT, 2012) determinado pelo ΔK .

Resultados e Discussão

Os quinze *primers* ISSR utilizados amplificaram 223 fragmentos, dos quais 95% foram polimórficos. O número de fragmentos amplificados variou entre 8 (UBC 828 e 834) e 20 (UBC 891, 807 e 811), com média de 14,87 por *primer* (Tabela 3).

Tabela 3. *Primers*, número total de bandas (NTB), número de bandas polimórficas (NBP), porcentagem de polimorfismo (%P) e conteúdo de informação polimórfica (PIC).

Primer	NTB	NBP	%P	PIC
UBC 835	17	17	100	0,58
UBC 856	17	17	100	0,51
UBC 891	20	18	90	0,52
UBC 807	20	17	85	0,56
UBC 811	20	20	100	0,60
UBC 815	16	16	100	0,58
UBC 888	13	12	92	0,35
UBC 844	13	10	77	0,40
UBC 808	16	16	100	0,66
UBC 857	14	14	100	0,64
UBC 840	16	16	100	0,57
UBC 828	8	8	100	0,32
UBC 868	16	15	94	0,41
Tri (GTG) ₅	9	9	100	0,49
UBC 834	8	7	88	0,33
Total	223	212	---	---
Média	14,87	14,13	95,00	0,50

O percentual de polimorfismo encontrado neste estudo (95%) evidencia a diversidade genética entre as etnovariedades estudadas. Resultado semelhante foi obtido por Afonso et al. (2019), ao analisarem a eficiência de dezoito marcadores moleculares ISSR na caracterização de 40 etnovariedades, resultando em 93,24% de polimorfismo. Figueredo et al. (2019), ao utilizarem oito *primers* ISSR, detectaram 80,7% polimorfismos ao analisarem 17 etnovariedades de mandioca.

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) de cada *primer* variou entre 0,32 (UCB 828) e 0,66 (UBC 808) (Tabela 3). Os valores de PIC entre 0,25 e 0,50 são classificados como moderadamente informativo (BOTSTEIN et al., 1980). Neste estudo, o PIC médio foi de 0,50, indicando que os *primers*

mostraram-se moderadamente eficientes na detecção de polimorfismo, assim recomendados para estudos de diversidade genética da espécie mandioca.

O perfil eletroforético de 21 etnovariedades usando o *primer* UBC 891 pode ser observado na Figura 3.

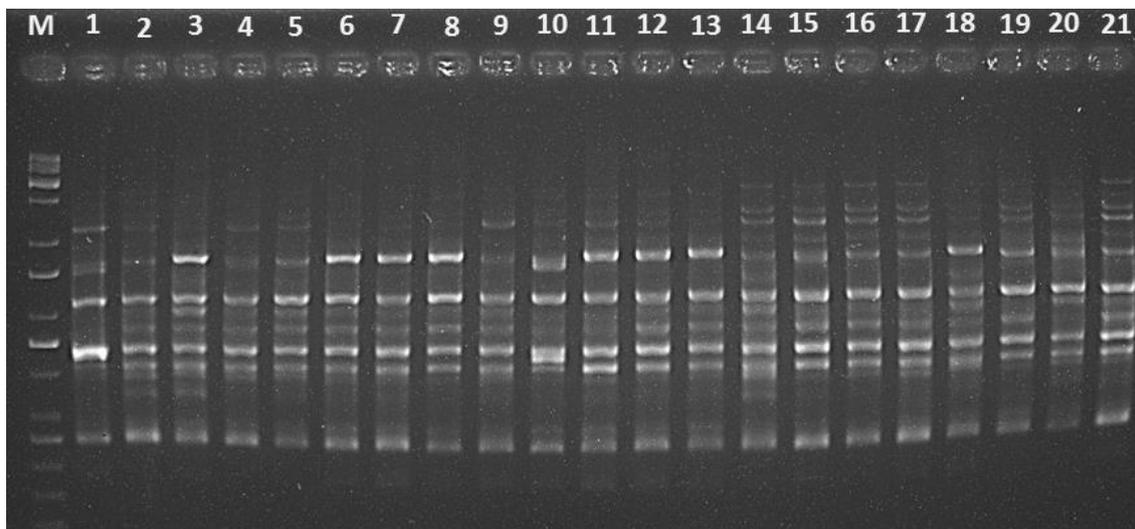


Figura 3. Eletroforese de 21 etnovariedades de mandioca do assentamento Nossa Senhora Aparecida (NSA), utilizando o *primer* UBC 856. M = marcador molecular KAPA Universal DNA Ladder 100 bp.

As menores dissimilaridades observadas neste estudo ocorreram entre as etnovariedades ASP59 (*roxa de fritar*) e ASP61 (*cacau*) (0,091), enquanto NSA8 (*cacau*) e JFD24 (*não nomeada 2*) foram as mais dissimilares (0,618) (Tabela 4). Observa-se que as menores dissimilaridades encontram-se entre as mandiocas cultivadas no mesmo assentamento, possivelmente associado à forma de manejo nas roças, pois, quando os agricultores ficam sem manivas para o plantio de uma nova roça, buscam materiais propagativos com vizinhos do mesmo assentamento ou de outros assentamentos (LIMA et al., 2012).

Tabela 4. Relação das etnovariedades de mandioca que apresentaram maior ou menor similaridade e o valor da distância genética par a par com base no complemento aritmético do Índice de Jaccard, usando 223 fragmentos ISSR.

Similaridade	Etnovariedades	Distância genética
Maiores	ASP59 – ASP61	0,091
	NSA2 – NSA4	0,179
	NSA15 – NSA16	0,173
	NSA4 – NSA15	0,194
	NSA6 – NSA12	0,220
	NSA12 – NSA13	0,221
	NSA14 – NSA17	0,224
	NSA4 – NSA9	0,225
	NSA17 – NSA 19	0,227
	NSA14 – NSA16	0,229
Menor	NSA21 – JFD24	0,542
	NSA10 – JFD25	0,543
	NSA10 – NSA24	0,556
	JFD22 – ASP65	0,558
	NSA12 – JFD24	0,563
	NSA6 – JFD24	0,573
	NSA8 – JFD24	0,618

Entre os métodos de agrupamento testados (Tabela 5), o UPGMA foi selecionado por apresentar maior coeficiente de correlação cofenética (CCC). Quanto maior o valor obtido para o CCC, menor a distorção provocada pelo agrupamento dos indivíduos, ou seja, maior consistência no padrão de agrupamentos (REGAZZI & CRUZ, 2020).

Tabela 5. Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC), Distorção (D%) e Estresse (E%) dos métodos de agrupamentos testados.

	WARD	SL	UPGMA
CCC	0,68**	0,71**	0,79**
Distorção (%)	---	48,81	1,15
Estresse (%)	---	30,30	10,72

** Significativo ao nível de probabilidade de 1% pelo teste t. Método de variância mínima ou Método de WARD, Ligação simples – vizinho mais próximo (SL), Método da ligação média entre grupos ou UPGMA.

O dendrograma gerado usando o agrupamento UPGMA formou nove grupos (Figura 4). O grupo GI é o mais representativo, com 44,74% das 76 etnovariedades. A formação dos grupos revela diversidade genética, corroborando com os resultados de Tiago et al. (2016), que avaliaram 17

etnovariedades no município de Alta Floresta, reforçando a existência de diversidade genética na região.

Ao observar os agrupamentos formados pelo UPGMA, constata-se que as etnovariedades estão alocadas em conformidade ao local de coleta, como, por exemplo, o grupo GI, que alocou as 34 etnovariedades do assentamento São Pedro (ASP).

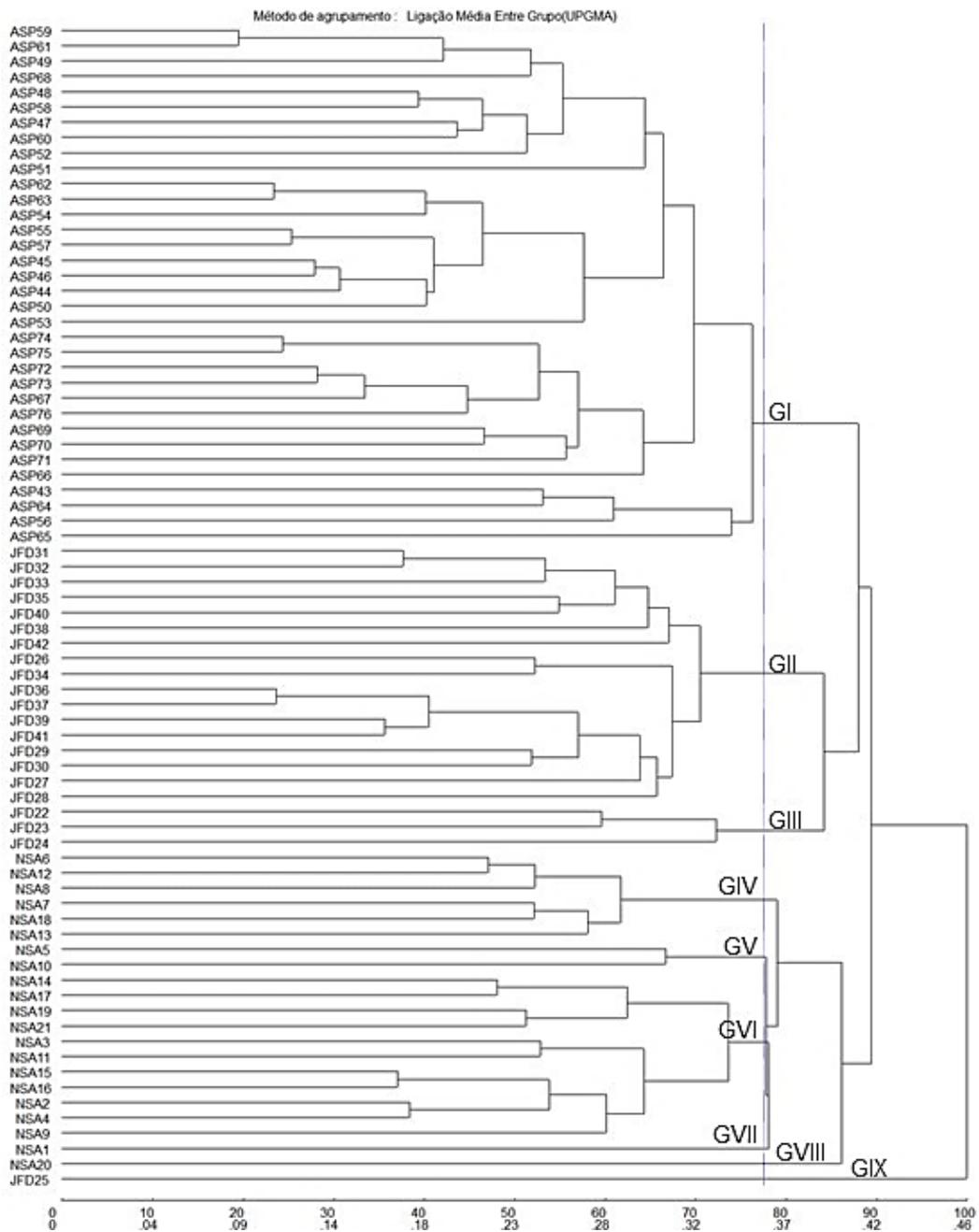


Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade genética gerado usando a análise de agrupamento UPGMA com 76 etnovariedades, com base em marcadores ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). CCC = 0,79; ponto de corte 77,51%.

A ausência de duplicidade nas etnovariedades analisadas indica que os três assentamentos (NSA, JFD e ASP) podem ser utilizados como fonte de material de *M. esculenta* para formação de uma coleção ativa de germoplasma que vise à manutenção, à conservação da diversidade e ao melhoramento genético da espécie.

Na análise dos índices de diversidades, os três assentamentos apresentaram valores acima de 0,25, indicando que há diversidade genética dentro dos assentamentos. O assentamento JFD foi o que apresentou os maiores índices de diversidade genética e o maior percentual de polimorfismo, quando comparado aos assentamentos NSA e ASP (Tabela 6).

Tabela 6. Índices de diversidade genética e percentual de polimorfismo dos assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP).

Assentamentos	N	*I ± DP	*H ± DP	%P
NSA	21	0,40 ± 0,27	0,27 ± 0,19	74,44
JFD	21	0,41 ± 0,27	0,28 ± 0,20	75,34
ASP	34	0,37 ± 0,28	0,25 ± 0,20	68,16
Geral	76			

N= Número amostral; *I = Índice de Shannon; *H = Índice de Nei; %P = Porcentagem de loco polimórfico; DP = Desvio Padrão.

A análise de variância molecular mostrou que a maior diversidade genética está dentro dos assentamentos (76%) (Tabela 7). Estudos usando marcadores moleculares em mandioca também encontraram uma variação maior dentro dos assentamentos do que entre, como, por exemplo, Mezette et al. (2013) com variação de 95,6%, Tiago et al. (2017) com variação de 99%. Tal resultado se deve, provavelmente, ao fluxo gênico e à troca de material de propagação (manivas). Essas informações da AMOVA corroboram os resultados obtidos nos índices de diversidade (tabela 6), reforçando a existência de diversidade genética dentro dos assentamentos.

Tabela 7. Análise de Variância Molecular (AMOVA) entre 76 etnovariedades de mandioca com marcadores ISSR.

Fonte de variação	GL	SQ	QM	CV	VT (%)	F _{ST}	P
Entre os assentamentos	2	517,00	258,50	9,30	24%	0,238	<0,001
Dentro dos assentamentos	73	2170,18	29,73	29,73	76%		
Total	75	2687,18		39,03	100%		

GL: Grau de liberdade; SQ: Soma dos quadrados; QM: Quadrado médio; CV: Componente de variância; VT: Variância Total; P: Probabilidades de ter um componente de variância maior que os valores observados ao acaso.

A análise bayesiana revelou a formação de dois grupos genéticos principais, segundo o valor de ΔK (Figura 5). O GI (vermelho), formado pelas 42 etnovariedades dos assentamentos NSA e JFD, município de Alta Floresta. O GII (verde) alocou as 34 etnovariedades do assentamento ASP de Paranaíta, corroborando parcialmente com os resultados do UPGMA, o qual também formou um grupo com todas as etnovariedades do assentamento ASP. A provável causa dessa estruturação genética pode estar relacionada à distância entre os municípios, minimizando a troca de manivas entre os agricultores dessas regiões. Esta estruturação já foi observada por outros pesquisadores em seus estudos, como, por exemplo, Ortiz et al., (2016), ao avaliar a estrutura populacional de 122 etnovariedades, coletadas em cultivos de quintais.

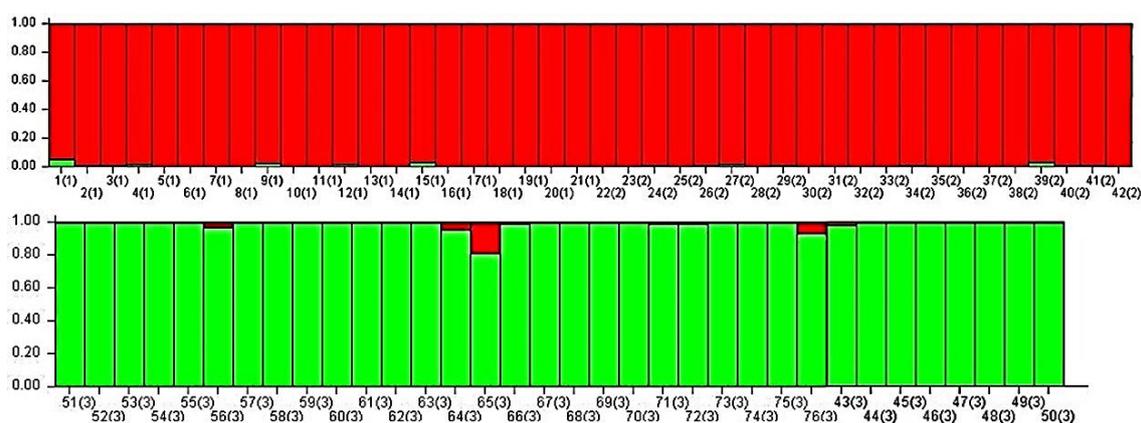


Figura 5. Agrupamento das 76 etnovariedades de mandioca segundo bases moleculares com quinze (15) *primers* ISSR utilizando a análise bayesiana. Os números entre parêntese representam os assentamentos: (1) Nossa Senhora Aparecida, (2) Júlio Firmino Domingues e (3) São Pedro.

A diversidade genética observada dentro dos assentamentos pode estar relacionada ao manejo das roças e à troca de material de propagação entre os agricultores, que favorece a circulação das manivas, responsáveis pelo fluxo gênico entre os assentamentos (FARALDO et al. 2000), tais fatores influenciam a estrutura populacional das espécies de mandiocas (GONÇALVES et al., 2017).

Conclusões

As 76 etnovarietades de mandioca apresentam diversidade genética, com base na análise realizada com os marcadores moleculares ISSR. Há uma estruturação da diversidade genética com a localização geográfica dos cultivos.

Referências Bibliográficas

AFONSO, S. D. J., MOREIRA, R. F. C., DA SILVA LEDO, C. A., FERREIRA, C. A. F., DA SILVA SANTOS, V., & MUONDO, P. A. O. Genetic structure of cassava populations (*Manihot esculenta* Crantz) from Angola assessed through (ISSR) markers. **African Journal of Biotechnology**, v. 18, n. 7, p. 144-154, 2019. <https://doi.org/10.5897/AJB2018.16720>.

ANDERSON, J. A., CHURCHILL, G. A., AUTRIQUE, J. E., TANKSLEY, S. D., & SORRELLS, M. E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. **Genome**, v. 36, n. 1, p. 181-186, 1993. <https://doi.org/10.1139/g93-024>.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, v.32, n.3, p.314-331, 1980.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, v. 38, p. 547-552, 2016.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A Rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, v. 19, n. 1, p. 11-15, 1987. Disponível em: <https://worldveg.tind.io/record/33886>.

EARL, D. A., & VONHOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation genetics resources**, v. 4, n. 2, p. 359-361, 2012. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>.

EVANNO, G., REGNAUT, S., & GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular ecology**, v. 14, n. 8, p. 2611-2620, 2005. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>.

FALEIRO, F.G. Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. p. 102. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/570287>.

FARALDO, M. I. F., SILVA, R. M. D., ANDO, A., & MARTINS, P. S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 3, p. 499-505, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162000000300020>.

FIGUEREDO, P., TIAGO, A., ZANETTI, G., PINTO, J., ROSSI, A., & HOOGERHEIDE, E. Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil. **Magistra**, v. 30, p. 143-153, 2019.

GONÇALVES, T. M., VIDIGAL FILHO, P. S., VIDIGAL, M. C. G., FERREIRA, R. C. U., ROCHA, V. P. C., ORTIZ, A. H. T., & KVITSCHAL, M. V. I. Genetic diversity and population structure of traditional sweet cassava accessions from Southern of Minas Gerais State, Brazil, using microsatellite markers. **African**

Journal of Biotechnology, v. 16, n. 8, p. 346-358, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJB2016.15768>.

HARTANTI, F., MIFTAHUDIN, M., & HARTATI, N. S. KERAGAMAN UBI KAYU (*Manihot esculenta* Crantz.) HASIL PERBANYAKAN IN VITRO BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN PENANDA ISSR. **Jurnal Biotecnologia & Biosains Indonesia (JBBi)**, v. 6, n. 2, p. 288-300, 2020. DOI: <http://dx.doi.org/10.29122/jbbi.v6i2.3055>.

HOOGERHEIDE, E. S. S., FIGUEREDO, P. E., ZANETTI, G. T., TIAGO, A. V., PINTO, J. M. A., & ROSSI, A. A. B. Diversidade genética de mandiocas na região periurbana de Sinop, Mato Grosso, Brasil. **Magistra**, v. 30, p. 143-153, 2019.

HOOGERHEIDE, E., & RONDON, M. Número de etnovariedades de mandioca e formas de conservação na comunidade rio dos couros, baixada cuiabana, Mato Grosso. In: Embrapa Agrossilvipastoril-Resumo em anais de congresso (ALICE). In: ENCONTRO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIAS AGROSSUSTENTÁVEIS, 4.; JORNADA CIENTÍFICA DA EMBRAPA AGROSSILVIPASTORIL, 9., 2020, Sinop. Resumos. Brasília, DF: Embrapa, 2020. p. 46., 2020.

LEWONTIN, R. C. The apportionment of human diversity. In: **Evolutionary biology**. Springer, New York, NY, 1972. p. 381-398. Doi: 10.1007/978-1-4684-9063-3_14.

LIMA, D., STEWARD, A., & RICHERS, B. T. Trocas, experimentações e preferências: um estudo sobre a dinâmica da diversidade da mandioca no médio Solimões, Amazonas. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas**, v. 7, p. 371-396, 2012.

MEYER, Andréia da Silva. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análises de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agronômica) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002. doi:10.11606/D.11.2002.tde-24072002-165250.

MEZETTE, T. F., BLUMER, C. G., & VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 5, p. 510-518, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013000500007.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n. 3, p. 583-590, 1978. <https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583>.

NINA, M. M., DOS SANTOS, C. P., DA ROCHA, S. F., CAVALCANTE, F. S. A., & LIMA, R. A. Potencialidade de *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae) na Floresta Amazônica, Brasil. **Diversitas Journal**, v. 6, n. 2, p. 2247-2260, 2021. <https://doi.org/10.17648/diversitas-journal-v6i2-1253>.

NOZILE, Jean Wisguen. **Direitos dos agricultores e conservação da agrobiodiversidade da mandioca (*Manihot esculenta crantz*) e do guaraná (*Paullinia cupana H.B.K.*)**. 2021. 165 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia Tropical) - Universidade Federal do Amazonas, Manaus, 2021. Disponível em: <https://tede.ufam.edu.br/handle/tede/8356>.

ORTIZ, A. H. T., ROCHA, V. P. C., MOIANA, L. D., GONÇALVES-VIDIGAL, M. C., GALVAN, M. Z., & VIDIGAL FILHO, P. S. Population structure and genetic diversity in sweet cassava cultivars from Paraná, Brazil. **Plant molecular biology reporter**, v. 34, n. 6, p. 1153-1166, 2016. <https://doi.org/10.1007/s11105-016-0995-x>

PEAKALL, R. & SMOUSE P.E. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. **Bioinformatics**, v. 28, n. 19, p. 2537-2539, 2012. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.

PEDRI, E. C. M., DOS SANTOS, L. L., WOLF, M. S., TIAGO, A. V., DOS SANTOS CARDOSO, E., HOOGERHEIDE, E. S. S., & ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovarietades de mandioca cultivadas no norte do estado de Mato Grosso por meio de descritores morfoagronômicos. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 5, p. e25410514871-e25410514871, 2021. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v10i5.14871>.

PEDRI, Eliane Cristina Moreno. **Diversidade genética, caracterização morfoagronômica e culinária de etnovarietades de mandioca em épocas de colheita**. 2018. Dissertação (Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos) – Universidade do Estado de Mato Grosso, Alta Floresta, 2018. Disponível em: <http://portal.unemat.br/ppgbioagro>.

PRITCHARD, J. K & WEN, W. Documentation for structure software: Version 2.2. (2004). Disponível em: <https://web.stanford.edu/group/pritchardlab/software/structure22/readme.pdf>>. Acesso em: 14 outubro 2021.

PRITCHARD, J. K., STEPHENS, M., & DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, n. 2, p. 945-959, 2000. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.

REGAZZI, A. J & CRUZ, C. D. 2020. **Análise multivariada aplicada**. Editora UFV. Universidade Federal de Viçosa – UFV Viçosa – MG, 2020. Disponível em: <https://materiais.editoraufv.com.br/analise-multivariada>.

SILVA, K. V. P. D., ALVES, A. A. D. C., MARTINS, M. I. G., MELO, C. A. F. D., & CARVALHO, R. D. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 9, p. 1082-1088, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011000900016>.

SILVEIRA, Rebeka Borges. **Características agronômicas e bromatológicas de cultivares de mandioca**. 2019. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) –

Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2019.

TIAGO, A. V., ROSSI, A. A., TIAGO, P. V., CARPEJANI, A. A., SILVA, B. M., HOOGERHEIDE, E. S., & YAMASHITA, O. M. Genetic diversity in cassava landraces grown on farms in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genetics and Molecular Research: GMR**, v. 15, n. 3, 2016. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr.15038615>.

TIAGO, A., da ROCHA, V. D., ROSSI, F., & HOOGERHEIDE, E. Estrutura genética entre etnovarietades de mandioca doce cultivadas em roças de agricultores familiares no município de Alta Floresta Mato Grosso, Brasil. In: JORNADA CIENTIFICA DA UNEMAT, 8., 2017, CACERES, MT. Anais... Caceres, MT, Unemat, 2017. não paginado. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1087526>.

WILLIAMS, John G.K.; KUBELIK, Anne R.; LIVAK, Kenneth J.; RAFALSKI, J. Antoni and TINGEY, Scott V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, v. 18, n. 22, p. 6531-6535. (1990).

YEH, F. C., YANG, R. C., BOYLE, T. POPGENE1.32: A free program for the analysis of genetic variation among and within populations using co-dominant and dominant markers. Department of Renewable Resources at the University of Alberta, Canada, 2000.

4. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O número de etnovariedades conservadas nos assentamentos Nossa Senhora Aparecida (NSA), Júlio Firmino Domingues (JFD) e São Pedro (ASP), possivelmente, está relacionado ao manejo das roças e à introdução de novas etnovariedades, o que garante a variabilidade dos acervos. Nosso estudo evidenciou variabilidade fenotípica e genética entre as 76 etnovariedades cultivadas nas roças visitadas.

A caracterização fenotípica e molecular permitiu a diferenciação das etnovariedades, sendo eficientes ferramentas no estudo de diversidade. Essa diversidade fenotípica e genética demonstra potencial para ser explorada tanto pelo mercado quanto por pesquisadores, podendo ser utilizada na construção de coleções ativas de germoplasma e em futuros programas de melhoramento.

As roças dos agricultores são unidades ou espaços que contribuem para a conservação dos recursos genéticos principalmente da espécie mandioca. O Tratado Internacional sobre Recursos Fitogenéticos para a Alimentação e a Agricultura (TIRFAA) destaca que a diversidade genética encontrada nas roças dos agricultores deve ser mantida, os quais desempenham importante papel na manutenção e conservação desse recurso.