

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**Parâmetros e divergência genética para identificação de
acessos de mandioca com resistência à antracnose e bacteriose**

LEANDRO ESCOBAR DALAROSA
JOSÉ ANTONIO STRAGLIOTTO JUNIOR

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2018

**Parâmetros e divergência genética para identificação de acessos de
mandioca com resistência à antracnose e bacteriose**

LEANDRO ESCOBAR DALAROSA
JOSÉ ANTONIO STRAGLIOTTO JUNIOR
Discentes de agronomia

ORIENTADORA: PROFA. DRA. LIVIA MARIA CHAMMA DAVIDE
CO-ORIENTADOR: DR. RAFAEL PARREIRA DINIZ

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado à Universidade Federal da
Grande Dourados, como parte das
exigências do Curso de Graduação em
Agronomia, para obtenção do título de
Engenheiro Agrônomo.

DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2018

Parâmetros e divergência genética para identificação de acessos de mandioca com resistência à antracnose e bacteriose

por:

Leandro Escobar Dalarosa
José Antonio Stragliotto Junior

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título de ENGENHEIRO AGRÔNOMO

Aprovado em: 28/11/2018

Profa. Dra. Livia Maria Chamma Davide
Orientadora – UFGD/FCA

Profa. Dra. Liliam Silvia Candido
UFGD/FCBA

Profa. Dra. Lilian Maria Arruda Bacchi
UFGD/FCA

AGRADECIMENTOS

À Deus por ter nos dado força, saúde e coragem, para enfrentarmos as dificuldades que encontrássemos pelo caminho, assim possibilitando chegar onde estamos hoje;

À nossa família, que sempre estiveram ao nosso lado em todos os momentos, dando total apoio e incentivo, não medindo esforços para que alcançássemos nossos sonhos;

Aos nossos amigos de dentro e fora da faculdade, que estavam sempre presentes, disponíveis a nos ajudar a qualquer momento e de qualquer forma, o que foi de grande importância no nosso processo de formação;

À Universidade Federal da Grande Dourados e todo o corpo docente do Curso de Agronomia, por todo conhecimento, pelas oportunidades nos disponibilizadas, favorecendo nossa formação de caráter;

Ao Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV), grupo de pesquisa que permitiu a realização deste trabalho, participando e colaborando durante todo o desenvolvimento;

À EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, pela oportunidade de desenvolver o presente trabalho na universidade;

À professora orientadora Dra. Livia Maria Chamma Davide, por todo o apoio, confiança e paciência ao longo das supervisões deste trabalho;

Ao co-orientador Dr. Rafael Parreira Diniz pelo auxílio e colaboração durante o processo do trabalho;

Ao Adriano dos Santos pelo auxílio na realização das análises estatísticas.

Aos membros da banca examinadora, professoras Liliam Silvia Candido e Liliam Maria Arruda Bacchi, por disponibilizarem um tempo em suas rotinas e colaborarem com a elaboração deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT.....	vii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
2.1 Mandioca.....	3
2.2 Divergência genética.....	5
2.3 Parâmetros genéticos	5
2.4 Antracnose na mandioca	6
2.5 Bacteriose na mandioca	7
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	10
3.1 Local e preparo da área experimental	10
3.2 Germoplasma e delineamento experimental	11
3.3 Inoculação e Avaliação da Severidade de Antracnose e Bacteriose..	12
3.3.1 Antracnose	12
3.3.2 Bacteriose.....	12
3.4 Análises dos dados	13
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
5. CONCLUSÕES	21
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	22

RESUMO

A antracnose e a bacteriose são doenças de importância no Brasil na cultura da mandioca, sendo as principais causas dos prejuízos na produção. Um dos motivos é a existência de poucos métodos de controle, sendo o uso de cultivares resistente a melhor alternativa para diminuir as perdas. Este trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e por meio da divergência genética realizar a identificação de acessos que apresentam maior resistência a antracnose e bacteriose. O trabalho foi realizado na Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, localizado no município de Dourados, MS. Foram realizados três experimentos independentes em que foram avaliados 133 acessos provenientes do banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura e nove testemunhas, distribuídos em cinco blocos com cinco plantas por parcela em cada experimento. O primeiro experimento as plantas foram inoculadas, com o patógeno *Xanthomonas axonopodis* pv. *Manihotis* (bacteriose), o segundo inoculado com *Colletotrichum gloeosporioides* sp. *Manihotis* (antracnose) e um experimento sem inoculação para controle, sendo conduzidos em delineamento de blocos aumentados, realizando avaliações visuais das plantas por escala de notas. Pela análise de variância houve diferença significativa para fonte de variação acessos do experimento controle, avaliada para Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença de antracnose ($P \leq 0,05$) e bacteriose ($P \leq 0,01$), o que revelou variabilidade genética entre os acessos, tendo a formação de cinco grupos no dendrograma obtido por meio do método UPGMA. A herdabilidade variou de 38,4 % a 92,94%. Concluiu-se que no experimento controle e para bacteriose a chance de sucesso na seleção dos acessos resistentes são maiores, e entre os grupos formados no dendrograma a partir de divergência genética, o grupo três formado por dois acessos (BGM1170 e BGM1134) foi o que obteve menor média para AACPD.

Palavras-chave: herdabilidade, dendrograma *Manihot esculenta* Crantz.

ABSTRACT

Anthracnose and bacterial blight are the most important diseases in Brazil in the cassava crop, being the main causes of the losses in the production. One of the reasons is the existence of few control methods, the use of resistant cultivars being the best alternative to reduce losses. The objectives of this study, were to estimate the genetic parameters and through the genetic divergence to perform the identification of accesses that present greater resistance to anthracnose and bacterial blight. The work was carried out at the Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, located in the city of Dourados, MS. Three independent experiments were carried out in which 133 accessions from the Embrapa Mandioca and Fruticultura germplasm bank and nine controls were evaluated, distributed in five blocks with five plants per plot in each experiment. The first experiment the plants were inoculated, with the pathogen *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* (bacterial blight), the second inoculated with *Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *manihotis* (anthracnose) and an experiment without inoculation to control, being conducted in the augmented block designs, performing visual evaluations of the plants by scale of notes. By analysis of variance, there was a significant difference for the source of variation of the control experiment, evaluated for Area Under Disease Progress Curve (AUDPC) of anthracnose disease ($P \leq 0.05$) and bacterial blight ($P \leq 0.01$), which revealed genetic variability between the accesses, with the formation of five groups in the dendrogram obtained by the UPGMA method. Heritability ranged from 38.4% to 92.94%. It was concluded that in the control experiment and for bacteriosis the chance of success in the selection of resistant accessions was higher, and among the groups formed in the dendrogram from genetic divergence, group three formed by two accessions (BGM1170 and BGM1134) was what obtained lower mean for AUDPC.

Keywords: dendrogram, heritability, *Manihotesculenta* Crantz.

1. INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem sua origem no Brasil e se constitui em uma das principais fontes energéticas da dieta nos trópicos juntamente com o milho e arroz (CIAT, 2018). A mandioca é uma planta pertencente à família das euforbiáceas, sendo uma das poucas espécies do gênero *Manihot* que possui a capacidade de sintetizar amido nas folhas e armazená-lo nos tecidos de reserva (raízes) (CRUZ e PELACANI, 1998). Devido ao seu rico teor de carboidratos a mandioca tem diversas aplicações tanto na alimentação humana, na forma de derivados ou *in natura*, quanto na alimentação animal, onde se aproveita quase toda a planta. Além disso, tem grande utilização na indústria, na composição de espessantes, no setor têxtil, fármacos, entre outros (FIALHO e VIEIRA, 2013; OTSUBO e LORENZI, 2004).

Dentre os fatores limitantes na produção de mandioca, as doenças são uma das principais causas dos prejuízos nas lavouras, sendo a bacteriose e a antracnose doenças que causam grandes danos econômicos no Brasil e no mundo..

A bacteriose é considerada doença de maior importância no Brasil para cultura da mandioca, sendo que no Sul, Sudeste e Centro-Oeste, devido às condições climáticas, a doença tem caráter limitante na produção com perdas de até 100% quando não se é utilizada variedades resistentes (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

A antracnose possui registro de ataque em vários países produtores de mandioca. No Brasil a doença é encontrada em todas as regiões produtoras, sendo mais severas no Norte e no Nordeste, devido a condições climáticas favoráveis. Nas condições existentes no país, é possível encontrar dois tipos da doença, a branda com ataque mais fraco, e a severa sendo mais agressiva, podendo causar perdas totais na produção (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

Em programas de melhoramento genético, o interesse em se obter grande variabilidade para a realização de processo seletivo que resulte em ganhos genéticos significativos, é um ponto de grande importância para o desenvolvimento de novas cultivares de mandioca.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos, tais como herdabilidade, variância genética, variância fenotípica e ganhos esperados com a seleção, é de grande importância, pois possibilita a tomada de decisões em relação à

escolha de métodos mais apropriados em relação à seleção de genótipos superiores em gerações segregantes (HOSSMANN, 2001).

A diversidade genética de espécies vegetais é de grande importância para manter a capacidade natural em relação às respostas de estresses bióticos e abióticos, além de permitir estoques genéticos em bancos de germoplasmas que permitem a exploração e manejo desses recursos (CRUZ et al., 2011).

Os estudos de dissimilaridade genética auxiliam na identificação de progenitores que podem ser utilizados em programas de melhoramento para diversos fins. A divergência genética tem sido de grande sucesso em programa de melhoramento, por favorecer a probabilidade a obtenção de genótipos superiores em gerações segregantes.

Dessa forma, os objetivos do trabalho foram estimar os parâmetros genéticos, através dos valores de herdabilidade e, por meio da diversidade genética, identificar acessos de maior resistência à antracnose e bacteriose que possam ser utilizados em futuros programas de melhoramento.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Mandioca

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) pertencente à família Euphorbiaceae, é uma planta alotetraplóide (LARA et al., 2008). Segundo CARVALHO e GUERRERA (2002) avaliando oito espécies silvestres e 39 variedades de mandioca, todas as espécies do gênero *Manihot* apresentaram genótipos $2n=36$. Por ser uma planta alógama, sua ampla variabilidade se deve a ocorrência de hibridação intra-específica (SANTANA, 2014).

A cultura tem o centro de origem no continente americano, sendo o Brasil o possível país de início do cultivo, uma vez que os indígenas já cultivavam antes mesmo da descoberta do Brasil. Eles foram os responsáveis pela propagação da espécie pela América, sendo os portugueses e espanhóis pela difusão para África e Ásia (OTSUBO e LORENZI, 2004).

A mandioca é considerada um dos alimentos mais importantes em países de regiões tropicais por ser rica em carboidratos e servir como fonte de energia, sendo que uma pequena parcela da produção é destinada para alimentação animal, além de servir como fonte de matéria prima para diversos setores agroindustriais (MEZETTE et al., 2009).

Segundo a Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO, 2017), a produção mundial de mandioca em 2017 foi de aproximadamente 278 milhões de toneladas, sendo que o continente Africano lidera o ranking com 155,3 milhões de toneladas, correspondente a 56,1% do total produzido, seguido pela Ásia com 92,4 milhões de toneladas representando 33,2 %, América Latina 29,4 milhões de toneladas sendo 10,5% e por fim a Oceania com 247 mil toneladas sendo 0,08% da produção mundial.

O Brasil é o quarto produtor mundial (FAO, 2017), com produção anual em 2017 de 20 milhões de toneladas, o que equivale a 68,3% do total produzido na América do Sul. A produção brasileira de mandioca está concentrada na região Norte com 37%, seguido pelo Nordeste 24%, no Sul 22%, no Sudeste 11% e Centro Oeste com 6% (SEAB-PR, 2017).

Embora as regiões Sul, Sudeste e Centro Oeste representem as menores áreas produtoras de mandioca no Brasil, são responsáveis pelas maiores produtividades sendo 21,8 t ha⁻¹, 18,4 t ha⁻¹ e 18,5 t ha⁻¹, respectivamente. Em contrapartida, as regiões Norte e Nordeste apresentam produtividades médias de 15,2 t ha⁻¹, 9,8 t ha⁻¹ respectivamente (IBGE, 2018).

Na safra do ano de 2017, a produção brasileira ocorreu em uma área cultivada de 2,1 milhões de hectares em todo território, sendo que do total produzido 695 mil e 783 toneladas corresponderam à produção no estado do Mato Grosso do Sul, com área de cultivo de 31,8 mil hectares (IBGE, 2018).

A região Centro-Oeste é considerada como uma nova área de produção de mandioca, tendo em vista a migração de empresários do Paraná para o Mato Grosso do Sul, em busca de novas terras agrícolas. O estado tornou-se o segundo maior produtor de fécula no país, apresentando potencial de produtividade (21.824 kg ha⁻¹) e competência para crescimento nos próximos anos (SEAB-PR, 2017).

O cultivo de mandioca no Mato Grosso do Sul encontra-se principalmente na região sul do estado, onde as características climáticas favorecem o desenvolvimento da cultura e outro fator relevante é o parque industrial de processamento das raízes, próximo aos estados do Paraná e São Paulo (OTSUBO et al., 2009).

Dentre os fatores limitantes na produção de mandioca, a competição causada por plantas invasoras é um dos entraves da cultura. Isto pode ser explicado devido à crença dos agricultores de que a planta é rustica e não necessitaria realizar práticas de manejo adequado para o controle de plantas daninhas (Albuquerque et al., 2008). O recomendado para o acréscimo de produção seria a eliminação das plantas daninhas para evitar a competição ainda durante o início de crescimento (JOHANNIS e CONTIERO, 2006).

No entanto, o número reduzido de cultivares disponíveis para o estado também é uma das dificuldades enfrentadas, devido à adaptabilidade de algumas cultivares em relação a adversidades climáticas, além da baixa disponibilidade de cultivares contribuir para a incidência de pragas e doenças (SAGRILO et al., 2010).

A cultura apresenta uma diversificada variabilidade genética devido à alta taxa de polinização e alta heterozigose da espécie, o que possibilita a formação de inúmeros novos clones que ocorrem naturalmente (FUKUDA, 1986).

2.2 Divergência genética

Diante a diversidade genética, para programas de melhoramento envolvendo a seleção de genótipos superiores é necessário informações sobre o germoplasma utilizado, suas potencialidades genéticas e de parâmetros genéticos (OLIVEIRA et al., 2000).

Segundo Miranda et al. (1988), a divergência genética é um dos parâmetros para a seleção de genitores para programas de melhoramento. O estudo sobre a diversidade genética possibilita a identificação entre acessos de qualquer cultura, referentes àqueles mais próximos e aos genótipos mais distantes, os quais são recomendados em programas de cruzamento para o desenvolvimento de cultivares melhoradas (OLIVEIRA et al., 2000).

Os estudos sobre divergência genética tem grande importância para o melhoramento genético devido ao fato de que, ao realizar o cruzamento entre genitores geneticamente diferentes existe maior probabilidade do alto efeito heterótico e também da maior variabilidade genética em gerações segregantes. Para isso, é necessário procurar a população base para que seja feita a seleção em que esteja presente ampla variabilidade genética e para caráter de interesse (CRUZ et al., 2011).

Dentre as análises, se destaca a análise de agrupamento que tem por função estimar e caracterizar a variabilidade entre grupos até mesmo entre genótipos de mesmo grupo, a representação gráfica dos agrupamentos é na forma de dendrograma, através de método sequencial, aglomerativo, hierárquico e sem sobreposição denominada pela sigla SHAN (Sequencial, Agglomerative, Hierarquic, Nonoverlapping, Clustering Methods) (KOOP et al., 2007).

A análise de agrupamento tem como função agrupar indivíduos por determinar o critério de classificação, em grupos em que haja maior homogeneidade (menor dissimilaridade) e heterogeneidade (maior dissimilaridade) entre grupos.

2.3 Parâmetros genéticos

Para o melhoramento de plantas é fundamental a obtenção da estimativa de parâmetros genéticos em populações de estudo para predizer o progresso em relação ao ganho de seleção. Com os dados das informações obtidas é possível avaliar se a população é adequada para o melhoramento (AVIJALA, 2013).

Estimar parâmetros genéticos se torna importante, pois permite conhecer a estrutura genética das populações para fins de seleção, e a determinação de magnitude de estimativas de herdabilidade fornece indicativos para a definição das estratégias de seleção e também auxiliam na predição de ganhos obtidos. Para se estimar de uma maneira adequada o potencial de seleção é necessário dimensionar magnitudes das variâncias de origem genética em relação às variâncias devido ao ambiente (AVIJALA, 2013).

2.4 Antracnose na mandioca

A antracnose da mandioca causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides* f.sp. *manihotis* é uma das principais doenças da cultura. O patógeno está presente no continente Africano, Ásia e na América do Sul, sendo no Brasil as regiões Nordeste e Sudeste favoráveis à ocorrência da doença devido às condições climáticas (FOKUNANG et al., 2002; MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

Os sintomas característicos da doença aparecem de diversas formas em diferentes regiões da planta. Nas folhas ocorrem machas aquosas, que se tornam pardas e, posteriormente ocorrendo a desfolha. Nos pecíolos e nos caules jovens ocorrem lesões que variam de cor pálida a marrom escura apresentando formato ovalado. Em caules mais velhos as lesões se tornam cancros profundos, os quais causam murchas, desfolha e morte descendente das plantas (a partir dos ponteiros), podendo ocorrer deformação da haste em cultivares mais suscetíveis, ocasionando quebra da planta em casos de vento forte (FIALHO e VIEIRA, 2013).

As condições favoráveis para a ocorrência da antracnose são relacionadas à alta umidade relativa do ar e amplitude de temperatura de 18°C a 28°C. A chuva ao proporcionar um aumento na umidade do ambiente favorece a liberação dos esporos, sendo também o principal meio de disseminação dos esporos do fungo dentro do cultivo (FIALHO e VIEIRA, 2013; MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

Um dos motivos pela busca por genótipos resistentes é devido aos sintomas que o patógeno causa na planta. Em função da perda de folhas e presença de necrose em brotos novos há um redução na atividade fotossintética (OBILO et al., 2010) impactando na produtividade de raízes (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997). Dessa forma, o uso de variedades resistentes ou tolerantes é o método mais recomendado uma vez que existe um reduzido número de fungicidas para o controle da doença. Além do

uso de cultivares resistentes, é indicado o uso de manivas sadias para o plantio, realizar a poda e a eliminação de hastes infectadas também ajudam na redução da quantidade de inóculo (FIALHO e VIEIRA, 2013; MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

No Brasil, devido às condições climáticas existentes, ocorrem dois tipos da antracnose, a branda e a severa, sendo diferenciadas pela sua agressividade. A forma branda, causada por estirpes fracas do patógeno, infecta as plantas já no final do seu ciclo. No caso da forma severa, acarreta maiores danos nas plantas do que a branda, são causadas por estirpes mais agressivas do patógeno, ocorrendo especialmente em cultivos anteriores a quatro meses. Quando variedades suscetíveis são infectadas na fase jovem pela forma severa pode ocorrer a morte da parte aérea inteira, causando perdas na produção (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

2.5 Bacteriose na mandioca

A bacteriose na mandioca, causada pela bactéria *Xanthomona saxonopodis* pv. *manihotis*, teve seu primeiro registro no Brasil em 1991, desde então vários países produtores da América do Sul, América Central, África e Ásia tem relatado sua ocorrência (LORENZI et al., 2002).

Embora a bacteriose se manifeste em todas as regiões do Brasil, apresenta maior severidade e intensidade nas regiões Sul, Sudeste e Centro Oeste, sendo o fator limitante de produção para essas localidades (FUKUDA, 2002).

Os prejuízos de produção estão associados principalmente na variedade utilizada no cultivo, condições climáticas e o inóculo inicial. Em variedades suscetíveis ocorrem perdas que variam entre 50% e 100%, comparando à variedades resistentes, em que as perdas não ultrapassam 7% da produção. As perdas podem ser maiores quando patógenos fracos (*Coanephora cucurbitarum* e *Colletotrichum* spp.), adentram através de tecidos infectados pela bactéria, este processo está associado quando a bacteriose ocorre em culturas que apresentem antracnose (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

Os sintomas ocasionados pela doença são complexos, apresentando manchas e murchas foliares, exsudação de goma, morte descente e morte da planta. A principal característica apresentada é a necrose do sistema vascular. Os sintomas primários são oriundos do inóculo primário (material vegetativo infectado), ocorrendo murcha das folhas, formação de cancrios e exsudação de pus bacteriano. Os sintomas secundários são provocados pela transmissão da bactéria para outras plantas, estes

surgem por pequenas manchas angulares sob o limbo foliar, com coloração amarronzada, ocorrem exsudações de pus bacteriano nos pecíolos, nos caules e nas manchas foliares (MIURA et al., 1990).

De acordo com Melo (2014), o gênero *Xanthomonas* é composto por uma grande diversidade patogênica, contendo cerca de 27 espécies de bactérias já identificadas que causam doenças em cerca 400 hospedeiros vegetais. Algumas dessas espécies possuem patovares, que possuem especificidade com diferentes hospedeiros, sendo plantas hospedeiras de importância econômica, ocasionando perdas expressivas de produção.

A célula bacteriana da *Xanthomonas axonopodis* pv. *Manihotis* tem o formato de bastonete fino, movimenta-se por um flagelo polar (monótrica), é gram-negativa, não possui células encapsuladas e não é formadora de esporos, é aeróbica, apresenta rápido crescimento, além de não formar pigmentos em meio açucarados (PORTZ, 2003).

A bactéria normalmente se introduz no hospedeiro por aberturas naturais (estômatos) ou feridas epidérmicas. O organismo invade e destrói o mesófilo esponjoso e posteriormente adentra aos tecidos vasculares, permitindo que as células bacterianas se movam sistemicamente por toda a planta. O movimento bacteriano ocorre principalmente através dos vasos do xilema (LOZANO, 1986). Em trabalho apresentado por Lozano (1986), em experimentos artificiais de inoculação, para que ocorresse o estabelecimento das bactérias era necessário um período de 12 horas, com umidade relativa variando de 90 a 100% e temperaturas entre 22 a 26°C. Os sintomas surgiram 11 a 13 dias após a infecção. Para variedades resistentes os sintomas ficam restritos somente as folhas e em cultivares suscetíveis ocorreu infecção do tipo sistêmica, onde o movimento bacteriano ocorre através do xilema do pecíolo (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

O processo de dispersão pode ocorrer de planta para planta por gotículas de água. Este processo é ainda mais eficiente sob fortes condições de vento (LOZANO e SEQUEIRA, 1974). A disseminação bacteriana a longas distâncias ocorre principalmente com a troca de material propagativo infectado devido à falta de fiscalização no trânsito de materiais vegetativos, as manivas infectadas são responsáveis pela disseminação em áreas ainda isentas da doença (LOZANO, 1986).

Embora algumas medidas possam ser utilizadas para proteger a cultura em campos de mandioca, como o plantio de material livre de doenças, a estratégia mais

segura e eficiente para o controle da bacteriose é aproveitar a resistência genética natural das plantas para desenvolver cultivares resistentes para o cultivo (SEDANO et al., 2017).

Para a região Centro Oeste, as variedades de mandioca resistentes utilizadas para o cultivo são IAC-12, IAC-13, IAC-14, Mantiqueira, Branca de Santa Catarina e alguns híbridos produzidos pela Embrapa Mandioca e Fruticultura (FUKUDA, 2002).

Além do uso de cultivares resistentes, as práticas culturais também possibilitam a menor incidência de doença, como o uso de material propagativo sadio, rotação de culturas e a realização do plantio no final de estação chuvosa (LOZANO, 1986).

Segundo Képmoua et al. (1996) a resistência a bacteriose está associada a mecanismos de defesa da planta que delimitam a colonização bacteriana. Estes mecanismos são lignificação e deposição de calos nos vasos do xilema, acumulação de compostos fenólicos e oclusão de vasos (tiloses).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local e preparo da área experimental

Foram conduzidos três experimentos simultâneos na Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, localizado no município de Dourados, MS. O local se encontra em latitude de 22°48'53', longitude de 54°44'31'' e altitude de 452 m. O clima é classificado como Cwa (clima mesotérmico úmido), com verões quentes e invernos secos (EMBRAPA, 2008). O solo é classificado como Latossolo Vermelho distroférico de textura argilosa (EMBRAPA, 2006).

A área em que os experimentos foram implantados estava anteriormente cultivada com milho. A área foi preparada com arado de discos (0,30 m de profundidade), seguido de duas gradagens destorroadora-niveladora (0,15 m de profundidade), seguido de subsolagem com equipamento de cinco hastes (0,50 m de profundidade). As informações sobre os atributos químicos do solo se encontram na Tabela 1.

TABELA1. Atributos químicos do solo da área experimental localizada na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD. Dourados, MS – 2016/17.

Atributos*	Profundidade	
	0-20 cm	20-40 cm
pH (CaCl ₂)	5,2	5,3
MO (g dm ⁻³)	21	21
P (mg dm ⁻³)	17	14
K (mmol _c dm ⁻³)	3,3	3,5
Ca (mmol _c dm ⁻³)	39	39
Mg (mmol _c dm ⁻³)	21	20
H+Al (mmol _c dm ⁻³)	37	38
SB (mmol _c dm ⁻³)	62	62
CTC (mmol _c dm ⁻³)	100	100
Al (mmol _c dm ⁻³)	0	0
V (%)	63	62

*pH: extraído pelo cloreto de cálcio; MO: matéria orgânica; P: fósforo; k: potássio; Ca-cálcio; Mg: magnésio; H+Al: hidrogênio+alumínio; SB- soma de bases; CTC: capacidade de troca catiônica; Al: alumínio; V: porcentagem de saturação de bases.

3.2 Germoplasma e delineamento experimental

O plantio dos experimentos foi realizado em 09 de setembro de 2016. Foram avaliados acessos de mandioca provenientes do banco ativo de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, BA. Os acessos foram avaliados em três experimentos independentes, sendo o primeiro inoculado com o patógeno *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*, o segundo inoculado com *Colletotrichum gloeosporioides* f.sp. *manihoti* se o experimento controle (sem inoculação).

O delineamento foi o de blocos aumentados (DBA), sendo 133 acessos (tratamentos não comuns) e nove tratamentos comuns (testemunhas), distribuídos em cinco blocos com cinco plantas por parcela. As testemunhas foram representadas pelas variedades BRS Caipira, BRS Formosa, BRS Kiriris, Cigana, Dourada, Gema de Ovo, IAC-90, IAC-576 e Mulatinha. O espaçamento entre linhas foi de 0,90 m e entre plantas de 0,80 m. Os tratos culturais e fitossanitários foram os recomendados à cultura da mandioca industrial e *in natura* para a região (OTSUBO e LORENZI, 2004). As plantas foram colhidas em agosto de 2017.

Os dados meteorológicos durante o período de condução do experimento são provenientes da estação meteorológica da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, MS (Figura 1).

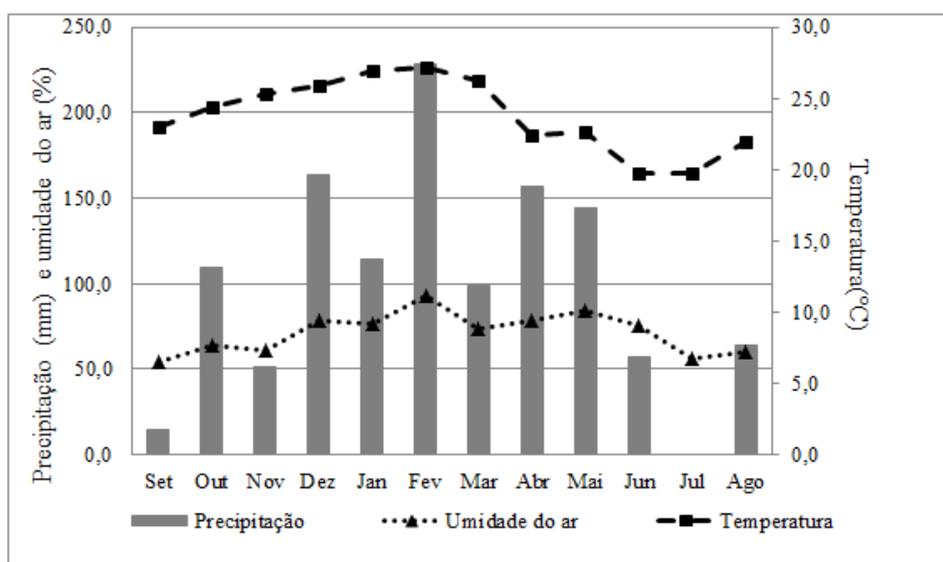


FIGURA 1. Dados meteorológicos mensais coletados de setembro de 2016 a agosto de 2017 na estação meteorológica da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, MS – 2016/17.

3.3 Inoculação e Avaliação da Severidade de Antracnose e Bacteriose

3.3.1 Antracnose

Os isolados iniciais de *Colletotrichum gloeosporioides* f.sp. *manihotis*, utilizados nas inoculações foram obtidos junto a Embrapa Mandioca e Fruticultura e enviados para o Laboratório de Microbiologia Agrícola e Fitopatologia da UFGD. O meio de cultura utilizado para o cultivo de *C. gloeosporioides* foi o BDA.

A inoculação de antracnose ocorreu seis meses após o plantio, no dia treze de março de 2017. As plantas foram submetidas a um incremento na pressão de inóculo via pulverização da parte aérea com suspensão de esporos de *C. gloeosporioides*, calibrada a 10^6 conídios mL⁻¹. A pulverização foi realizada com auxílio de um atomizador costal motorizado da marca KAWASHIMA, modelo KWS 8020, tanque químico 20 L, vazão máxima líquido 5 kg min⁻¹, rotação máxima 9.000 rpm e potência máxima 7.000 rpm.

A avaliação da severidade da antracnose foi realizada por meio da análise visual de cinco plantas por parcela, adotando uma escala de notas de 1 a 5, na qual 1: sem sintomas de antracnose; 2: manchas angulares nas folhas na parte inferior das planta e/ou cancrós pequenos ou antigos na metade inferior da planta; 3: extensa mancha foliar na parte superior da planta e/ou cancrós profundos na metade superior da planta; 4: cancrós profundos com esporulação, distorção e/ou murcha nas folhas novas, secamento do ápice 5: desfolha severa, morte apical ou morte total da planta (OLIVEIRA et al., 2016).

3.3.2 Bacteriose

Os isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* foram obtidos da Fazenda Experimental de Ciências Agrárias da UFGD em Dourados, MS. Para isso, foram coletados tecidos vegetais de plantas de mandioca cultivadas na Fazenda Experimental. Após a coleta, os tecidos vegetais foram desinfestados superficialmente com imersão em álcool etílico 70% por 1 minuto e, em seguida, imersas em hipoclorito de sódio a 0,5% por 1 minuto. Posteriormente, foram lavados três vezes com água esterilizada. O material vegetal foi fragmentado entre área do tecido necrosado e assintomático e transferido para o meio de cultura batata dextrose ágar (BDA). As

placas de Petri foram mantidas a $25\pm 2^\circ\text{C}$, com fotoperíodo de 12 h em estufas incubadoras B.O.D.

A inoculação dos isolados de *X. axonopodis* foi realizada em 24 de fevereiro de 2017, aos cinco meses após o plantio. A inoculação ocorreu por meio de palitos de madeira (partidos ao meio e esterilizados), previamente imersos em suspensão bacteriana a 10^8 mL^{-1} , por 10 minutos. Os palitos foram introduzidos na região de inserção do pecíolo com a folha mais velha, cuidadosamente para que não atravessassem a haste da planta (NERY-SILVA et al., 2007).

A avaliação da severidade da bacteriose foi realizada por meio da inspeção visual de cinco plantas por parcela, adotando uma escala de notas de 0 a 5, sendo: 0: plantas e hastes sem sintomas de bacteriose; 1: plantas com sintomas apenas nas folhas (mancha-angular); 2: plantas com sintomas nas folhas e/ou lesões necróticas nas hastes ou pecíolos; 3: plantas com presença de lesões necróticas com exsudação de goma nos pecíolos e hastes; 4: plantas com folhas murchas e morte descendente e/ou presença de lesões necróticas com exsudação de goma; 5: plantas com perda total das folhas, morte apical e/ou morte da planta (OLIVEIRA et al., 2016).

As plantas dos experimentos inoculados com antracnose, bacteriose e do experimento controle foram avaliadas a cada sete dias, a partir da data de inoculação, totalizando em 12 avaliações por experimento, sendo a última no dia 11 de maio de 2017. No experimento controle foram dadas notas para severidade de antracnose e bacteriose, enquanto que no experimento inoculado com antracnose ou bacteriose apenas se avaliou a severidade de doença correspondente.

3.4 Análises dos dados

A partir dos dados obtidos nas avaliações de severidade para antracnose e bacteriose foram estimadas a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD) (CAMPBELL e MADDEN, 1990), conforme a seguinte fórmula: $AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \left[\frac{y_i + y_{i+1}}{2} \right] * (t_{i+1} - t_i)$, em que: y_i e y_{i+1} correspondem a severidade média da doença nas avaliações i e $(i + 1)$; t_i e t_{i+1} correspondem ao tempo em dias nas avaliações i e $(i + 1)$; n é o número total de avaliações.

Os dados de AACPD foram submetidos à análise de variância. Para a análise de variância do delineamento em blocos aumentados foi utilizado o método descrito por Federer (1956).

As variâncias fenotípicas e genotípicas foram determinadas pelas fórmulas: $\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2$ e $\sigma_g^2 = \sigma_f^2 - \sigma_e^2$, onde σ_g^2 : variância genotípica; σ_f^2 : variância fenotípica e σ_e^2 : variância ambiental.

A herdabilidade em sentido amplo (h_a^2) foi estimada de acordo com a seguinte equação: $h_a^2(\%) = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100$.

O ganho de seleção (GS) foi obtido por $GS = h_a^2 \times K \times \sigma_f$, sendo que h_a^2 : herdabilidade em sentido amplo; K: diferencial de seleção entre a 2,06 e 5% de intensidade de seleção e σ_f : desvio padrão fenotípico.

O ganho de seleção em porcentagem da média (GSM) foi obtido considerando $GSM = \frac{GS}{\bar{X}} \times 100$, sendo GS: ganho de seleção e X: média geral da característica.

A divergência genética entre os acessos foi avaliada com base na AACPD obtida nos três experimentos pela técnica multivariada pela análise de agrupamento aplicada com a obtenção da matriz de dissimilaridade com base em variáveis multicategóricas. A matriz obtida foi fundamentada na distância euclidiana. Para o conjunto de dados foi empregado o agrupamento pelo método hierárquico entre grupos (UPGMA). A consistência dos agrupamentos foi verificada através do coeficiente de correlação cofenética.

As análises estatísticas foram realizadas com auxílio dos pacotes agricolae, Nbclust e factoextra, implementados no software R versão 3.5.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise de variância observa-se que houve diferença significativa para a fonte de variação acessos no experimento controle quando avaliado para área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) de antracnose ($P \leq 0,05$) e bacteriose ($P \leq 0,01$), o que revela variabilidade genética entre os acessos de mandioca para a característica em estudo (Tabela 2). Também foram observadas diferenças significativas para as fontes de variação testemunha no experimento controle quando avaliado para AACPD de antracnose e para testemunha mais bloco no experimento controle para AACPD de bacteriose.

Os coeficientes de variação oscilaram entre 1,10 a 23,30%, sugerindo que os experimentos foram conduzidos de alta a média precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 2002).

TABELA 2. Resumo da análise de variância referente à média da Área Abaixo da Curva de Progresso de Doença (AACPD) de 142 acessos de mandioca avaliados no experimento inoculado com antracnose, bacteriose e o experimento sem inoculação. Dourados, MS – 2016/17.

Fontes de variação	Grau de liberdade	Quadrados Médios da AACPD			
		Antracnose	Bacteriose	Controle	
				Antracnose	Bacteriose
Blocos	4	1270,47	12617,10	4578,90	79,44
Acessos	141	159,66 ^{ns}	241,70 ^{ns}	697,30*	79,49**
Testemunhas	8	176,63 ^{ns}	164,00 ^{ns}	1723,00**	6,74 ^{ns}
Testemunhas + Blocos	133	158,64 ^{ns}	246,30 ^{ns}	635,60 ^{ns}	83,86**
Erro	32	115,17	241,40	460,00	6,04
Média		127,77	257,39	92,00	230,65
CV (%)		8,40	6,00	23,30	1,10

* Grau de liberdade; ^{ns} Não-significativo, * e **Significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

A maior média geral de AACPD (257,39) foi observada no experimento inoculado com bacteriose e a menor média (92,00) quando avaliado a antracnose no experimento sem inoculação (controle). As temperaturas observadas ao longo da condução do experimento foram favoráveis ao desenvolvimento da antracnose e bacteriose, tendo uma média de 23,5°C no período entre a primeira inoculação até a

última avaliação. Segundo Massola Jr. e Bedendo (1997), a bacteriose se desenvolve em temperaturas entre 22 e 26°C com umidade relativa de 90 a 100% e para a antracnose temperaturas ótimas para ocorrência de doença variam de 18 a 28°C com longos períodos de chuvas. Em relação à umidade relativa, durante o período de avaliações a média foi de 78%, estando abaixo da faixa de U.R. considerada ótima, mas mesmo assim ainda favorável para o desenvolvimento das doenças.

No dendrograma obtido pelo método UPGMA, foi realizado um corte baseado em Mojena (1977), ocorrendo a possibilidade de visualização de cinco grupos (Figura 2), sendo um dos grupos formado por 60 acessos (Grupo 4), dos quais seis são testemunhas (Caipira, Cigana, Kiriris, Formosa, Mulatinha e IAC-90), representando 42,25% do total. Os grupos 1, 2, 3 e 5 foram constituídos por 26, 36, 2 e 18 acessos respectivamente, representando 25,35%, 18,31%, 12,68% e 1,41% do total de acessos por grupo formado.

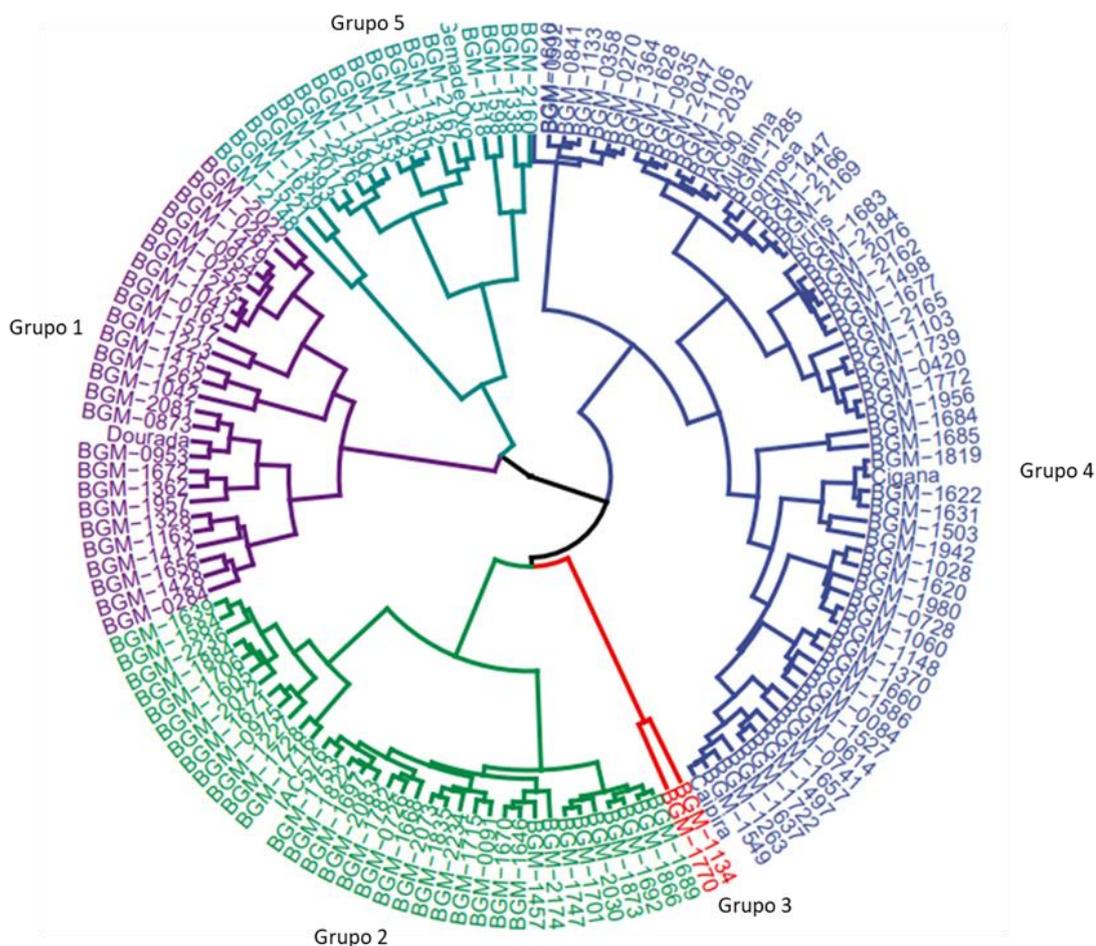


FIGURA 2. Dendrograma de dissimilaridade de 142 acessos de mandioca (clones e testemunhas), determinado pelo método UPGMA, estabelecido pelo distanciamento Euclidiano.

Os acessos reunidos nos grupos mais distantes (grupo 1 e 5), são os mais divergentes, considerando os valores de médias de AACPD. O grupo 1 é formado por acessos que compõem valores de AACPD mais próximos, ocorrendo o mesmo para o grupo 5 que é composto pelos acessos de valores de médias para AACPD com valores próximos. Estes dois grupos apresentam valores médios opostos, encontrando-se os maiores e menores valores.

Os resultados de análise de boxplot (Figura 3) permitem demonstrar a distribuição dos grupos originados do dendrograma (Figura 2), em relação às médias de AACPD, para inoculação de bacteriose e antracnose e o controle sem inoculação.

No experimento inoculado com antracnose, vale ressaltar que os grupos 2 e 3 apresentaram as menores médias quando comparados aos demais, indicando que são os mais resistentes em relação a antracnose. Quando avaliado a antracnose em experimento controle foi observado uma média geral de AACPD relativamente próximas em relação aos acessos constituintes dos grupos 1, 2, 3 e 4, sendo que o grupo 5 apresentou média superior aproximadamente duas vezes maior comparado aos demais.

Em experimento inoculado com bacteriose os grupos 2, 3, 4 e 5 demonstraram médias gerais para AACPD muito próximas, sendo o grupo 1 com a maior média representada. Uma situação inversa é analisada quando observado o comportamento das médias dos grupos em experimento controle para bacteriose, o grupo 3 formado por apenas dois acessos, apresentou média muito inferior comparado aos demais.

Com exceção do experimento inoculado com antracnose, o grupo 3, representado pelos acessos BGM1170 e BGM1134, apresentou as menores médias de AACPD para os experimentos. Vale ressaltar que para todos os experimentos avaliados o grupo 3 apresentou média menor em relação ao grupo 4, formado pela maior quantidade de acessos e onde se encontra também a maioria das testemunhas, indicando possível sucesso de seleção para estes dois genótipos.

As maiores médias de AACPD foram identificadas no grupo 5, com exceção no experimento inoculado com bacteriose, sendo este grupo constituído por acessos mais suscetíveis.

A variação de amplitude das médias foram maiores em inoculação com antracnose e para experimento controle avaliado antracnose, podendo observar valores mais discrepantes às medias individuais de cada acesso em relação a média geral de cada grupo.

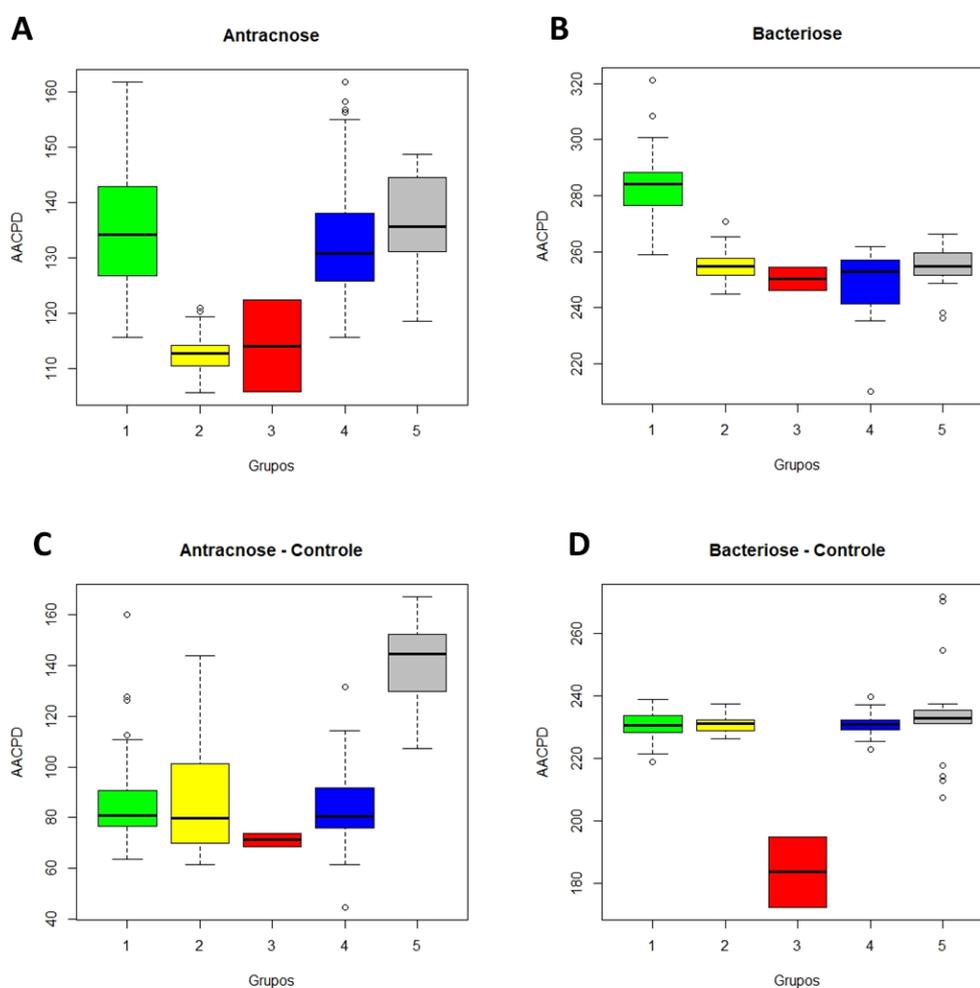


FIGURA 3. Boxplots da severidade de duas doenças foliares, antracnose e bacteriose, avaliadas em experimentos sob inoculação: A – *Colletotrichum gloeosporioides f.sp. manihotis* (Antracnose); B – *Xanthomonas axonopodis pv. manihotis* (Bacteriose); C - infestação natural de *C. gloeosporioides* (Antracnose – Controle); D – *X. axonopodis* (Bacteriose – Controle)

As estimativas da variância genotípica foram maiores para o experimento inoculado com bacteriose e para experimento controle avaliando bacteriose. Esses valores ressaltam a herdabilidade em sentido amplo, sendo que, a variância genética em relação à variância fenotípica resulta no coeficiente de herdabilidade, indicando o quanto da variação fenotípica é de origem genética.

TABELA 3. Estimativas de parâmetros genéticos para área abaixo da curva de progresso de doença (AACPD) de 142 acessos de mandioca avaliados no experimento inoculado com antracnose, bacteriose e o experimento controle. Dourados, MS – 2016/17.

Parâmetros	Antracnose	Bacteriose	Controle	
			Antracnose	Bacteriose
σ_f^2	186,97	508,38	764,89	85,63
σ_g^2	71,80	266,94	304,89	79,58
σ_e^2	115,17	241,44	460,00	6,04
$h_a^2(\%)$	38,40	52,51	39,86	92,94
GS	10,83	24,42	22,74	17,74
GSM (%)	8,44	9,48	24,58	7,70

σ_f^2 : Variância fenotípica, σ_g^2 : Variância genotípica, σ_e^2 : Variância ambiental, h_a^2 : estimativa de herdabilidade no sentido amplo, h_a^2 : estimativa de herdabilidade no sentido amplo, GS: Ganho de seleção esperado, GSM: Ganho esperado de seleção em porcentagem da média.

Para o experimento inoculado com antracnose e controle avaliado para antracnose, os valores de variância ambiental foram maiores em relação à variância genética (Tabela 3), tornando os genótipos de mandiocas suscetíveis às condições ambientais para sua expressão fenotípica.

Os valores de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) variaram de 38,4% a 92,94% (Tabela 3). No experimento controle em bacteriose, a herdabilidade apresentou alta magnitude, demonstrando possibilidade de sucesso na seleção de acessos resistentes à bacteriose. Para o experimento inoculado com bacteriose a herdabilidade foi de 52,51%. No experimento inoculado com antracnose e no controle para antracnose o valor não ultrapassou de 40%, possibilitando inferir que sob as condições climáticas da região de Dourados não haveria a necessidade de inoculação de acessos para selecionar materiais resistentes a antracnose e bacteriose. Segundo Massola Júnior e Bedendo (1997), a região Centro-Oeste apresenta condições favoráveis ao desenvolvimento de bacteriose, pelas características climáticas e pela pressão de inóculo. Para a antracnose o desenvolvimento da doença ocorre de maneira mais expressiva na região Nordeste e Sudeste.

A herdabilidade é uma indicação de sucesso na escolha de genótipos resistentes. Pelo fato do ganho de seleção (GS) ser expresso em função da herdabilidade com o desvio padrão da variância fenotípica, os valores para GS foram influenciados pelos valores de variância fenotípica. Assim, para maiores estimativas de herdabilidade não foram obtidos os maiores valores para o GS. Em contrapartida os valores de ganho

esperado em porcentagem da média foram maiores para os valores com maior média geral de AACPD para o caractere avaliado, sendo o experimento controle sem inoculação de antracnose a maior média apresentada.

5. CONCLUSÕES

Há maior chance de sucesso na seleção nos acessos resistentes de mandioca no experimento controle e para a bacteriose, os maiores valores de herdabilidade foram encontrados nestes respectivos experimentos.

A partir do estudo de divergência genética verificou-se a formação de cinco grupos, sendo o grupo 3 composto pelos acessos BGM1134 e BGM1770 o de menor média para AACPD, representando maior resistência as doenças antracnose e bacteriose.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, J.A.A.; SEDIYAMA, T.; SILVA, A.A; CARNEIRO, J.E.S.; CECON, P.R.; ALVES, J.M.A. Interferência de plantas daninhas sobre a produtividade da mandioca (*Manihot Esculenta*). **Planta Daninha**, Viçosa-MG, v. 26, n. 2, p. 279-289, 2008.

CAMPBELL, C. D.; MADDEN, L. V. **Introduction to plant disease epidemiology**. New York: J. Willey, 1990. p. 532.

CARVALHO, R.; GUERRA, M. Cytogenetics of *Manihotesculenta* Crantz (cassava) and eight related species. **Hereditas**, Lund, Sweden. v. 136, p. 159-168, 2002.

CIAT, **International Center for Tropical Agriculture**. Disponível em: <https://ciat.cgiar.org/what-we-do/breeding-better-crops/rooting-for-cassava/>. Acesso em: 13 out. 2018.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

CRUZ, J. L.; PELACANI, C. R. Fisiologia da mandioca. In: CURSO ESTADUAL SOBRE A CULTURADA MANDIOCA EM MATO GROSSO DO SUL. Campo Grande. EMPAER-MS, 1998. p. 1-42.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **O clima da região de Dourados, MS**. 2.ed. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste, p.32, 2008.

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Brasília: Embrapa-SPI; Rio de Janeiro: Embrapa Solos, p. 306, 2006.

FAO. **Food Outlook: Biannual report on global food markets**. FAO, Rome, Italy. 2017.

FEDERER, W.T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record, Aica**, v.55, p.191-208, 1956.

FIALHO, J. de F.; VIEIRA, E. A. **Mandioca no cerrado: orientações técnicas**. 2. ed. rev. e ampl. Brasília: Embrapa Cerrados, 2013. 203 p.

FOKUNANG, C. N.; DIXON, A. G. O.; IKOTUN, I.; AKEM, C. N.; TEMBE, E. A. Rapid screening method of cassava cultivars for resistance to *Colletotrichum gloeosporioides* sp. *manihotis*. **Journal of Plant Pathology**, v.150, p. 6-12, 2002.

FUKUDA, C.: Principais doenças de mandioca. In: OTSUBO, A. A.; MERCANTE, F. M.; MARTINS, C. S. (Ed). **Aspectos do cultivo da mandioca em Mato Grosso do Sul**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; UNIDERP, 2002 p. 191-204.

FUKUDA, W.M.G. Melhoramento genético de mandioca para adaptação em diferentes ecossistemas. Cruz das Almas, Embrapa/Cnpmf, 1986.

HOSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80f. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2001.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola(2018)**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/home/lspa/brasil>>. Acesso em: 03 de agosto de 2018.

JOHANNIS, O.; CONTIERO, R. L. Efeitos de diferentes períodos de controle e convivência de plantas daninhas com a cultura da mandioca. **Ciência Agrônômica**, Fortaleza-CE, v.37, n.3, p.326-331, 2006.

KÉPMOUA, K.; BOHER, B; NICOLE, M.; CALATAYUD, P.; GEIGER, J. P. Cytochemistry of defense responses in cassava infected by *Xanthomonas campestris* pv. *manihoti*. **Canadian Journal of Microbiology**. v.42, p. 1131-1143, 1996.

KOOP, M. M.; SOUZA, V. Q. de; COIMBRA, J. L. M.; LUZ, V. K. da; MARINI, N.; OLIVEIRA, A. C. de. Melhoraria da correlação cofenética pela exclusão de unidades experimentais na construção de dendrogramas. **Revista da FZVA**. Uruguaiiana, v.14, n.2, p. 46-53, 2007.

LARA, A. C. da C.; BICUDO, S. J.; BRACHTVOGEL, E. L.; ABREU, M. L.; CURCELLI, F. Melhoramento genético da cultura da mandioca (*Manihote succulenta* Crantz). **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 4, p. 54-64, 2008.

LORENZI, J. O.; OTSUBO, A. A.; MONTEIRO, D. A.; VALLE, T. L. Aspectos fitotécnicos da cultura da mandioca em Mato Grosso do Sul. In: OTSUBO, A. A.; MERCANTE, F. M.; MARTINS, C. de S. **Aspectos do Cultivo da Mandioca em Mato Grosso do Sul**. Dourados: Agropecuária Oeste; Campo Grande: UNIDERP, 2002.

LOZANO, J. C. Cassava bacterial blight: A manageable disease. **PlantDisease**. Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia. v. 70, n. 12, p. 1089-1093, 1986.

LOZANO, J.C.; SEQUEIRA, L. Bacterial Blight of Cassava in Colombia Epidemiology an Control. **Phytopathology**.v.64, p. 83-88, 1974.

MASSOLA JR., N. S.; BEDENDO, I. P. Doenças da mandioca. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; FILHO, A. B.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. (Ed.). **Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. 3 ed. São Paulo: Agrônômica Ceres, 1997. v.2. p. 467-476.

MELO, R. de C. C. **Otimização da detecção de *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihots* por PCR e estudo da movimentação sistêmica**. 2014. 62 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas-BA.

MEZETTE, T. F.; CARVALHO, C. R. L.; MORGANO, M. A.; SILVA, M. da S.; PARRA, E. S.B.; GALERA, J. M. S. V.; VALLE, T.L. Seleção de clones-elite de mandioca de mesa visando a características agrônômicas, tecnológicas e químicas. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.3, p.601-609, 2009.

MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p.457-468, 1988.

MIURA, L.; FROSI, J. F.; MONDARDO, E.; TERNES, M. Seleção de germoplasma de mandioca resistente a *Xanthomonas campestris* pv. *manihotis* em Santa Catarina. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 8, p. 1209-1214, 1990.

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

NERY-SILVA, F. A.; FERNANDES, J. J.; JULIATTI, F. C.; MELO, B. Reação de germoplasma de mandioca a *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihots*. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 1, p. 3-10, 2007.

OBILO, O. P.; IKOTUN, B.; IHEJIRIKA, G. O.; IBEAWUCHI, I. I.; OBEN, T. T. The effect of the incidence of cassava anthracnose disease (CAD) and yield of cassava cultivars. **Crop Protection**, v.29, p.482 – 486, 2010.

OLIVEIRA, A. C. B. de; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados. **Acta Scientiarum**, v.22, n.4, p.895-900, 2000.

OLIVEIRA, S. A. S.; SILVA, M. A.; RANGEL, M. A. S.; SANTOS, V. S.; RINGENBERG, R.; OLIVEIRA, E. J. **Metodologia para avaliação da resistência da mandioca à bacteriose, antracnose e superalongamento**. Embrapa Fruticultura e Mandioca: EMBRAPA, 2016. 23p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 78).

OTSUBO, A. A.; BRITO, O. R.; MERCANTE, F. M.; OTSUBO, V. H. N.; GONÇALVES, M. A.; TELLES, T. S. Desempenho de cultivares elites de mandioca industrial em área de cerrado do Mato Grosso do Sul. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, suplemento 1, p. 1155-1162, 2009.

OTSUBO, A. A.; LORENZI, J. A. **Cultivo da Mandioca na Região Centro-Sul do Brasil**. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste; Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais. Piracicaba: FEALQ, p. 309, 2002.

PORTZ, R. L. **Caracterização de isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihots* por análise de isoenzimas e agressividade**. 2003. 60 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon – PR.

R Core Team (2018). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Áustria. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>.

SAGRILO, E.; FILHO, P. S. V.; OTSUBO, A. A.; SILVA, A. S.; ROHDEN, V. S. Performance de cultivares de mandioca e incidência de mosca branca no Vale do Ivinhema, Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, Viçosa-MG, v.57, n. 1, p. 87-94, 2010.

SANTANA, F. A. **Estudos Genéticos do Germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para qualidade da raiz**. 2014. 78 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas-BA.

SEAB-PR. **Prognóstico da mandioca 2017/18**. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/2018/Mandioca_2017_18.pdf>. Acesso em 03 de agosto de 2018.

SEDANO, J. C. S.; MORENO, R. E. M.; MATHEW, B.; LÉON, J.; CANO, F. A. G.; BALLVORA, A.; CARRASCAL, C. E. L. Major novel QTL for resistance to cassava bacterial blight identified through a multi-environmental analysis. **Frontiers Plant Science**. v. 8, article 1169, 2017.