

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS**

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA PRODUTIVOS E  
COM RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E BACTERIOSE**

**JOSÉ LEONARDO DA SILVA**

**DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL**

**2021**

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA PRODUTIVOS E  
COM RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E BACTERIOSE**

JOSÉ LEONARDO DA SILVA

Discente de Agronomia

Orientadora: PROF<sup>a</sup>. DR<sup>a</sup>. LIVIA MARIA CHAMMA DAVIDE DE CARVALHO

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à  
Universidade Federal da Grande Dourados,  
como parte dos requisitos para obtenção do  
título de Engenheiro Agrônomo.

DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

S586s Silva, José Leonardo Da  
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA PRODUTIVOS E COM RESISTÊNCIA À  
ANTRACNOSE E BACTERIOSE [recurso eletrônico] / José Leonardo Da Silva. -- 2021.  
Arquivo em formato pdf.

Orientadora: Livia Maria Chamma Davide de Carvalho.  
TCC (Graduação em Agronomia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2021.  
Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:  
<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. Análise multivariada. 2. Manihot esculenta Crantz. 3. BLUP. I. Carvalho, Livia Maria Chamma Davide De. II. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA PRODUTIVOS E  
COM RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE E BACTERIOSE**

Por

José Leonardo da Silva

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

APROVADO em: 25 de novembro de 2021.



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



Profa. Dra. Francine Hiromi Ishikawa  
Membro da banca – UNIVASF



Prof. Dr. Jerônimo Constantino Borel  
Membro da banca – UNIVASF



---

Profa. Dra. Erina Vitória Rodrigues  
Membro da banca – UnB

## AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus, por ter me concedido saúde, força e discernimento, me tornando capaz de enfrentar todos os desafios ao longo dessa jornada;

À Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), pela oportunidade da realização do curso de Agronomia e todo suporte oferecido;

À Professora Dra. Livia Maria Chamma Davide de Carvalho, pela orientação, incentivo, paciência e, principalmente, por ter acreditado no meu potencial durante esses cinco anos;

À banca examinadora, Profa. Dra. Francine Hiromi Ishikawa, Profa. Dra. Erina Vitório Rodrigues e Prof. Dr. Jerônimo Constantino Borel, pelo tempo e disposição em colaborar com este trabalho;

Ao Dr. Eder Jorge de Oliveira e a EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, pela oportunidade de participar do projeto NextGen: melhoramento de mandioca de próxima geração;

Ao Dr. Eder Jorge de Oliveira e Prof. Dr. Elias Silva de Medeiros, pelos auxílios nas análises estatísticas;

Ao Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV), pela amizade, parceria e colaboração na condução de experimentos durante esses cinco anos que estive presente no grupo. Em especial ao Leandro, Rogério, Ronaldo, Gabriela, Luana, Bruna, Clodomiro, Jéssica, Moacir, Viviane e todos os ex-membros que colaboraram nesse trabalho, meus sinceros agradecimentos.

## **DEDICO**

Em especial aos meus pais Valdemor Joaquim da Silva e Ilda Maria Aparecida da Silva, por todo apoio, incentivo e confiança depositada em mim.

## RESUMO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é amplamente empregada no consumo humano e animal e, para esses fins, possui grande importância como fonte de carboidratos. No passado, conhecida como “alimento dos pobres”, tornou-se uma cultura polivalente que responde às demandas dos países em desenvolvimento, às tendências da economia global e ao desafio da mudança climática. A seleção de genótipos de mandioca com bom desempenho agrônomico e resistência a doenças de parte aérea é o meio utilizado para aumentar a sanidade e o rendimento da cultura, devido ao fato que não há defensivos registrados para o controle dessas doenças. Portanto, o objetivo deste trabalho foi identificar genótipos de mandioca com elevado desempenho agrônomico e resistentes as principais doenças de parte aérea da cultura (antracnose e bacteriose), utilizando métodos de modelos lineares mistos aliado a análise de componentes principais. Os experimentos foram realizados na Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrária – FAECA da Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD (2017 e 2018) e na Embrapa Agropecuária Oeste (2016). A partir dos dados foi possível obter os BLUPs, sendo estes submetidos, posteriormente, a análise de componentes principais (PCA). Com os *loadings* foi possível determinar a contribuição de cada variável sobre os componentes principais 1 e 2, e observando o *biplot* foi possível definir uma região composta por genótipos com baixa severidade de doença e maiores produtividades de peso total de raízes e parte aérea. Os materiais selecionados foram BGM-0400, BGM-1638, 2012.107.004 e 2011.34.45.

**Palavras-chave:** análise multivariada, *Manihot esculenta* Crantz, BLUP.

## Sumário

|   |                        |
|---|------------------------|
| 1 INTRODUÇÃO.....   | 1                      |
| 2 MATERIAL E MÉTODOS.....   | 3                      |
| <b>2.1 Local e preparo da área experimental.....</b>                            | <b>3</b>               |
| <b>2.2 - Germoplasma e delineamento experimental .....</b>                      | <b>3</b>               |
| <b>2.3 Inoculação e Avaliação da Severidade de Antracnose e Bacteriose.....</b> | <b><del>4</del> 43</b> |
| 2.3.1 Antracnose.....   | 4                      |
| 2.3.2 Bacteriose.....   | 4                      |
| <b>2.4 Avaliações Agronômicas .....</b>   | <b>5</b>               |
| <b>2.5 Análise estatística .....</b>  | <b><del>6</del> 65</b> |
| 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....  | <b><del>7</del> 76</b> |
| 4 CONCLUSÕES .....  | 10                     |
| 5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....  | 11                     |



## 1 INTRODUÇÃO

O gênero *Manihot* pertence à família Euphorbiaceae e possui cerca de 200 espécies, com a *Manihot esculenta* Crantz sendo a mais importante devido ao seu maior valor econômico. Tal espécie apresenta porte arbustivo, possuindo alta variabilidade genética e ampla adaptabilidade às condições climáticas (SOUZA et al., 2006). Devido a essas características, a mandioca é uma das mais promissoras fontes de energia vegetal, utilizada tanto na alimentação humana quanto animal, sendo fonte de carboidratos, proteínas e vitamina C (FAO, 2018).

Estimativas feitas pela Conab (2021) sobre o panorama nacional mostram que a produção brasileira de raiz de mandioca para o ano de 2021 é de 18,80 milhões de toneladas. As exportações de raiz de mandioca no mês de setembro apresentaram um saldo positivo de \$19.133,00, sendo os Estados Unidos o maior comprador, seguido pelo Uruguai, Portugal e Hong Kong (CONAB, 2021). As exportações de fécula de mandioca, um produto com maior valor agregado, apresentaram um saldo positivo de \$ 1.698.144,00, sendo o Estados Unidos o maior comprador, responsável por 42,05% do montante total, seguido pelo Paraguai, África do Sul e Reino Unido (CONAB, 2021).

A cultura da mandioca é tolerante a solos de baixa fertilidade, sendo considerada uma cultura de segurança alimentar, visto sua eficiência produtiva associada a baixas exigências em seu cultivo e sua alta disponibilidade energética (EMBRAPA, 2011). No entanto, apesar de sua rusticidade, a mandioca está sujeita a estresses de origem biótica e abiótica, em especial à ocorrência de doenças de parte aérea (OLIVEIRA et al., 2020).

As principais doenças de parte aérea são Antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *Manihotis*) e Bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *Manihot*). Os sintomas de antracnose podem ocorrer em várias partes da planta, desde pecíolos e caules até as folhas, apresentando manchas aquosas que, se tornam pardas e, posteriormente, evoluem para desfolha (FIALHO e VIEIRA, 2013). Os sintomas característicos de bacteriose são, inicialmente, manchas foliares encharcadas e poligonais que evoluem para manchas irregulares, podendo cobrir grandes extensões da folha, além de exsudação de goma, necrose do sistema vascular e morte descendente dos ramos (MASSOLA e BEBENDO, 2005; PERUCH et al., 2013).

As condições favoráveis para a ocorrência da antracnose são relacionadas à alta umidade relativa do ar e uma faixa de temperatura de 18°C a 28°C. Com a chuva, além

de proporcionar um aumento na umidade do ambiente, também favorece a liberação dos esporos, sendo o principal meio de disseminação dos esporos do fungo dentro do cultivo (FIALHO e VIEIRA, 2013). Já para a bacteriose, clima quente e úmido são as condições climáticas que favorecem o desenvolvimento da doença e do inóculo inicial, correspondente a pressão de inóculos na região (MASSOLA e BEBENDO, 1997).

Ambas doenças afetam a produção, principalmente, reduzindo o sistema foliar da planta. No caso da bacteriose, cultivares suscetíveis infectadas com o patógeno podem apresentar perdas que variam de 50% a 100%, ao contrário de cultivares resistentes, onde as perdas não ultrapassam 7% da produção de raízes (MASSOLA e BEBENDO, 1997).

Devido a importância dos danos causados por ambos patógenos, programas de melhoramento têm buscado desenvolver novas cultivares de mandioca visando a resistência ou tolerância a antracnose e bacteriose, sendo este o recurso mais recomendado, pois a disponibilidade de fungicidas para o controle é inexistente, até o momento. Para isso, melhoristas dispõem de métodos estatísticos que auxiliam, de forma eficiente, a seleção de genótipos de mandioca resistentes a antracnose e bacteriose, como é o caso da modelagem mista.

A experimentação no campo está sujeita ao desbalanceamento dos dados, seja por perdas de parcela, ensaios conduzidos com diferentes números de repetições e, até mesmo, diferentes delineamentos experimentais. Considerando essas variáveis, a abordagem com modelos mistos é uma opção considerável, pois lidam de forma satisfatória com o desbalanceamento dos dados. Um dos procedimentos mais difundidos dessa abordagem é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada) (RESENDE et al., 2018).

Aliada aos modelos lineares mistos, a análise multivariada, especificamente a análise de componentes principais (PCA), pode auxiliar os programas de melhoramento na obtenção de genótipos superiores. O método de componentes principais foi descrito originalmente por Karl Pearson, em 1901 e, posteriormente, consolidado por Hotelling em 1933 e 1936, tendo como objetivo de reduzir a dimensionalidade/variáveis dos dados, eliminar variáveis que pouco contribuem com a variação de uma população avaliada e facilitar o agrupamento de indivíduos similares, por meio da visualização gráfica no espaço bidimensional ou tridimensional (HAIR et al., 2005).

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de mandioca resistentes as principais doenças de parte aérea da cultura (antracnose e bacteriose), utilizando uma abordagem de modelos lineares mistos e análise de componentes principais.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Local e preparo da área experimental**

Os experimentos foram realizados no município de Dourados, MS, na Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrária – FAECA da Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD, com latitude e longitude de 22°13'59'' S e 54°59'25'' W, respectivamente, sendo a altitude de 409 m e na Embrapa Agropecuária Oeste, com latitude e longitude de 22°16' S e 54°49' W, e altitude de 452 m. O clima é classificado como Cwa (clima mesotérmico úmido), com verões quentes e invernos secos (FIETZ e FISCH, 2008). O solo da área é classificado como Latossolo Vermelho distroférrico de textura argilosa (SANTOS et al., 2018).

O preparo das áreas foi realizado de maneira convencional, com arado de discos (0,30 m de profundidade), seguido de duas gradagens destorroadora-niveladora (0,15 m de profundidade), seguido de uma subsolagem com equipamento de cinco hastes (0,50 m de profundidade).

### **2.2 - Germoplasma e delineamento experimental**

O plantio dos experimentos foi realizado nos anos de 2016, 2017 e 2018. No primeiro ano foi conduzido o experimento na Embrapa Agropecuária Oeste e os demais anos na FAECA/UFGD (Fazenda Experimental de Ciências Agrárias - Universidade Federal da Grande Dourados). Foram avaliados acessos de mandioca provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizado em Cruz das Almas, BA.

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados (DBA), sendo 304 acessos (tratamentos não comuns) e 17 tratamentos comuns, distribuídos em cinco blocos com cinco plantas por parcela. Os tratamentos comuns eram representados

pelas variedades, BRS Formosa, BRS Kiriris, Cigana, Dourada, IAC-90, IAC-576, IAC-12, IAC-90, IAC-14, Mulatinha, Baianinha, Fécula Branca, Eucalipto, Poti Branca, Caipira, Gema de Ovo, Tapioqueira e Verdinha. O espaçamento entre linhas foi de 0,90 m e entre plantas de 0,80 m. Os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações para a cultura (OTSUBO e LORENZI, 2004).

## **2.3 Inoculação e Avaliação da Severidade de Antracnose e Bacteriose**

### **2.3.1 Antracnose**

Para realizar a inoculação do *C. gloeosporioides*, foram utilizados isolados oriundos da Embrapa Mandioca e Fruticultura e da UFGD. Para a replicação do inóculo e o preparo da suspensão concentrada foi utilizado o Laboratório de Microbiologia Agrícola e Fitopatologia da Universidade Federal da Grande Dourados. O meio de cultura utilizado para o cultivo de *C. gloeosporioides* foi o DBA (Dextrose, batata e ágar).

Para a inoculação do patógeno no experimento foi utilizado um pulverizador costal, com a parte aérea sendo o alvo. As plantas serão expostas a uma suspensão concentrada de esporos de *C. gloeosporioides* contendo  $10^6$  conídios  $\text{mL}^{-1}$ . A inoculação foi realizada no período vespertino, no horário onde a temperatura e umidade proporcionassem condições ideais para o estabelecimento do patógeno.

A severidade de antracnose nas plantas foi avaliada por meio da análise visual das cinco plantas de cada parcela, utilizando-se uma escala de notas de 1 a 5, onde, 1: ausência da doença; 2: cancos pequenos ou antigos na metade inferior da planta; 3: cancos profundos na metade superior da planta; 4: cancos profundos com presença de esporulação, distorção e/ou murcha nas folhas novas, secamento do ápice; 5: desfolha severa, morte apical ou total da planta (OLIVEIRA et al., 2016).

### **2.3.2 Bacteriose**

Assim como para antracnose, os isolados de *Xanthomonas axonopodis* pv. *Manihot* foram disponibilizados pela Embrapa Mandioca e Fruticultura e isolados da UFGD. O preparo da suspensão bacteriana foi feito no Laboratório de Microbiologia Agrícola e Fitopatologia da Universidade Federal da Grande Dourados. Foram

preparadas placas de Petri contendo o inóculo, e para a inoculação, foram utilizados palitos de madeira (esterilizados). Os palitos foram introduzidos na região de inserção do pecíolo com a folha mais velha, cuidadosamente para que não atravessem a haste da planta (NERY-SILVA et al., 2007). A infecção da bactéria no hospedeiro, normalmente, ocorre por aberturas naturais (estômatos) ou feridos, epidérmicas, sendo este último a justificativa para se utilizar o método com palitos de madeira. Assim como na inoculação de antracnose, também foi realizada uma pulverização da suspensão bacteriana sobre a parte aérea das plantas, visando aumentar as chances de infecção.

A avaliação da severidade da bacteriose foi realizada por meios visuais, onde 5 plantas da parcela serão analisadas com base em 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 inoculações dos dois patógenos (*C. gloeosporioides* e *Xanthomonas axonopodis* pv. *Manihot*) ocorreram apenas nos experimentos localizados na FAECA/UFGD (2017 e 2018), sendo realizado 3 meses após o plantio, sendo realizadas avaliações mensais de cinco plantas por parcela.

#### **2.4 Avaliações Agronômicas**

Além das avaliações de severidade de bacteriose e antracnose, também foram obtidos dados de produtividade total de raízes (PTR), expressa em ton/ha, produtividade de parte aérea (PPA), expressa em ton/ha, altura de planta (AP), expressa em metros e teor de matéria seca (MS), sendo estas realizadas no momento da colheita, 12 meses após o plantio.

A produtividade total de raízes foi determinada por meio da pesagem da massa das raízes em cada unidade experimental. A produtividade da parte aérea foi obtida pela pesagem total das hastes em cada unidade experimental. A altura de planta foi mensurada do solo ao topo superior das cinco plantas da parcela plantas, utilizando uma régua graduada em metros. O teor de matéria seca foi determinado pelo método da balança hidrostática, onde foram amostradas raízes de cada genótipo, com no máximo 5

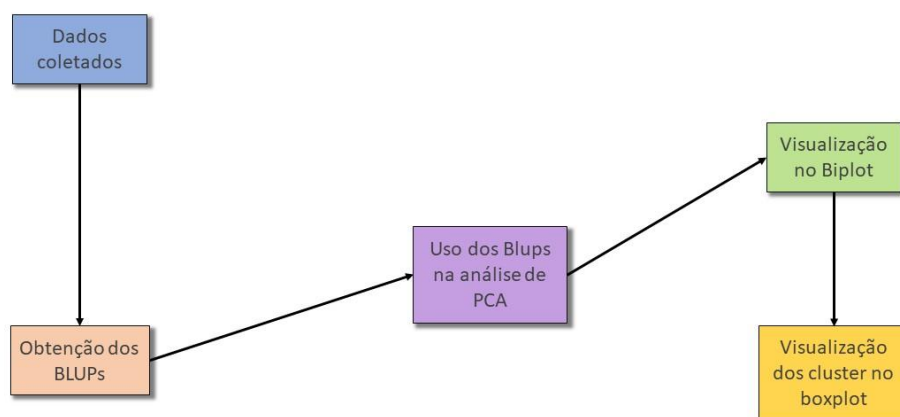
kg, sendo descartadas amostras com menos de 500 g. Posteriormente, as amostras foram mergulhadas em um recipiente com água para obter o peso das raízes em água. Para estimar os valores, foi utilizada a equação de Grossman e Freitas (1950), expressa por:

$$MS = 15,75 + 0,0564 \times P$$

em que, P é o peso de 5 kg de raízes mergulhadas em água.

## 2.5 Análise estatística

Com o objetivo de facilitar a compreensão, a Figura 1 ilustra as etapas das análises realizadas neste trabalho.



**Figura 1.** Fluxograma do processo de análise dos dados dos três ambientes (Embrapa Agropecuária Oeste – 2016; FAECA/UFGD 2017 e 2018).

As análises dos dados foram realizadas utilizando o pacote “lme4” do *software* R na versão 4.1.1 (R Core Team, 2021). O modelo linear misto utilizado para analisar as características é descrito pela equação:

$$Y_{ijk} = \mu + e_k + g_i + (b/e)_{jk} + E_{ijk}$$

Em que,  $\mu$  é o efeito fixo da média geral da característica (PTR, PPA, AP, MS, Antracnose e Bacteriose);  $e_k$  é o efeito aleatório do local  $k$ ;  $g_i$  é o efeito aleatório do

genótipo  $i$ ;  $(b / e)_{jk}$  é o efeito aleatório do bloco  $j$  nos locais  $k$ ;  $E_{ijk}$  é o efeito residual aleatório do genótipo  $i$  no bloco  $j$  no ambiente  $k$ .

A metodologia de modelos lineares mistos foi utilizada com o objetivo de estimar os melhores preditores lineares não viesados (BLUP), para cada genótipo que, posteriormente, foi submetido a análise de componentes principais.

Nas análises de componentes principais foi obtido os componentes principais a partir dos BLUPs, e utilizado o algoritmo *K-means* com o método *Within Sum of Squares* (WSS) para definir o número de grupos de genótipos. Posteriormente, foi criado um biplot com o primeiro componente principal no eixo “x”, e o segundo componente principal no eixo “y”, sendo possível discriminar os grupos e verificar a contribuição de cada variável nos dois componentes principais. Um *boxplot* foi criado para verificar a distribuição dos grupos de genótipos para cada variável.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de componentes principais, os dois primeiros componentes corresponderam a 59,16% de toda a variabilidade dos dados. Na Tabela 1 é possível verificar os *loadings* de cada variável para cada componente e a variação explicada por cada componente (VE%).

**Tabela 1.** Valores de *loadings*/contribuição de cada variável para cada componente principal e variação acumulada explicada por cada componente principal.

| Variáveis  | 1 PC  | 2 PC  | 3 PC  | 4 PC  | 5 PC  | 6 PC  |
|------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Antracnose | 0,34  | -0,60 | 0,12  | -0,15 | -0,62 | 0,33  |
| Bacteriose | 0,19  | -0,69 | -0,22 | -0,05 | 0,59  | -0,29 |
| AP         | -0,40 | -0,08 | -0,82 | -0,08 | -0,36 | -0,15 |
| PPA        | -0,57 | -0,26 | 0,04  | 0,28  | 0,25  | 0,68  |
| PTR        | -0,50 | -0,29 | 0,46  | 0,26  | -0,27 | -0,56 |
| MS         | -0,35 | -0,02 | 0,21  | -0,91 | 0,10  | 0,02  |
| VE%        | 34,82 | 24,34 | 14,54 | 14,18 | 7,63  | 4,49  |

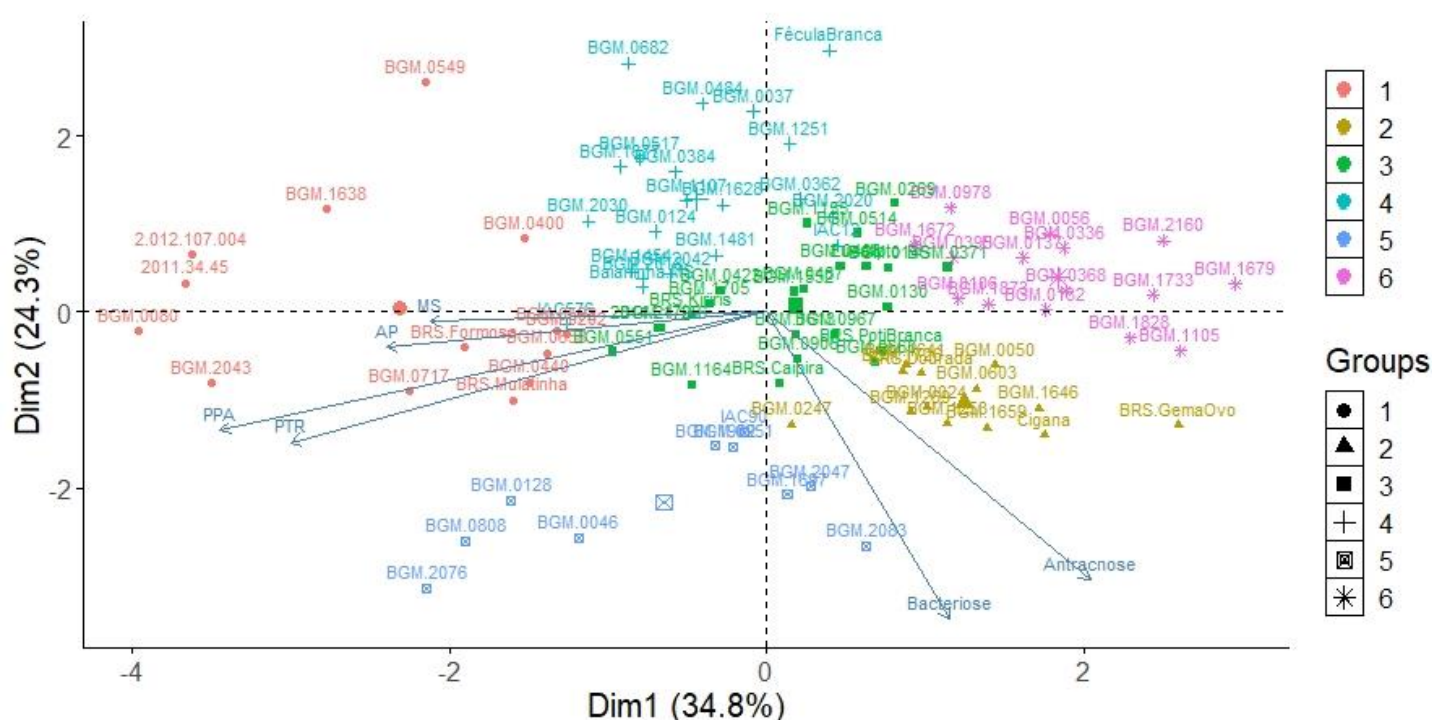
CP: componente principal; Altura de Planta (AP); Produtividade de Parte Aérea (PPA); Produtividade Total de Raízes (PTR); Teor de Matéria Seca (MS); VE%: variação explicada por cada componente principal (%).

O primeiro componente principal apresenta moderada contribuição positiva para antracnose (0,34) e forte contribuição negativa para PPA e PTR (valores na Tabela 2).

Para o segundo componente principal, bacteriose e antracnose apresentaram forte

contribuição negativa, -0,69 e -0,60, respectivamente. Maiores valores para uma variável significam que a mesma foi a que mais contribuiu para a variabilidade dos dados na população, ou seja, estas variáveis apresentam maior importância na distinção dos genótipos.

A Figura 2 apresenta o *biplot*, sendo o eixo x correspondendo ao primeiro componente principal, e o eixo y o segundo componente principal, Dim1 (34,8% da variação dos dados) e Dim2 (24,3% da variação dos dados), respectivamente.



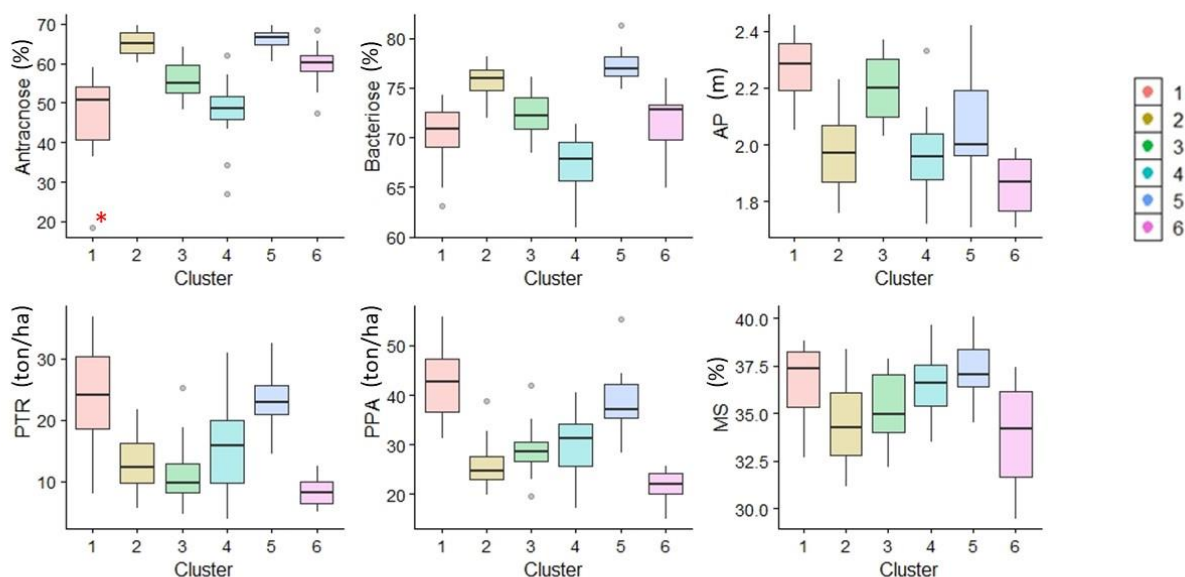
**Figura 2.** Biplot com primeiro componente principal no eixo x e segundo componente principal no eixo y. Legenda à direita identificando os 6 grupos definidos pelo algoritmo *K-means* com o método *Within Sum of Squares* (WSS). Vetores em azul baseados nos valores de *loadings*.

A partir do gráfico da Figura 2 é possível observar as informações contidas na Tabela 2. Antracnose e Bacteriose apresentaram maior contribuição negativa sobre o segundo componente principal. Verifica-se o oposto para as variáveis PPA e PTR, que apresentaram maior contribuição negativa para o primeiro componente principal. As variáveis AP e MS contribuíram de forma moderada no primeiro componente principal, -0,39543 e -0,35073, respectivamente.



Com o auxílio do algoritmo *K-means* e do método *Within Sum of Squares* (WSS), foi possível discriminar os genótipos de mandioca em 6 grupos. Como já mencionado, antracnose e bacteriose apresentaram forte contribuição negativa para o segundo componente principal, indicando que essas variáveis são proporcionalmente inversas a este componente principal. Dessa forma, é possível afirmar que genótipos do grupo 5 apresentaram maiores valores de severidade de ambas as doenças, sendo o oposto é verdadeiro, genótipos do grupo 4 (valores positivos no eixo y), apresentaram uma menor severidade das doenças.

As variáveis PPA e PTR são proporcionalmente inversas ao primeiro componente principal, dessa forma, genótipos localizados na região esquerda do gráfico apresentaram maiores valores para essas variáveis mencionadas, assim como para as variáveis AP e MS. Em geral, genótipos do grupo 1 apresentaram melhores valores para as variáveis mencionadas. Na Figura 3, é possível observar a variação de cada grupo nas características avaliadas.



**Figura 3.** *Boxplot* da distribuição dos grupos de genótipos para as características Antracnose, Bacteriose, Altura de Planta (AP), Produtividade total de raízes (PTR), Produtividade de Parte Aérea (PPA) e Teor de matéria seca (MS). “\*”: *outliers* correspondente ao genótipo BGM:0549.

Analisando os *boxplots*, é possível identificar a presença de alguns *outliers*, como por exemplo, no grupo 1 para variável Antracnose. O genótipo em questão é o BGM-0549, com 18,54% de severidade da doença. Esse material apresentou valores de PPA e MS acima da média geral, 34,08 ton/ha e 38,34%, respectivamente. Assim como o BGM-0549, outros integrantes do grupo 1 são candidatos para prosseguir para as próximas fases do programa de melhoramento, pois estão em uma região do gráfico da Figura 2 considerada “ideal”, baixa severidade de doença e alta produtividade de raízes. Além do BGM-0549, também estão nessa região o BGM-0400, BGM-1638, 2012.107.004 e 2011.34.45.

#### 4 CONCLUSÕES

- O método de modelos mistos (REML/BLUP) permitiu compilar dados de três safras de genótipos de mandioca, aumentando o número de informações dos materiais.
- Tal método, aliado a análise de componentes principais, tornou possível selecionar quatro genótipos de mandioca, a partir de uma região “ideal” no *biplot*, definida visualmente com base nos vetores das características avaliadas.
- Os genótipos selecionados são BGM-0549, BGM-0400, BGM-1638, 2012.107.004 e 2011.34.45.

## 5 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 de mandioca (*Manihot esculenta*). **Planta Daninha**, Viçosa – MG, v. 26, n. 2, p. 279-289, 2008.

ALVES, A.A.C. **Fisiologia da mandioca**. In: CURSO NACIONAL DE MANDIOCA, 7. Cruz das Almas, 1990. Embrapa-CNPq, 1990. p.25.

CERQUEIRA, Y. M. Efeito da deficiência de água na anatomia foliar de cultivares de mandioca *Manihot esculenta* Crantz. I densidade estomática. **Sitientibus**, n. 10, p. 103-115, 1992.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Análise Mensal de Mandioca**. Setembro 2021. Disponível em <<https://www.conab.gov.br>>. Acesso em 22 novembro. 2021.

EL-SHARKAWY, M. A. Stress-tolerant cassava: the role of integrative ecophysiology-breeding research in crop improvement. **Open Journal of Soil Science**. p 162-186. Publicado online: <<http://dx.doi.org/10.4236/ojss.2012.22022>>. Acesso em 09 setembro, 2019.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistemas de produção de mandioca**. 2011. Disponível em <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/#mandioca>>. Acesso em: 07 setembro. 2019.

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, T.; AKEM, C.N.; TEMBE, E.A. Rapid screening method of cassava cultivars for resistance to *Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *Manihotis*. **Journal of Phytopathology**, v. 150, n. 1, 2002.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF UNITED NATIONS - FAO. **Biannual Report on Global Food Markets**. Rome, p. 104. 2018

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

FUKUDA, W.M.G.; IGLESIAS, C. Melhoramento de Mandioca. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2.ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005. p.453-490.

GROSSMAN, J; FREITAS, A. C. Determinação do Teor de Matéria Seca pelo Peso Específico em Mandioca. **Revista Agrônômica**, v. 14, n. 160/162, p. 75-80, 1950.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola - Estatística da Produção Agrícola**. p. 72-74. 2019. Disponível em: <<http://www.ibge.org.br>>. Acesso em 14 jun. 2019.

HAIR, J. F.; BLACK, W.C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM R. L. **Análise multivariada de dados**. 5 ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593 p.

HEDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, n. 2, p. 423-447, 1975.

ISHIDA, A.; CARDOSO, S.; ALMEIDA, C.; NORONJA, A. D. S.; CUNHA, E. Incidência da bacteriose da mandioca (*Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*) no Estado do Pará. **Embrapa Amazônia Oriental – Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento (INFOTECA-E)**, 2016.

LARA, A. C. C.; BICUDO, S. J.; BRACHTVOGEL, E. L., ABREU, M. L.; CURCELLI, F. MELHORAMENTO GENÉTICO DA CULTURA DA MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz). **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 4, n. 1, p. 54-64, 2008.

LOZANO, J. C. Cassava Bacterial Blight: A manageable disease. **Plant disease**, Cali/Colombia, v. 70, n.12, p. 1089-1093, 1986.

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, v.2. p. 467-476, 1997.

MASSOLA, N.S.; BEDENDO, I.P. Doenças da mandioca. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M. **Manual de fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**. São Paulo: Agrônômica Ceres, p. 449 – 450, 2005.

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.

OKOGBENIN, E.; SETTER, T. L.; FERGUSON, M. O.; MUTEKI, R.; CEBALLOS, H.; OLASA N. B.; FREGENE, M. Phenotypic approaches to drought in **cassava: review**. **Frontiers in Physiology**, v.4, p.1-15,2013.

OLIVEIRA, S. A. S.; DIAMANTINO, M. S. A. S.; DINIZ, R. P.; OLIVEIRA, E. J., **Escala de notas inespecíficas para seleção de plantas de mandioca resistentes a doenças foliares**. Embrapa Mandioca e Fruticultura: EMBRAPA, 2020. 16p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 112).

OLIVEIRA, N. T. DE; ALVES, J. M. A.; UCHÔA, S. C. P.; RODRIGUES, G. S.; MELVILLE, C. C.; ALBUQUERQUE, J. de A. A. de. Caracterização e identificação de clones de mandioca produzidos em Roraima para consumo in natura. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 5, p. 188-193, 2011.

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

PERUCH, L.A.M.; COLARICCIO, A.; NEUBERT, E.O.; MORETO, A.L.; PEREIRA, E.F. Sintomas e controle das principais doenças da mandioca em Santa Catarina. **Revista Agropecuária Catarinense**, v.26, n.2, p.52 -54, 2013.

R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, 2021.

SANTOS, H. G. dos. JACOMINE, P. K.T.; ANJOS, L. H. C. dos; OLIVEIRA, V. A. de; LUMBREIRAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A. de; ARAUJO FILHO, J. C. de; OLIVEIRA, J. B. de; CUNHA, T. J. F. Sistema Brasileiro de Classificação de Solos. 2018.

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

SILVA, H. S. A.; ANDRADE, E. S. Impacto potencial das mudanças climáticas sobre as doenças da mandioca no Brasil. In: GHINI, R.; HAMADA, E.; BETTIOL, W. (Eds). **Impactos das mudanças climáticas sobre as doenças de importantes culturas no Brasil**. Embrapa Meio Ambiente, 2011. 356 p.

SILVA, K. V. P.; ALVES, A. A. C.; MARTINS, M. I. G.; MELO, C. A. F.; CARVALHO, R. Variabilidade genética entre acessos do gênero *Manihot* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, 2011.

SOBREIRA, F. M. **Melhor predição linear não viesada (BLUP) – Multicaracterística na seleção de recorrente de plantas anuais**. Dissertação (Dissertação em Genética e Melhoramento). Viçosa, p. 37, 2009.

SOUZA, A. S.; DUARTE, F. V.; SANTOS-SEREJO, J. A.; JUNGHANS, T. G.; PAZ, O. P.; MONTARROYOS, A. V. V.; SANTOS, V. S.; MORAIS, L. S. Preservação de germoplasma vegetal, com ênfase na conservação in vitro de variedade de mandioca. **EMBRAPA: Cruz das Almas**. 24p. (Circular Técnica 90), 2009.

VIANA, J. M. S.; FARIA, V. R.; SOBREIRA, FM.; RESENDE, M. D. V. Multi-trait BLUP in half-sib selection of annual crops. **Plant Breed**, v.129, p. 599-604, 2010.

VAN VLECK, L. D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. New York, p. 391, 1987.