

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS

**Parâmetros genéticos e índice de seleção MGIDI na identificação de
genótipos superiores de mandioca**

LEANDRO ESCOBAR DALAROSA

**DOURADOS
MATO GROSSO DO SUL
2021**

**Parâmetros genéticos e índice de seleção MGIDI na identificação de
genótipos superiores de mandioca**

Leandro Escobar Dalarosa
Engenheiro Agrônomo

Orientador: PROF. DR. MANOEL CARLOS GONCALVES
Coorientadora: PROF. DRA. LIVIA MARIA CHAMMA DAVIDE

Dissertação apresentada à Universidade Federal da
Grande Dourados, como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em Agronomia –
Produção Vegetal, para obtenção do título de Mestre

Dourados
Mato Grosso do Sul
2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

D136p Dalarosa, Leandro Escobar

Parâmetros genéticos e índice de seleção MGIDI na identificação de genótipos superiores de mandioca [recurso eletrônico] / Leandro Escobar Dalarosa. -- 2021.

Arquivo em formato pdf.

Orientador: Manoel Carlos Gonçalves .

Coorientadora: Livia Maria Chamma Davide.

Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2021.

Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:

<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. Manihot esculenta Crantz. 2. seleção de genótipos. 3. análise de deviance. I. Gonçalves, Manoel Carlos. II. Davide, Livia Maria Chamma. III. Título.

**Parâmetros genéticos e índice de seleção MGIDI na identificação de
genótipos superiores de mandioca**

Por

Leandro Escobar Dalarosa

Dissertação apresentada como parte dos requisitos exigidos para obtenção do
Título de MESTRE EM AGRONOMIA

Aprovado em: 04/06/2021



Prof. Dra. Livia Maria Chamma Davide
Coorientadora – UFGD/FCA



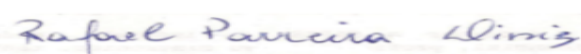
Prof. Dra. Liliam Silvia Candido
Membro titular UFGD/FCBA



Prof. Dra. Amanda Gonçalves Guimarães
Membro titular UFGD/FCA



Prof. Dra. Lilian Maria Arruda Bacchi
Membro titular UFGD/FCA



Dr. Rafael Parreira Diniz
Membro externo

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Deus, por todas as bênçãos concedidas, por ter me dado saúde, força e coragem para enfrentar todos os problemas e dificuldades que foram encontradas, possibilitando assim chegar até os dias de hoje;

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

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudo;

Ao Professor Dr. Manoel Carlos Goncalves, pela orientação, por toda sabedoria e conhecimento a mim transmitido;

À coorientadora Professora Dra. Livia Maria Chamma Davide, por toda paciência que teve comigo durante esse período, todo suporte prestado na realização deste trabalho e principalmente por acreditar em mim;

À Carolina de Arruda Queiróz Taira, secretária do programa de Pós Graduação da UFGD, pelo desempenho, auxílio e colaboração em todos os processos em que me ajudou neste período;

À banca examinadora Profa. Dra. Liliam Silvia Candido, Profa. Dra. Lilian Maria Arruda Bacchi, Profa. Amanda Gonçalves Guimarães, e Dr. Rafael Parreira Diniz pelo tempo e disposição em colaborar com este trabalho;

À Dr. Rafael Parreira Diniz, além da participação na banca, pelos conhecimentos, ensinamentos e amizade durante todo período de experimento em que esteve colaborando deste plantio a colheita;

Ao Dr. Eder Jorge de Oliveira e a EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, pela oportunidade de desenvolver este grande projeto junto a Universidade.

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

Em especial ao grupo de Genética, Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV), pela amizade, parceria e colaboração na condução de experimentos durante estes quatro anos e todo período em que estive presente junto ao grupo. José Leonardo, Gabriela, Bruna, Clodomiro, Guilherme, Jéssica, Luana, Euriann, Rogério, Ronaldo, Viviane, Luana Garcia e todos os ex membros que colaboraram para tudo isso, meus sinceros agradecimentos.

DEDICO

Em especial aos meus pais Evandro Dalarosa e Ramona Escobar Dalarosa, por todo apoio, incentivo e confiança em mim depositada. E a todos familiares e amigos que estiveram sempre ao meu lado, e que acima de tudo acreditaram em mim.

SUMÁRIO

RESUMO	VIII
ABSTRACT	IX
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. A cultura da mandioca.....	3
2.2. Antracnose na mandioca	4
2.3. Bacteriose na mandioca.....	5
2.4. Superalongamento na mandioca.....	7
2.5. Metodologia de modelos lineares mistos	8
2.6. Índices de seleção e índice de seleção MGIDI.....	9
3. MATERIAL E MÉTODOS	11
3.1. Local e ambiente de cultivo	11
3.2. Material genético e delineamento experimental.....	11
3.3. Inoculação e Avaliação da Severidade de Antracnose, Bacteriose e Superalongamento 13	
3.3.1. Antracnose	13
3.3.2. Bacteriose e superalongamento	14
3.4. Características avaliadas	15
3.5. Análises genético-estatísticas de dados	16
3.5.1. Componentes de variância:.....	16
3.5.2. Índice de seleção MGIDI.....	17
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
5. CONCLUSÕES	29
6. BIBLIOGRAFIA	30

PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO MGIDI NA IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MANDIOCA

RESUMO

DALAROSA, Leandro Escobar. **Parâmetros genéticos e índice de seleção MGIDI na identificação de genótipos superiores de mandioca**. 2021. 28 f. Orientador: Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

O índice de seleção MGIDI (índice de distância genótipo/ideótipo multicaracterísticas) visa obter a distância do genótipo ao ideótipo, auxiliando a seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento. Este trabalho foi realizado com o objetivo de obter estimativas de parâmetros genéticos por meio da metodologia de modelagem mista (REML/BLUP) e identificar genótipos superiores de mandioca por meio do índice de seleção MGIDI, que possibilite a seleção de genótipos superiores para as características relacionadas a doenças e características agronômicas. A pesquisa foi realizada na Fazenda Experimental da Universidade Federal da Grande Dourados – UFGD. O experimento foi conduzido por quatro anos consecutivos (2016/2017; 2017/2018; 2018/2019 e 2019/2020), com os genótipos provenientes do banco ativo de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura. As características avaliadas foram sintomas causados pelas doenças Antracnose (CAD), Bacteriose (CBB) e Superalongamento (SED) e caracteres agronômicos Porte, Produtividade total de raiz (PTR), Altura de planta (AP), Produtividade de parte aérea (PPA), Massa seca (MS) e Sobrevivência (Sobrev.). Pela análise de *deviance*, o teste de razão de verossimilhança (LRT) constatou efeitos significativos ($p < 0,05$), para os genótipos em relação as todas as características avaliadas. O coeficiente de herdabilidade variou de 7,15 a 74%, sendo que quatro características (AP, MS, PTR e PPA) apresentaram valores superiores a 50%. Para as mesmas características os valores da variância genética foram superiores em relação a variância ambiental, indicando que a expressão fenotípica se deve necessariamente ao caráter genético. O índice MGIDI, possibilitou a seleção de 49 genótipos que foram próximos ao ideótipo. As nove características avaliadas foram divididas em quatro fatores, em que cada fator apresentou seus pontos fortes (com maior contribuição, ou seja, mais distante do ideótipo estão as variáveis deste fator) e fracos (com menor contribuição, ou seja, mais próximo do ideótipo estão as variáveis desse fator). As variáveis relacionadas as doenças antracnose e bacteriose foram as de maior contribuição para o distanciamento dos genótipos ao ideótipo.

Palavras chaves: *Manihot esculenta* Crantz, seleção de genótipos, análise de *deviance*.

GENETIC PARAMETERS AND MGIDI SELECTION INDEX IN THE IDENTIFICATION OF SUPERIOR CASSAVA GENOTYPES

ABSTRACT

DALAROSA, Leandro Escobar. **Genetic parameters and MGIDI selection index in the identification of superior cassava genotypes**. 2021. 28 f. Orientador: Prof. Dr. Manoel Carlos Gonçalves.

The MGIDI selection index (multi-trait genotype/ideotype distance index) aims to obtain the distance from genotype to ideotype, helping to select superior genotypes in breeding programs. This work was carried out with the objective of obtaining estimates of genetic parameters through the mixed modeling methodology (REML/BLUP) and to identify superior cassava genotypes through the MGIDI selection index, which allows the selection of superior genotypes for the related traits. Diseases and agronomic characteristics. The research was carried out at the Experimental Farm of the Federal University of Grande Dourados – UFGD. The experiment was conducted for four consecutive years (2016/2017; 2017/2018; 2018/2019 and 2019/2020), with genotypes from the active germplasm bank of Embrapa Cassava e Fruticultura. The evaluated characteristics were symptoms caused by the diseases Anthracnose (CAD), Bacteriosis (CBB) and Superelongation (SED) and agronomic characters Size, Total root yield (PTR), Plant height (AP), Shoot yield (PPA), Dry mass (DM) and Survival (Survival). By deviance analysis, the likelihood ratio test (LRT) found significant effects ($p < 0.05$) for the genotypes in relation to all evaluated characteristics. The heritability coefficient ranged from 7.15 to 74%, with four traits (AP, MS, PTR and PPA) showing values above 50%. For the same traits, the values of genetic variance were higher in relation to environmental variance, indicating that the phenotypic expression is necessarily due to the genetic character. The MGIDI index enabled the selection of 49 genotypes that were close to the ideotype. The nine characteristics evaluated were divided into four factors, in which each factor presented its strengths (with greater contribution, that is, the variables of this factor are farther from the ideotype) and weak (with less contribution, that is, closer to the ideotype are the variables of this factor). The variables related to anthracnose and bacteriosis diseases were the ones that most contributed to the distance between genotypes and ideotypes.

Key words: *Manihot esculenta* Crantz, genotype selection, deviance analysis.

1. INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem como centro de origem o Brasil, e se constitui em uma das principais fontes energéticas da dieta nos trópicos juntamente com o milho e o arroz (CIAT, 2021). 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, as raízes (CRUZ e PELACANI, 1998). Dentre os fatores limitantes para a produção de mandioca no país, estão as doenças, sendo a antracnose, a bacteriose e o superalongamento exemplos de doenças que causam danos econômicos as lavouras de mandioca no Brasil.

O melhoramento genético da cultura da mandioca tem por objetivo desenvolver cultivares que atendem as necessidades do mercado, tais como: resistência a doenças, tolerância a seca, melhor qualidade e rendimento de amido, além de outras características que são de interesse comercial. Conhecer o valor genético de cada genótipo é um desafio no melhoramento genético, desta forma os parâmetros genéticos e componentes de variância necessitam ser estimados de forma acurada para que ocorra uma correta seleção genotípica (SANTOS et al., 2021). Atualmente, uma das técnicas empregadas para esse fim é metodologia de modelos mistos (REML/BLUP).

O método REML (*Restricted Maximum Likelihood*) estima os componentes de variância, a partir dos quais são estimados os parâmetros genéticos para a predição dos valores genéticos. O BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) é a predição de valores genotípicos por meio do melhor preditor linear não viesado (RODRIGUES et al., 2013).

Outra metodologia que auxilia os melhoristas na etapa de seleção dos genótipos superiores, são de índices de seleção, sendo úteis na seleção simultânea de características (OLIVEIRA et al., 2014; CANDIDO et al., 2020). O índice de seleção MGIDI (multi-trait genotype-ideotype distance index), desenvolvido por Olivoto e Nardino (2020), tem por objetivo estimar a distância do genótipo ao ideótipo por meio da técnica multivariada de análise fatorial agregando as múltiplas características em estudo. O ideótipo é considerado como um conjunto de múltiplas características das plantas, que se reunidas em um único novo genótipo resultaria em alto desempenho produtivo.

A vantagem do uso do índice de seleção MGIDI é observada quando existe a possibilidade de se trabalhar a multicolinearidade na análise fatorial. As variáveis aleatórias são

agrupadas de acordo com suas correlações. Dentro de um fator, as variáveis aleatórias são fortemente correlacionadas entre si (multicolinearidade) e a correlação entre fatores é baixa. A ideia do MGIDI condensar informações contidas em diversas variáveis em conjunto de fatores com pouca perda de informações.

Os objetivos deste trabalho foram identificar as características relacionadas as doenças e características agronômicas que melhor permitem a seleção de genótipos pela estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos utilizando a modelagem mista (REML/BLUP). E, por meio do índice de seleção MGIDI, selecionar os genótipos mais próximos ao ideótipo que apresentem melhor desempenho, menos suscetíveis as doenças.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura da 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 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 clone que ocorrem naturalmente (FUKUDA, 1986).

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, 2019), a produção mundial de mandioca em 2019 foi de aproximadamente 308,5 milhões de toneladas, sendo que a África lidera o ranking com 192,1 milhões de toneladas, correspondente a 62,3% do total produzido, seguido pela Ásia com 85,1 milhões de toneladas representando 27,6 %, América Latina 26,1 milhões de toneladas sendo 8,5% e por fim a Oceania com 255 mil toneladas sendo 0,08% da produção mundial.

O Brasil é o quinto produtor mundial (FAO, 2019), com produção anual em 2019 de 17,5 milhões de toneladas, o que equivale a 72,6% do total produzido na América do Sul. A produção brasileira de mandioca está concentrada na região Norte com 35,6%, seguido pelo Sul 23,8%, no Nordeste 19%, no Sudeste 13% e Centro Oeste com 7% (COELHO e XIMENES, 2020).

Na safra do ano de 2020, a produção brasileira ocorreu em uma área cultivada de 1,26 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, 2020).

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, as doenças como antracnose, bacteriose, superalongamento e podridões radiculares acarretam perdas significativas na produtividade, sendo que, afetam diretamente o desenvolvimento vegetativo das plantas, dificultando a translocação de fotoassimilados para armazenagem em suas raízes. A podridão radicular também se destaca, uma vez que a doença acarreta perda de qualidade das raízes (LEAL et al., 2021).

2.2. 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 cancos 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).

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 uma redução na atividade fotossintética (OBILO et al., 2010) impactando na produtividade de raízes. Dessa forma, o uso de cultivares 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 genótipos suscetíveis são infectados na fase jovem pela forma severa pode ocorrer a morte da parte aérea inteira, causando perdas na produção (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

2.3. Bacteriose na mandioca

A bacteriose na mandioca, causada pela bactéria *Xanthomonas phaseolis* 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 a cultivares utilizadas no cultivo suscetível a doença, condições climáticas com clima quente e úmido que favorece o desenvolvimento da doença e o inóculo inicial que corresponde a pressão de inóculos na região. Em variedades suscetíveis ocorrem perdas que variam entre 50% e 100%, comparando à cultivares resistentes, em que as perdas não ultrapassam 7% da produção. As perdas podem ser maiores quando patógenos adentram através de tecidos infectados pela bactéria, este processo está associado quando a bacteriose ocorre em culturas que apresentem antracnose, sendo que

os ferimentos causados pela antracnose, servem como porta de entrada para que a bactéria infecte a planta (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 cancos 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 phaseolis* 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. 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 e SEQUEIRA, 1974).

Embora algumas medidas possam ser utilizadas para proteger a cultura em campos de mandioca, como o plantio de genótipo 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).

2.4. Superalongamento na mandioca

O superalongamento da mandioca, causado pelo fungo *Sphaceloma manihoticola*, teve sua primeira observação no Brasil no ano de 1950, infestando a espécie silvestre de *Manihot glaziovii*, porém, não apresentou problema à cultura na época, pois a mesma não constituía o sistema de produção da mandioca (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

A ocorrência da doença em lavouras brasileiras foi observada pela primeira vez no ano de 1977, no estado do Pará e Amazonas. Foram tomadas medidas eficientes e rápidas para controlar a doença, principalmente a erradicação de lavouras afetadas, reduzindo os prejuízos econômicos na região (FUKUDA, 1986).

O alongamento exagerado das hastes tenras ou em desenvolvimento são os principais sintomas causados pelo *S. manihoticola*, resultado da superprodução de giberelina, especificamente a giberelina A4, produzida pelo fungo. Quando mais severa, é possível observar lesões típicas de verrugoses nas hastes, pecíolos e nervuras nas plantas afetadas, o rápido alongamento resulta em plantas fracas pois o caule se torna incapaz de suportar um crescimento saudável e maduro, sendo frequentemente seguido por morte e desfolha apical (MASSOLA JR. e BEDENDO, 1997).

A disseminação da doença dentro da lavoura é intensificada durante épocas de chuva, onde os esporos do fungo são transportados de forma hidrófila e anemófila, em áreas livres da doença, o seu estabelecimento pode ocorrer a partir da introdução de material

contaminado utilizado na implantação da lavoura. Sendo assim, o meio mais eficaz de prevenir a infestação e a propagação da doença é a utilização de material propagativo livre do fungo (OBILO et al., 2010).

2.5. Metodologia de modelos lineares mistos

Os modelos lineares mistos são uma extensão dos modelos lineares simples que permitem definir a natureza dos efeitos em fixos ou aleatórios. Os tradicionais modelos lineares fixos são muito restritivos para realizar análises satisfatórias com dados oriundos de programas de melhoramento, devido ao pressuposto de independência e desbalanceamento dos dados (RESENDE et al., 2018).

A experimentação de campo está associada ao desbalanceamento de dados por vários motivos, como perdas de plantas e parcelas, experimentos conduzidos com diferentes números de repetições e diferentes delineamentos experimentais. Em função disto, um dos procedimentos ótimos de avaliação genotípica refere-se ao REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada) (RESENDE et al., 2018). Esses procedimentos lidam naturalmente com o desbalanceamento, proporcionando a estimação e predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos nestas condições.

A análise baseada em modelos mistos é utilizada em pesquisas envolvendo fatores com alguns níveis que geralmente pode ser controlado pelo pesquisador (fixo), bem como fatores com níveis que estão além do controle do pesquisador (aleatório).

Segundo Henderson (1974), a equação geral de um modelo linear misto é:

$$Y = X\hat{\alpha} + Zu + e$$

Em que:

Y : é o vetor de dados;

$\hat{\alpha}$: é o vetor de efeitos fixos;

u : é o vetor de efeitos aleatórios;

X e Z : são matrizes de incidência para os efeitos $\hat{\alpha}$ e u ;

e : vetor de erros.

Em comparação com o método de quadrados mínimos, o uso de modelos mistos por meio dos métodos de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP) apresentam superioridade na estimativa de parâmetros genéticos, livre de quaisquer efeitos ambientais, tornando-se ferramentas úteis na identificação de genótipos superiores (RESENDE et al., 2018).

2.6. Índices de seleção e índice de seleção MGIDI

Os índices de seleção são técnicas multivariadas que permitem a associação de informações de vários caracteres de interesse agrônomo, em relação às propriedades genéticas da população. Alguns índices de seleção são propostos na literatura, entre eles o índice clássico, índice de base de seleção, o índice de soma das classificações. Esses índices de seleção criam valores numéricos, que funcionam como um caráter adicional à análise, resultante da combinação de determinados caracteres escolhidos pelo melhorista, sobre os quais deseja exercer a seleção simultânea (GRANATE et al., 2002).

O índice clássico descrito por Smith (1936) e Hazel (1943), caracteriza-se pela necessidade de estimar as matrizes de variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas e de estabelecer pesos econômicos relativos aos vários caracteres, onde se tem por objetivo maximizar a correlação entre o índice e o valor genotípico dos indivíduos. Por outro lado o índice base proposto por Williams (1962), propõe ponderar os valores fenotípicos pelos seus respectivos pesos econômicos, evitando desta forma a interferência das imprecisões de matrizes de variância e covariância.

O índice de soma desenvolvido por Mulumba e Mock (1978), não se utiliza da necessidade de estabelecer pesos econômicos e da estimativa de variâncias e covariâncias genotípicas e fenotípicas. Esta metodologia é baseada na soma de “ranks” para classificar os genótipos em relação a cada caráter. A partir desta classificação, são somados os valores de cada característica para os genótipos, resultando em um valor geral conhecido por índice de seleção (CUNHA, 2010).

O índice de seleção mais recente é o MGIDI (índice da distância genótipo/ideótipo multicaracterísticas) desenvolvido por Olivoto e Nardino (2020), o qual tem por objetivo obter a distância do genótipo/ideótipo através de técnicas multivariadas agregando as múltiplas características em estudo. Este índice auxilia na seleção de genótipos superiores, a partir de

multicaracterísticas mensuradas, utilizando-se do método da análise fatorial descrita nas técnicas multivariadas, que permite o cálculo de matrizes de variâncias e covariâncias sem resultados enviesados causados pela multicolinearidade.

Para utilizar o índice MGIDI deve-se inicialmente padronizar as características estudadas, de modo que todas fiquem compreendidas em um intervalo de 0 a 100. Com a análise fatorial é possível encontrar estruturas de correlação e, a partir disso, reduzir a dimensionalidade dos dados. Após essas etapas, deve-se planejar um ideótipo com base nas características desejadas e, por fim, estimar a distância entre cada genótipo do ideótipo planejado, utilizando a equação proposta por Olivoto e Nardino (2020):

$$MGIDI_i = \sqrt{\sum_{j=1}^f (F_{ij} - F_j)^2}$$

Em que:

$MGIDI_i$: Índice MGIDI no i -ésimo genótipo;

F_{ij} : pontuação do i -ésimo genótipo no j -ésimo fator ($i = 1, 2, \dots, g; j = 1, 2, \dots, f$), sendo g e f o número de genótipos e fatores, respectivamente;

F_j : o j -ésimo pontuação do ideótipo.

O genótipo com menor MGIDI é o mais próximo do ideótipo e, conseqüentemente, apresentará os valores desejados para todas as características analisadas

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local e ambiente de cultivo

Os experimentos foram realizados nas safras 2016/2017, 2017/2018, 2018/2019 e 2019/2020 na Fazenda Experimental da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), localizado no município de Dourados, MS. A área experimental encontra-se em latitude de 22°48'53', longitude de 54°44'31'' e com 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). Os dados meteorológicos correspondentes as quatro safras do cultivo de mandioca em cinco anos de condução dos experimentos foram provenientes da estação meteorológica da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, MS (Figura 1).

3.2. Material genético e delineamento experimental

Em quatro anos de experimentos foram avaliados o total de 328 genótipos de mandioca, sendo 29 cultivares e 299 genótipos. Todos os genótipos foram provenientes do banco ativo de germoplasma de mandioca (BGM) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA. Para os três primeiros anos de experimento o delineamento utilizado foi o de blocos aumentados (DBA) e o quarto ano do experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados (DBC).

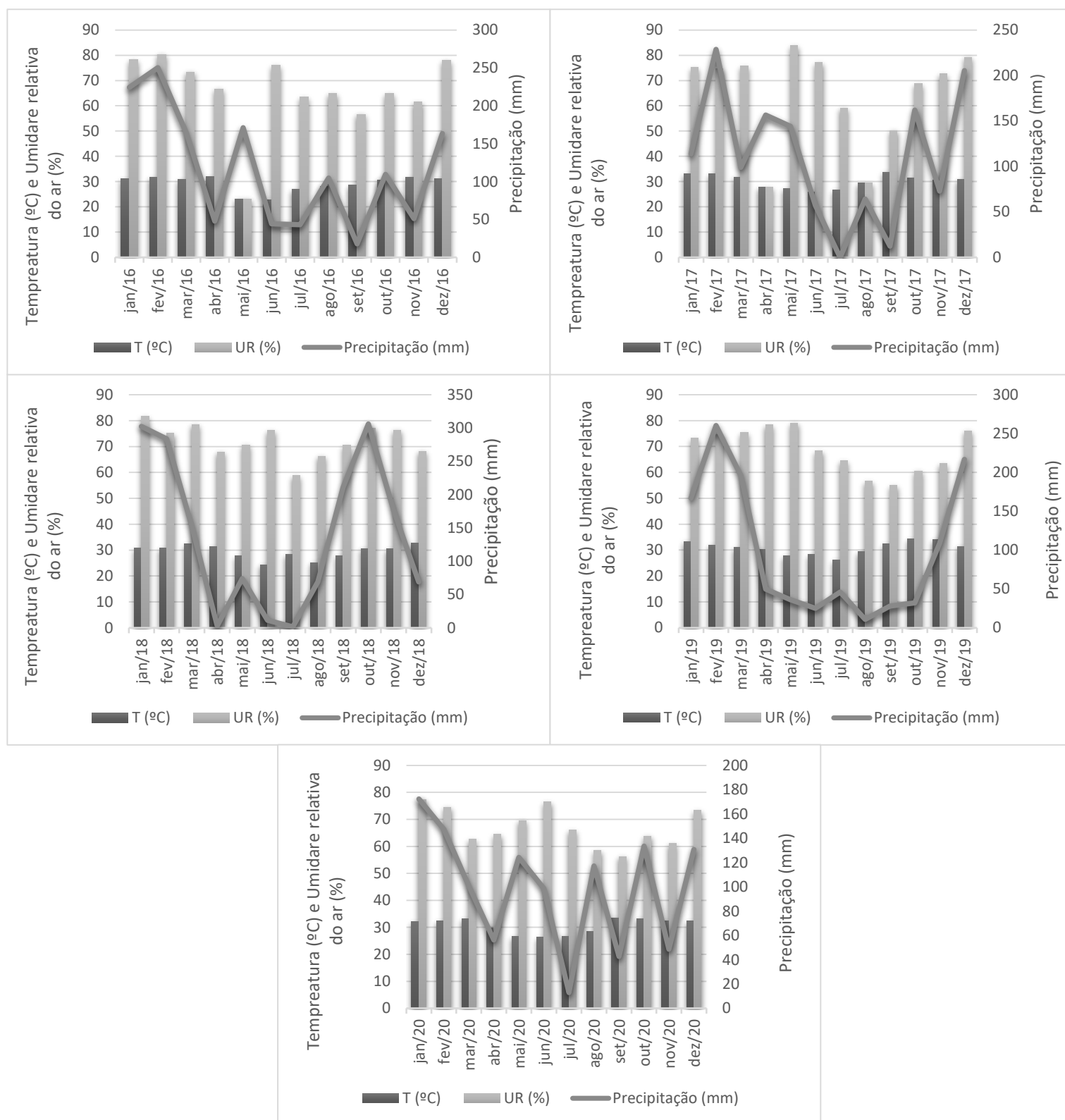


FIGURA 1. Dados meteorológicos de temperatura (T °C), umidade relativa do ar (%) e precipitação média anual (mm), coletados nos anos de 2016, 2017, 2018, 2019 e 2020 na estação meteorológica da Embrapa Agropecuária Oeste, Dourados, MS.

Nos experimentos conduzidos em DBA, em cada ano os genótipos foram avaliados em quatro experimentos independentes, constituídos por 216 plantas distribuídas em cinco blocos com cinco plantas por parcela. Cada bloco era composto por 13 genótipos comuns (testemunhas) e 30 genótipos não comuns. Foram utilizados espaçamentos entre linhas de 0,90 m e entre plantas de 0,80 m. O primeiro experimento foi inoculado com *Xanthomonas phaseoli* pv. *manihotis*; o segundo com *Colletotrichum gloeosporioides* f.sp. *manihotis*. Já o terceiro e quarto experimentos não houveram inoculações. O experimento em DBC, foi constituído por quatro blocos contendo 150 genótipos com cinco plantas por parcela, os espaçamentos entre plantas e entre linhas mantiveram-se os mesmos dos utilizados no DBA. Neste caso as duas doenças (antracnose e bacteriose) eram inoculadas de forma uniforme em todo o experimento.

Em cada ano de experimento, os genótipos com melhor desempenho foram selecionados para o plantio do próximo ano, junto a outros genótipos de interesse da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Os tratos culturais e fitossanitários foram os recomendados à cultura da mandioca industrial e *in natura* (OTSUBO e LORENZI, 2004).

3.3. Inoculação e Avaliação da Severidade de Antracnose, Bacteriose e Superalongamento

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 batata-desxtrrose-ágar (BDA).

A inoculação de antracnose ocorreu seis meses após o plantio. 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 e superalongamento

Os isolados de *Xanthomonas phaseolis* pv. *manihotis* foram obtidos em experimentos com mandioca localizados na Fazenda Experimental de Ciências Agrárias da UFGD em Dourados, MS e também foram utilizados isolados provenientes da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para isso, foram coletados tecidos vegetais de plantas de mandioca cultivadas no local. 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 MB1, com auxílio de uma alça de platina. 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. phaseolis* foi realizada seis 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 cinco plantas de cada parcela dos experimentos inoculados com antracnose e bacteriose e dos experimentos contendo superalongamento e controle foram avaliadas a cada sete dias, a partir da data de inoculação. As avaliações ocorreram da mesma forma para o experimento conduzido em DBC. No experimento controle foram dadas notas para severidade de antracnose, bacteriose e superalongamento, enquanto que no experimento inoculado com antracnose, bacteriose apenas se avaliou a severidade das doenças correspondentes.

Para a doença superalongamento a avaliação de severidade foi realizada da mesma forma para as doenças anteriores, através da inspeção das cinco plantas por parcela sendo a seguinte escala de nota, 1: sem sintomas; 2: algumas manchas ou cancos nas folhas ou pecíolos; 3: cancos nos pecíolos e caules e deformação grave das folhas; 4: alongamento, cancos nas folhas, pecíolos e caules e deformação severa nas folhas com escaldadura; e 5: morte descendente após severo alongamento (OLIVEIRA et al., 2016).

3.4. Características avaliadas

Além das avaliações de doenças citadas no item anterior, foram avaliados a produtividade total de raiz (PTR) expressa em ton/ha⁻¹, obtida pela pesagem das raízes de todas as plantas da parcela experimental. A altura de planta (AP), medida do solo ao topo superior das plantas, com auxílio de régua expressa em metros. A produtividade de parte aérea (PPA), expressa em ton/ha⁻¹, obtida pela pesagem da parte aérea, sendo para isso realizado um corte a 0,10 m da superfície do solo de todas as plantas da parcela experimental. A massa seca (MS), obtida por meio do método da balança hidrostática. Deste modo, foram obtidas amostras de raízes de mandioca, de cada genótipo, com no máximo 5 kg. Amostras de parcelas com menos de 500 g eram descartadas. Posteriormente, essas amostras foram mergulhadas em recipiente com água para a obtenção do peso das raízes. Com a equação de Grossman e Freitas (1950) foi possível estimar os teores de matéria seca. Segue a equação:

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

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

A sobrevivência (Sobrev) foi estimada pela porcentagem de hastes que não apresentavam doença, selecionando-se apenas três plantas por parcela para avaliação. Para porte das plantas a avaliação foi realizada por meio de escala de notas diagramática, sendo nota 1 - excelente: plantas sem ramificações, ou com ramificações verdadeiras acima de 1,80m; nota 2 - médio: plantas que apresentam ramificação em altura baixa na planta, e tendem a crescer mais eretas; nota 3 - ruim: primeira ramificação formada abaixo de 1 m, de modo que a planta cresça de forma arbustiva, interferindo no desenvolvimento de plantas ao lado.

3.5. Análises genético-estatísticas de dados

A partir dos dados obtidos nas avaliações de severidade para CAD, CBB e SED, obtidas em quatro safras, foi estimado o índice de doença (ID) determinado pela fórmula de Mackiney's (1923):

$$ID = 100 \cdot \sum \frac{f \cdot v}{n \cdot x}$$

Sendo ID o índice de doença; f é o número de plantas com mesma nota; v é a nota observada; n número total de plantas avaliadas e x a nota máxima da escala.

3.5.1. Componentes de variância:

As características foram analisadas com base no modelo linear misto, conforme a equação:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$$

Em que, y é o vetor de observações da variável resposta (Porte, AP, PTR, PPA, MS, Ant, CBB, SupElong e Sobrev); b é o vetor de efeito fixos, sendo considerado a média geral e o fator ano com quatro níveis (2017, 2018, 2019 e 2020); u é o vetor de efeitos aleatórios, sendo incorporados os fatores genótipo e a parcela (Ano: Repetição). X é uma matriz de incidência, de dimensão $n \times p$, cuja a estrutura relacionada as respostas

observadas aos fatores de efeitos fixos do modelo (fator ano com quatro níveis); Z é uma matriz de projeto $n \times m$ relacionada a variável resposta (y) e ao vetor de efeitos aleatórios (u); e é um vetor de dimensão $n \times 1$ de erros aleatórios. Vetores aleatórios u e e são assumidos como normalmente e independente distribuídos com média zero e matrizes de variância-covariância G e R respectivamente, de modo que:

$$\begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} \sim N \left(\begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

Em que $G = \hat{\sigma}_\alpha^2 I_g$ e $R = \hat{\sigma}_e^2 I_n$, sendo $\hat{\sigma}_\alpha^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ as variâncias para genótipos e erros aleatórios, respectivamente; I_g e I_n , são as matrizes de identidade de ordem g e n respectivamente. Os componentes de variância (G e R) foram estimados usando a máxima verossimilhança restrita (REML). A significância dos efeitos do genótipo foi testada por um teste de razão de verossimilhança (LRT), que para o modelo compara as probabilidades logarítmicas de -2 (Res) para dois modelos, um com o termo aleatório (modelo completo) e o outro sem o modelo aleatório (modelo reduzido).

Os componentes de variância gerados a partir da análise foram utilizados para estimar a herdabilidade no sentido amplo (h^2), com base na média estimada segundo a equação abaixo:

$$h_a^2(\%) = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100.$$

A análise por meio de modelo linear misto foi utilizada para gerar os melhores preditores lineares não viesados (BLUP), para cada genótipo, que posteriormente foi utilizado para calcular os índices multicaracterísticas.

3.5.2. Índice de seleção MGIDI

Para calcular o índice MGIDI, primeiramente foi necessário redimensionar a matriz X de modo que todos os valores se encontrem em uma faixa de 0 a 100 (OLIVOTO

e NARDINO, 2020). O valor escalonado para a j ésima característica do i ésimo genótipo ($r X_{ij}$) foi obtido conforme a equação abaixo:

$$rX_{ij} = \frac{\eta_{nj} - \varphi_{nj}}{\eta_{0j} - \varphi_{0j}} \times (\theta_{ij} - \eta_{0j}) + \eta_{nj}$$

Sendo que, η_{nj} e φ_{nj} são os novos valores de máximo e mínimo para a característica j após o reescalonamento, e θ_{ij} é o valor original para a j ésima característica do i ésimo genótipo.

Para avaliar a relação existente entre as características foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson, cuja a significância dos coeficientes foi testada pelo teste t com $n-2$ graus de liberdade. A correlação entre os caracteres é fundamental para a formação dos fatores pela análise fatorial na estimação do índice MGIDI conforme os passos seguintes.

O segundo passo foi obter os escores fatoriais de cada genótipo por meio da análise fatorial que tem por objetivo agrupar as características correlacionadas em fatores não correlacionados. A análise fatorial é dada pela seguinte equação:

$$X = \mu + Lf + \varepsilon$$

Em que, X é um vetor $p \times 1$ de observações; μ é um vetor $p \times 1$ de médias padronizadas; L é uma matriz $p \times f$ de cargas fatoriais; f é um vetor $p \times 1$ de fatores comuns e ε é um vetor $p \times 1$ de resíduos, sendo p o número de características e f o fatores comuns retidos. Os autovalores e autovetores foram obtidos da matriz de correlação $r X$. As cargas iniciais foram obtidas considerando apenas autovalores maiores que um. A rotação *varimax* é utilizada com objetivo de facilitar a interpretação dos fatores em termo das variáveis originais. Os escores dos genótipos foram obtidos conforme a equação:

$$F = Z (A^T R^{-1})^T$$

Sendo F uma matriz $g \times f$ com os escores fatoriais; Z é uma matriz $g \times p$ com as médias padronizadas; A é uma matriz $p \times f$ de cargas canônicas, e R é uma matriz $p \times p$ de correlação entre as características. g representa o número de genótipos, f fatores retidos e p características analisadas.

A terceira etapa para o cálculo MGIDI foi a determinação do ideótipo. O ideótipo seria o genótipo que possui o maior valor reescalado (100) para todas as características observadas. A quarta etapa é a estimativa do índice de distância genótipo-ideótipo (MGIDI) por meio da seguinte equação:

$$\text{MGIDI} = \left[\sum_{j=1}^f (\Upsilon_{ij} - \Upsilon_j) \right]^{0,5}$$

Em que, MGIDI é o índice de distância genótipo-ideótipo para o i genótipo; Υ_{ij} é o escore do i genótipo no f fator ($i = 1, 2, 3, \dots, g; j = 1, 2, 3, \dots, f$) sendo g o número de genótipos e f o número de fatores e Υ_j é o escore do ideótipo. O genótipo que apresenta o menor MGIDI fica mais próximo do ideótipo. O diferencial de seleção para todas as características foi calculado considerando a intensidade de seleção de 15%. A proporção do índice MGIDI do i étimo genótipo explicado pelo j étimo fator (ω_{ij}) foi calculado pela seguinte equação:

$$\omega_{ij} = \frac{\sqrt{D_{ij}^2}}{\sum_{j=1}^f \sqrt{D_{ij}^2}}$$

Sendo D_{ij} a distância entre o i étimo genótipo e o ideótipo para o j étimo fator.

As análises estatísticas foram realizadas no *software* R 4.0.2 (R Core Team, 2020). Para ajuste dos modelos mistos e obtenção dos componentes de variância foi utilizada o pacote lme4 (BATES et al., 2015). A análise de *deviance* foi conduzida com apoio do pacote lmerTest (KUZNETSOVA et al., 2017). Para o índice de seleção foram utilizado as funções do pacote metan (OLIVOTO e LÚCIO, 2020).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de *deviance*, o teste de razão de verossimilhança (LTR) indicou efeitos significativos de genótipos ($p < 0,05$) para todas as características (Tabela 1). O coeficiente de variação genético (CVg) foi superior ao coeficiente de variação ambiental (CVe) para as características AP, PTR, PPA e MS, indicando que a variância genotípica (σ^2_g) é o principal componente da variância fenotípica (σ^2_f). A variância genotípica representou 55,55; 62,92; 73,90 e 62,11% da variação fenotípica respectivamente para as características AP, PTR, PPA e MS, ou seja, para esses caracteres a expressão fenotípica se deve proporcionalmente a variância genética. Já para os caracteres Porte, CAD, CBB, SED e Sobrev, a variância ambiental (σ^2_e) foi superior a variância genética, sendo 71,11; 71,97; 75,97; 92,85 e 68,52% respectivamente, indicando que estes caracteres são fortemente influenciados pelas condições ambientais em suas expressões fenotípicas, ou seja, o sucesso na seleção de genótipos superiores para estas características será baixo ou nulo.

O índice de variação, expresso pela relação CVg/CVe também é um parâmetro para quantificação da variabilidade genética (RUFINO et al., 2010). Descrito por Venkovsky (1978) que o define como a predominância de efeitos genéticos representados para os caracteres avaliados. Valores iguais ou superiores a unidade significam que as características são favoráveis ao melhoramento genético nestas populações. Sendo assim os caracteres favoráveis a seleção para a população em estudo neste trabalho são AP, PTR, PPA e MS.

TABELA 1: Análise de *deviance*, componentes de variância e estimativa de parâmetros genéticos estimados em 299 genótipos e 29 cultivares de mandioca, para nove características, em quatro anos.

Variáveis	σ^2_g	σ^2_e	σ^2_f	$h^2(\%)$	CVg	CVe	CVg/CVe	Média estimada	LTR	Valor de <i>p</i>
Porte	0,26	0,64	0,9	28,89	0,18	0,29	0,62	2,71	194,15**	3,95e ⁻⁴⁴
AP	0,05	0,04	0,09	55,60	0,11	0,09	1,22	2,01	452,99**	1,61e ⁻¹⁰⁰
PTR	36,97	21,78	58,75	63,00	0,67	0,51	1,31	9,04	1420,16**	8,71e ⁻³¹¹
PPA	97,15	34,3	131,45	74,00	0,32	0,19	1,68	30,52	1182,53**	3,81e ⁻²⁵⁹
MS	5,82	3,55	9,37	62,12	0,06	0,05	1,20	35,29	702,25**	9,66e ⁻¹⁵⁵
CAD	83,21	213,74	296,95	28,02	0,19	0,31	0,61	46,24	327,89**	2,76e ⁻⁷³
CBB	46,13	145,85	191,98	24,03	0,14	0,25	0,56	47,36	234,23**	7,10e ⁻⁵³
SED	8,01	104,09	112,10	7,15	0,08	0,3	0,26	33,98	21,01**	4,57e ⁻⁰⁶
Sobrev	219,34	477,60	696,94	31,47	0,21	0,31	0,67	68,49	265,38**	1,15e ⁻⁵⁹

Porte; AP: altura de planta (m), PTR: produtividade total de raiz (ton/ha⁻¹), PPA: produtividade da parte aérea (ton/há⁻¹), MS: Massa seca (kg), CAD: antracnose, CBB: bacteriose, SED: superalongamento, Sobrev: sobreviventes, σ^2_g : Variância genotípica, σ^2_e : Variância ambiental, σ^2_f : Variância fenotípica, h^2 : estimativa de herdabilidade no sentido amplo, CVg: coeficiente de variação genética, CVe: coeficiente de variação ambiental, CVe/CVg: índice de variação e ** fator genótipo foi estatisticamente significativo pelo teste LTR

Os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h^2), com base na média estimada do genótipo, variaram de 7,15% (SED) a 74% (PPA). As maiores estimativas de herdabilidade foram observadas para os caracteres AP (55,60%), MS (62,12%) PTR (63%) e PPA (74%). Estes resultados indicam possibilidade de seleção de genótipos superiores para estas características. É notável que as estimativas de herdabilidade relacionadas as doenças foram inferiores a 31%, demonstrando que há forte influência ambiental na expressão destes caracteres, dificultando a seleção eficiente de genótipos. Indivíduos com o mesmo genótipo podem apresentar variações no fenótipo em função de influências ambientais, levando em consideração ainda que o desenvolvimento destas doenças estão relacionadas ao clima da região de plantio. Baixos valores de herdabilidade proporcionam menores perspectivas de ganho com a seleção (CRUZ et al., 2012).

Para programas de melhoramento é essencial o conhecimento das correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os caracteres em estudo possibilitando a seleção conjunta de diferentes características e rápido avanço em relação a seleção direta de um único caráter desejado (NARDINO et al., 2016).

As correlações fenotípicas entre as características agronômicas e doenças são apresentadas na figura 2A e 2B. A magnitude dos coeficientes de correlação variou de -0,2 a 0,76 para as correlações significativas. Produtividade de parte aérea, apresentou correlação positiva e associação significativa com as características altura de planta e produtividade total de raiz (0,64 e 0,47 respectivamente). Este resultado é considerado vantajoso, para os programas de melhoramento de mandioca, uma vez que a seleção de genótipos com alta produção de parte aérea pode levar a respostas favoráveis nas características altura de planta e produtividade de raiz.

A produtividade total de raiz é a característica de maior interesse para o trabalho, uma vez que, nestes valores são refletidas as perdas causadas pela severidade de doenças e o desenvolvimento vegetativo da planta que está associado a produção de parte aérea. Mudanças climáticas, como a irregularidade das chuvas no decorrer dos anos, e veranicos em meses seguintes ao plantio, proporcionam a redução na produtividade de raízes. Tais resultados são observados na figura 1, com os dados climatológicos onde precipitação, umidade relativa e temperatura, variaram entre os cinco anos de condução dos experimentos. Neste caso a seleção indireta de genótipos de mandioca com elevada produtividade de raízes, pode ser um indicativo de genótipos resistentes a doenças.

Também foi verificado a correlação alta e positiva (0,76) entre as doenças antracnose e bacteriose. A forte correlação pode ser explicada pelo fato da antracnose causar lesões nas hastes das plantas, onde surgem os primeiros sintomas. Essas lesões podem servir como forma de entrada para o patógeno causador da bacteriose. A temperatura média entre os cinco anos apresentados na figura 1 foi de 23 °C e precipitação de 1400 mm observadas ao longo da condução dos experimentos, as condições climáticas foram favoráveis ao desenvolvimento da antracnose e bacteriose. Segundo Massola Jr. e Bedendo (1997), a antracnose e a bacteriose se desenvolvem 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.

A característica Produtividade total de raiz apresentou correlação negativa e significativa (-0,2) em relação à doença antracnose (Figura 2A). A correlação também foi negativa e significativa para a variável altura de planta comparada as doenças antracnose e

bacteriose (-0,2 e -0,24 respectivamente), tendo em vista que as doenças acarretam o mau desenvolvimento vegetativo, deficiência fotossintética e diminuição da translocação de fotoassimilados que resultam em diminuição de produtividade.

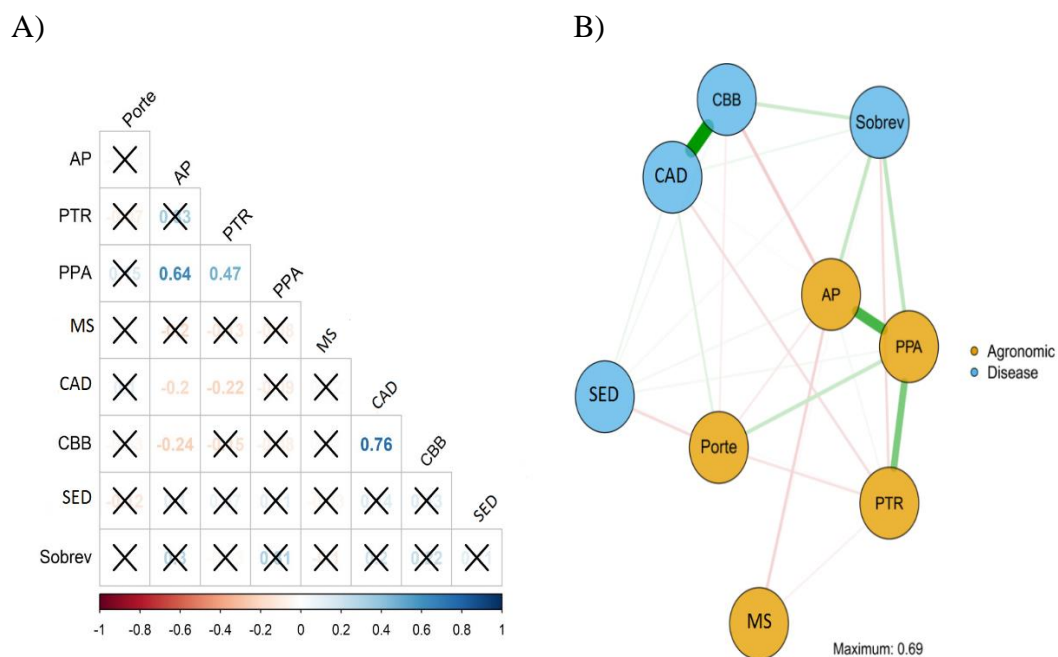


FIGURA 2. A) Coeficientes de correlação fenotípica de 328 genótipos de mandioca para características agrônômicas e relacionadas a doenças. O X na figura representa as correlações que não foram significativas pelo teste t de Student – B) Network da rede de correlação fenotípica de 328 genótipos de mandioca para características agrônômicas (altura de plantas - AP, produtividade de parte aérea - PPA, produtividade total de raiz - PTR, massa seca – MS e Porte) e, características relacionadas a doenças (antracnose – CAD, bacteriose - CBB, superalongamento – SED e sobrevivência – Sobrev). As linhas correspondem aos coeficientes de correlação expressos em A, sendo as linhas verdes correlação positiva e as linhas vermelha a correlação negativa, quanto mais espessa a linha maior é o valor da correlação.

Dentre as características avaliadas, oito apresentaram diferencial de seleção (DS) com valores positivos ou negativos esperados, representando 89% na taxa de sucesso para a seleção de caracteres de interesse (Tabela 2). Valores negativos são esperados onde o objetivo do diferencial de seleção é diminuir, e para valores positivos onde o objetivo do diferencial de seleção é aumentar. Para as características em que baixos valores são esperados variou de 0,91 (SED) a -8,02 (CAD). Já para as características que se deseja aumentar, verificou-se o DS entre

0,66 (MS) e 4,27 (PPA). A característica que obteve DS indesejado foi SED. Por se tratar de uma doença, esperava-se que o DS fosse negativo, o que implicaria em redução na severidade.

TABELA 2. Diferencial de seleção (DS), fornecido pelo índice MGIDI, para nove características avaliadas em 328 de genótipos de mandioca.

Características	Fator	Objetivo	X ₀	X _s	DS (%)
CAD	FA1	Diminuir	49,43	41,41	-8,02
CBB	FA1	Diminuir	59,33	52,45	-6,89
Porte	FA2	Diminuir	2,529	2,348	-0,18
PTR	FA2	Aumentar	14,02	17,56	3,54
AP	FA3	Aumentar	2,335	2,466	0,13
PPA	FA3	Aumentar	31,59	35,87	4,27
Sobrev	FA3	Aumentar	73,64	76,99	3,35
MS	FA4	Aumentar	35,36	36,02	0,66
SED	FA4	Diminuir	39,55	40,46	0,91

CAD: Antracnose; CBB: Bacteriose; PTR: Produtividade total de raiz; AP: Altura de planta; PPA: Produtividade da parte aérea; Sobrev: Sobrevivência; MS: Massa seca; SED: Superalongamento; X₀: Média inicial; X_s: Média final; DS: Diferencial de seleção.

No uso do índice MGIDI, a análise fatorial e a distância genótipo-ideótipo são utilizados para a seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento de plantas, em que um conjunto de caracteres é avaliado (OLIVOTO e NARDINO, 2020). A análise fatorial admite a existência de uma estrutura latente (oculta) em um conjunto de variáveis originais observadas. Fatores que influenciam simultaneamente duas ou mais características do conjunto, são denominados fatores comuns ou comunalidades. De outra forma, a comunalidade é explicada como a quantidade de variância que uma característica original compartilha com as outras características incluídas na análise (HAIR et al. 2005). Uma variável que não apresenta variância específica, obterá comunalidade igual a 1, e uma variável que não compartilha variância com nenhuma outra variável teria comunalidade de valor 0. Uma comunalidade considerada adequada, deve apresentar valor mínimo de 0,5 (MATOS e RODRIGUES, 2019).

Assim, neste trabalho, foram utilizados quatro fatores na análise fatorial, uma vez que os mesmos retêm 73% da variação total entre as características (Tabela 3). Após a rotação ortogonal *varimax*, que permite evidenciar a estrutura latente mantendo a ortogonalidade entre os fatores, a comunalidade média foi de 0,73, indicando que uma alta proporção da variância de cada variável foi explicada pelos fatores, ou seja, existe uma grande proporção de variância comum entre as variáveis. Todas as nove características (AP, Porte, PTR, PPA, MS, CAD, CBB, SED e Sobrev) apresentam comunalidade superiores a 0,5 (Tabela 3).

TABELA 3. Autovalores, variância explicada por cada fator, cargas fatoriais após a rotação *varimax* e comunalidades (h) obtidas na análise fatorial de 328 genótipos de mandioca cultivadas em quatro safras para nove características.

Características	FA1	FA2	FA3	FA4	h
Porte	0,17	-0,62	-0,33	-0,16	0,55
AP	-0,35	-0,01	0,81	0,08	0,79
PTR	-0,06	-0,80	0,26	0,12	0,73
PPA	-0,08	-0,29	0,79	0,18	0,75
MS	-0,11	0,15	-0,19	-0,8	0,72
CAD	-0,92	-0,15	0,07	-0,01	0,87
CBB	-0,83	0,27	0,28	0,07	0,85
SED	-0,36	0,30	-0,19	0,60	0,62
Sobrev	0,04	0,42	0,70	-0,17	0,69
Média					0,73
Autovalores	2,68	1,59	1,29	1,01	
Variância	29,8	17,6	14,3	11,2	
% acumulada	29,8	47,4	61,7	73,0	

AP: Altura de planta; PTR: Produtividade total de raiz; PPA: Produtividade da parte aérea; MS: Massa seca; CAD: Antracnose; CBB: Bacteriose; SED: Superalongamento; Sobrev: Sobrevivência.

*Em negrito estão as estimativas que representam cada fator.

As nove características foram agrupadas nos quatro fatores (FA) na seguinte forma: FA1 para as características relacionadas às doenças (CAD e CBB); FA2 os caracteres relacionados as características agrônômicas (Porte e PTR); FA3 características relacionadas a planta (AP, PPA e Sobrev) e por fim FA4 para MS e SED (Tabela 3). O fator 1 (FA1), relacionado às doenças antracnose e bacteriose, foi o principal componente da análise fatorial uma vez que explicou a maior parte da variação.

Dentre os 49 genótipos selecionados pelo índice MGIDI, o BGM-1650 foi o que apresentou estimativa mais próxima ao ideótipo (2,59), superando o desempenho de nove cultivares comerciais presentes nesse grupo (Tabela 4 e Figura 3). Os genótipos BGM-1359, BGM-1769 e Corrente apresentaram as maiores distâncias MGIDI, sendo respectivamente 4,39; 4,43 e 4,44. Na figura 3, estes genótipos podem ser observados perto da linha de corte (destacada em vermelho). É importante destacar que o BGM-1359, BGM-1769 e a cultivar Corrente contribuíram para o FA4, fator de menor variância.

TABELA 4. Índice de distância genótipo-ideótipo de 49 genótipos de mandioca selecionados no índice de seleção MGIDI (multi-trait genotype-ideotype distance index).

Genótipo	MGIDI	Genótipo	MGIDI	Genótipo	MGIDI
BGM-1650	2,59	BGM-1636	3,84	BR-14-018-39	4,18
BR-14-001-24	2,83	BGM-0276	3,86	BGM-1645	4,19
BGM-0931	2,95	BGM-0049	3,87	BGM-2043	4,20
ManiBranca	3,02	BGM-0418	3,93	BGM-0082	4,23
Correntão	3,07	BRS-Formosa	3,94	BGM-1516	4,24
BRS-CS-01	3,11	BRS-Tapioqueira	3,97	BGM-1412	4,24
2011-34-45	3,12	BGM-1750	4,02	BGM-0890	4,24
BR-14-006-32	3,35	BGM-0182	4,02	BGM-1624	4,24
BR-14-025-42	3,39	BGM-1632	4,05	BGM-1106	4,26
Vassoura Preta	3,43	BGM-1638	4,06	BGM-2018	4,29
BGM-1424	3,60	BR-14-006-02	4,09	BGM-1677	4,36
BGM-1560	3,61	BGM-0160	4,12	BGM-1513	4,36
BGM-0043	3,62	BGM-2030	4,13	BGM-1359	4,39
BGM-0021	3,67	NegaMaluca	4,13	Corrente	4,43
BGM-0097	3,77	BGM-1770	4,14	BGM-1769	4,44
BGM-0893	3,81	BGM-1656	4,16	-	-
BGM-0080	3,83	BRS-Novo Horizonte	4,17	-	-

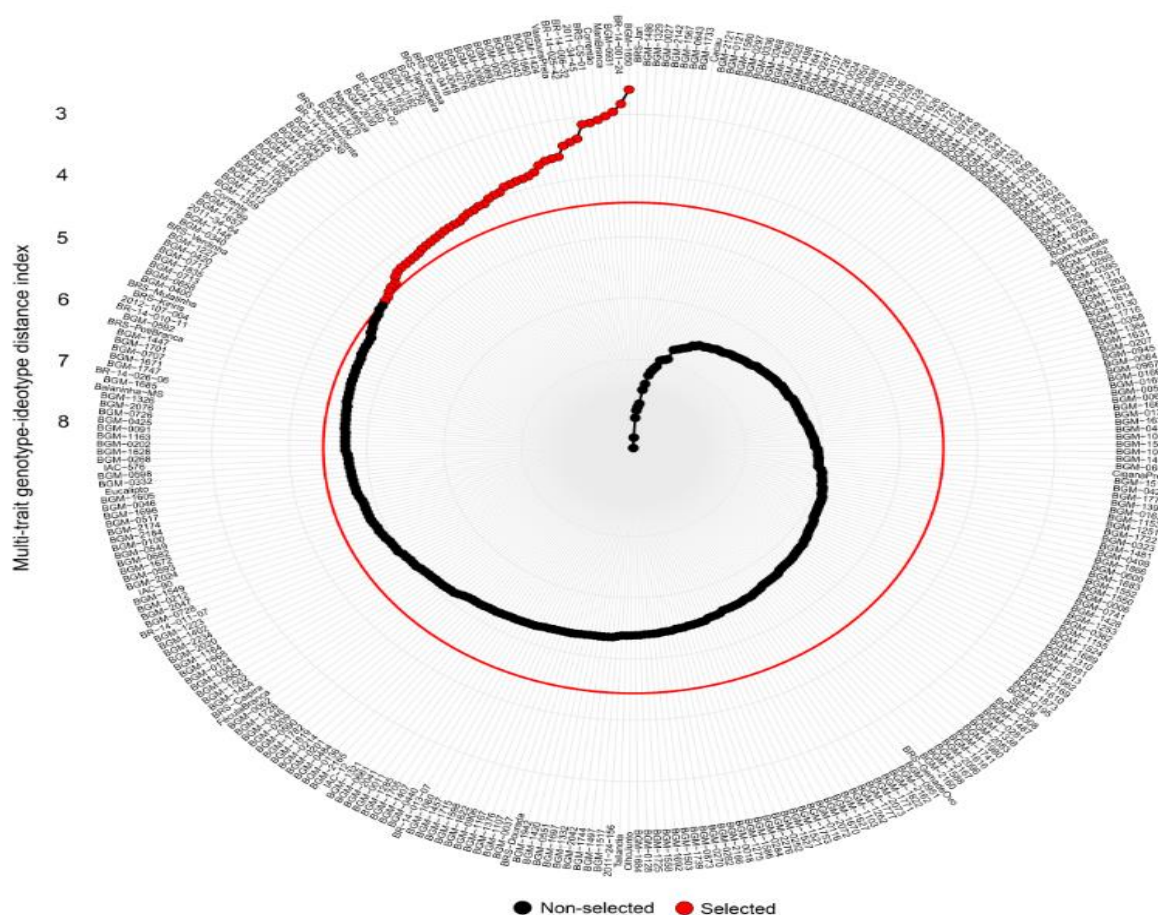


FIGURA 3. Classificação de 299 genótipos e 29 cultivares de mandioca selecionados em ordem crescente para o índice MGIDI. Os genótipos selecionados estão representados pela cor vermelha e os não selecionados pela cor preta. O círculo vermelho representa o ponto de corte de acordo com a intensidade de seleção de 0,15.

Os pontos fortes e fracos dos 49 genótipos selecionados estão representados na Figura 4. A força de cada um dos quatro fatores (FA1, FA2, FA3 e FA4), obtidos pelo índice MGIDI está representada na mesma figura. O fator de maior contribuição para a variância (FA1), está posicionado próximo ao centro do gráfico. E, no lado oposto, próximo a borda do gráfico, está o fator de menor contribuição (FA4).

Nesta figura também é possível avaliar os pontos forte e fracos dos 49 genótipos selecionados. Considerando o FA1, verifica-se que os genótipos BGM-1656, BGM-1645, BGM-0082, BGM-0890 e BGM-1513 são os de menor força, resultando em maior resistência para as doenças antracnose e bacteriose. Os outros 45 genótipos podem ser considerados suscetíveis para estas doenças, sendo também os mais distantes do ideótipo. Ao avaliar o FA2,

Os genótipos BGM-0931, BR-14-025-42, BGM-0097, BR-14-006-02, BGM-0160, BGM-2030, BGM-1656, BGM-1645, BGM-0082, BGM-1677, BGM-1769, Correntão, NegaMaluca têm forças relacionadas a FA3. Estes apresentam pouca produção de parte aérea (PPA) e baixa taxa de sobrevivência (Sobrev.). Ganhos positivos em FA3 são desejados. Para o FA4, os genótipos que apresentaram maior contribuição foram o BGM-0418, BGM-0182 e BGM-2043, sugerindo que estes são pouco produtivos no teor de matéria seca (MS) e suscetíveis a superalongamento (SED).

5. CONCLUSÕES

Por meio das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos por modelos mistos (BLUP/REML) é possível obter sucesso com a seleção de genótipos superiores para as características Altura de planta, Massa seca, Produtividade total de raiz e Produtividade de Parte aérea, uma vez que estas apresentaram valores superiores para variância genética e, conseqüentemente altos valores de herdabilidade.

O índice de seleção MGIDI permitiu selecionar 49 genótipos de mandioca superiores sendo o BGM-1650 o mais próximo do ideótipo. Excepcionalmente, o fator FA1 foi o de maior contribuição caracterizando as doenças antracnose e bacteriose distante do ideótipo.

6. BIBLIOGRAFIA

BATES, D.; M, M.; BOLKER, B. M.; WALKER, S. C. Fitting linear mixed-effectes model using lme4. **Journal of Statistical Software.** v. 67, 2015.

CANDIDO, W. dos S.; SILVA, C. M. e; COSTA, M. L.; SILVA, B. E. de A.; MIRANDA, B. L. de; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F.dos. Selection indexes in the simultaneous increment of yield componentes in topcross hybrids of green maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira.** Brasília, v.55, 2020.

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: 25 maio 2021.

COÊLHO, J. D.; XIMENES, L. F. Caderno Setorial ETENE. **Mandioca e seus derivados (2020).** Disponível em <[https:// https://www.bnb.gov.br](https://www.bnb.gov.br) >. Acesso em: 26 de maio de 2021.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4 ed. Viçosa. MG: UFV, 2012. 620 p.

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.

CUNHA, K. S. **Marcadores moleculares aplicados à seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays*, L.).** 2010. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense “Darcy Ribeiro”, Campos Goyatacazes.

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. 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, I.; AKEM, C. N.; TEMBE, E. A. Rapid screening method of cassava cultivars for resistance to *Colletotrichumgloesporioides*f. sp. *manihotis*. **Journal of Plant Pathology**, v.150, p. 6-12, 2002.

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

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 37, n. 7, p. 1001-1008, 2002.

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.

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.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**. v.28, p.476-490, 1943.

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: 26 de maio de 2021.

KUZNETSOVA, A.; BROCKHOFF, P. B.; CHRISTENSEN, R. H. B. lmerTest Package: Tests in linear mixed effects models. **Journal of Statistical Software**. v.82, 2017.

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.

LEAL, I. M. S.; SILVA, L. do R.; SILVA, G. B. da; CUNHA, G. D. F.; BROCHADO, M. G. da S.; VASCONCELOS, G. da S.; SOUSA, A. C. M. de; RIBEIRO, A. C. M.; ALVES, A. M.; VIANA, R. G. Tecnologia de aplicação de *Trichoderma* sp. e interferência na fitossociologia de plantas daninhas na cultura da mandioca. **Singular Meio Ambiente e Agrárias**, v. 1, n. 2, p. 45-55, 2021.

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. **Plant Disease**. 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.

MALUMBA, N. N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Gnetics and Cytology**. v.7, p.40-51, 1978.

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.

MATOS, D. A. S.; RODRIGUES, E. C. **Análise Fatorial**. 1 ed. Brasília: Enap, 2019. 74 p.

McKINNEY, H.H. Influence of soil, temperature and moisture on infection of wheat seedlings by *Helminthosporium sativum*. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v.26, p.195-217, 1923.

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.

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.

NARDINO, M.; BARETTA, D.; CARVALHO, I. R.; FOLLMANN, D. N.; KONFLANZ, V. A.; SOUZA, V. Q. de; OLIVEIRA, A. C. de; MAIA, L. C. da. Correlações fenotípicas, genética e de ambiente entre caracteres de milho híbrido da região sul do Brasil. **Revista Brasileira de Biometria**. Lavras, v.34, n.3, p.379-394, 2016.

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.

OLIVEIRA, E. J.; FERREIRA, C.F.; SANTOS, V. S.; OLIVEIRA, G. A. F. Development of a cassava core collection based on single nucleotide polymorphism markers. **Genetics and Molecular Research**. v.13, n.3, p.6472-6485, 2014.

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).

OLIVOTO, T.; DIEL, M.I.; SCHMIDT, D.; LÚCIO, A. D. Multivariate analysis of strawberry experiments: where are we now and where are we going? **Bioinformatics**, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1101/2020.12.30.424876>> Acesso em: 14 dez. 2020.

OLIVOTO, T.; LÚCIO, A. D. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**. v.11, n.6, p.783-789, 2020.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: a novel multi-trait index for genotype in plant breeding. **Bioinformatics**, 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btaa981>> Acesso em: 25 nov. 2020.

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.

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.

RESENDE, M. D. V. de; VIANA, J. M. S.; AZEVEDO, C. F.; SILVA, F. F.; DELIMA, R. O. Modelos mistos e inferência bayesiana. In: LIMA, R.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho.** 1 Ed. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa – MG, 2018. p. 186-219.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H.; SOUZA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of coffee arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n. 3, p. 2391-2399, 2013.

RUFINO, E. R.; SIQUEIRA, W. J.; MARQUES, M. O. M.; COLOMBO, C. A.; CHIORATO, A. F.; FILHO, J. A. A.; LOURENÇÃO, A. L.; YAMAMOTO, P. Y.; MARTINS, A. L. M. Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres relacionados ao vigos de estacas em *Lippia alba*. **Bragantia**. v. 69, n.4, p. 779-785, 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.

SANTOS, V. B. dos; LIMA, S. R.; MESQUITA, A. G. G.; FRANKE, I. L.; NEGREIROS, J. R. da S.; BEBER, P. M. Seleção genotípica de variedades de milho via metodologia de modelos mistos. **Scientia Naturalis**. v.3, n.1, p. 133-147, 2021.

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.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**. v.7, p.240-250, 1936. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>.

VENCOVSKY, R Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. **Melhoramento e produção de milho no Brasil.** Piracicaba: Fundação Cargill, 1978. p.122-201.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**. v.18, p.375-393, 1962. DOI: <https://doi.org/10.2307/2527479>.