

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM GENÓTIPOS DE
MANDIOCA CULTIVADOS EM SOLOS DE BAIXA FERTILIDADE NATURAL**

Douglas Gonçalves Guimarães^{1*}, Cláudio Lúcio Fernandes Amaral², Anselmo Eloy Silveira Viana³, Everardes Públio Júnior⁴, Vanderlei da Silva Santos⁵, Sandro Correia Lopes³, Josué Júnior Novaes Ladeia Fogaça¹

¹Doutorando, Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista – BA. *E-mail do autor para correspondência: douglasgg@hotmail.com.

²Docente, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, *campus* de Jequié – BA.

³Docente, Departamento de Fitotecnia e Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, *campus* de Vitória da Conquista – BA.

⁴Docente, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Bahia, *Campus* Eunápolis – BA.

⁵Pesquisador, Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas – BA.

Recebido: 20/11/2018; Aceito: 13/09/2019

RESUMO: A baixa fertilidade natural predomina em solos cultivados com mandioca em regiões tropicais e programas de melhoramento desta cultura são de suma importância. Assim, estimativas de parâmetros genéticos são fundamentais para os melhoristas e seus programas de melhoramento, pois permite definir as melhores estratégias de seleção ou hibridação. Assim, com o objetivo de estimar parâmetros genéticos relacionados a características produtivas e morfológicas da mandioca, em solos de baixa fertilidade natural, este trabalho foi realizado no município de Cândido Sales, região Sudoeste da Bahia, Brasil, entre os períodos de outubro de 2010 a agosto de 2012. O delineamento experimental foi de blocos casualizados com 27 tratamentos e três blocos. Os tratamentos foram compostos por 27 genótipos de mandioca, cada área útil da parcela experimental foi formada por 26 plantas, utilizando o espaçamento de 1,0 x 0,6 m, a área total útil foi de 15,6 m². Para o estudo, aos 22 meses após o plantio foram avaliadas 17 características relacionadas a produção e morfologia da mandioca, utilizando estimativas de parâmetros genéticos e correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre as características. Em todos os traços estudados, o coeficiente de variação genotípica foi maior que o coeficiente de variação ambiental, indicando ser promissor o uso de seleção. Foi observado também que existe ampla variabilidade genética, sendo que todas características apresentaram alta herdabilidade e a maioria delas apresentou alto ganho genético e que a área foliar total pode ser utilizada para seleção indireta, devido a sua fácil mensuração e alta correlação apresentada com características de interesse agrônômico.

Palavras-Chaves: Melhoramento. Produtividade. *Manihot esculenta* Crantz.

**ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS IN CASSAVA GENOTYPES
CULTIVED IN SOILS OF LOW NATURAL FERTILITY**

ABSTRACT: Low natural fertility predominates in cassava soils in tropical regions and breeding programs for this crop are of paramount importance. Thus, estimates of genetic parameters are critical for breeders and breeding programs because it allows them to define the best selection or hybridization strategies. Thus, with the objective of estimating genetic parameters related to the productive and morphological characteristics of cassava, in soils of low natural fertility, this work was carried out in the municipality of Cândido Sales, Southwest region of Bahia, Brazil, from October 2010 to August 2012. The experimental design was randomized blocks with 27 treatments and three blocks. The treatments consisted of 27 cassava genotypes, each useful area of the experimental plot was formed by 26 plants, using the spacing of 1.0 x 0.6 m, the total useful area was 15.6 m². For the study, at 22 months after planting, 17 characteristics related to cassava production and morphology were evaluated, using estimates of genetic parameters and phenotypic, genotypic and environmental correlations among the characteristics. In all traits studied, the genotype coefficient of variation was higher than the coefficient of environmental variation, indicating that the use of selection was promising. It was also observed that there is a wide genetic variability, and all characteristics presented high heritability and most of them presented high genetic gain and that the total leaf area can be used for indirect selection, due to its easy measurement and high correlation presented with characteristics of interest agronomic.

Keywords: Improvement. Productivity. *Manihot esculenta* Crantz.

INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura tropical, alimento básico para cerca de 800 milhões de pessoas em todo o mundo e é cultivada quase que exclusivamente por pequenos agricultores e em áreas marginais de solos pobres e chuvas imprevisíveis (HOWELER *et al.*, 2013). Para Cavalcante (2005), apesar dos novos avanços nas áreas da arqueologia e genética, a origem desta espécie ainda é controversa.

Segundo a FAO (2018), o Brasil em 2016, com uma produção de 21,08 milhões de toneladas de raízes, é terceiro país com maior produção de mandioca no mundo, sendo superado apenas por Nigéria e Tailândia, que produziram, respectivamente, 57,13 e 31,16 milhões de toneladas de raízes. O Brasil com uma área colhida de 1,4 milhões de hectares resultou em produtividade de 14,99 t ha⁻¹ (FAO, 2018).

Nas regiões Sudeste, Sul e Centro-Oeste do Brasil, encontram-se os plantios mais tecnificados e que se destinam a atender às demandas das indústrias de farinha e fécula, todavia, no Norte e Nordeste, ainda predominam cultivos em pequena escala, destinados à fabricação artesanal de farinha e de outros alimentos (SANTANA, 2018).

Melhores técnicas de cultivo, entre elas, a seleção de cultivares mais adaptadas, poderá melhorar consideravelmente a produção desta cultura no país, visto que o potencial produtivo da mandioca, segundo Cock *et al.* (1979), em condições ideais pode chegar a 90 t ha⁻¹.

O município de Cândido Sales, situado no semiárido baiano, sempre se destacou como um dos maiores produtores de mandioca do Estado da Bahia, e sua região é reconhecida em

âmbito nacional (IBGE, 2018). A variedade Sergipe é a mais cultivada entre os agricultores desta região (CARVALHO *et al.*, 2009), todavia, estudos utilizando outros genótipos foram realizados demonstrando também bom potencial produtivo (GUIMARÃES *et al.*, 2009a; RAMOS, 2007).

Segundo Menezes *et al.* (2012) os solos da região semiárida são deficientes em nutrientes, principalmente N e P e os principais processos de perda de nutrientes e água são queimadas, erosão do solo, escoamento e colheita de cultivos e produtos animais. Para El-Sharkawy (2012), a mandioca tolera situações estressantes, como déficit hídrico e baixa fertilidade do solo utilizando, em parte, mecanismos morfológicos, bioquímicos e fisiológicos, como controle do fechamento estomático, altos potenciais fotossintéticos e extenso sistema radicular fino.

Para Ntawuruhunga e Dixon (2010), o crescimento precoce e o desenvolvimento da mandioca dependem de fatores genéticos e ambientais, o que implica que uma melhor compreensão da relação entre fatores ambientais e processos de crescimento e/ou desenvolvimento são de grande utilidade.

Os recursos genéticos desta espécie apresentam uma ampla variabilidade genética, conservadas e caracterizadas por várias instituições nacionais e internacionais de pesquisa (CARDOSO; FARIAS NETO, 2003). No Brasil, algumas instituições possuem bancos ativos de germoplasma, os quais estão sob constante avaliação, já que se encontram associados a programas de melhoramento genético visando o desenvolvimento de novos cultivares adaptados a condições ambientais específicas (BARRETO; RESENDE, 2010).

Os parâmetros genéticos orientam o processo de seleção e ganhos genéticos nos diferentes ciclos de seleção, assim, o conhecimento dos parâmetros genéticos de uma população permite sua diferenciação entre os efeitos genéticos e ambientais, contribuindo para a seleção eficiente dos melhores genótipos, com base em suas capacidades (ESPITIA *et al.*, 2010).

Uma maneira de se promover o aumento de produtividade e da melhoraria no sistema de produção da mandioca é utilizar o plantio variedades melhoradas e adaptadas às condições edafoclimáticas de cada região, uma vez que, devido à alta interação genótipos x ambientes, dificilmente um genótipo se comportará de maneira semelhante em todas as regiões ecológicas (FUKUDA; SILVA, 2002). O melhoramento genético da mandioca tem feito progressos significativos, especialmente no aumento do potencial de produção agrícola através do desenvolvimento de novas variedades (AKINWALE *et al.*, 2010).

A alta produtividade de raízes tuberosas é um dos principais objetivos do melhoramento da mandioca, todavia, é difícil avaliar o rendimento de raízes em grandes populações em comparação com outros caracteres da planta que são fenotípicamente observáveis (NTAWURUHUNGA; DIXON, 2010). Para Oliveira *et al.* (2014), a separação da variação total em seus componentes herdáveis e não herdáveis é fundamental para definir o progresso e as melhores estratégias de seleção.

Assim, como no local de estudo a mandioca é cultivada predominantemente por pequenos agricultores que não utilizam técnicas mais sofisticadas de cultivo e que os solos

destas áreas, como na maioria dos solos tropicais, são de baixa fertilidade natural, trabalhos que visam o melhoramento da mandioca, que é uma cultura rústica e que se adapta bem a essas condições, são de suma importância com intuito de melhorar a situação social e reforçar a segurança alimentar destas populações. Diante do pressuposto, o presente estudo teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos relacionados a características morfológicas e produtivas de genótipos de mandioca, em solos de baixa fertilidade natural, na região Sudoeste da Bahia, Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na localidade de Bomba, situada a 15°18' de Latitude Sul e de 41°17' de Longitude Oeste, município de Cândido Sales, Sudoeste da Bahia, Brasil. Este município apresenta altitude média de 627 m, clima semi-árido, de acordo a classificação de Köppen, do tipo Aw, clima tropical com estação seca. Abrange uma área 1.617,5 km², com temperatura média anual de 20,4° C, índice pluviométrico anual de 767,4 mm e período chuvoso compreendido entre os meses de outubro a março (SEI, 2013).

Na Figura 1, estão apresentados os dados de precipitação pluvial, obtidos durante o período de condução do experimento:

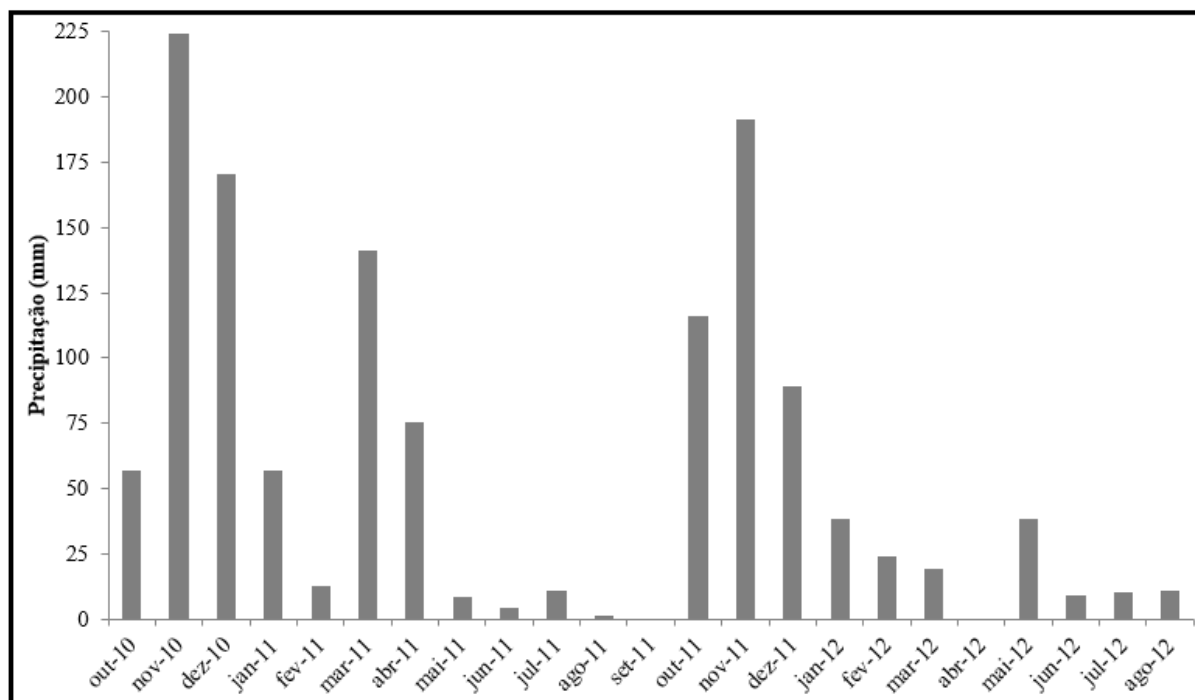


Figura 1. Médias mensais de precipitação, no município de Cândido Sales – BA, no período de outubro de 2010 a agosto de 2012. *Monthly averages of precipitation, in the municipality of Cândido Sales - BA, from October 2010 to August 2012.*

Fonte: Agência Nacional de Águas – ANA. *Source: National Water Agency – ANA.*

O solo da área em que foi instalado o experimento foi classificado como Latossolo Amarelo Distrófico típico de textura argilosa e apresentou os seguintes resultados da análise química para a camada de 0-20 cm de profundidade: pH em água (1:2,5): 4,5; P: 2,0 mg dm⁻³; K⁺: 0,11 cmol_c dm⁻³; Ca²⁺: 0,4 cmol_c dm⁻³; Mg²⁺: 0,4 cmol_c dm⁻³; Al³⁺: 1,0 cmol_c dm⁻³; H⁺:

5,4 $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$; Soma de Bases: 0,9 $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$; CTC efetiva: 1,9 $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$; CTC a pH 7,0: 7,3 $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$; Saturação por bases: 12%; Saturação por alumínio: 52%.

A área para implantação do experimento foi arada, gradeada e sulcada mecanicamente. Para o plantio foram utilizadas manivas sadias, com 20 cm de comprimento, 2 a 3 cm de diâmetro, com média de oito gemas. O corte utilizado nas manivas foi reto, em ambas as extremidades. As manivas foram plantadas manualmente na posição horizontal no mês de outubro de 2010.

O delineamento utilizado no experimento foi em blocos casualizados, com vinte e sete tratamentos, cada tratamento representando um genótipo de mandioca e três repetições. O comprimento das parcelas foi de 8,4 m e largura de 3,0 m. O espaçamento de plantio utilizado foi de 1,0 m entre linhas e 0,60 m entre plantas, totalizando 26 plantas úteis por parcela, que forma uma área útil de 15,6 m^2 .

Com o intuito de simular as técnicas de condução da cultura realizada pelos agricultores locais, as práticas de calagem e adubação não foram realizadas no experimento. A maioria dos agricultores da região são agricultores familiares que não utilizam estas práticas e os solos da região são em grande parte de baixa fertilidade natural.

A colheita foi realizada no mês de agosto de 2012, vinte e dois meses após o plantio, similar a época de colheita local, com o auxílio da enxada, por meio de arranquio manual.

Para o estudo, foram utilizados vinte e sete genótipos, dez destes foram obtidos junto ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Mandioca do Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura (CNPMPF) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), localizado em Cruz das Almas, Bahia, Brasil. Onze genótipos foram oriundos da Coleção de Germoplasma de Trabalho da Mandioca (CGTM) da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), *campus* de Vitória da Conquista, Bahia, Brasil, e outros cinco genótipos resultantes de trabalho do Laboratório de Melhoramento e Produção Vegetal (LMPV) da mesma universidade. Para o plantio da variedade Sergipe, mais cultivado na região de estudo, foram utilizadas manivas obtidas de produtores rurais do município em que foi realizado o experimento, Cândido Sales, Bahia, Brasil (Tabela 1).

Em trabalho realizado na região de estudo, Guimarães *et al.* (2009b) observaram que características de interesse econômico como teor de massa seca, porcentagem de amido e rendimento de farinha apresentaram valores mais elevados entre os meses de abril a outubro, com destaque no mês de julho e que isso, provavelmente, ocorre por este ser o período em que as plantas, devido às baixas temperaturas e aos baixos índices pluviométricos, entram em repouso fisiológico, armazenando grande parte de suas reservas para as raízes. Neste estudo, todas as características avaliadas foram realizadas vinte e dois meses após o plantio, no mês de agosto, período preferível pelos produtores locais efetuarem a colheita.

Foram avaliadas características relacionadas a produção da cultura: Produtividade de raízes tuberosas (t.ha^{-1}) (PRT); Porcentagem de massa seca em raízes tuberosas (%) (MS) (realizada pelo método da balança hidrostática, metodologia de Grossmann e Freitas, 1950); Produtividade da parte aérea (t.ha^{-1}) (PPA); Teor de amido em raízes tuberosas (%) (AMI) (metodologia de Conceição, 1983); Produtividade de amido (t.ha^{-1}) (PAM) (Calculada

multiplicando-se o teor de amido (%) pela produtividade de raízes tuberosas); Teor de farinha em raízes tuberosas (%) (FAR) (realizada pelo método da balança hidrostática, conforme formula proposta por Fukuda e Caldas, 1987) e Produtividade de farinha ($t\cdot ha^{-1}$) (PF) (calculada multiplicando-se o teor de farinha (%) pela produtividade de raízes tuberosas).

Tabela 1. Origem das manivas-sementes dos genótipos utilizados no estudo. *Origin of the manivas-seeds of the genotypes used in the study.*

| Genótipos | Origem das Manivas de Plantio |
|------------------|---|
| Amansa Burro | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Aramaris | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil. |
| Bom Jardim | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Bromadeira | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Caipira | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Caitite | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Caravela | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Kiriris | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Lagoão | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Lavra Velha | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Malacacheta | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Mulatinha | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Parazinha | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Peru | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Poti Branca | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Salangor | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Sergipana | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Sergipe | Produtores Rurais: Cândido Sales, Bahia, Brasil. |
| Simbé | CGT-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Tapioqueira | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| Tussuma | CGTM-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| Verdinha | BAG-EMBRAPA/CNPMF: Cruz das Almas, Bahia, Brasil |
| VCA6-4 | LMPV-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| VCA6-5 | LMPV-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| VCA6-8 | LMPV-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| VCA6-10 | LMPV-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |
| VCA6-12 | LMPV-UESB: Vitória da Conquista, Bahia, Brasil. |

Fonte: Dados dos autores do estudo (2018). *Source: Data from study authors (2018).*

Foram avaliadas também na mesma época, características fisiológicas e morfológicas: Índice de colheita (%) -IC ($\text{peso de raízes} / (\text{peso de raízes} + \text{peso da parte aérea}) \times 100$); Área foliar total (cm^2) -AFT (medindo todas as folhas de uma planta por parcela, utilizando o equipamento Area Meter, modelo LI-3100); Índice da área foliar- IAF (medida a partir da relação entre área foliar total e a área do solo disponível para a planta, obtida pelo espaçamento utilizado (1,0 x 0,6 m); Altura das plantas (m) -AP; Mortalidade de plantas (%) -MP; Número de manivas-sementes por planta -NMP (medindo o terço médio de três plantas por parcela e dividindo pelo tamanho médio de uma maniva-semente -20 cm); Número de

hastes por planta -NHP; Comprimento de raiz (cm) -COR (medida de dez raízes de uma extremidade a outra por parcela); Diâmetro de raiz (cm) -DIR (medindo a parte central de dez raízes de cada parcela) e peso de raiz -PER (kg) (pesando dez plantas por parcela).

Os dados das características avaliadas foram submetidos a análise de variância, utilizando o programa estatístico Assistat, versão 7.7 (SILVA; AZEVEDO, 2016).

Os parâmetros genéticos e seus estimadores foram analisados, utilizando-se as seguintes expressões (CRUZ *et al.*, 2004):

a) Variância Fenotípica: $VP = QMg / r$

c) Variância Genotípica: $VG = (QMg - QMr) / r$

b) Variância Ambiental: $VE = QMr / r$

d) Herdabilidade: $h^2 = (VG/VP) \times 100$

e) Coeficiente de Variação Fenotípica: $CV_P = (\sqrt{VP} / \bar{X}) \times 100$

f) Coeficiente de variação Genotípica: $CV_G = (\sqrt{VG} / \bar{X}) \times 100$

g) Coeficiente de Variação Ambiental: $CV_E = (\sqrt{VE} / \bar{X}) \times 100$

h) Coeficiente de Variação Relativo (Coeficiente “b”) = CV_G / CV_E ,

i) Ganho genético: $GA = i \Delta p h^2$

i = Intensidade de Seleção (5%) = 2,06 (Constante),

Δp = Desvio Padrão da Variância Fenotípica: \sqrt{VP} ;

h^2 = Herdabilidade.

j) $GAM = [(GA / \bar{X}) \times 100]$: Ganho Genético em Porcentagem da Média.

Tem-se o ganho genético assumindo intensidade de seleção de 5% em um ciclo de avaliação.

Para estimar as correlações, foram utilizadas as expressões citadas por Falconer (1987) e Ramalho *et al.* (1993):

a) Correlação fenotípica (rP)

$$rP(xy) = \frac{COV_{P(XY)}}{\sqrt{\sigma^2_{PX} \cdot \sigma^2_{PY}}}$$

b) Correlação genotípica (rG)

$$rG(xy) = \frac{COV_{G(XY)}}{\sqrt{\sigma^2_{GX} \cdot \sigma^2_{GY}}}$$

c) Correlação ambiental (rE)

$$rE = \frac{COV_{E(XY)}}{\sqrt{\sigma^2_{EX} \cdot \sigma^2_{EY}}}$$

Em que: r_{xy} = correlação entre os caracteres X e Y; $COV_{(XY)}$ = covariância entre os dois caracteres X e Y; e σ^2_X e σ^2_Y = variância dos caracteres X e Y, respectivamente.

Para cálculo das correlações foi utilizado o software Genes (CRUZ, 2013) e para verificar o nível de significância das correlações, foi utilizado o teste t a 1% e 5% de probabilidade.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observando o resumo da análise de variância do experimento (Tabelas 2 e 3), constatam-se diferenças significativas entre os genótipos avaliados para todas as 17 características avaliadas. Esta situação encontrada é favorável à seleção de caracteres visando o melhoramento genético vegetal.

Tabela 2. Análise de variâncias e valores de produtividade de raízes tuberosas (PRT), massa seca de raiz (MS), produtividade de parte aérea (PPA), teor de amido (AMI), produtividade de amido (PA), teor de farinha (FAR), produtividade de farinha (PF), índice de colheita (IC) e área foliar total (AFT), em 27 genótipos de mandioca em solos de baixa fertilidade natural. *Analysis of variance and yield values of tuberous roots (PRT), root dry mass (MS), shoot yield (PPA), starch content (AMI), starch productivity (PA), flour content (FAR), harvest index (CI) and total leaf area (AFT) in 27 cassava genotypes in soils of low natural fertility.*

| Fator de Variação | GL | Quadrados Médios | | | | | | | | |
|-------------------|----|---------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|--------------------|---------------------|----------------------|
| | | PRT | MS | PPA | AMI | PA | FAR | PF | IC | AFT ¹ |
| Blocos | 2 | 26,86 ^{ns} | 4,04 ^{ns} | 6,48 ^{ns} | 4,05 ^{ns} | 1,85 ^{ns} | 7,20 ^{ns} | 1,41 ^{ns} | 19,47 ^{ns} | 318,28 ^{ns} |
| Genótipos | 26 | 70,68* | 17,60* | 37,21* | 17,60* | 4,24* | 31,34* | 3,29* | 243,55* | 418,11* |
| Resíduo | 52 | 20,79 | 4,17 | 8,27 | 4,18 | 1,62 | 7,44 | 1,38 | 40,05 | 101,19 |
| C.V. (%) | | 28,96 | 6,87 | 29,38 | 8,14 | 32,34 | 12,84 | 35,26 | 10,30 | 25,04 |

^{ns}Não significativo; *Significativo a 5%. ¹Transformado para \sqrt{x} . ^{ns}Not significant; *Significant to 5%. ¹Transformed to \sqrt{x} .

Tabela 3. Análise de variâncias e valores de índice de área foliar (IAF), altura de plantas (AP), mortalidade de plantas (MP), número de manivas-sementes por planta (NMP), número de hastes por planta (NHP), comprimento de raiz (COR), diâmetro de raiz (DIR) e peso de raiz (PER), em 27 genótipos de mandioca em solos de baixa fertilidade natural. *Analysis of variances and values of leaf area index (IAF), plant height (AP), plant mortality (MP), number of manivas-seeds per plant (NMP), number of stems per plant (NHP), length of root (COR), root diameter (DIR) and root weight (PER), in 27 cassava genotypes in soils of low natural fertility.*

| Fator de Variação | GL | Quadrados Médios | | | | | | | |
|-------------------|----|------------------|----------------------|-----------------|---------|------------------|----------------------|---------|-----------------------|
| | | IAF ¹ | AP | MP ¹ | NMP | NHP ² | COR ¹ | DIR | PER |
| Blocos | 2 | 0,0542* | 0,0123 ^{ns} | 0,0113* | 67,429* | 0,00012* | 0,0132 ^{ns} | 0,4632* | 0,00811 ^{ns} |
| Genótipos | 26 | 0,0704* | 0,1927* | 8,2475* | 21,259* | 0,03189* | 0,4095* | 0,5338* | 0,03836* |
| Resíduo | 52 | 0,0168 | 0,0363 | 1,1212 | 7,339 | 0,00759 | 0,0806 | 0,1416 | 0,01001 |
| C.V. (%) | | 25,05 | 11,10 | 32,68 | 30,78 | 22,17 | 5,26 | 7,20 | 19,09 |

^{ns}Não significativo; *Significativo a 5%. ¹Transformado para \sqrt{x} ; ²Transformado para $\log(x)$. ^{ns}Not significant; *Significant to 5%. ¹Transformed to \sqrt{x} . ²Transformed to $\log(x)$.

Para Al-Tabbal e Al-Fraihat (2011), o desenvolvimento de cultivares de alto rendimento requer um conhecimento aprofundado da variação genética existente para o rendimento e seus componentes, assim a variabilidade observada é uma estimativa combinada de causas genéticas e ambientais, das quais apenas a primeira é hereditária. Os resultados observados nas Tabelas 2 e 3 demonstraram que existe ampla variabilidade genética entre as características avaliadas. Segundo Boakye *et al.*, (2013), a diversidade entre os genótipos é adequada para a seleção das características desejadas, levando a um progresso significativo

nos programas de melhoramento da mandioca. Outros trabalhos com esta cultura também demonstraram alta variabilidade para diversas características (BARRETO; RESENDE, 2010; BOAKYE *et al.*, 2013; AKINWALE *et al.*, 2010).

As características que apresentaram os menores coeficientes de variação (C.V.) foram, DIR, MS e COR, com respectivamente, 7,2%, 6,87% e 5,26%. Enquanto que os maiores C.V., todos acima de 30%, foram observados nas características NMP, PA, MP e PF, com, respectivamente, 30,78%, 32,34%, 32,68% e 35,26% (Tabelas 2 e 3). Valores altos de C.V. são indicativos de características que são reguladas por grande número de genes e que apresentam forte influência ambiental.

Nas Tabelas 4 e 5 são apresentados os coeficientes de variação fenotípica (CVP), genotípica (CVG) e ambiental (CVE). Quando o CVG é maior que o CVE, significa que o caráter é mais influenciado pelo fator genético que pelo componente ambiental. Em todas as características avaliadas o CVG foi maior. A variação considerando CVG / CVE foi de 1,17, em PF à 2,52 em MP, com isso, como a razão de CVG / CVE foi maior que 1 em todos os traços avaliados. Indicando, desta forma, o uso da seleção, pois a variação ambiental é menor que a variação genética em relação à média. O ideal para que a possibilidade de seleção seja mais efetiva é que exista pouca diferença entre CVP e CVG, isso evidencia que o componente genético é o fator preponderante na determinação da característica, sobressaindo a influência ambiental.

Tabela 4. Parâmetros genéticos para produtividade de raízes tuberosas (PRT), massa seca de raiz (MS), produtividade de parte aérea (PPA), teor de amido (AMI), produtividade de amido (PA), teor de farinha (FAR), produtividade de farinha (PF), índice de colheita (IC) e área foliar total (AFT), em 27 genótipos de mandioca em solos de baixa fertilidade natural. *Genetic parameters for tuber root yield (PRT), root dry mass (DM), shoot yield (PPA), starch content (AMI), starch productivity (AP), flour content flour (PF), harvest index (CI) and total leaf area (AFT) in 27 cassava genotypes in soils of low natural fertility.*

| Fator de Variação | Quadrados Médios | | | | | | | | |
|----------------------|------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|------------------|
| | PRT | MS | PPA | AMI | PA | FAR | PF | IC | AFT ¹ |
| VP | 23,560 | 5,867 | 12,405 | 5,867 | 1,415 | 10,446 | 1,096 | 81,185 | 139,370 |
| VG | 16,628 | 4,475 | 9,647 | 4,475 | 0,873 | 7,966 | 0,636 | 67,835 | 105,641 |
| VE | 6,932 | 1,393 | 2,758 | 1,393 | 0,542 | 2,480 | 0,460 | 13,350 | 33,729 |
| CVP (%) | 30,820 | 8,143 | 35,980 | 9,652 | 30,180 | 15,210 | 31,410 | 14,665 | 29,390 |
| CVG (%) | 25,892 | 7,112 | 31,724 | 8,430 | 23,703 | 13,282 | 23,920 | 13,405 | 25,590 |
| CVE (%) | 16,720 | 3,970 | 16,963 | 4,703 | 18,673 | 7,411 | 20,360 | 5,950 | 14,460 |
| h ² a (%) | 70,600 | 76,300 | 77,800 | 76,300 | 61,700 | 76,300 | 58,000 | 83,600 | 75,800 |
| GA | 7,057 | 3,805 | 5,642 | 3,805 | 1,512 | 5,077 | 1,251 | 15,509 | 18,434 |
| GAM | 44,800 | 12,800 | 57,600 | 15,200 | 38,400 | 23,900 | 37,500 | 25,200 | 45,900 |
| CVG/CVE | 1,550 | 1,790 | 1,870 | 1,790 | 1,270 | 1,790 | 1,170 | 2,250 | 1,770 |

Variação fenotípica (VP), variação genotípica (VG), variação ambiental (VE), coeficiente de variação fenotípica (CVP), coeficiente de variação genotípica (CVG), coeficiente de variação ambiental (CVE), herdabilidade (h²a), ganho genético (GA), ganho genético em porcentagem da média (GAM). ¹Transformado para \sqrt{x} . *Phenotypic variation (VP), genotypic variation (VG), environmental variation (VE), coefficient of variation phenotype (CVP), coefficient of variation genotype (CVG), coefficient of environmental variation (CVE), heritability (h²a), genetic gain (GA), genetic gain as a percentage of the mean (GAM).* ¹Transformed to \sqrt{x} .

Tabela 5. Parâmetros genéticos de índice de área foliar (IAF), altura de plantas (AP), mortalidade de plantas (MP), número de manivas-sementes por planta (NMP), número de hastes por planta (NHP), comprimento de raiz (COR), diâmetro de raiz (DIR) e peso de raiz (PER), em 27 genótipos de mandioca em solos de baixa fertilidade natural. *Genetic parameters of leaf area index (IAF), plant height (AP), plant mortality (MP), number of manivas-seeds per plant (NMP), number of stems per plant (NHP), root length (COR), root diameter (DIR) and root weight (PER) in 27 cassava genotypes in soils of low natural fertility.*

| Fator de Variação | Quadrados Médios | | | | | | | |
|----------------------|------------------|--------|-----------------|--------|------------------|------------------|--------|--------|
| | IAF ¹ | AP | MP ¹ | NMP | NHP ² | COR ¹ | DIR | PER |
| VP | 0,023 | 0,064 | 2,749 | 7,086 | 0,011 | 0,136 | 0,178 | 0,013 |
| VG | 0,018 | 0,052 | 2,375 | 4,640 | 0,008 | 0,110 | 0,131 | 0,009 |
| VE | 0,006 | 0,012 | 0,374 | 2,447 | 0,003 | 0,027 | 0,047 | 0,003 |
| CVP (%) | 29,550 | 14,760 | 51,180 | 30,244 | 26,230 | 6,850 | 8,070 | 21,580 |
| CVG (%) | 25,770 | 13,290 | 47,570 | 24,473 | 22,894 | 6,140 | 6,920 | 18,550 |
| CVE (%) | 14,463 | 6,410 | 18,870 | 17,771 | 12,800 | 3,040 | 4,160 | 11,022 |
| h ² a (%) | 76,000 | 81,100 | 86,400 | 65,500 | 76,200 | 80,300 | 73,500 | 73,900 |
| GA | 0,240 | 0,424 | 2,951 | 3,590 | 0,162 | 0,611 | 0,638 | 0,172 |
| GAM | 46,300 | 24,700 | 91,100 | 40,800 | 41,200 | 11,300 | 12,200 | 32,800 |
| CVG/CVE | 1,780 | 2,070 | 2,520 | 1,380 | 1,790 | 2,020 | 1,660 | 1,680 |

Variacão fenotípica (VP), variação genotípica (VG), variação ambiental (VE), coeficiente de variação fenotípica (CVP), coeficiente de variação genotípica (CVG), coeficiente de variação ambiental (CVE), herdabilidade (h²a), ganho genético (GA), ganho genético em porcentagem da média (GAM). ¹Transformado para \sqrt{x} ; ²Transformado para $\log(x)$. *Phenotypic variation (VP), genotypic variation (VG), environmental variation (VE), coefficient of variation phenotype (CVP), coefficient of variation genotype (CVG), coefficient of environmental variation (CVE), heritability (h²a), genetic gain (GA), genetic gain as a percentage of the mean (GAM).* ¹Transformed to \sqrt{x} ; ²Transformed to $\log(x)$.

Outro fator de grande importância em programas de melhoramento é a herdabilidade e conforme classificação proposta por Resende (2002), a estimativa de herdabilidade foi alta para todos traços avaliados, com valores variando de 58% em PF até 86,4% em MP (Tabelas 4 e 5). Todavia, as estimativas de herdabilidade sozinhas não fornecem informações sólidas sobre o ganho esperado na próxima geração, mas devem ser consideradas em conjunto com as estimativas de avanço genético, a mudança no valor médio entre gerações sucessivas (SHUKLA *et al.*, 2006). Um levantamento da existência da variabilidade genética com auxílio de parâmetros adequados, como coeficiente de variação genética, estimativas de herdabilidade e avanço genético é necessário para iniciar um programa de melhoramento eficiente (ATTA *et al.*, 2008).

Para o ganho genético em porcentagem da média (GAM), observa-se nas Tabelas 4 e 5 que os resultados variaram muito em cada característica avaliada, o que apresentou o menor valor foi COR, com 11,3% e o que obteve o maior valor e também o único que apresentou mais que 50%, foi a MP, com 91,1%.

Segundo classificação de Johnson *et al.* (1955), nenhuma característica apresentou valores com baixo ganho genético, das 17 características avaliadas, quatro delas (MS, AMI, COR e DIR) apresentaram médio ganho genético e a maioria, ou seja, treze características

(PRT, PPA, PA, FAR, PF, IC, AFT, IAF, AP, MP, NMP, NHP e PER), apresentaram alto ganho genético. Para estes autores, as estimativas de herdabilidade, juntamente com o avanço genético, são mais importantes do que a herdabilidade sozinha, para prever o efeito resultante da seleção dos melhores indivíduos. Assim, como todos os traços apresentaram valores altos de herdabilidade e a grande maioria apresentaram valores altos de ganho genético, existe grande potencial para utilização de programas de melhoramento genético.

Analisando os resultados das principais características de interesse econômico dos produtores; que são a produtividade de raízes tuberosas (PRT) e massa seca da raiz (MS); observa-se na Tabela 4 que ambos apresentaram herdabilidade alta, de 70,6% para PRT e 76,3% para MS, porém, o ganho genético em porcentagem da média (GAM) para PRT foi consideravelmente maior que o apresentado para MS. O valor de GAM, segundo classificação de Johnson *et al.* (1955), foi considerado alto para PRT, que apresentou 44,8% e médio para MS, que apresentou 12,8%. Foram observados que os coeficientes de variações fenotípica (CVP), genotípica (CVG) e ambiental (CVE) de PRT foram consideravelmente maiores, quando comparado a MS. Os resultados de PRT dos genótipos avaliados sofreram bastante variação, sendo possivelmente esta característica determinada por muitos genes e que sofre forte influência ambiental (Tabelas 2 e 4).

Os resultados das correlações fenotípicas (r_P), genotípicas (r_G) e ambientais (r_E) entre todas características avaliadas são apresentadas nas Tabelas 6 e 7, entretanto, para melhor entendimento e interpretação, apenas os coeficientes das correlações de maior interesse e relevância serão discutidos neste estudo. Observa-se nestas Tabelas correlação entre características relacionadas entre si e que foram avaliadas utilizando metodologias similares, como MS, AM e FAR ($r = 1^{**}$ em todas correlações), AF e IAF ($r = 1^{**}$ em todas correlações), assim como PA e PF ($r_P = 0,98^{**}$, $r_G = 0,98^{**}$ e $r_E = 0,99^{**}$), que como era esperado, apresentaram forte correlação positiva entre eles (Tabelas 6 e 7).

Tabela 6. Correlações fenotípicas (r_P) (diagonal acima e negrito) e correlações genotípicas (r_G) (diagonal abaixo) de produtividade de raízes tuberosas (PRT), massa seca de raiz (MS), produtividade de parte aérea (PPA), teor de amido (AMI), produtividade de amido (PA), teor de farinha (FAR), produtividade de farinha (PF), índice de colheita (IC), área foliar total (AFT), índice de área foliar (IAF), altura de plantas (AP), mortalidade de plantas (MP), número de manivas-sementes por planta (NMP), número de hastes por planta (NHP), comprimento de raiz (COR), diâmetro de raiz (DIR) e peso de raiz (PER) em 27 genótipos de mandioca em solos de baixa fertilidade natural. *Phenotypic correlations (r_P) (diagonal above and bold) and genotypic correlations (r_G) (diagonal below) of tuber root yield (PRT), root dry mass (MS), shoot yield (PPA), starch content (AMI), starch productivity (AP), flour content flour (PF), harvest index (CI) and total leaf area (AFT), leaf area index (IAF), plant height (AP), plant mortality (MP), number of manivas-seeds per plant (NMP), number of stems per plant (NHP), root length (COR), root diameter (DIR) and root weight (PER) in 27 cassava genotypes in soils of low natural fertility.*

| | PRT | MS | PPA | AMI | PA | FAR | PF | IC | AFT | IAF | AP | MP | NMP | NHP | COR | DIR | PER |
|-----|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|---------------|----------------|
| PRT | 1 | -0,19 | 0,17 | -0,19 | 0,94** | -0,19 | 0,86** | 0,59** | 0,14 | 0,15 | 0,18 | -0,39** | 0,04 | 0,11 | -0,35** | 0,12 | 0,12 |
| MS | -0,34** | 1 | 0,18 | 1** | 0,13 | 1** | 0,32** | -0,29** | 0,40** | 0,41** | 0,13 | 0,12 | 0,34** | -0,19 | 0,28** | 0,38** | 0,58** |
| PPA | -0,01 | 0,20 | 1 | 0,18 | 0,24* | 0,18 | 0,27** | -0,67** | 0,49** | 0,49** | 0,54** | -0,33** | 0,63** | 0,66** | 0,01 | -0,05 | 0,04 |
| AMI | -0,34** | 1** | 0,20 | 1 | 0,13 | 1** | 0,32** | -0,29** | 0,40** | 0,41** | 0,13 | 0,12 | 0,34** | -0,19 | 0,27** | 0,38** | 0,58** |
| PA | 0,93** | 0,01 | 0,08 | 0,01 | 1 | 0,13 | 0,98** | 0,49** | 0,30** | 0,30** | 0,23* | -0,34** | 0,17 | 0,04 | -0,24* | 0,23* | 0,08 |
| FAR | -0,34** | 1** | 0,20 | 1** | 0,01 | 1 | 0,32** | -0,29** | 0,40** | 0,41** | 0,13 | 0,12 | 0,34** | -0,19 | 0,27** | 0,38** | 0,58** |
| PF | 0,84** | 0,23* | 0,13 | 0,23* | 0,98** | 0,23* | 1 | 0,40** | 0,37** | 0,37** | 0,24* | -0,29** | 0,24* | -0,01 | -0,17 | 0,29** | 0,18 |
| IC | 0,68** | -0,39** | -0,73** | -0,39** | 0,57** | -0,39** | 0,46** | 1 | -0,30** | -0,30** | -0,30** | -0,04 | -0,46** | -0,41** | -0,30** | 0,22* | -0,08 |
| AFT | 0,09 | 0,55** | 0,55** | 0,55** | 0,31** | 0,55** | 0,44** | -0,39** | 1 | 1** | 0,31** | 0,13 | 0,52** | 0,19 | 0,12 | 0,07 | 0,21 |
| IAF | 0,09 | 0,55** | 0,56** | 0,55** | 0,32** | 0,55** | 0,44** | -0,39** | 1** | 1 | 0,31** | 0,13 | 0,52** | 0,19 | 0,12 | 0,07 | 0,21 |
| AP | 0,07 | 0,17 | 0,55** | 0,17 | 0,14 | 0,17 | 0,18 | -0,34** | 0,32** | 0,32** | 1 | -0,38** | 0,77** | 0,36** | -0,19 | 0,08 | -0,08 |
| MP | -0,50** | 0,12 | -0,39** | 0,12 | 0,47** | 0,12 | -0,42** | -0,06 | 0,13 | 0,13 | -0,09 | 1 | 0,08 | 0,49** | 0,45** | 0,03 | 0,25* |
| NMP | -0,16 | 0,46** | 0,68** | 0,46** | 0,02 | 0,46** | 0,13 | -0,58** | 0,64** | 0,64** | 0,85** | 0,05 | 1 | 0,35** | 0,06 | 0,12 | 0,16 |
| NHP | 0,02 | -0,27** | 0,73** | -0,27** | -0,11 | -0,27** | -0,18 | -0,50** | 0,19 | 0,19 | 0,36** | -0,58** | 0,39** | 1 | -0,51** | -0,15 | -0,41** |
| COR | -0,52** | 0,33** | -0,01 | 0,33** | -0,42** | 0,33** | -0,33** | -0,40** | 0,08 | 0,08 | -0,26* | 0,50** | 0,05 | -0,71** | 1 | -0,07 | 0,63** |
| DIR | 0,01 | 0,46** | -0,17 | 0,46** | 0,16 | 0,46** | 0,24* | 0,28** | 0,06 | 0,06 | -0,03 | 0,00 | 0,02 | -0,28** | -0,11 | 1 | 0,66** |
| PER | -0,32** | 0,69** | -0,03 | 0,69** | -0,09 | 0,69** | 0,05 | -0,14 | 0,18 | 0,18 | -0,20 | 0,26** | 0,09 | -0,64** | 0,62** | 0,68** | 1 |

*, ** Significativo a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste t. *, ** Significant at 5% and 1%, respectively, by the t-test.

Tabela 7. Correlações ambientais (rE) de produtividade de raízes tuberosas (PRT), massa seca de raiz (MS), produtividade de parte aérea (PPA), teor de amido (AMI), produtividade de amido (PA), teor de farinha (FAR), produtividade de farinha (PF), índice de colheita (IC), área foliar total (AFT), índice de área foliar (IAF), altura de plantas (AP), mortalidade de plantas (MP), número de manivas-sementes por planta (NMP), número de hastes por planta (NHP), comprimento de raiz (COR), diâmetro de raiz (DIR) e peso de raiz (PER) em 27 genótipos de mandioca em solos de baixa fertilidade natural. *Environmental correlations (rE) of tuber root yield (PRT), root dry mass (MS), shoot yield (PPA), starch content (AMI), starch productivity (AP), flour content flour (PF), harvest index (CI) and total leaf area (AFT), leaf area index (IAF), plant height (AP), plant mortality (MP), number of manivas-seeds per plant (NMP), number of stems per plant (NHP), root length (COR), root diameter (DIR) and root weight (PER) in 27 cassava genotypes in soils of low natural fertility.*

| | PRT | MS | PPA | AMI | PA | FAR | PF | IC | AFT | IAF | AP | MP | NMP | NHP | COR | DIR | PER |
|-----|-----|------|--------|------|--------|--------|--------|---------|--------|--------|--------|---------|--------|--------|--------|--------|--------|
| PRT | 1 | 0,19 | 0,67** | 0,19 | 0,96** | 0,19 | 0,92** | 0,30** | 0,30** | 0,30** | 0,52** | -0,28** | 0,48** | 0,38** | 0,17 | 0,40** | 0,40** |
| MS | | 1 | 0,13 | 1** | 0,42** | 1** | 0,52** | 0,09 | -0,05 | -0,05 | -0,02 | 0,11 | 0,08 | 0,03 | 0,06 | 0,14 | 0,27** |
| PPA | | | 1 | 0,13 | 0,64** | 0,13 | 0,60** | -0,41** | 0,27** | 0,27** | 0,53** | -0,05 | 0,53** | 0,42** | 0,09 | 0,34** | 0,28** |
| AMI | | | | 1 | 0,42** | 1** | 0,52** | 0,09 | -0,05 | -0,05 | -0,02 | 0,11 | 0,08 | 0,03 | 0,06 | 0,14 | 0,27** |
| PA | | | | | 1 | 0,42** | 0,99** | 0,31** | 0,28** | 0,28** | 0,46** | 0,01 | 0,45** | 0,37** | 0,19** | 0,40** | 0,44** |
| FAR | | | | | | 1 | 0,52** | 0,09 | -0,05 | -0,05 | -0,02 | 0,11 | 0,08 | 0,03 | 0,06 | 0,14 | 0,27** |
| PF | | | | | | | 1 | 0,31** | 0,26* | 0,26* | 0,43** | 0,03 | 0,42** | 0,36** | 0,19 | 0,39** | 0,46** |
| IC | | | | | | | | 1 | 0,01 | 0,01 | -0,14 | 0,06 | -0,15 | -0,07 | 0,16 | 0,03 | 0,15 |
| AFT | | | | | | | | | 1 | 1** | 0,29** | 0,13 | 0,26* | 0,23* | 0,28** | 0,08 | 0,28** |
| IAF | | | | | | | | | | 1 | 0,29** | 0,13 | 0,26* | 0,23* | 0,28** | 0,09 | 0,28** |
| AP | | | | | | | | | | | 1 | 0,27** | 0,57** | 0,25* | 0,08 | 0,45** | 0,32** |
| MP | | | | | | | | | | | | 1 | 0,18 | -0,09 | 0,20 | 0,18 | 0,22 |
| NMP | | | | | | | | | | | | | 1 | 0,25* | 0,07 | 0,36** | 0,34** |
| NHP | | | | | | | | | | | | | | 1 | 0,19 | 0,23* | 0,27** |
| COR | | | | | | | | | | | | | | | 1 | 0,04 | 0,67** |
| DIR | | | | | | | | | | | | | | | | 1 | 0,64** |
| PER | | | | | | | | | | | | | | | | | 1 |

*, ** Significativo a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste t. *, ** Significant at 5% and 1%, respectively, by the t-test.

A PRT, que é uma das principais características, apresentou correlações positivas com PA ($rP= 0,94^{**}$ e $rG= 0,93^{**}$) e PF ($rP= 0,86^{**}$ e $rG= 0,84^{**}$), pois as produtividades de farinha e amido são relacionadas com a produtividade de raízes tuberosas. A PRT também se correlacionou com IC ($rP= 0,59^{**}$ e $rG= 0,68^{**}$), pois quanto maior o peso das raízes em relação a parte aérea, maior o índice de colheita. Para Kawano *et al.* (1998), o caráter índice de colheita é importante na seleção visando produtividade de raízes tuberosas, destacando que os dois caracteres são altamente correlacionados, mas o índice de colheita apresenta maior herdabilidade do que a produção de raízes. No presente estudo, o IC apresentou a segunda maior herdabilidade (83,6%), a PRT obteve 70,6% (Tabela 4).

Valores negativos de correlações fenotípicas e genotípicas foram observados entre PRT e MP ($rP= -0,39^{**}$ e $rG= -0,50^{**}$), indicando que a diminuição do estande, resultante da maior mortalidade de plantas, com diminuição da produtividade de raízes tuberosas, o que não é interessante para a cultura. Foi observado também correlações negativas entre PRT e COR ($rP= -0,35^{**}$ e $rG= -0,52^{**}$), porém, a PRT não apresentou correlações fenotípica e genotípica com DIR. Estes resultados diferiram dos observados por Barreto e Resende (2010), que encontraram correlação positiva entre produção de raízes comerciais com diâmetro e comprimento de raízes.

Considerando apenas as correlações genotípicas, a PRT obteve mais características que apresentaram correlações com significância, com destaque para MS ($rG= -0,34^{**}$), que juntamente com AMI ($rG= -0,34^{**}$), FAR ($rG= -0,34^{**}$) e também COR ($rG= -0,52^{**}$) e PER ($rG= -0,32^{**}$) apresentaram valores negativos, o que indica que essas variáveis são influenciadas pelas condições genéticas. Os genótipos que formaram raízes curtas, pesadas e com menor teor de massa seca, apresentaram maiores produtividades.

Para produtividade de raízes tuberosas (PRT), as correlações fenotípicas e genotípicas apresentaram os mesmos sinais considerando a maioria dos traços, exceto para PPA ($rP= 0,17$ e $rG= -0,01$), NMP ($rP= 0,04$ e $rG= -0,16$) e PER ($rP= 0,12$ e $rG= -0,32^{**}$), que apresentaram sinais diferentes. Analisando massa seca de raiz (MS), as correlações fenotípicas e genotípicas apresentaram valores similares e com o mesmo sinal considerando todos os traços avaliados, diferindo apenas que PRT ($rP= -0,19$ e $rG= -0,34^{**}$) e NHP ($rP= -0,19$ e $rG= -0,27^{**}$) apresentaram correlação genotípica e não apresentaram correlação fenotípica

Segundo Lopes *et al.* (2002), existe uma tendência entre os melhoristas de plantas de se valorizar mais o sinal, positivo ou negativo e também a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações. Segundo estes autores, um critério comum é valorizar as estimativas abaixo de -0,5 e acima de 0,5. Observa-se na Tabela 6 que as correlações genotípicas de MS apresentaram valores maiores que 0,5 com PER ($rG= 0,69^{**}$), indicando que o peso das raízes tem forte correlação com seu respectivo teor de massa de seca, e também com traços relacionadas a quantidade de folhas, AFT ($rG= 0,55^{**}$) e IAF ($rG= 0,55^{**}$). Estes resultados apontam que os genótipos que apresentam maior retenção foliar, com menor abscisão das folhas no período de repouso fisiológico, acumulam maior massa seca em suas raízes, característica essa de grande interesse para o cultivo da mandioca.

Os dados corroboram com outros estudos que também apresentaram correlações positivas entre massa seca e características relacionadas à área foliar (NTAWURUHUNGA;

DIXON, 2010; LENIS *et al.*, 2006). Lenis *et al.* (2006) destacam a importância do aumento da longevidade das folhas ou retenção foliar, os autores concluem que a falta de correlações genéticas negativas entre a retenção foliar e os traços agronômicos úteis, juntamente com a correlação genética relativamente alta para o rendimento das raízes e a alta herdabilidade para a retenção foliar, indicam que deve ser relativamente fácil e vantajosa incorporar essa característica em programas de seleção direcionados para o aumento de rendimento de raízes.

Neste estudo, em geral, as correlações genótípicas foram mais fortes que as fenotípicas. Considerando a área foliar total (AFT), esta característica apresentou correlações genótípicas positivas com características de interesse para a cultura. Apesar de ter apresentado correlação genotípica muito fraca com PRT ($r_G = 0,09$), a AFT mostrou correlações significativas com MS ($r_G = 0,55^{**}$) e traços relacionados a ela, como AMI ($r_G = 0,55^{**}$), PA ($r_G = 0,31^{**}$), FAR ($r_G = 0,55^{**}$) e PF ($r_G = 0,44^{**}$), e também com traços relacionados com a parte aérea, como PPA ($r_G = 0,55^{**}$) e NMP ($r_G = 0,64^{**}$), todos estes de interesse econômico para a mandioca. Assim, a área foliar total pode ser um indicativo para seleção indireta com intuito de selecionar genótipos com características agronômicas de grande importância e interesse para a cultura, visto também que AFT apresentou alta herdabilidade, com valor de 75,8% e alto ganho genético, com valor de 45,9%, além de ser uma característica de fácil mensuração, podendo com isso ser direcionado para programas de seleção do melhoramento genético da mandioca, neste caso, considerando solos com baixa fertilidade natural.

Observa-se na Tabela 7 que as correlações ambientais apresentaram elevado número de correlações entre as características avaliadas, alguns apresentando diferenças consideráveis aos observados com suas respectivas correlações genótípicas. Para PRT, as características que apresentaram sinais diferentes entre correlações genótípicas e ambientais foram a MS ($r_G = -0,34^{**}$ e $r_E = 0,19$), AMI ($r_G = -0,34^{**}$ e $r_E = 0,19$), FAR ($r_G = -0,34^{**}$ e $r_E = 0,19$), NMP ($r_G = -0,16$ e $r_E = 0,48^{**}$), COR ($r_G = -0,52^{**}$ e $r_E = 0,17$), com destaque para PER ($r_G = -0,32^{**}$ e $r_E = 0,40^{**}$), que foi o único que apresentou significância com sinais diferentes em ambas correlações e a PPA ($r_G = -0,01$ e $r_E = 0,67^{**}$), que apresentou uma correlação ambiental muito mais forte que a genotípica, indicando ser uma correlação altamente influenciável pelo ambiente.

Para MS, as correlações genótípicas e ambientais que apresentaram sinais diferentes, além da PRT citado anteriormente, foram o IC ($r_G = -0,39^{**}$ e $r_E = 0,09$), AFT ($r_G = 0,55^{**}$ e $r_E = -0,05$), IAF ($r_G = 0,55^{**}$ e $r_E = -0,05$), AP ($r_G = 0,17$ e $r_E = -0,02$) e NHP ($r_G = -0,27^{**}$ e $r_E = 0,03$). Segundo Almeida *et al.* (2010), as correlações ambientais entre os caracteres com diferenças em magnitude e sinal, em relação às respectivas correlações genótípicas, revela que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro e que as causas de variação genética e ambiental apresentam diferentes mecanismos fisiológicos, dificultando assim, a seleção indireta.

Os resultados obtidos neste trabalho fornecem subsídios para futuros programas de melhoramento genético da mandioca em solos de baixa fertilidade natural, que é encontrado em grande parte da região semiárida, inclusive onde o trabalho foi desenvolvido, que é quase exclusivamente composta por pequenos agricultores familiares que fazem o cultivo da

mandioca sem utilização de insumos agrícolas e que necessitam de germoplasma mais tolerante e produtivo para seus cultivos.

CONCLUSÕES

Os genótipos de mandioca cultivados em solos de baixa fertilidade natural apresentaram o coeficiente de variação genotípica maior que o coeficiente de variação ambiental, indicando ser promissor o uso de seleção.

Foi detectada ampla variabilidade genética, sendo que todas as características apresentaram alta herdabilidade e a maioria delas demonstraram alto ganho genético, o que é de interesse para programas de melhoramento genético.

A área foliar total pode ser utilizada para seleção indireta em solos de baixa fertilidade natural, devido a sua fácil mensuração e alta correlação apresentada com características de interesse agrônomo.

AGRADECIMENTOS

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), à Fundação Banco do Brasil, à Embrapa Mandioca e Fruticultura e à Cooperativa Mista Agropecuária dos Pequenos Agricultores do Sudoeste da Bahia (COOPASUB).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p.95-99, 2010. Disponível em: <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7044/4670>. Acesso em: 06 nov. 2018.

AL-TABBAL, J. A.; AL-FRAIHAT, A. H. Genetic variation, heritability, phenotypic and genotypic correlation studies for yield and yield components in promising barley genotypes. **Journal of Agricultural Science**, Toronto, v. 4, n. 3, p.193-210, 2011. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5539/jas.v4n3p193>. Acesso em: 06 nov. 2018.

ATTA, B. M., HAQ, M. A.; SHAH, T. M. Variation and inter relationships of quantitative traits in chickpea (*Cicer arietinum* L.). **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v. 40, n. 2, p.637-647, 2008. Disponível em: [http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/40\(2\)/PJB40\(2\)637.pdf](http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/40(2)/PJB40(2)637.pdf). Acesso em: 06 nov. 2018.

AKINWALE, M. G.; AKINYELE, B. O.; DIXON, A. G. O.; ODIYI, A. C. Genetic variability among forty-three cassava genotypes in three agro-ecological zones of Nigeria. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**. v. 2, n. 5, p.104-109, 2010. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/265998038_Genetic_variability_among_forty-

three_cassava_genotypes_in_three_agro-ecological_zones_of_Nigeria>. Acesso em: 10 nov. 2018.

BARRETO, J. F.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genotípica de acessos de mandioca no Amazonas e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 35, n. 2, p.131-136, 2010. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/40761/1/Amazon-Journal-1.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2018.

BOAKYE, P. B.; KWADWO, O.; PARKES, E. Y. Genetic variability of three cassava traits across three locations in Ghana. **African Journal of Plant Science**, v. 7, n. 7, p.265-267, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.5897/AJPS12.058>. Acesso em: 06 nov. 2018.

CARDOSO, E. M. R.; FARIAS NETO, J. T. Diversidade genética entre acessos de mandioca avaliados a partir de caracteres morfoagronômicos. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, n. 39, p.109-121, 2003. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/147617/1/2290-8979-1-PB.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2018.

CARVALHO, F. M.; VIANA, A. E. S.; CARDOSO, C. E. L.; MATSUMOTO, S. N.; GOMES, I. R. Sistemas de produção de mandioca em treze municípios da região Sudoeste da Bahia. **Bragantia**, Campinas v. 68, n. 3, p.699-702, 2009. Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/brag/v68n3/a17v68n3.pdf>. Acesso em: 06 nov. 2018.

CAVALCANTE, N. A planta. In: EMBRAPA. **Mandioca: o pão do Brasil**. Brasília: Embrapa, 2005. cap. 1, p.11-64.

COCK, J. H.; FRANKLIN, D.; SANDOVAL, G.; JURI, P. The ideal cassava plant for maximum yield. **Crop Science**, Madison, v. 19, p.265-272, 1979. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1979.0011183X001900020025x>. Acesso em: 06 nov. 2018.

CONCEIÇÃO, A. J. **A Mandioca**. São Paulo: Ed. Nobel, 1983. 382 p.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, n. 3, p.271-276, 2013. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>. Acesso em: 06 nov. 2018.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480 p.

EL-SHARKAWY, M. A. Stress-Tolerant Cassava: The Role of Integrative Ecophysiology-Breeding Research in Crop Improvement. **Open Journal of Soil Science**, v. 2, n. 2, p.162-186, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4236/ojss.2012.22022>. Acesso em: 22 jul. 2019.

ESPITIA, M.; MURILLO, O.; CASTILLO, C.; ARAMÉNDIZ, H.; PATERNINA, N. Ganancia genética esperada en la selección de acacia (*Acacia mangium* Willd.) en Córdoba (Colombia). **Revista U.D.C.A Actualidad y Divulgación Científica**, Bogotá, v. 13, n. 2, p.99-107, 2010. Disponível em: <http://www.scielo.org.co/pdf/rudca/v13n2/v13n2a12.pdf>. Acesso em: 06 nov. 2018.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. 279 p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION - FAO. **Faostat Database Gateway**. Roma, 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 06 nov. 2018.

FUKUDA, W. M.; CALDAS, R. C. Relação entre os conteúdos de amido e farinha em mandioca. **Revista brasileira de mandioca**, Cruz das Almas, v. 6, n. 2, p.57-63, 1987.

FUKUDA, W. M. G.; SILVA, S. O. Melhoramento de mandioca no Brasil. *In*: CEREDA, M. P. (Ed). **Culturas Tuberosas Amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargill, 2002. v. 2, p. 242-255.

GROSSMANN, J.; FREITAS, A. C. Determinação do teor de matéria seca pelo peso específico em raízes de mandioca. **Revista Agronômica**, Porto Alegre, v. 14, n. 160-162, p.75-80, 1950.

GUIMARÃES, D. G.; VIANA, A. E. S.; MUNIZ, W. F.; CARDOSO, A. D.; GOMES, I. R.; FERNANDES, E. T.; MAGALHÃES, G. C.; ANJOS, D. N.; FOGAÇA, J. J. N. L. Avaliação de variedades de mandioca em Vitória da Conquista – BA. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, Botucatu, v. 5, p.235-239, 2009a.

GUIMARÃES, D. G.; MUNIZ, W. F.; MOREIRA, E. de S.; VIANA, A. E. S.; CARDOSO, C. E. L.; CARDOSO, A. D.; GOMES, I. R.; FERNANDES, E. T.; ANJOS, D. N. dos. Avaliação da qualidade de raízes de mandioca na região Sudoeste da Bahia. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, Botucatu, v. 5, p.224-229, 2009b.

HOWELER, R.; LUTALADIO, N; THOMAS, G. **Save and grow: cassava: a guide to sustainable production intensification**. Roma: Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2013. 129 p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Sistema IBGE de Recuperação Automática – SIDRA**. Rio de Janeiro, 2018. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/6615>. Acesso em: 06 nov. 2018.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. Estimation of genetic and environmental variability in soybeans. **Agronomy Journal**, Madison, v. 47, p.314–318, 1955.

KAWANO, K.; NARINTARNAPORN, K.; SARA KARN, S.; LIMSILA, A. Yield improvement in a multistage breeding program for cassava. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 2, p.325-332, 1998. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1998.0011183X003800020007x>. Acesso em 06 nov. 2018.

LOPES, Â. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p.341-348, 2002. Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/sa/v59n2/8931.pdf>. Acesso em: 06 nov. 2018.

LENIS, J. I.; CALLE, F.; JARAMILO, G.; PEREZ, J. C.; VEBALLOS, H.; COCK, J. H. Leaf retention and cassava productivity. **Field Crops Research**, Netherlands, v. 95, n. 2-3, p.126-

134, 2006. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2005.02.007>. Acesso em: 06 nov. 2018.

MENEZES, R. S. C.; SAMPAIO, E. V. S. B.; GIONGO, V.; PÉREZ-MARIN, A. M. Biogeochemical cycling in terrestrial ecosystems of the Caatinga Biome. **Brazilian Journal of Biology**, v. 72, n. 3, p.643-653, 2012. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S1519-69842012000400004>. Acesso em: 21 jul. 2019.

NTAWURUHUNGA, P.; DIXON, A. G. O. Quantitative variation and interrelationship between factors influencing cassava yield. **Journal of Applied Biosciences**, Ruiru, v. 26, p.1594-1602, 2010.

OLIVEIRA, E. J.; SANTANA, F. A.; OLIVEIRA, L. A.; SANTOS, V. S. Genetic parameters and prediction of genotypic values for root quality traits in cassava using REML/BLUP. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 3, p. 6683-6700, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4238/2014.August.28.13>. Acesso em: 06 nov. 2018.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicação ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271 p.

RAMOS, P. A. S. **Caracterização morfológica e produtiva de nove variedades de mandioca cultivadas no Sudoeste da Bahia**. 2007. 50 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2007. Disponível em: <http://www.locus.ufv.br/bitstream/handle/123456789/4647/texto%20completo.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. Acesso em: 10 nov. 2018.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

SANTANA, M. D. **Epidemiologia comparativa da mancha parda e queima das folhas da mandioca**. 2018. 43 f. Dissertação (Mestrado em Produção Agrícola) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Garanhuns, 2018.

SUPERINTENDÊNCIA DE ESTUDOS ECONÔMICOS E SOCIAIS DA BAHIA - SEI. **Estatísticas dos Municípios Baianos: Território de Identidade Vitória da Conquista**. Salvador, 2013. Disponível em: https://www.sei.ba.gov.br/index.php?option=com_content&view=article&id=2441&Itemid=284. Acesso em: 10 nov. 2018.

SILVA, F. A. S.; AZEVEDO C. A. V. The Assistat Software Version 7.7 and its use in the analysis of experimental data. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 39, p.3733-3740, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11522>. Acesso em: 06 nov. 2018.

SHUKLA, S.; BHARGAVA, A.; CHATTERJEE, A.; SRIVASTAVA, A.; SINGH, S. P. Genotypic variability in vegetable amaranth (*Amaranthus tricolor* L.) for foliage yield and its contributing traits over successive cuttings and years. **Euphytica**, Dordrecht, v. 151, n. 1, p.103-110, 2006. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10681-006-9134-3>. Acesso em: 06 nov. 2018.