



Revista Brasileira de Ciências Agrárias

ISSN: 1981-1160

editorgeral@agraria.pro.br

Universidade Federal Rural de Pernambuco

Brasil

Vieira, Eduardo A.; F. Fialho, Josefino de; Faleiro, Fábio G.; Bellon, Graciele; Fonseca, Kenia G. da;  
Silva, Marilia S.

Caracterização molecular de acessos de mandioca de mesa adaptados ao Cerrado do Brasil Central

Revista Brasileira de Ciências Agrárias, vol. 5, núm. 2, abril-junio, 2010, pp. 219-224

Universidade Federal Rural de Pernambuco

Pernambuco, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=119016982011>

- ▶ Como citar este artigo
- ▶ Número completo
- ▶ Mais artigos
- ▶ Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe , Espanha e Portugal  
Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

**AGRÁRIA****Revista Brasileira de Ciências Agrárias**

ISSN (on-line): 1981-0997; (impresso): 1981-1160  
v.5, n.2, p.219-224, abr.-jun., 2010  
Recife - PE, Brasil, UFRPE. [www.agaria.ufpe.br](http://www.agaria.ufpe.br)  
DOI: 10.5039/agaria.v5i2a801  
Protocolo 801 - 26/01/2010 • Aprovado em 10/03/2010

**Eduardo A. Vieira<sup>1,2</sup>****Josefino de F. Fialho<sup>1</sup>****Fábio G. Faleiro<sup>1,2</sup>****Graciele Bellon<sup>1</sup>****Kenia G. da Fonseca<sup>1</sup>****Marilia S. Silva<sup>1</sup>**

# Caracterização molecular de acessos de mandioca de mesa adaptados ao Cerrado do Brasil Central

## RESUMO

O objetivo do trabalho foi caracterizar por meio de marcadores RAPD, a variabilidade genética de 23 acessos de mandioca de mesa conservados no Banco Regional de Germoplasma de Mandioca do Cerrado (BGMC). Os acessos analisados foram duas variedades recomendadas para o cultivo na região do Cerrado BGMC 982 e BGMC 753 e 21 variedades locais selecionadas em razão de apresentarem baixos teores de HCN nas raízes (inferiores a 100 ppm) e adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. Em laboratório, os acessos foram avaliados por meio de 11 iniciadores RAPD, sendo posteriormente estimada a matriz de similaridade genética entre os acessos, por meio do coeficiente de Jaccard. Os iniciadores geraram 120 marcadores RAPD, dos quais 60% foram polimórficos. Dentre os acessos estudados, apenas os do grupo Taquara Amarela (BGMC 1289, BGMC 1290, BGMC 1291 e BGMC 1292) evidenciaram similaridade genética elevada. Os demais acessos não apresentaram tendência de agrupamento de forma hierárquica, ou seja, em grupos que evidenciam similaridade dentro dos grupos e divergência entre grupos. Não foi observada também tendência de agrupamento dos acessos em função do local de procedência/coleta dos acessos. O estudo revelou a eficiência dos marcadores RAPD na determinação da variabilidade genética entre acessos de mandioca de mesa e que no grupo de acessos avaliados existe elevada variabilidade genética passível de ser utilizada no melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta* Crantz, recursos genéticos, melhoramento genético, aipim

## Molecular characterization of sweet cassava accessions adapted to the Brazil Central Cerrado

## ABSTRACT

The aim of the present work was to characterize, via RAPD markers, the genetic variability of 23 sweet cassava accessions conserved in the Cerrado Cassava Regional Germoplasm Bank ("Banco Regional de Germoplasma de Mandioca do Cerrado"-BGMC). The analyzed accessions were two varieties recommended for cultivation within the Cerrado Region, BGMC 982 and BGMC 753, and 21 landraces selected for presenting low contents of HCN in the roots (lower than 100 ppm) and for adaptation to the Brazil Central Cerrado conditions. Under laboratory conditions, the accessions were evaluated by using 11 RAPD primers, the matrix of similarity among the accessions being estimated afterwards, by using the Jaccard index. The primers generated 120 RAPD markers, among which 60% were polymorphic. Among the studied accessions, solely the group "Taquara Amarela" (BGMC 1289, BGMC 1290, BGMC 1291 and BGMC 1292) displayed high genetic similarity. The other accessions did not present tendency of grouping in hierachic manner, i.e. in clusters that display similarity within the groups and divergence among groups. Neither any tendency of grouping of accessions in function of origin place/accession collection was observed. The study revealed the efficiency RAPD markers in the determination of genetic variability among sweet cassava accessions and that within the group of evaluated accessions there is high genetic variability which may be used in genetic breeding.

**Key words:** *Manihot esculenta* Crantz, genetic resources, plant breeding, cassava

<sup>1</sup> Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, CEP 73010-970, Planaltina - DF, Brasil. Fone: (61) 3388-9898.  
E-mail: vieiraea@cpac.embrapa.br,  
josefino@cpac.embrapa.br,  
ffaleiro@cpac.embrapa.br, fonscakg@hotmail.com,  
gracibellon@yahoo.com.br,  
marilia@cpac.embrapa.br

<sup>2</sup> Bolsista de produtividade em pesquisa do CNPq

## INTRODUÇÃO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), arbusto perene cujo centro de origem e de diversidade é o Brasil (Olseen, 2004), é cultivada principalmente em países tropicais, em desenvolvimento, em função de suas raízes tuberosas ricas em amido (El-Sharkawy, 2003). No Brasil a cultura é um dos principais produtos da agricultura familiar e apresenta papel relevante na alimentação da população, quer seja por meio do consumo de raízes processadas (farinha, fécula, entre outros) ou pelo consumo *in natura* (cozido, frito, entre outros) (Borges et al., 2002; Fukuda et al., 2006).

Os acessos de mandioca são classificados em mansos ou bravos, em função do conteúdo de ácido cianídrico (HCN) em suas raízes. Esse ácido é uma substância tóxica resultante da hidrólise de um glicosídeo cianogênico, que, quando consumida em altos níveis, é capaz de causar intoxicações (El-Sharkawy, 2003). A mandioca mansa, também conhecida como mandioca de mesa, aipim ou macaxeira, se diferencia da mandioca denominada brava, por apresentar teores de HCN nas raízes inferiores a 100 ppm. Assim, se destinam ao consumo humano *in natura* ou às indústrias de transformação (principalmente farinha e fécula), enquanto que as mandiocas bravas necessariamente devem passar por algum processo para eliminação do excesso do HCN, como ocorre nas indústrias de farinha e fécula (Bolhuis et al., 1954).

No Brasil, em especial na região do Distrito Federal e Entorno, o cultivo de variedades de mandioca de mesa (comercialização *in natura*) apresenta potencial de expansão, uma vez que o mercado consumidor é crescente, a rentabilidade é alta e os produtores têm tradição com a produção de mandioca (Aguiar et al., 2005). O problema reside no fato de parte da produção estar baseada em variedades tradicionais, que não passaram por melhoramento genético e, portanto, não apresentam potencial produtivo elevado nem boas qualidades culinárias (Borges et al., 2002; Vieira et al., 2009). Portanto, é necessária a realização de melhoramento genético visando à seleção de constituições genéticas específicas para o consumo *in natura*. Entretanto, para tal, é necessário conhecimento a cerca da variabilidade genética existente entre os acessos que poderão ser utilizados como genitores, o que facilitará sobremaneira a conservação e a utilização do germoplasma disponível.

Marcadores moleculares vêm sendo utilizados com elevada frequência na estimativa da variabilidade genética em mandioca (Zacarias et al., 2004; Ferreira et al., 2008, Vieira et al., 2008a), uma vez que estes apresentam ampla capacidade de acessar as informações contidas no genoma. Em mandioca, também vêm sendo utilizados caracteres fenotípicos na caracterização de acessos de mandioca (Nick et al., 2008; Vieira et al., 2008a; Albuquerque et al., 2009). Em relação aos caracteres fenotípicos, os marcadores moleculares apresentam a vantagem de não sofrerem influência do ambiente e de exibirem grande capacidade de detecção de variabilidade genética, porém

apresentam a desvantagem de acessarem o genoma como um todo e não somente as regiões responsáveis pela manifestação dos caracteres de interesse. Dentre as diversas técnicas de marcadores moleculares, o RAPD (polimorfismo de DNA amplificado ao acaso) merece destaque, pelo baixo custo, pela rápida e fácil execução e pelo fato de não exigir a síntese de iniciadores específicos.

Neste trabalho, objetivou-se caracterizar, por meio de marcadores RAPD, a variabilidade genética de 23 acessos de mandioca de mesa conservados no Banco Regional de Germoplasma de Mandioca do Cerrado (BGMC).

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados 23 acessos de mandioca de mesa mantidos no Banco Regional de Germoplasma de Mandioca do Cerrado (BGMC) (Tabela 1), sendo duas variedades recomendadas para o cultivo na região do Cerrado BGMC 982 e BGMC 753 (Vieira et al., 2008a; Fialho et al., 2009) e 21 variedades locais selecionadas em razão de apresentarem baixos teores de HCN nas raízes (inferiores a 100 ppm) e adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central (Vieira et al., 2008b).

**Tabela 1.** Acessos de mandioca de mesa analisados com respectivos nomes comuns e local de coleta/procedência (LCP)

Acessos	Nome comum	LCP
BGMC 982	Iapar 19/Pioneira	IAPAR – Londrina (PR)
BGMC 753	IAC 756-70/Japonesinha	IAC – Campinas (SP) <sup>a</sup>
BGMC 1289	Taquara Amarela	Planaltina (DF)
BGMC 1290	Taquara Amarela 1	Planaltina (DF)
BGMC 1291	Taquara Amarela 2	Planaltina (DF)
BGMC 1292	Taquara Amarela 3	Planaltina (DF)
BGMC 1266	Flores de Goiás	Flores de Goiás (GO)
BGMC 34	Mantiqueira	IAC – Campinas (SP) <sup>a</sup>
BGMC 751	Japonesa	Planaltina (DF)
BGMC 1246	Americana	Brazlândia (GO)
BGMC 764	Não possui denominação	Sobradinho (DF)
BGMC 1254	Buriti	Planaltina (DF)
BGMC 1096	Não possui denominação	IAC – Campinas (SP) <sup>a</sup>
BGMC 1341	Pioneira diferente	Unai (MG)
BGMC 962	Vassourinha	Morrosinhos (GO)
BGMC 1250	Branca de Unaí	Unaí (MG)
BGMC 1189	Água morna	Procedência desconhecida
BGMC 1196	Não possui denominação	Procedência desconhecida
BGMC 1277	Não possui denominação	Palmas (TO)
BGMC 1132	Cacau	Planaltina (DF)
BGMC 1268	Clara de Ovo	Planaltina (DF)
BGMC 1257	Cacau Dourada	Unaí (MG)
BGMC 768	Não possui denominação	Luziânia (GO)

<sup>a</sup> Programa de melhoramento genético de mandioca do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), baseado em Campinas (SP)

Os marcadores RAPD foram obtidos a partir de amostras de DNA extraídas de folhas em estágio intermediário de maturação, por meio do método do CTAB, com pequenas modificações (Faleiro et al., 2003). As reações de amplificação ocorreram em um volume final de 13  $\mu$ L contendo: Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), KCl 50 mM, MgCl<sub>2</sub> 3 mM, 0,1 mM de cada um dos

desoxirribonucleotídos (dATP, dTTP, dGTP e dCTP), 0,4 iM de um iniciador (Operon Technologies Inc., Alameda, CA, EUA), uma unidade da enzima Taq polimerase (invitrogen) e 15 ng de DNA. Para obtenção dos marcadores RAPD foram utilizados 11 iniciadores decâmeros: OPD (02), OPE (12), OPF (08), OPG (05, 08, 09, 15 e 16), OPH (4, 13 e 15). O ciclo de amplificação foi realizado em um termociclador (MJ Research, Inc.) programado para 40 ciclos, cada um constituído pela seguintes etapas: desnaturação (15 segundos a 94°C), anelamento (30 segundos a 35°C) e extensão (90 segundos a 72°C). Ao final foi realizado um ciclo extensão de 6 minutos a 72°C, e posteriormente, a temperatura foi reduzida para 4°C. Após a amplificação, foram adicionadas, a cada amostra, 3 µl de tampão de amostra (azul de bromofenol (0,25%) e glicerol (60%) em água. Essas amostras foram aplicadas em gel de agarose (1,2%), corado com brometo de etídio, submerso em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM). Os produtos amplificados foram separados eletroforeticamente e fotografados sob luz ultravioleta.

Os amplicons foram classificados em presença (1) e ausência (0) de bandas e convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foi estimado: i) o conteúdo de informação de polimorfismo (CIP) de cada marcador de cada iniciador, por meio da fórmula  $CIP = 2f_i(1-f_i)$ , onde  $f_i$  é a freqüência de presença de banda (1),  $(1-f_i)$  é a freqüência de ausência de banda (0), e posteriormente foi estimado o CIP médio de que cada iniciador por meio da média aritmética do CIPs obtidos; ii) o índice do marcador (IM) calculado para cada iniciador por meio da fórmula  $IM = PIC \times npb$ , onde  $npb$  é o número de bandas polimórficas (Powell et al., 1996); e iii) a similaridade genética entre os acessos, por meio do coeficiente de Jaccard (Jaccard, 1908), conforme a equação:  $S_{ij} = N_{ij} / (N_{ij} + N_i + N_j)$ ; onde:  $N_{ij}$  = número de bandas presentes em ambos os acessos  $i$  e  $j$ ;  $N_i$  = o número de bandas presentes no acesso  $i$ , e  $N_j$  = o número de bandas presentes no acesso  $j$ .

Com base na matriz de similaridade foi construído um dendrograma, por meio do método de agrupamento da distância média (UPGMA). O ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ), conforme Sokal & Rohlf (1962), por meio do programa computacional NTSYS pc 2.1 (Rohlf, 2000). A estabilidade dos agrupamentos foi computada por meio da análise de *Bootstraping* com 500 replicações por meio do programa Genes (Cruz, 2001).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de 23 acessos de mandioca de mesa por meio de 11 iniciadores gerou um total de 120 marcadores RAPD, dos quais 72 (60%) foram polimórficos, evidenciando a existência de elevada variabilidade genética entre os acessos de mandioca de mesa analisados e a eficiência da técnica de RAPD na quantificação da variabilidade presente, como já havia sido relatado por Zacarias et al., 2004; Ferreira et al., 2008 e Vieira et al., 2008a. A existência de elevada variabilidade genética no grupo de acessos estudados era esperada, uma vez que

foram analisados acessos de diferentes origens e níveis de melhoramento, todos oriundos do Brasil que é o centro de diversidade da espécie (Olsen, 2004).

Dentre os iniciadores utilizados, os que evidenciaram mais bandas polimórficas (BP), maiores conteúdos de informação de polimorfismo (CIP) e maiores informações de polimorfismo (MI), foram OPF-08, OPG-15 e OPG-09, com respectivamente 16, 13 e 11 (BP); 0,24, 0,26 e 0,28 (CIP); e 3,84, 3,38 e 3,08 (MI) (Tabela 2). Por outro lado, os iniciadores que revelaram menos bandas polimórficas (BP), menores conteúdos de informação de polimorfismo (CIP) e menores informações de polimorfismo (MI), foram OPH-13 e OPH-04, com respectivamente 0 e 1 (BP), 0 e 0,05 (CIP), e 0 e 0,05 (MI) (Tabela 2).

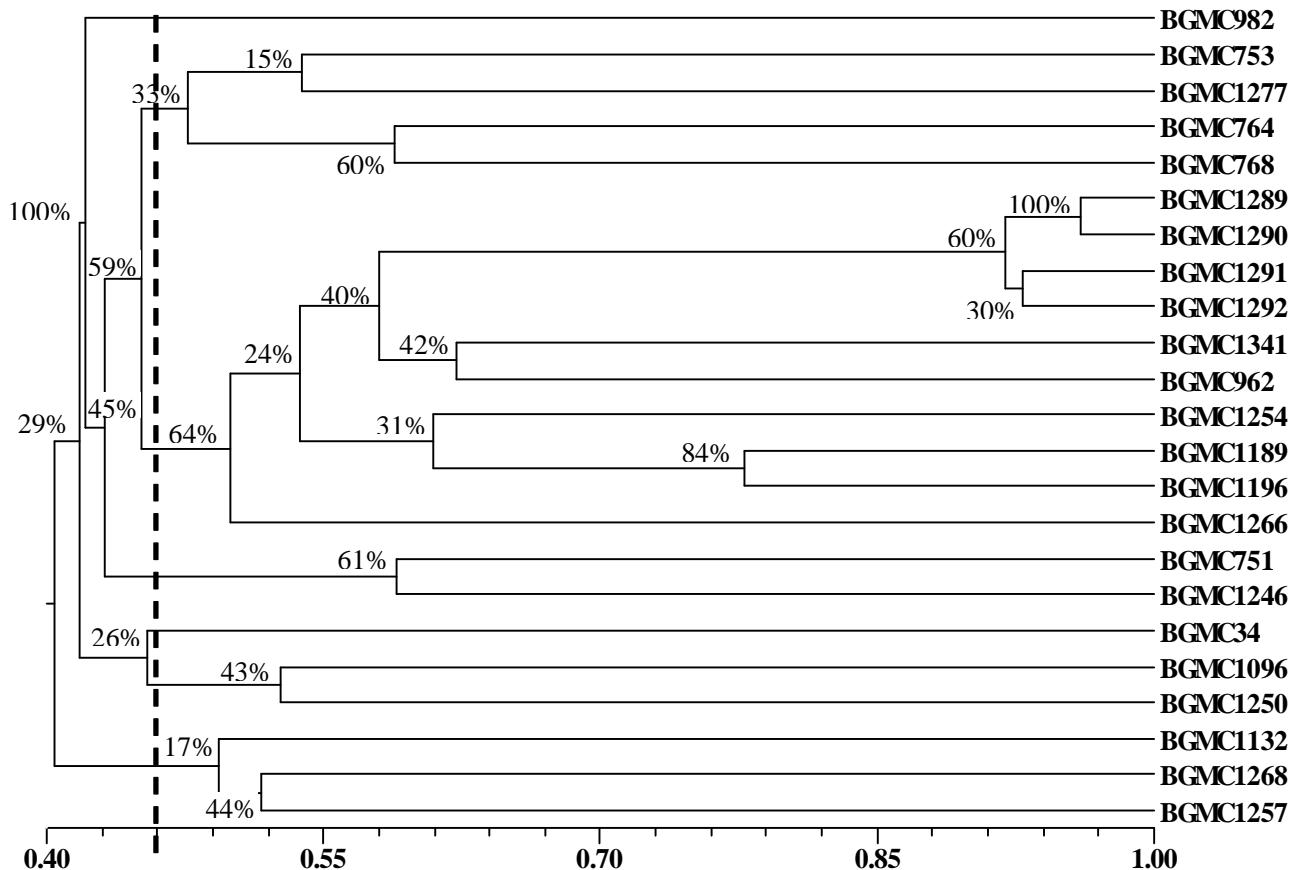
**Tabela 2.** Iniciadores utilizados para obtenção dos marcadores RAPD, respectivo número de bandas polimórficas (BP), número de bandas monomórficas (BM), conteúdo de informação de polimorfismo (CIP) e índice do marcador (IM)

**Table 2.** Primers used to obtain the RAPD primers, corresponding number of the polymorphic bands ("bandas polimórficas"-BP), number of monomorphic bands ("bandas monomórficas"-BM), polymorphism information contents ("conteúdo de informação de polimorfismo-CIP) and marker index ("índice do marcador-IM)

Iniciadores	Seqüência - 5' → 3'	BP	BM	CIP	IM
OPD-02	GGACCCAACC	4	3	0,16	0,64
OPE-12	TTATCGCCCC	8	4	0,17	1,36
OPF-08	GGGATATCGG	16	1	0,24	3,84
OPG-05	CTAGAGACGGA	4	7	0,12	0,48
OPG-08	TCACGTCCAC	7	4	0,17	1,19
OPG-09	CTGACGTCAC	11	3	0,28	3,08
OPG-15	ACTGGGACTC	13	4	0,26	3,38
OPG-16	AGCGTCTCC	4	4	0,11	0,44
OPH-04	GGAAGTCGCC	1	7	0,05	0,05
OPH-13	GACGCCACAC	0	5	0,00	0,00
OPH-15	AATGGCGCAG	4	6	0,06	0,24
<b>TOTAL</b>		<b>72</b>	<b>48</b>	<b>0,15</b>	<b>1,34</b>

A similaridade genética evidenciou que os acessos mais próximos geneticamente foram BGMC 1289 e BGMC 1290, ambas as variedades locais coletadas em Planaltina (DF) e pertencentes ao grupo popularmente conhecido na região como Taquara Amarela, e que os menos similares foram os acessos BGMC 1268 e BGMC 751, também procedentes de Planaltina (DF) (Figura 1).

A análise da Figura 1 revelou a formação de apenas um agrupamento forte, formado pelos acessos BGMC 1289, BGMC 1290, BGMC 1291 e BGMC 1292 com uma percentagem de agrupamento coincidente de 60%. Sendo que os acessos BGMC 1289 e BGMC 1290 apresentaram uma percentagem de agrupamentos coincidentes de 100%, enquanto que os acessos BGMC 1291 e BGMC 1292 apresentaram 30% de agrupamentos coincidentes, mostrando que entre os acessos do grupo Taquara Amarela existe variação na coincidência de agrupamentos, mas que esse agrupamento é forte quando comparado aos demais agrupamentos formados. A similaridade genética entre esses acessos pode ser explicada pelo fato deles pertencerem ao mesmo grupo de acessos conhecidos popularmente na região do Cerrado, como Taquara Amarela. Os acessos desse grupo expressam elevada semelhança fe-



**Figura 1.** Dendrograma resultante da análise de 23 acessos de mandioca de mesa, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, com base na matriz de similaridade genética obtida por meio do coeficiente de Jaccard utilizando-se 72 marcadores RAPD. Os valores encontrados nos grupos indicam o valor percentual de vezes que os genótipos agruparam juntos em 500 ciclos de análise de bootstrapping e a linha pontilhada representa a similaridade média. O valor do coeficiente de correlação cogenética ( $r$ ) é de 0,85

**Figure 1.** Resulting dendrogram from the analysis of 23 sweet cassava accessions, through the clustering method of UPGMA, based in the genetic similarity matrix obtained through the Jaccard coefficient, by using 72 RAPD markers. The values found in each group indicate the percentual value of times that the genotypes clustered together in 500 cycles of bootstrapping analyses and the dotted line represents the average similarity. The cophenetic correlation coefficient value ( $r$ ) is 0,85

notípica e elevado potencial de produtividade e qualidade de raízes para o consumo humano *in natura*, porém, como demonstrado nesse trabalho apresentam diferenças genéticas em nível de DNA. Do ponto de vista prático, esse resultado evidencia que esses genótipos podem apresentar diferenças em características agronômicas que podem vir a ser úteis para o melhoramento genético e até mesmo para a recomendação de algum desses acessos como nova variedade de mandioca de mesa para a região do Cerrado do Brasil Central. O coeficiente de correlação cogenética do dendrograma ( $r= 0,85$ ) revelou elevado ajuste entre a representação gráfica da similaridade genética e a matriz de similaridade original, o que justifica que sejam realizadas inferências por meio da avaliação visual da Figura 1.

A elevada variabilidade genética em nível de DNA detectada aponta para a possibilidade de também haver variação quanto ao potencial agronômico no grupo de acessos de mesa avaliados, e que essa variação pode ser utilizada no melhora-

mento genético de mandioca visando ao desenvolvimento de variedades adaptadas às condições de Cerrado.

A existência de elevada variabilidade genética em mandioca pode ser explicada pelo fato da espécie ser alógama (El-Sharkawy, 2003), o que permite que constantemente sejam geradas novas combinações genéticas que são inicialmente propagadas por sementes e que posteriormente são propagadas vegetativamente como uma nova variedade ou incorporados a uma variedade já cultivada em função do interesse do produtor (Ceballos et al., 2004; Duputié et al., 2009). dessa forma, a fecundação cruzada possibilita uma adaptação a longo prazo às mudanças ambientais (macro temporal) por meio da constante geração de variabilidade genética e a propagação vegetativa possibilita uma adaptação rápida às condições ambientais (micro temporal) por meio da clonagem de genótipos superiores. Imaginando-se um cenário em que a cultura da mandioca é cultivada a mais de 500 anos no Brasil, que atualmente é cultivada de norte a sul do país e que os pequenos produtores têm por hábito o cultivo de mais de uma

variedade simultaneamente, é possível imaginar o grande número de novas combinações geradas anualmente e que são selecionadas e incorporadas aos sistemas de produção conscientemente ou inconscientemente pelos produtores. Paralelo a esse fato, temos um grande fluxo gênico por meio de uma constante troca de materiais genéticos entre produtores (Colombo et al., 2000; Faraldo et al., 2000).

Em relação à recomendação de cruzamentos para fins de melhoramento, com exceção dos acessos do grupo Taquara Amarela que não devem ser cruzados entre si, por poderem apresentar depressão endogâmica na progênie, os melhoristas podem optar por qualquer cruzamento envolvendo os genótipos avaliados. Entretanto, para que as recomendações de cruzamentos sejam mais efetivas é necessário também que os acessos sejam avaliados em relação aos principais caracteres agronômicos de interesse no melhoramento de mandioca de mesa em experimentos de competição de acessos.

## CONCLUSÕES

Os marcadores RAPD mostraram eficiência na determinação da variabilidade genética entre acessos de mandioca de mesa e no grupo de acessos avaliados existe elevada variabilidade genética passível de ser utilizada no melhoramento genético.

## AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a Embrapa, Fundação Banco do Brasil, CNPq e ao Programa Biodiversidade Brasil-Itália pelo apoio financeiro.

## LITERATURA CITADA

- Aguiar, J.L.P.; Barreto, B.; Sousa, T.C.; Fialho, J.F. Cadeia produtiva da mandioca no Distrito Federal: Caracterização do consumidor final. In: Congresso Brasileiro de Mandioca, 11., 2005, Campo Grande. Resumos... Campo Grande: Embrapa Agropecuária Oeste, 2005. Cd Rom.
- Albuquerque, J.A.A.; Sediama, T.; Silva, A.A.; Alves, J.M.A.; Neto, F.A. Caracterização morfológica e agronômica de clones de mandioca cultivados no Estado de Roraima. Revista Brasileira de Ciências Agrárias, v.4, n.4, p.388-394, 2009.
- Bolhuis, G.G. The toxicity of cassava roots. Netherlands Journal of Agricultural Science, v.2, n.3, p.176-185, 1954.
- Borges, M.F.; Fukuda, W.M.G.; Rossetti, A.G. Avaliação de variedades de mandioca para consumo humano. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.37, n.11, p.1559-1565, 2002.
- Ceballos, H.; Iglesias, C.A.; Pérez, J.C.; Dixon, A.G.O. Cassava breeding: opportunities and challenges. Plant Molecular Biology, v.56, n.4, p.503-516, 2004.
- Colombo, C.; Second, G.; Charrier, A. Diversity within American cassava germplasm based on RAPD markers. Genetics and Molecular Biology, v.31, n.1, p.189-199, 2000.
- Cruz, C.D. Programa genes: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.
- Duputié, A.; Massol, F.; David, P.; Haxaire, C.; McKey, D. Traditional Ameridian cultivators combine directional and ideotypic selection for sustainable management of cassava genetic diversity. Journal of Evolutionary Biology, v.22, n.6, p.1317-1325, 2009.
- El-Sharkawy, M.A. Cassava biology and physiology. Plant Molecular Biology, v.53, n.5, p.621-641, 2003.
- Faleiro, F.G.; Faleiro, A.S.G.; Cordeiro, M.C.R.; Karia, C.T. Metodologia para operacionalizar a extração de DNA de espécies nativas do cerrado. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2003. 6p.
- Faraldo, M.I.F.; Silva, R.M.; Ando, A.; Martins, P.S. Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. Scientia Agrícola, v.57, n.3, p.499-505, 2000.
- Ferreira, C.F.; Alves, E.; Pestana, K.N.; Junghans, D.T.; Kobayashi, A.K.; Santos, V.J.; Silva, R.P.; Silva, P.H.; Soares, E.; Fukuda, W. Molecular characterization of cassava (*Mannihot esculenta* Crantz) with yellow-orange roots for betacarotene improvement. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.8, n.1, p.23-29, 2008.
- Fialho, J.F.; Vieira, E.A.; Silva, M.S.; Moraes, S.V.P.; Fukuda, W.M.G.; Filho, M.O.S.S.; Silva, K.N. Desempenho de variedades de mandioca de mesa no Distrito Federal. Revista Brasileira de Agrociência, v.15, n.1, 2009. (no prelo).
- Fukuda, W.M.G. Fukuda, C.; Dias, M.C.; Xavier, J.J.B.N.; Fialho, J.F. Variedades. In: Sousa, L.S.; Farias, A.R.N.; Mattos, P.L.P. Fukuda, W. M. G. (Ed). Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006. p. 433-454.
- Jaccard, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. Bulletin Société Vaudoise des Sciences Naturelles, v.44, n.1, p.223-270, 1908.
- Nick, C.; Carvalho, M.; Assis, L.H.B.; Carvalho, S.P. Genetic dissimilarity in cassava clones determined by multivariate techniques. Crop Breeding and Applied Genetics, v.8, n.2, p.104-110, 2008.
- Olsen, K.M. SNPs, SSRs and inferences on cassava's origin. Plant Molecular Biology, v.56, n.4, p.517-526, 2004.
- Powell, W.; Morgante, M.; Andre, C.; Hanafey, M.; Vogel, J.; Tingey, S.; Rafalski, A. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. Molecular Breeding, v.2, n.3, p.225-238, 1996.
- Rohlf, F.J. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1. New York: Exeter Software, 2000. 98p.
- Sokal, R.R.; Rohlf, F.J. The comparison of dendograms by objective methods. Taxon, v.11, n.1, p.30-40, 1962.
- Vieira, E.A.; Fialho, J.F.; Faleiro, F.G.; Bellon, G.; Fonseca, K.G.; Carvalho, L.J.C.B.; Silva, M.S.; Moraes, S.V.P.; Filho, M.O.S.S.; Silva, K.N. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.43, n.12, p.1707 - 1715, 2008a.
- Vieira, E.A.; Fialho, J.F.; Silva, M.S.; Fukuda, W.M. G.; Faleiro, F.G. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa Cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. Científica, v.36, n.1, p.56-67, 2008b.

Vieira, E.A.; Fialho, J.F.; Silva, M.S.; Fukuda, W.M.G; Santos Filho, M.O.S. Comportamento de genótipos de mandioca de mesa no Distrito Federal. Ciéncia Agronómica, v.40, n.1, p.113-122, 2009.

Zacarias, A.M.; Botha, A.M.; Labuschagne, M.T.; Benesi, I.R.M. Characterization and genetic distance analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm form Mozambique using RAPD fingerprinting. Euphytica, v.138, n.1, p.49-53, 2004.