

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
CURSO DE MESTRADO**

**IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA E ESPÉCIES DE  
FUNGOS E OOMICETOS CAUSADORES DE PODRIDÃO  
RADICULAR EM MANDIOCA**

**SANDIELLE ARAÚJO VILAS BOAS**

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA**

**ABRIL - 2015**

**IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA E ESPÉCIES  
FUNGOS E OOMICETOS CAUSADORES DE PODRIDÃO  
RADICULAR EM MANDIOCA**

**SANDIELLE ARAÚJO VILAS BOAS**

Engenheira Agrônoma

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2013

Dissertação submetida ao Colegiado de Curso do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Ciências Agrárias, Área de Concentração: Fitotecnia.

**Orientador: Prof<sup>o</sup> Dr. Eder Jorge de Oliveira**

**Coorientador: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira**

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
MESTRADO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
CRUZ DAS ALMAS - BAHIA – 2015

## FICHA CATALOGRÁFICA

V695 Vilas Boas, Sandeile Araújo.

Identificação de fontes de resistência e espécies de fungos e oomicetos causadores de podridão radicular em mandioca / Sandielle Araújo Vilas Boas. – Cruz das Almas, BA., 2015.

96 f. il.; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Co-Orientador: Prof. Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

Dissertação (Mestrado Ciências Agrárias)- Universidade Federal da Bahia do Recôncavo da Bahia, 2015.

1. Mandioca. 2. Doença de planta. 3. Podridão radicular. I. Oliveira, Eder Jorge de. II. Oliveira, Saulo Alves Santos de. III. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia V. Título.

CDD: 632.3 (21.ed.)

Ficha catalográfica elaborada por Lucidalva R. G. Pinheiro- Bibliotecária CRB51161 – Embrapa Mandioca e Fruticultura

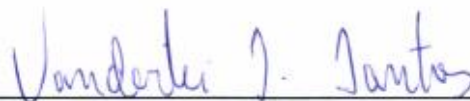
UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS

COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DA DISSERTAÇÃO DE  
SANDIELLE ARAÚJO VILAS BOAS



---

Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira  
Embrapa Mandioca e Fruticultura / UFRB  
(Orientador)



---

Dr. Vanderlei da Silva Santos  
Embrapa Mandioca e Fruticultura - CNPMF



---

Prof. Dr. Carlos Augusto Dórea Bragança  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB

Dissertação homologada pelo Colegiado de Curso de Mestrado em Ciências  
Agrárias em .....

Conferindo o Grau de Mestre em Ciências Agrárias em .....

## DEDICATÓRIA

*À Deus, que me sustenta.*

## AGRADECIMENTO

Agradeço a Deus pelas forças dadas para seguir em frente a cada dia lutando e aproveitando a oportunidade de adquirir conhecimento durante a realização deste trabalho.

À Capes pela bolsa concedida e a Embrapa pelo apoio financeiro para o desenvolvimento das atividades.

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

Ao orientador Dr. Eder Jorge de Oliveira pela oportunidade de trabalhar com o melhoramento genético de mandioca, referência de pesquisa no Brasil. Ao coorientador Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira pela aprendizagem e incentivo em trabalhar na área de fitopatologia. Agradeço a eles pela confiança e paciência. Muito Obrigada!

A todos do Laboratório de Biologia Molecular pela ajuda e colaboração no desenvolvimento do trabalho.

Ao analista Leandro e o técnico Paulo pela disponibilidade e ajuda no laboratório de Fitopatologia e ao pesquisador Hermes Peixoto, pela paciência e humildade de transferir seus conhecimentos.

A todos os estagiários do Laboratório de Fitopatologia pela amizade, ajuda e colaboração, em especial a Lindinéia, Amanda, Juliana, Rita, Lilian, Mariana, Daniela, Camila, Carlos, Ronieli e Nislane.

Às amigas, Daniela Velame, Tamyres Amorim, Eline Moura e a tantos outros que me ajudaram na realização dos meus trabalhos e me incentivaram à minha qualificação profissional.

Aos meus pais, João e Lucineide, pelo amor, carinho, afeto e dedicação, pela minha formação como pessoa e profissional.

Aos meus irmãos, Sileide, Jessé e Jocélio e à família Araújo, por sempre estarem ao meu lado, incentivando-me e por tantos momentos de descontração.

Ao meu esposo, Moisés, pois sem o seu apoio eu jamais conseguiria chegar até aqui!

A todos muito obrigada!!!

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO	
ABSTRACT	
INTRODUÇÃO.....	1
<b>Capítulo 1</b>	
IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E DIVERSIDADE DE ESPÉCIES ASSOCIADAS A PODRIDÕES RADICULARES EM MANDIOCA .....	13
<b>Capítulo 2</b>	
FONTES DE RESISTÊNCIA À PODRIDÃO RADICULAR EM MANDIOCA CAUSADA POR <i>Fusarium</i> spp.: UMA ABORDAGEM GENOTÍPICA .....	57
CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	96
ANEXO .....	97

# IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA E ESPÉCIES DE FUNGOS E OOMICETOS CAUSADORAS DE PODRIDÃO RADICULAR EM MANDIOCA

Autora: Sandielle Araújo Vilas Boas

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Coorientador: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

**RESUMO:** A podridão radicular é uma das principais doenças da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) no Brasil, cuja perda na produtividade da cultura pode chegar a 100%. Contudo, não há uma descrição detalhada das espécies associadas à podridão e sua distribuição no país. Como medida de controle, o uso de variedades resistentes é atualmente a abordagem mais econômica e viável. Este trabalho teve como objetivo caracterizar os patógenos causadores de podridão radicular da mandioca nas diferentes regiões produtoras do Brasil e selecionar genótipos resistentes. Foram analisados 74 isolados associados à podridão radicular da mandioca oriundos de diferentes regiões produtoras do Brasil. Os isolados foram classificados em espécies dos gêneros *Fusarium* (75,68%), *Lasiodiplodia* (10,81%), *Neoscytalidium* (8,11%), *Phomopsis* (1,35%), *Diaporthe* (1,35%), *Phytophthora* (1,35%) e *Nectria* (1,35%). Inoculações com *Fusarium* spp. (F spp) foram realizadas em 697 acessos para avaliação da severidade dos sintomas na casca (córtex e periderme) e polpa das raízes. Aproximadamente 10% dos acessos foram classificados como resistentes (R), 50% como moderadamente resistente (MR), 28% como moderadamente suscetíveis (MS), 10% como suscetíveis (S) e 2% altamente suscetíveis (HS). A podridão radicular em mandioca ocorre pelo ataque de mais de uma espécie, mesmo dentro de uma mesma área. O conhecimento dos principais patógenos causadores da podridão radicular em mandioca e a seleção de acessos resistentes pode direcionar as pesquisas para obtenção de resistência genética mais duradoura.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta* Crantz, banco de germoplasma, diversidade, parâmetros genéticos.



# IDENTIFICATION OF RESISTANCE SOURCES AND SPECIES OF FUNGI AND OOMYCETES THAT CAUSE ROOT ROT IN CASSAVA

Author: Sandielle Araújo Vilas Boas

Advisor: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Co-advisor: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

**ABSTRACT:** Root rot is one of the most important diseases in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Brazil, which can lead to total crop failure. However, there is not a detailed description of species associated to root rot and its distribution throughout the country. As a control measure, the use of resistant varieties is currently the most economically viable approach. This work aimed to characterize the pathogens that cause cassava root rot disease in different producing regions in Brazil and select resistant genotypes. 74 isolates associated to cassava root rot from different producing regions in Brazil were analyzed. The isolates were classified in species from different genus, such as *Fusarium* (75,68%), *Lasiodiplodia* (10,81%), *Neoscytalidium* (8,11%), *Phomopsis* (1,35%), *Diaporthe* (1,35%), *Phytophthora* (1,35%) and *Nectria* (1,35%) genera. Inoculations with *Fusarium* spp. (Fsp) were carried out in 697 accessions to evaluate symptom severity in the bark (cortex and periderm) and root pulp. Approximately 10% of the accessions were classified as resistant (R), 50% as moderately resistant (MR), 28% as moderately susceptible (MS), 10% as susceptible (S) and 2% as highly susceptible (HS). Cassava root rot takes place due to the attack of more than one species, even in the same region. Knowing the main pathogens causing cassava root rot and the selection of resistant accessions can direct the researches in obtaining a more durable genetic resistance.

**Key-words:** *Manihot esculenta* Crantz, germplasm bank, diversity, genetic parameters.

## INTRODUÇÃO

### Importância econômica

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma importante fonte de alimento, pois suas raízes são ricas em amido, que é a principal forma de carboidrato consumido nos trópicos (ADEOTI, 2010). Dentre as culturas amiláceas, apresenta uma área plantada bastante expressiva nos trópicos, sobretudo por ter uma eficiente capacidade de uso da água, permitindo sua exploração em regiões com estações secas prolongadas, tendo como consequência um papel importante nestes sistemas de produção agrícola (SILVA et al., 2009).

Além de ser cultivada como parte de um sistema de agricultura de subsistência, nos últimos anos a cultura tem atraído a atenção para seu potencial como fonte de renda para os agricultores familiares de pequenas propriedades nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. Nestas regiões, a mandioca desempenha um papel essencial na minimização da pobreza e diminuição do êxodo rural, uma vez que é produzida com baixo nível tecnológico e uso de insumos agrícolas (SENA, 2006; AKINBO et al., 2012). A mandioca é cultivada em todos os estados brasileiros e em termos de área cultivada, apresenta-se entre os dez primeiros produtos agrícolas do país, além de ocupar a quinta posição em volume de produção (IBGE, 2013). A demanda pela mandioca vem aumentando, principalmente pelas indústrias de farinha e fécula que empregam mais de um milhão de trabalhadores diretos (IBGE, 2013).

Dentre os principais países produtores de mandioca está o Brasil, ocupando a 4ª colocação no *ranking* mundial com 23,04 milhões de toneladas, segundo dados de 2012. Em termos de produção encontra-se em primeiro lugar a Nigéria com 54,00 milhões de toneladas, seguido pela Tailândia com 29,85 milhões de toneladas e pela Indonésia com uma produção de 24,18 milhões de toneladas de mandioca (FAOSTAT, 2015).

### **Classificação botânica e origem**

De acordo com a classificação botânica, a mandioca pertence à classe das Dicotiledôneas, subclasse Archiclamydeae, ordem Euphorbiales, família Euphorbiaceae, tribo Manihoteae, gênero *Manihot* e à espécie *M. esculenta* (FUKUDA & IGLESIAS, 2006). Composto por cerca de 98 espécies, o gênero *Manihot* tem uma única espécie do gênero cultivada comercialmente, que é a *Manihot esculenta* Crantz, a qual produz raízes tuberosas ricas em amido (FIALHO & VIEIRA, 2011).

A mandioca é uma planta perene, arbustiva, e com vasta adaptação às mais variadas condições de solo e clima. A parte mais importante da planta são raízes tuberosas, ricas em amido, que são usadas na alimentação humana e animal. A parte aérea tem sua importância secundária pelo conteúdo em proteínas, carboidratos, minerais e vitaminas, utilizada na alimentação humana e, especialmente, animal (LORENZI, 2003).

Segundo Costa & Morales (1994), cerca de 8500 acessos de mandioca são mantidos no mundo, dos quais 7500 estão na América do Sul, sendo o Brasil, o provável centro de origem e diversificação da espécie cultivada (ALLEM, 1994). A *M. esculenta* foi vastamente cultivada pelos indígenas antes mesmo do descobrimento, sendo também os responsáveis pela disseminação na América e, pela difusão por outros continentes, especialmente África e Ásia, foram os portugueses e espanhóis (LORENZI, 2003).

Dois centros de diversidade do gênero *Manihot* são adotados, um no Brasil, com 80 espécies, e outro no México. O Brasil apresenta quatro principais centros de diversidade de espécies. O Planalto Central com uma altitude superior à 1000m, possui o maior número de espécies (58 das 80), seguido do Nordeste, Sudeste e Amazônia, que é considerado como o centro de maior diversidade da espécie cultivada (CARVALHO, 2005).

### **Melhoramento genético da mandioca**

Para a cultura da mandioca, o melhoramento genético tem avançado em diversas linhas, tais como avaliação de variedades crioulas, coleta e intercâmbio de germoplasma regional e global, recombinação e seleção de clones e uso de espécies silvestres para ampliar a base genética (FARIAS et al., 2006).

O melhoramento genético é apontado como a forma mais eficiente, do ponto de vista econômico-ambiental, para elevar a produtividade e a qualidade dos produtos agrícolas, uma vez que os ganhos obtidos não estão atrelados a um aumento da área plantada, nem na utilização de insumos agrícolas. Por meio da seleção de genótipos adaptados a determinado ambiente é possível elevar a produtividade sem causar grandes aumentos no custo de produção (FIALHO & VIEIRA, 2011).

Nas coleções e bancos de germoplasma existe suficiente variabilidade para que os melhoristas possam selecionar acessos com caracteres de interesse econômico (HERSHEY, 1985). A estimativa da diversidade genética, como critério para seleção de genitores em programas de melhoramento foi relatada por vários autores (DIAS & KAGEYAMA, 1997; VIDIGAL et al., 1997; RIBEIRO et al., 1999; FERRÃO et al., 2002). Dentre as ferramentas empregadas na avaliação da divergência genética em um conjunto de genótipos, destacam-se a utilização de marcadores moleculares e a de caracteres fenotípicos qualitativos ou quantitativos (VIEIRA et al., 2011).

A mandioca é uma espécie alógama e por isso apresenta alta heterozigose e ampla segregação na primeira geração após a hibridação. A grande vantagem no melhoramento da mandioca é que na primeira geração, quando se identifica um híbrido superior, é feita a clonagem do híbrido, por meio da propagação vegetativa. Por outro lado, existem dificuldades inerentes à necessidade de se trabalhar com grandes populações, na obtenção de estimativas precisas do comportamento dos genótipos gerados em vários ambientes e a baixa taxa de propagação vegetativa (FUKUDA & SILVA, 2002).

No melhoramento de plantas perenes, as técnicas de avaliação genética desempenham papel fundamental, pois permitem a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma escolha mais acurada. Tais técnicas são relevantes tanto para o melhoramento intrapopulacional quanto interpopulacional tendendo à utilização de híbridos com alto valor heterótico (RESENDE, 2000). As técnicas de avaliação genética envolvem, simultaneamente, a predição de valores genéticos e a estimação de componentes de variância. Geralmente, o melhor procedimento de predição de valores genéticos é o BLUP (melhor predição linear não viciada) ao nível individual (HENDERSON & QUAAAS, 1976). Para o caso balanceado, os

preditores BLUP ao nível individual equivalem aos índices de seleção multi-efeitos (RESENDE & HIGA, 1994), os quais abrangem todos os efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas. A predição usando BLUP ou os índices multi-efeitos admitem que os componentes de variância sejam conhecidos. Contudo, são indispensáveis estimativas fidedignas dos componentes de variância (parâmetros genéticos), de forma a se obter os valores de BLUP (HARVILLE & CARRIQUIRY, 1992). Enquanto, o procedimento padrão de estimação de componentes de variância é o da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson & Thompson (1971).

A estimativa da herdabilidade ( $h^2$ ) é um dos parâmetros genéticos de maior utilidade para os melhoristas, pois prevê a probabilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada (RAMALHO et al., 2008). Caracteres com alta herdabilidade possuem menor influência do ambiente, enquanto caracteres com baixa herdabilidade têm forte componente ambiental, o que faz este caracter variar aleatoriamente, diminuindo sua eficiência discriminatória. Além disso, baixas estimativas de herdabilidade podem indicar pequena variabilidade genética da característica no material estudado (SEVERINO et al., 2002)

Os principais caracteres de interesse do melhoramento de mandioca são a produtividade de raízes tuberosas com padrão comercial, o teor de amido nas raízes, a resistência a podridão de raízes, o número de raízes por planta, o comprimento e o diâmetro das raízes. Com isso, é indispensável a avaliação genotípica de acessos para todas essas variáveis. Os caracteres mencionados são quantitativos e de herança poligênica (NEBIYU, 2006; KIZITO et al., 2007; OJULONG et al., 2008), no entanto, poucos são os trabalhos desta natureza no germoplasma de mandioca do Brasil.

### **Podridão radicular em mandioca**

As principais causas da baixa produtividade das lavouras de mandioca no Brasil ocorrem pelo cultivo em áreas marginais, caracterizadas por solos ácidos, com baixo teor de nutrientes, baixo nível de manejo empregado pelos produtores, bem como pelo ataque de doenças. Porém, a adoção de práticas de manejo como rotação de culturas, adubação adequada, controle fitossanitário, uso de material propagativo livre de doenças e variedades resistentes, promovem

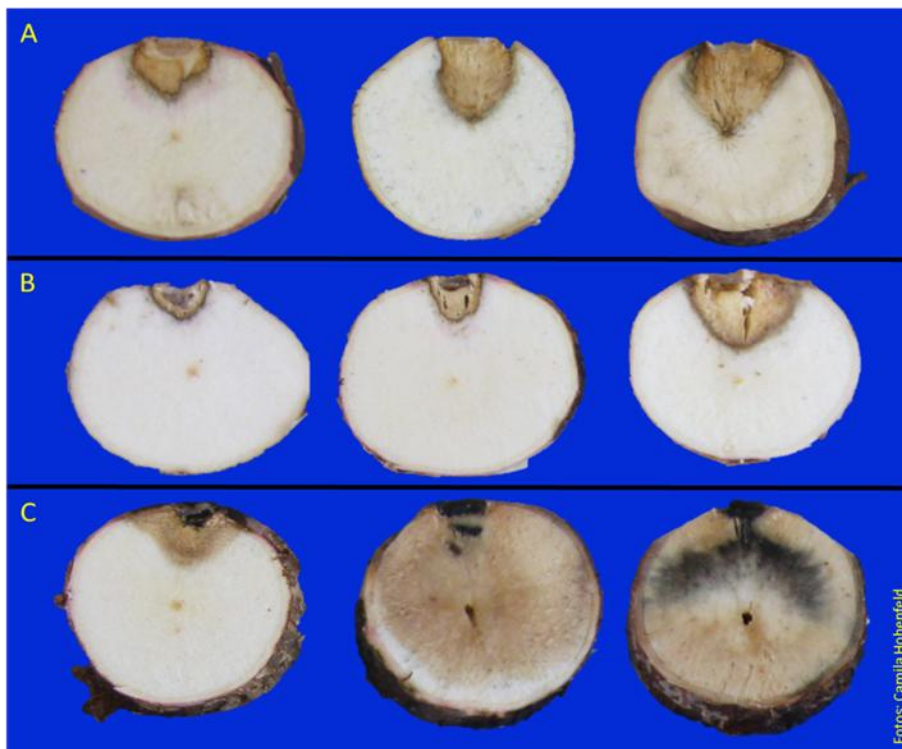
acréscimos em mais de 100% na produção de raízes, quando comparados a plantios que não adotam nenhuma estratégia de manejo da cultura (FERMONT et al., 2009).

Dentre as principais doenças da mandioca estão a bacteriose, antracnose, superbrotamento, superalongamento, viroses e a podridão radicular, sendo esta última causada por um complexo de espécies de patógenos (FOKUNANG et al., 2000; BANDYOPADHYAY et al., 2006; EMBRAPA, 2013). Entretanto, apesar da podridão radicular ser uma das doenças mais importantes da cultura, no Brasil não há uma descrição detalhada das espécies associadas à podridão e sua distribuição.

Embora haja relatos de perdas de até 100% de produtividade em campos de agricultores (MOSES et al., 2007), os efeitos da podridão radicular sobre os rendimentos de campos experimentais e as respostas de diferentes variedades da doença são pouco compreendidas e estudadas, pois os patógenos causadores desta doença afetam principalmente as raízes, onde não é possível observar os sintomas até a colheita. A planta da mandioca possui um extenso sistema radicular, podendo permanecer de pé, apesar de uma parcela significativa de suas raízes estar podre, mascarando o efeito do apodrecimento até que as raízes tuberosas sejam colhidas (MSIKITA et al., 2005; BANDYOPADHYAY et al., 2006).

Constituindo uma das principais doenças que causam prejuízos à mandioca, há uma grande diversidade de espécies causadoras de podridão radicular. Na África, as espécies de fitopatógenos frequentemente encontradas associadas a podridão radicular em mandioca são: *Neofusicoccum mangiferae* (= *Nattrassia mangiferae*), no Benin e parte da Nigéria; *Lasiodiplodia* (*Botriodiplodia*) *theobromae* e *Fusarium* spp. (ex. *F. solani*, *F. verticillioides* (= *F. moniliforme*) e *F. oxysporum*) na Nigéria e no Togo, além de *Nectria mauritiicola* (= *Sphaerostilbe repens*) e espécies de *Phytophthora* e *Pythium* que se encontram amplamente distribuídas por todo o continente africano (BANDYOPADHYAY et al., 2006; AIGBE & REMISON, 2009). Porém, outros patógenos já foram descritos em outros países incitando podridão radicular em mandioca, como é o caso de *Rosellinia necatrix*, *Armillaria mellea*, *Rigidoporus microporus* (= *R. lignosus*) (ONYEKA et al., 2005b) e *Sclerotium rolfsii* (MSIKITA et al., 2005; ONYEKA et al., 2005a).

As podridões radiculares podem ocorrer em plantas de mandioca jovens ou velhas. Geralmente a podridão da raiz de mandioca é classificada como podridão seca, mole ou negra, a depender dos sintomas apresentados e sua ocorrência durante a estação seca ou estação chuvosa (Figura 1).



**Figura 1.** Raízes de mandioca inoculadas com patógenos de (A) podridão seca, (B) podridão mole e (C) podridão negra.

Em solos úmidos, com alto teor de matéria orgânica e em temperaturas mais baixas são comuns as podridões moles, as quais apresentam escurecimento dos tecidos afetados com exsudação de líquido, odor fétido e alterações na cor, o que pode ser útil para distinguir os patógenos envolvidos, e em alguns casos, as estruturas, tais como os micélios fúngicos, escleródios, rizomorfos ou picnídios são vistos ligados às partes das plantas infectadas. Isso ocorre quando os agentes patogênicos se movem das raízes ao caule, demonstrando sintomas antes das raízes serem colhidas, devido ao longo ciclo vegetativo da cultura (BANDYOPADHYAY et al., 2006). As podridões moles são causadas comumente por *Phytophthora* spp. e *Pythium* spp. (MSIKITA et al., 2005).

A podridão seca é representada por estrias nas raízes. A queda das folhas, amarelecimento, seca, murcha foliar parcial ou total e a morte das plantas são algumas consequências que a podridão das raízes pode apresentar (FIALHO &

VIEIRA, 2011). Esta doença é causada por um complexo de patógenos, dentre eles, *Fusarium* spp., *Armillariella mellea*, *Sclerotium rolfsii* e *Rosellinia necatrix*, que estão associados à podridão radicular seca da mandioca. Enquanto que a podridão negra foi descrita pela primeira vez no Brasil, em Pernambuco, associada ao patógeno *Scytalidium lignicola*, afetando raízes e caule da mandioca (LARANJEIRA et al., 1994), sendo encontradas também as espécies do gênero *Lasiodiplodia* e *Neoscytalidium* como causadoras da podridão negra.

O manejo de doenças baseado no plantio de variedades resistentes é a abordagem mais econômica e confiável para controlar a podridão radicular da mandioca (ONYEKA et al., 2005b), além de práticas culturais, tais como plantio em áreas bem drenadas, sem histórico de ocorrência de doenças radiculares, plantio de manivas provenientes de áreas sem ocorrência da doença, destruição e queima de manivas e de raízes originárias de áreas com podridões radiculares, e rotação com gramíneas (FIALHO & VIEIRA, 2011).

Nas últimas três décadas, a busca de variedades resistentes às diversas pragas e doenças tem sido o principal foco de pesquisa relacionada ao melhoramento genético da mandioca. Devido às dificuldades e do alto custo de coleta e manutenção de germoplasma de mandioca, a sua variabilidade genética ainda não foi totalmente explorada. Contudo, métodos de inoculação em ambiente controlado já foram desenvolvidos para avaliação da podridão da raiz em mandioca, envolvendo inoculação de diferentes partes da planta, tais como raízes inteiras, fatias de raiz, estacas e jovens radículas (ONYEKA et al., 2005a).

Considerando a importância da cultura nas diversas regiões produtoras do Brasil, a identificação e caracterização das espécies causadoras de podridão radicular e a avaliação de material genético existente é de fundamental importância para a seleção de genótipos resistentes, contribuindo substancialmente para aumentar a produtividade, melhorar a qualidade e o aspecto das raízes de mandioca.

Contudo, este trabalho teve como objetivo identificar os patógenos causadores de podridão radicular da mandioca em diferentes regiões produtoras do Brasil e selecionar acessos resistentes do Banco Ativo de Germoplasma de mandioca da Embrapa Mandioca e Fruticultura.



## REFERÊNCIAS

- ADEOTI, O. Water use impact of ethanol at a gasoline substitution ratio of 5% from cassava in Nigeria. **Biomass and Bioenergy**, v.34, p. 985-992, 2010.
- AIGBE, S. O.; REMISON, S. U. The influence of root rot incidence on cassava genotype on consumers' acceptability of the gari produced from it. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, p. 6146-6150, 2009.
- AKINBO, O.; LABUSCHAGNE, M.; FREGENE, M. Introgression of whitefly (*Aleurotrachelus socialis*) resistance gene from F<sub>1</sub> inter-specific hybrids into commercial cassava. **Euphytica**, v. 183, p. 19-26, 2012.
- ALLEM, A. C. The origin of *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 41, p. 13-150, 1994.
- BANDYOPADHYAY, R.; MWANGI, M.; AIGBE, S. O.; LESLIE, J. F. *Fusarium* species from the cassava root rot complex in West Africa. **Phytopathology**. v. 96, p. 673-676, 2006.
- CARVALHO, L. J. C. B. **Biodiversidade e biotecnologia em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005.
- COSTA, I. R. S.; MORALES, E. A. V. Cassava genetics in South America. In: **Report of the first meeting of the International Network for Cassava Genetic Resources.**, Cali, Colombia: CIAT, p. 18-23, 1992. Rome: IPGRI, p. 16-20, 1994.
- DIAS, L. A. S.; KAGEYAMA, P. Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). **Revista Brasileira de Genética**, v. 20, p. 63-70, 1997.
- EMBRAPA, **Cultivo de mandioca na Região Centro sul do Brasil**. 2013. Disponível em <[http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca\\_centrosul/doencas.htm](http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioca/mandioca_centrosul/doencas.htm)> Acesso em: 31 mar. 2015.

FAOSTAT. database. Disponível em <<http://faostat.fao.org/faostat>>. Acesso em: 10 abr. 2015.

FARIAS, A. R. N.; SOUZA, L. S.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006. 817p.

FERMONT, A. M; VAN ASTEN, P. J. A.; TITTONELL, P.; VANWIJK, M. T.; GILLER, K. E. Closing the cassava yield gap: An analysis from smallholder farms in East Africa. **Field Crops Research**, v.112, p. 24-36, 2009.

FERRÃO, M. A. G.; VIEIRA, C.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Divergência genética em feijoeiro em condições de inverno tropical. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.1089-1098, 2002.

FIALHO, J. F.; VIEIRA, E. A. **Mandioca no Cerrado**: orientações técnicas. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. 208 p.

FOKUNANG, C. N.; AKEM, C. N.; DIXON, A. G. O.; IKOTUN, T. Evaluation of a cassava germplasm collection for reaction to tAREe major diseases and the effect on yield. **Genetic Resources and Crop Evolution**. v. 47, p. 63-71, 2000.

FUKUDA, W. M. G.; IGLESIAS, C. Recursos genéticos. In: SOUZA, L. da S.; FARIAS, A. R. N.; MATTOS, P. L. P. de; FUKUDA, W. M. G. (Ed.). **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, p. 301-323, 2006.

FUKUDA, W. M. G. ; SILVA, S. O. E. . Melhoramento de mandioca no Brasil. In: CEREDA, M. P. (Org.). **Agricultura**: tuberosas amiláceas latino americanas. São Paulo: Fundação Cargil, v. 2, p. 242- 257, 2002.

HARVILLE, D. A.; CARRIQUIRY, A. L. Classical and Bayesian prediction as applied to unbalanced mixed linear models. **Biometrics**, v. 48, p. 987-1003, 1992.

HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives. Records. **Journal of Animal Science**, v. 43, p. 1188-1197, 1976.

HERSHEY, C. H. Cassava germplasm resources. In: HERSHEY, C.H. **Cassava breeding: a multi-disciplinary review. Proceedings of a workshop**, held the Philipines. Cali, Colombia: CIAT, p. 1-24, 1985.

IBGE - Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias-GCEA/IBGE, DPE, COAGRO - Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. 2013. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home>>. Acesso em: 29 jan. 2015.

KIZITO, E.; RONNBERG-WASTLJUNG, A. C.; EGWANG, T.; GULLBERG, U.; FREGENE, M.; WESTERBERGH, A. Quantitative trait loci controlling cyanogenic glucoside and dry matter content in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) roots. **Hereditas**, v. 144, p. 129-136, 2007.

LARANJEIRA, D.; SANTOS, E. O. DOS; MARIANO, R. DE L. R.; BARROS, S. T. Ocorrência da podridão negra da maniva e raiz da mandioca (*Manihot esculenta*) causada por *Scytalidium lignicola* no estado de Pernambuco, Brasil. Brasília: **Fitopatologia Brasileira**, v. 19, p. 466-469, 1994.

LORENZI, J. O. **Mandioca**. Campinas: CATI, 2003. 116 p. (Boletim Técnico, 245).

MOSES, E.; AKROFI, S.; MENSAH, G. A. Characteristics and control of a new basidiomycetous root rot of cassava (*Manihot esculenta*) in Ghana. 13<sup>o</sup> ISTRC SYMPOSIUM, 13. 2007. **Proceedings...**, p. 307-311, 2007.

MSIKITA, W.; BISSANG, B.; JAMES, B. D.; BAIMEY, H.; WILKINSON, H. T.; AHOUNOU, M.; FAGBEMISSI, R. Prevalence and severity of *Nattrassia mangiferae* root and stem rot pathogen of cassava in Bénin. **Plant Disease**, v. 89, p. 12-16, 2005.

NEBIYU, A. Genetic variations in cassava at Jimma, Southwest Ethiopia. **Tropical Science**, v.46, p.171-175, 2006.

OJULONG, H.; LABUSCHANGNE, M. T.; FREGENE, M.; HERSELMAN, L. A cassava clonal evaluation trial based on a new cassava breeding scheme. **Euphytica**, v.160, p.119-129, 2008.

ONYEKA, T. J.; DIXON, A. G. O.; EKPO, E. J. A. Assessment of laboratory methods for evaluating cassava genotypes for resistance to root rot disease. **Mycopathologia**, v. 159, p. 461-467, 2005b.

ONYEKA, T. J.; DIXON, A. G. O.; EKPO, E. J. A. Identification of levels of resistance to cassava root rot disease (*Botryodiplodia theobromae*) in African landraces and improved germplasm using *in vitro* inoculation method. **Euphytica**, v. 145, p. 281-288, 2005a.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na Agropecuária**. 4.ed. Lavras: UFLA, 2008. 463p.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Maximização da eficiência da seleção em testes de progênies de *Eucalyptus* através da utilização de todos os efeitos do modelo matemático. **Boletim de Pesquisas Florestais**, v. 28/29, p. 37-56, 1994.

RIBEIRO, F. E.; SOARES, A. R.; RAMALHO, M. A. P. Divergência genética entre populações de coqueiro-gigante-do-Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 1615-1622, 1999.

SENA, M. G. C. Aspectos sociais. In: **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, p. 91-110, 2006.

SEVERINO, L. S.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A.; MIRANDA, G. V.; ZAMBOLIM, L.; BARROS, U. V. Eficiência dos descritores de cafeeiros (*Coffea arabica* L.) na discriminação de linhagens de "Catimor". **Acta Scientiarum**, v. 24, p. 1487-1492, 2002.

SILVA, A. F.; SANTANA, L. M.; FRANÇA, C. R. R. S.; MAGALHÃES, C. A. S.; ARAÚJO, C. R.; AZEVEDO, S. G. Produção de diferentes variedades de mandioca em sistema agroecológico. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 13, p. 33-38, 2009.

VIDIGAL, M. C. G.; VIDIGAL FILHO, P. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T. do; BRACCINI, A. L. Divergência genética entre cultivares de mandioca por meio de estatística multivariada. **Bragantia**, v. 56, p. 263-271, 1997.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; SILVA, M. S. Caracterização molecular de acessos de mandioca biofortificados com potencial de uso no melhoramento genético. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, p. 457-463, 2011.

## **CAPÍTULO 1**

### **IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E DIVERSIDADE DE ESPÉCIES ASSOCIADAS A PODRIDÕES RADICULARES EM MANDIOCA**

## IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E DIVERSIDADE DE ESPÉCIES ASSOCIADAS A PODRIDÕES RADICULARES EM MANDIOCA

Autora: Sandielle Araújo Vilas Boas

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Coorientador: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

**RESUMO:** A podridão radicular é uma das doenças mais destrutivas da cultura da mandioca no Brasil. Contudo, não há uma descrição detalhada dos patógenos envolvidos, nem de sua diversidade e distribuição. Assim, este trabalho teve como objetivo identificar e caracterizar as espécies de fungos e oomicetos causadoras de podridão radicular em mandioca. Amostras de raízes com sintomas de podridão foram coletadas em diferentes regiões produtoras nos estados da Bahia, Sergipe, Paraíba, Maranhão, Tocantins e Paraná. Foram obtidos 74 isolados, distribuídos em 14 espécies de fungos, identificados com base na região ITS do rDNA (ITS1, ITS2 e 5,8S). As espécies por ordem de frequência foram: gêneros *Fusarium* (75,68%), *Lasiodiplodia* (10,81%), *Neoscytalidium* (8,11%), *Phomopsis* (1,35%), *Diaporthe* (1,35%), *Phytophthora* (1,35%) e *Nectria* (cuja fase anamórfica não é *Fusarium*) (1,35%). Diferentes composições de espécies foram encontradas, com alguns casos restritos a determinada região geográfica, a exemplo de *F. graminearum* nos municípios do Paraná e *N. hyalinum* e *L. theobromae*, encontrados apenas em municípios das regiões Norte e Nordeste do Brasil. Os resultados indicam que a obtenção de variedades com resistência a múltiplos patógenos deve ser a estratégia adotada pelos programas de melhoramento genético da mandioca, na qual os acessos deverão ser desafiados por diferentes espécies do patógeno, seja em avaliações individuais ou por grupos de patógenos.

**PALAVRAS CHAVE:** *Manihot esculenta*, filogenia, região ITS, análises de DNA.

## **Molecular identification and diversity of species associated with cassava root rot disease**

Author: Sandielle Araújo Vilas Boas

Adivisor: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Co-Adivisor: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

**ABSTRACT:** Root rot is one of the most destructive diseases affecting cassava in Brazil. However, there is not a detailed description of the involved pathogens, as well as its diversity and their distribution. The aim of this work was to identify and characterize the fungi and oomycets causing cassava root rot disease. Disease plants with root rot symptoms were collected from different cassava producing regions in Bahia, Sergipe, Paraíba, Maranhão, Tocantins and Paraná states. 74 isolates were obtained, distributed in 14 fungi species, identified based on rDNA's ITS region (ITS1, ITS2 and 5.8S). The species, in frequency order, were: *Fusarium* (75,68%), *Lasiodiplodia* (10,81%), *Neoscytalidium* (8,11%), *Phomopsis* (1,35%), *Diaporthe* (1,35%), *Phytophthora* (1,35%) e *Nectria* (whose anamorphic phase is not *Fusarium*) (1,35%). Different compositions of the species were found, with some cases confined to a given geographic region, as *F. graminearum* in cities in Paraná and *N. hyalinum* and *L. theobromae* found only cities from Brazil North and Northeast regions. The results indicate that obtaining varieties resistant to multiple pathogens must be the strategy adopted by the cassava breeding programs, in which the accessions must be challenged against different pathogen species, whether in individual evaluations or pathogen groups.

**Key-words:** *Manihot esculenta*, phylogeny, ITS region, DNA analysis.



## INTRODUÇÃO

A mandioca é uma das principais fontes de carboidratos para milhões de habitantes em diversas regiões, principalmente nos países em desenvolvimento. Além de ser cultivada como parte de um sistema de agricultura de subsistência, nos últimos anos a cultura tem atraído a atenção como fonte de renda para agricultores familiares de pequenas propriedades nas regiões Norte e Nordeste do Brasil, desempenhando um papel essencial na minimização da pobreza e diminuição do êxodo rural, uma vez que é produzida nestas regiões com mínimo uso de tecnologias (SENA, 2006; AKINBO et al., 2012). Além da importância social, a mandioca tem despertado o interesse da agricultura empresarial, em função dos múltiplos usos industriais do amido.

Mesmo diante desta importância, a produtividade média da cultura no Brasil está em torno de 13,8 t.ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2015), ainda muito abaixo do potencial da cultura em torno de 80,0 t.ha<sup>-1</sup> (FAO, 2013). Baixo uso de insumos agrícolas, tecnologias adequadas de produção, uso de material propagativo de baixa qualidade, bem como de variedades inadequadas são fatores que contribuem para esta baixa produtividade. Além disso, um importante componente do baixo desempenho produtivo da mandioca nas diferentes regiões brasileiras é o ataque de pragas e doenças. No Brasil, diversas doenças afetam a produtividade da mandioca, a exemplo da bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis*), antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *manihotis*), superalongamento (*Sphaceloma manihoticola*), vírus do mosaico comum (*Cassava common mosaic virus* - Potexvirus), vírus do mosaico das nervuras (*Cassava vein mosaic virus* - Caulimoviridae) e podridão radicular (complexo de patógenos habitantes do solo) (CALVERT & TARESH, 2002; ALLEYNE et al., 2015; MOSES et al., 2015).

De acordo com Bandyopadhyay et al. (2006), a podridão de raízes é uma das principais doenças da mandioca, por causar prejuízos que podem chegar a 80% da produção. Além disso, um fator complicador para o estudo desta doença é a existência de uma grande diversidade de espécies causadoras de podridão radicular. Os sintomas da podridão de raízes de mandioca são bastante variáveis dependendo do agente causal, podendo ser divididos em podridão seca, mole e negra. De modo geral, a podridão seca é representada pelo aparecimento de estrias castanho-escuro nas raízes, sem aspecto aquoso, enquanto que a

podridão mole é caracterizada pelo escurecimento dos tecidos afetados com exsudação de líquido com odor fétido. Por outro lado, as podridões negras caracterizam-se por lesões escuras (enegrecidas) nas raízes e caule, e que podem evoluir para uma podridão mole, mas sem a presença de odor desagradável.

Por ser uma doença incitada por patógenos habitantes do solo, a podridão radicular de mandioca é de difícil controle, sendo que a integração de práticas de manejo é a alternativa mais adequada na mitigação das perdas. As medidas de controle mais indicadas envolvem o manejo das características físico-químicas do solo; rotação de culturas; uso de microrganismos antagônicos, material propagativo livre de doenças e variedades resistentes.

De todas estas estratégias mitigadoras da podridão radicular, o uso de variedades resistentes constitui-se no método mais eficiente, por ser o principal insumo utilizado pelos agricultores independente do destino final do produto (indústria ou consumo fresco) e do seu nível de tecnificação. Entretanto, poucas são as cultivares atualmente disponíveis para cultivo com ampla resistência à podridão de raiz, e pouco se sabe sobre qual (ou quais) espécies de patógenos estas variedades apresentam resistência, o que dificulta a sua adoção em locais diferentes daqueles onde foram selecionados. Portanto, é preciso elevar os investimentos de pesquisa na identificação de fontes de resistência à podridão radicular, bem como na identificação dos agentes patogênicos associados à doença nas diferentes regiões produtoras do país.

Em países da África, as espécies de fitopatógenos comumente encontradas associadas à podridão de raiz em mandioca são: *Neofusicoccum mangiferae* (= *Nattrassia mangiferae*), no Benin e parte da Nigéria; *Lasiodiplodia* (*Botriodiplodia*) *theobromae* e *Fusarium* spp. [ex. *F. solani*, *F. verticillioides* (= *F. moniliforme*) e *F. oxysporum*] na Nigéria e no Togo, além de *Nectria mauritiicola* (= *Sphaerostilbe repens*) e espécies de *Phytophthora* e *Pythium* que se encontram amplamente distribuídas por todo o continente africano (BANDYOPADHYAY et al., 2006; AIGBE & REMISON, 2009). Outros patógenos associados à podridão radicular em mandioca também foram descritos em outros países, como é o caso de *Rosellinia necatrix*, *Armillaria mellea* e *Rigidoporus microporus* (= *R. lignosus*) (ONYEKA et al., 2005a).

No Brasil, o primeiro relato da doença ocorreu em 1970 e ano após ano vem aumentando o número de casos e perdas ocasionadas por podridões radiculares. Até o presente momento, as principais espécies patogênicas associadas à podridão radicular da mandioca descritas no Brasil foram (i) espécies de *Fusarium* (*F. solani*, *F. oxysporum* e *F. verticillioides*), causadoras de podridão seca; (ii) *Phytophthora* spp. (*P. drechsleri* e *P. nicotianae*) e *Pythium scleroteichum*, espécies associados à podridões moles e *Scytalidium lignicola* e *Lasiodiplodia* sp., causando podridões negras (MUNIZ et al., 2006; SERRA et al. 2009; NOTARO et al., 2013). Entretanto, estes relatos se referem a ataques em regiões muito específicas, e poucos são os relatos sobre a identificação das principais espécies causadores de podridão em mandioca em diferentes localidades com diferentes características edafoclimáticas. Isto dificulta a seleção de germoplasma com resistência à podridão radicular, considerando que o conhecimento sobre os principais agentes patogênicos e o entendimento dos mecanismos de resistência é que norteiam a seleção de germoplasma para o desenvolvimento de variedades resistentes.

A identificação molecular de fitopatógenos é um critério que tornou-se indispensável para caracterização das espécies de fungos que apresentam alta variabilidade morfológica dentro de uma mesma espécie, bem como, para diferenciar espécies crípticas. As técnicas moleculares tornaram-se indispensáveis no auxílio da taxonomia, com base no sequenciamento de regiões conservadas como aquelas presentes nas regiões dos espaçadores internos transcritos (ITS) dos genes ribossomais (rDNA) (WHITE et al., 1990; LEE & TAYLOR, 1993; BENGTTSSON-PALME et al., 2013).

O uso da região ITS1-5.8S-ITS2 para fins de filogenia tem sido muito utilizado atualmente, por ser, muitas vezes, uma região específica para cada espécie e com baixas variações dentro do gênero (COOKE et al., 2000). O sequenciamento da região ITS é tido como a primeira opção entre os micologistas na identificação de espécies, uma vez que as regiões dos espaçadores (ITS1 e ITS2) são bastante variáveis, são gênero-específico (em muitos casos espécie-específico) e a região intercalar correspondente ao rRNA 5.8S é bastante conservada entre as espécies. Em função disso, a região ITS foi recentemente proposta como mais adequada para utilização como “código de barras” (*DNA Barcoding*) na identificação de fungos (SCHOCH et al., 2012). O screening de

acessos de mandioca é uma etapa de suma importância para a escolha de parentais com ampla resistência à podridão radicular para uso no melhoramento genético. Porém, para ser o mais eficiente possível, este processo é dependente do conhecimento dos principais agentes patogênicos relacionados à doença. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar as espécies de fungos e oomicetos causadoras de podridão radicular em diferentes regiões produtoras do Brasil, com base no sequenciamento de regiões ITS.

## **MATERIAIS E METODOS**

### ***Coleta das amostras***

As amostras de raízes de mandioca com sintomas de podridão foram coletadas em diferentes regiões produtoras, nos estados da Bahia, Sergipe, Paraíba, Maranhão, Tocantins e Paraná. Todas as coletas tiveram suas informações georreferenciadas (GPS - Global Positioning System) em cadernetas de campo padrão.

Para obtenção dos isolados, raízes de mandioca com sintomas típicos de podridão foram cortadas em pequenas pedaços de aproximadamente 0,5 cm, imersas por 2 minutos em etanol 70%, em seguida, esterilizados por 2 minutos em solução de hipoclorito de sódio a 0,5%, e posteriormente lavados com água destilada esterilizada por três vezes. Os fragmentos foram postos para secar sobre papel filtro esterilizado, e logo após foram colocados em meio batata-dextrose-ágar (BDA) e incubados a 24°C por 5-7 dias, com fotoperíodo de 12 horas.

Foram usadas espécies de fungos e oomicetos e para cada classe os isolados cresceram em meio específico para a verificação da morfologia de esporos e micélio (cenocítico ou apocítico), BDA+Acícula de pinheiro para fungos e cenoura+Beta-Sitosterol para oomicetos. Os isolados foram agrupados com base na morfologia de colônia e de esporos, e então inoculados de forma isolada em fragmentos de raízes de mandioca, para confirmação de sua patogenicidade. Os isolados fúngicos caracterizados como patogênicos foram preservados em tubos com meio de cultura, sob método de Castellani e em óleo mineral.

### ***Caracterização molecular da região ITS do rDNA***

Para a identificação molecular dos isolados, culturas puras de cada um dos 74 isolados de fungos e oomicetos foram colocadas para crescer em meio de cultura líquido de sacarose e extrato de levedura (10g de sacarose, 2g de extrato de levedura, 1g de  $\text{KH}_2\text{PO}_4$ , 0,1g de  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ , 0,00044g de  $\text{ZnSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  e 1000 mL de água destilada) durante 15 dias, e em seguida o micélio foi filtrado, seco, macerado com nitrogênio líquido e misturado com 700  $\mu\text{L}$  de tampão de extração (1% CTAB; 20 mM Tris, pH 8,0; 10 mM EDTA; 0,7 M NaCl) e 10  $\mu\text{L}$  de  $\beta$ -mercaptoetanol. A mistura foi mantida a  $65^\circ\text{C}$  durante 45 minutos e homogenizada suavemente a cada 15 minutos. Posteriormente, foram acrescentados 500  $\mu\text{L}$  de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1) e a mistura foi centrifugada por 10 minutos a 10.000 rpm. O sobrenadante foi transferido para um novo tubo, contendo 500  $\mu\text{L}$  de isopropanol e 100  $\mu\text{L}$  de acetato de sódio, e centrifugado a 10.000 rpm por 12 minutos. Finalmente, o precipitado foi lavado com 1 mL de etanol 70% duas vezes, seco à temperatura ambiente e ressuspenso a  $37^\circ\text{C}$  por 1 hora após adicionar 100  $\mu\text{L}$  de TE (Tris-HCL 10 mM + EDTA 1 mM) e 2  $\mu\text{L}$  de ribonuclease [RNase] ( $10\text{mg} \cdot \text{mL}^{-1}$ ). Após a extração, a solução contendo DNA foi armazenada à temperatura de  $-20^\circ\text{C}$ . A qualidade e quantidade do DNA total foi mensurada por comparação visual com o DNA do fago  $\lambda$  às concentrações de 50 e 100 ng por meio de corrida em gel de agarose a 1% ( $80\text{V} \cdot 60\text{min}^{-1}$ ), corado com brometo de etídio ( $1,5 \mu\text{l} \cdot 100\text{mL}^{-1}$ ).

### **Amplificação e sequenciamento**

A amplificação da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*) do rDNA dos isolados foi feita utilizando os iniciadores universais ITS1 (5' TCC GTA GGT GAA CCT GCG G 3') e ITS4 (5' TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC 3') (WHITE et al., 1990). Em microtubos plásticos de 200 $\mu\text{L}$  adicionaram-se: 50 ng de DNA; 1X Tris-HCl/KCl pH 8,3 (10 mM/50 mM);  $\text{MgCl}_2$  (1,5 mM); 0,1  $\mu\text{M}$  dNTPs de cada; 0,2  $\mu\text{M}$  de cada iniciador; Taq DNA polimerase 1,5 U (Biotech Ludwig, Alvorada, Brazil) e água ultrapura Mili-Q para completar o volume de 50  $\mu\text{L}$ . As reações foram constituídas de uma fase inicial de desnaturação a  $94^\circ\text{C}$  por 4 minutos, seguida por 35 ciclos compostos de desnaturação a  $94^\circ\text{C}$  por 30 segundos, 30 segundos de anelamento a  $50^\circ\text{C}$  e extensão a  $72^\circ\text{C}$  por 1 minuto e uma fase de extensão final de  $72^\circ\text{C}$  por 7 minutos. A amplificação foi realizada em termociclador Veriti™ 96 Well Thermal Cycler (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA).

Os produtos amplificados nas reações foram separados por meio de eletroforese em gel de agarose a 1%, a 100V, em tampão TAE 0,5X (Tris-Acetato-EDTA) por aproximadamente duas horas e corados em solução de brometo de etídeo a  $1,5 \mu\text{l} \cdot 100\text{mL}^{-1}$ .

Os fragmentos amplificados foram visualizados sob luz ultravioleta e fotografados no equipamento Carestream Gel Logic 212 Pro (Kodak, Rochester, NY, USA). Os produtos da reação de PCR foram purificados com auxílio de Kits de purificação comercial por coluna (UltraClean® PCR, Clean-Up Kit - Mobio Laboratories, Inc.), e em seguida encaminhados para sequenciamento na empresa DNA Landmarks Genotyping em duas direções (direta e reversa).

As sequências de DNA obtidas foram avaliadas quanto à qualidade de sequenciamento, com base nos respectivos eletroferogramas, alinhadas par-a-par e editadas manualmente, para obtenção de uma sequência consenso para cada um dos isolados. As sequências consenso geradas foram comparadas com aquelas depositadas no banco de dados NCBI (*National Center for Biotechnology Information website* - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), por meio da ferramenta BLASTn, para confirmação do gênero de cada um dos isolados. A verificação da identidade das espécies causadoras de podridão de raiz da mandioca foi realizada a partir de análises filogenéticas de *Neighbor-Joining* (NJ), e por meio de inferência Bayesiana, em comparação às demais sequências depositadas no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), e/ou de espécies-tipo presentes no MycoBank (<http://pt.mycobank.org>).

### **Análises filogenéticas**

Para as análises filogenéticas, as sequências da região ITS (compreendendo ITS1, 5,8s e ITS2) foram alinhadas com isolados de diferentes espécies (Tabela 1, 2, 3, 4 e 5) com auxílio da ferramenta “Muscle” implementada no software MEGA 5.1 (TAMURA et al., 2011).

A análise filogenética baseada em *Neighbor-Joining* (NJ) foi conduzida no software MEGA 5.1 (TAMURA et al., 2011), utilizando-se o modelo “Kimura 2 parâmetros”, e 1000 repetições de *bootstrap*, para a determinação do suporte dos ramos. Por outro lado, para as análises de inferência Bayesiana, o modelo de evolução para cada um dos gêneros foram obtidos com auxílio do programa “MrModeltest” (NYLANDER, 2004), e em seguida, as árvores consenso foram

geradas por meio do software “MrBayes” (RONQUIST & HUELSENBECK, 2003) com 5.000.000 de gerações e “burn-in” de 25% (1.250.000 gerações).

### ***Diversidade de espécies causadoras de podridão radicular***

A diversidade de espécies foi estimada pelas medidas de riqueza, diversidade e de equitabilidade. Visando reduzir o erro devido aos diferentes tamanhos das amostras que compõem a população em estudo, a riqueza esperada das espécies  $E_{\text{esp}}(n)$  foi estimada utilizando curvas de rarefação (GRÜNWARD et al., 2003), tendo como parâmetro a unidade hierárquica com menor número de isolados.

A estimativa da diversidade das espécies em cada uma das localidades foi gerada com base nos índices  $H'$  (Shannon-Wiener) e  $G$  (Stoddart & Taylor) (HILL, 1973; STODDART & TAYLOR, 1988). Intervalos de confiança para os valores de  $H'$  e  $G$  também foram calculados a partir de 1000 permutações, reamostrando a frequência original das espécies encontradas, utilizando os pacotes ‘vegan’ e ‘vegetarian’ implementados no programa estatístico R (R Development Core Team, 2013). Similarmente, a equitabilidade genotípica foi avaliada utilizando o índice  $E_5$  (GRÜNWARD et al., 2003).

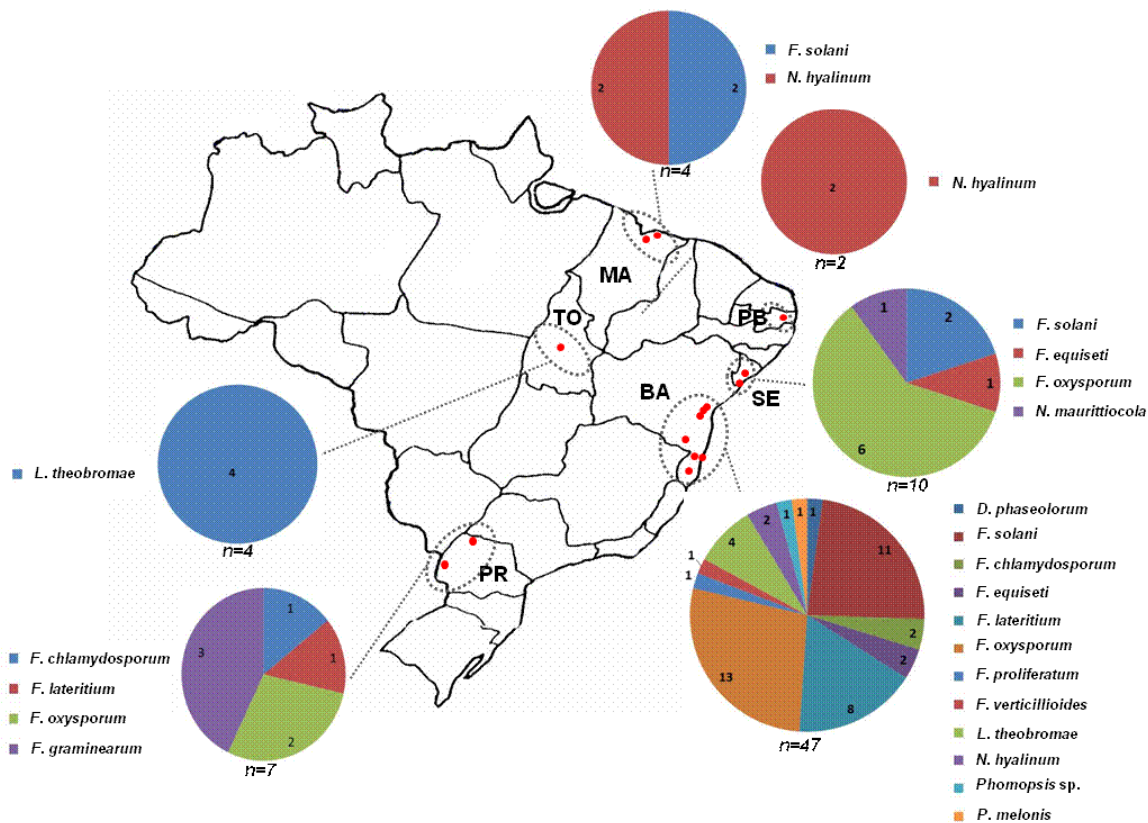
Para avaliar a relação entre as espécies de patógenos causadores de podridão radicular da mandioca e as regiões produtoras de origem, os dados de presença e ausência da ocorrência das espécies foram utilizados para construção de uma matriz de distância, com base no índice de dissimilaridade Brays-Curtis, e agrupados pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), com auxílio dos pacotes ‘vegan’ e ‘vegetarian’ implementados em ambiente R (R Development Core Team, 2013).

## **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### ***Obtenção dos isolados***

Um total de 74 isolados associados a podridões radiculares da mandioca foram obtidos de diferentes regiões produtoras nos estados da Bahia, Sergipe, Maranhão e Paraíba (Região Nordeste), além dos estados de Tocantins (Região Norte) e Paraná (Região Sul) (Figura 1). Os isolados foram separados com base no gênero definido por características de morfologia de colônia, esporos e micélio,

sendo mais frequentes espécies do gênero *Fusarium* (75,68%), seguido de *Lasiodiplodia* (10,81%), *Neoscytalidium* (8,11%), *Phomopsis* (1,35%), *Diaporthe* (1,35%), *Phytophthora* (1,35%) e *Nectria* (cuja fase anamórfica não é *Fusarium*) (1,35%).



**Figura 1.** Mapa do Brasil indicando locais de coleta, distribuição das espécies por Estados e frequência de ocorrência de diferentes espécies em cada Estado. **BA:** Bahia, **MA:** Maranhão, **PB:** Paraíba, **PR:** Paraná, **SE:** Sergipe, **TO:** Tocantins.  $n=$  “números de isolados obtidos”.

A alta diversidade de fungos causadores de podridão radicular da mandioca já foi relatada por diferentes autores em países do continente africano e no Brasil (LIMA et al., 1993; ONYEKA et al., 2005b; MUNIZ et al., 2006). No estado de Pernambuco (Região Nordeste) espécies dos gêneros: *Fusarium*, *Trichoderma*, *Scytalidium*, *Aspergillus*, *Pestalotiopsis*, *Penicillium*, *Alternaria*, *Roselinea*, *Phoma* e *Pythium* foram descritas como causadoras de podridão de raízes de mandioca (NOTARO et al., 2013), o que corrobora a hipótese de alta diversidade de patógenos causadores de podridão radicular da mandioca.



### Análise filogenética de espécies do gênero *Fusarium*

A análise dos isolados caracterizados como *Fusarium* sp. foi realizada com base em 136 isolados, sendo 57 obtidos neste estudo e 79 oriundos de sequências de DNA da região ITS do rDNA obtidas no banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), incluindo o “outgroup” *Microdochium nivale* (CBS 116205) (Tabela 1). Dos 586 nucleotídeos das regiões ITS1, 5,8 S e ITS2, 180 foram informativos para parcimônia, 60 foram únicos, e 316 constantes. Para inferência Bayesiana, o modelo de seleção adotado foi o GTR+I+G, cujas probabilidades posteriores dos ramos estão indicadas no filograma (Figura 2). Foi apresentada a árvore obtida na análise filogenética baseada em *Neighbor Joining*, mas a mesma topologia de árvore foi obtida para inferência Bayesiana.

**Tabela 1.** Sequências de DNA depositadas no Genbank relacionadas às espécies do gênero *Albonectria*, *Cosmopora*, *Fusarium*, *Gibberela*, *Microdochium*, *Nectria* e *Pseudocosmopora* utilizadas nas análises filogenéticas dos isolados associados à podridão radicular em mandioca.

ESPÉCIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<i>Albonectria rigidiuscula</i>	HQ897815	CBS122570
<i>Cosmopora coccínea</i>	HQ897827	CBS34170
<i>C. vilioscula</i>	KC291732	G.J.S.83-197
<i>Fusarium acuminatum</i>	JX177431	ICRISAT
<i>F. acuminatum</i>	KC477845	FAON-1
<i>F. asiaticum</i>	AB586991	MAFF240264
<i>F. asiaticum</i>	DQ459836	NRRL28720
<i>F. asiaticum</i>	NR121320	NRRL26156
<i>F. asiaticum</i>	DQ459834	NRRL13818
<i>F. austroamericanum</i>	DQ459838	NRRL28718
<b><i>F. avenaceum</i></b>	<b>AB587015</b>	ATCC200255
<i>F. boemiforme</i>	FBU61674	NRRL25174
<i>F. boemiforme</i>	NR111885	NRRL13606
<i>F. boemiforme</i>	X94178	CBS48294
<i>F. boothii</i>	DQ459845	NRRL26916
<i>F. brasiliicum</i>	DQ459861	NRRL31281
<i>F. cerealis</i>	DQ459869	NRRL25805
<i>F. chlamydosporum</i>	KM076600	VKM
<i>F. chlamydosporum</i>	ND	CBPPR0008*
<i>F. chlamydosporum</i>	ND	CBPPR0047*
<i>F. chlamydosporum</i>	ND	CBPPR0051*
<i>F. chlamydosporum</i> var. <i>fuscum</i>	AY213655	CBS63576
<i>F. chlamyosporum</i>	HQ671187	YS-110
<i>F. commune</i>	DQ016210	9665K
<i>F. commune</i>	DQ016211	9312H
<i>F. cortaderiae</i>	DQ459858	NRRL31171
<i>F. cortaderiae</i>	DQ459859	NRRL31185
<i>F. culmorum</i>	AY147334	K1004
<i>F. culmorum</i>	GU566271	G5
<i>F. culmorum</i>	KF646093	Rr37

Continua...

...Continuação

<b>ESPÉCIE</b>	<b>Nº GenBank</b>	<b>Código de Acesso</b>
<b><i>F. dimerum</i></b>	<b>AB586995</b>	<b>CBS63276</b>
<i>F. equiseti</i>	AB820721	CBS44884
<i>F. equiseti</i>	JX114784	F3RS1
<i>F. equiseti</i>	JX114791	F19RS1
<i>F. equiseti</i>	KJ188664	DWS23s2
<i>F. equiseti</i>	ND	CBPPR0031*
<i>F. equiseti</i>	ND	CBPPR0032*
<i>F. equiseti</i>	ND	CBPPR0058*
<i>F. falciforme</i>	EU329690	CBS47567
<i>F. falciforme</i>	EU329691	CBS101427
<i>F. falciforme</i>	JX624109	NCCPF580051
<b><i>F. graminearum</i></b>	<b>AB586992</b>	<b>MAFF240270</b>
<b><i>F. graminearum</i></b>	<b>AJ491292</b>	<b>NRRL28302</b>
<b><i>F. graminearum</i></b>	<b>AJ491293</b>	<b>NRRL28063</b>
<i>F. graminearum</i>	ND	CBPPR0049*
<i>F. graminearum</i>	ND	CBPPR0052*
<i>F. graminearum</i>	ND	CBPPR0053*
<b><i>F. kyushuense</i></b>	<b>AB587019</b>	<b>MAFF237645</b>
<b><i>F. kyushuense</i></b>	<b>AB587020</b>	<b>NRRL6490</b>
<b><i>F. langsethiae</i></b>	<b>AB587021</b>	<b>CBS113234</b>
<b><i>F. larvarum</i></b>	<b>AB586985</b>	<b>CBS63876</b>
<i>F. lateritium</i>	DQ026009	AHS-509-30
<i>F. lateritium</i>	FN547453	ISPaVe1984
<b><i>F. lateritium</i></b>	<b>AB587003</b>	<b>ATCC34203</b>
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0012*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0014*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0023*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0030*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0040*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0044*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0045*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0046*
<i>F. lateritium</i>	ND	CBPPR0050*
<i>F. longipes</i>	AB820724	IFM50036
<i>F. lunulosporum</i>	DQ459868	NRRL13393
<b><i>F. merismoides</i></b>	<b>AB586997</b>	<b>CBS63476</b>
<i>F. nelsonii</i>	GQ505434	NRRL13338
<i>F. nelsonii</i>	GQ505436	NRRL28505
<b><i>F. oxysporum</i></b>	<b>GQ922563</b>	<b>d13</b>
<b><i>F. oxysporum</i></b>	<b>GQ922564</b>	<b>d14</b>
<b><i>F. oxysporum</i></b>	<b>GQ922565</b>	<b>d22</b>
<i>F. oxysporum</i>	HM036595	KRP20-1
<i>F. oxysporum</i>	KF913730	CBS12773
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0003*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0004*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0005*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0006*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0007*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0010*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0011*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0013*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0017*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0019*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0021*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0028*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0035*

Continua...

...Continuação		
ESPÉCIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0037*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0038*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0039*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0041*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0043*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0054*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0055*
<i>F. oxysporum</i>	ND	CBPPR0056*
<i>F. phaseoli</i>	AB587014	MAFF239038
<i>F. phaseoli</i>	EU329668	NRRL22276
<b><i>F. phyllophilum</i></b>	<b>AB587006</b>	<b>CBS21676</b>
<i>F. proliferatum</i>	X94171	CBS21776
<i>F. proliferatum</i>	ND	CBPPR0015*
<i>F. sacchari</i>	FSU34556	NRRL13999
<i>F. solani</i>	AM412597	FMR8484
<b><i>F. solani</i></b>	<b>AY677295</b>	<b>CBS49063</b>
<b><i>F. solani</i></b>	<b>DQ094641</b>	<b>CBS47567</b>
<i>F. solani</i>	FJ345352	ATCC56480
<i>F. solani</i>	GQ922557	d5
<i>F. solani</i>	GQ922560	d16
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0001*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0009*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0016*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0018*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0022*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0024*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0025*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0026*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0027*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0029*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0033*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0034*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0036*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0042*
<i>F. solani</i>	ND	CBPPR0057*
<b><i>F. tricinctum</i></b>	<b>AB587029</b>	<b>CBS39393</b>
<i>F. tucumaniae</i>	AY220231	NRRL31096
<b><i>F. verticillioides</i></b>	<b>AB587010</b>	<b>CBS57678</b>
<i>F. verticillioides</i>	ND	CBPPR0048*
<i>F. virguliforme</i>	AY220239	NRRL31041
<i>Gibberella zeae</i>	DQ459831	NRRL28439
<i>G. zeae</i>	JQ614060	IFL3
<b><i>Microdochium nivale</i></b>	<b>AB586986</b>	<b>CBS116205</b>
<i>Nectria flavoviridis</i>	HQ897791	BBA65542
<i>N. haematococca</i>	AF059206	
<i>N. mauritticola</i>	AY138847	CBS31372T
<i>N. mauritticola</i>	ND	CBPPR0002*
<i>N. rubropeziza</i>	HQ897797	CBS23431
<i>Pseudocosmospora metajoca</i>	KC291745	A.R.4576
<i>P. vilior</i>	KC291738	P.C.1246

\* Espécies de patógenos identificadas no presente estudo.

ND: Espécies ainda não depositadas no GenBank.

Em negrito estão as espécies-tipo depositadas no GenBank.



**Figura 2.** Árvore filogenética de espécies do gênero *Fusarium* baseada em inferência Bayesiana e enraizada com *Microdochium nivale* (AB586986). Os valores acima dos ramos indicam o suporte com base em *bootstrap* / probabilidade posterior (*Neighbour Joining* / Bayesiana). As espécies do presente estudo estão representadas com asterisco à direita e as sequências das “espécies-tipo” estão em **negrito**. A figura 2 foi separada em **A**, **B** e **C** para melhor visualização, na **Figura 3**, **Figura 4** e **Figura 5**, respectivamente.



**Figura 3.** Representação da parte A da Figura 2. Nos grupos 1 e 2 estão as espécies semelhantes filogeneticamente com os isolados trabalhados neste estudo.

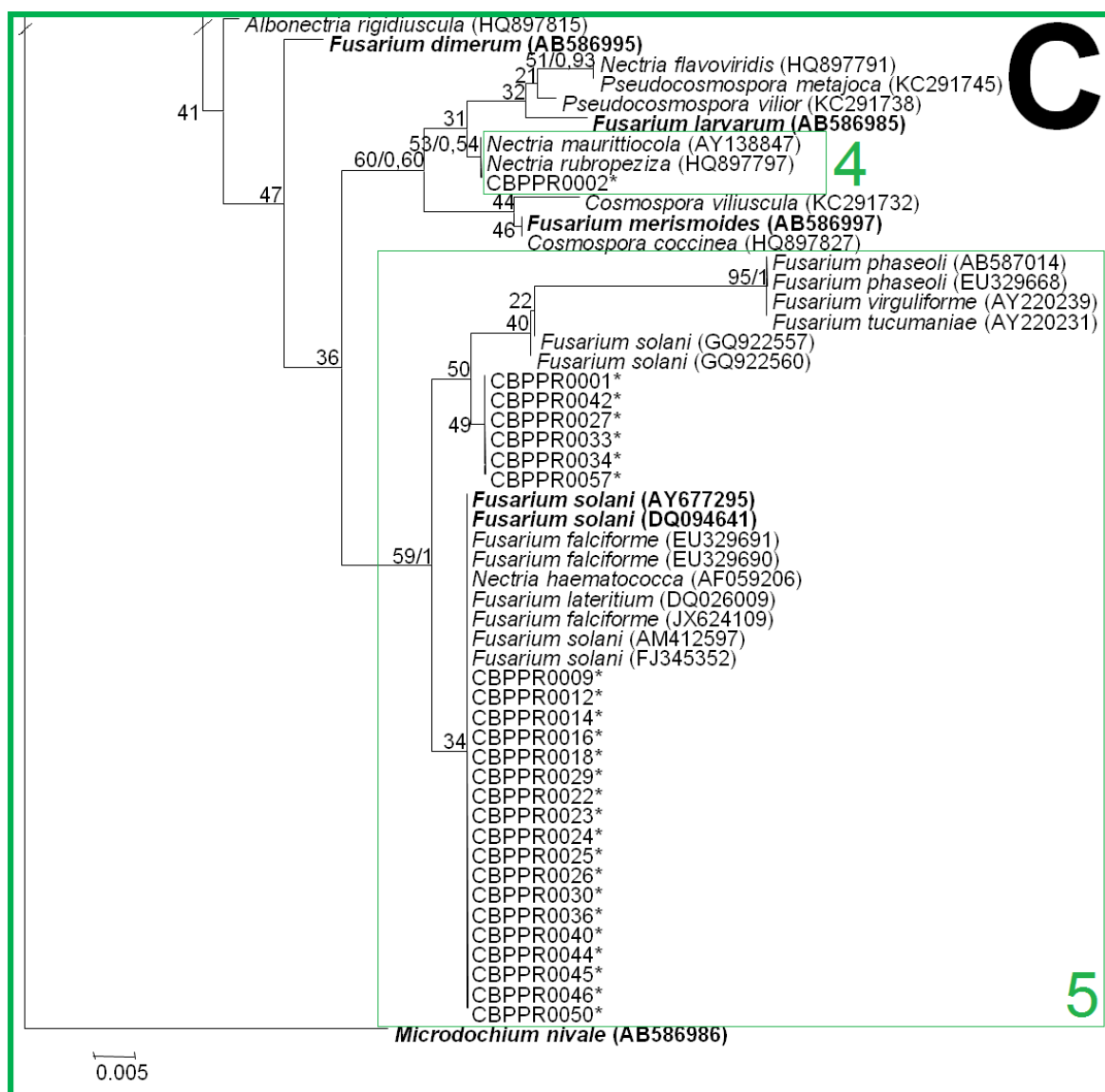
De acordo com as análises filogenéticas da região ITS do rDNA, os isolados foram divididos em cinco grupos, sendo quatro deles com mais de um isolado por grupo, e um grupo com apenas um isolado. Os isolados pertencentes ao Grupo 1 foi constituído por três isolados pertencentes ao complexo *Fusarium graminearum* (probabilidade posterior = 0,79), sendo este o primeiro relato desta espécie em associação com a cultura da mandioca, uma vez que esta espécie é comumente associada à fusariose em cereais, a exemplo do trigo e cevada (ANGELOTTI et al., 2006), porém não está rejeitada a possibilidade de que haja outras espécies desse fungo associadas à doença no país. Por outro lado, no Grupo 2, seis isolados são filogeneticamente mais próximos de *Fusarium equiseti* e *Fusarium chlamyosporum* (Figura 3).

No Grupo 3 (*F. oxysporum*), uma alta probabilidade posterior foi encontrada (0,92), indicado que vinte e um dos isolados encontrados pertencem a esta espécie. Dos vinte e três isolados, quinze foram provenientes de cultivos no estado da Bahia, seis de Sergipe e dois do Paraná, ou seja, em 50% dos estados amostrados, sendo que um isolado da Bahia foi relacionado à espécie *F. verticillioides* e o outro a *F. proliferatum*, pertencendo ao mesmo grupo de *F. oxysporum* (Figura 4). De fato, em diversos países africanos, várias espécies de *Fusarium* são comumente associadas com podridão radicular em mandioca. O *F. oxysporum* é uma das espécies mais disseminadas e associadas a grandes perdas na produtividade da mandioca (BANDYOPADHYAY et al., 2006).



**Figura 4.** Representação da parte B da Figura 2. No grupo 3 estão as espécies semelhantes filogeneticamente com os isolados trabalhados neste estudo.

O Grupo 4 foi identificado apenas um isolado, sendo relacionado à espécie *Nectria mauritiicola*. Por outro lado, para o Grupo 5 (complexo *F. solani*), um total de vinte e quatro isolados foram agrupados, distribuídos em duas espécies, sendo quinze isolados geneticamente mais próximos de *F. solani* (*sensu stricto*) com alta probabilidade posterior (1,0) e nove isolados classificados como *F. lateritium* (Figura 5).



**Figura 5.** Representação da parte C da Figura 2. Nos grupos 4 e 5 estão as espécies semelhantes filogeneticamente com os isolados trabalhados neste estudo.

Foram identificadas oito espécies do gênero *Fusarium* associadas à podridão radicular da mandioca com diferentes frequências: *F. oxysporum* (36,84%), *F. solani* (26,32%), *F. lateritium* (15,79%), *F. graminearum* (5,26%), *F. chlamydosporum* (5,26%), *F. equiseti* (5,26%), *F. proliferatum* (1,75%) e *F. verticillioides* (1,75%), além de um isolado caracterizado como *Nectria mauritiicola*, cujo estado anamorfo pertence ao gênero *Rhizostilbella* e não *Fusarium*. *Nectria mauritiicola* é uma espécie saprófita, mas também pode ser parasita nas raízes das plantas, geralmente em solos encharcados, causando amarelecimento e queda das folhas, acompanhado por um cheiro enjoativo

(SEIFERT, 1985). Assim como, *Sphaerostilbe repens* (sinônimo) que também ataca as raízes da mandioca, causando podridão (OBILO & IKOTUN, 2008).

No Brasil, as espécies *F. solani* e *F. oxysporum* são frequentemente relatada como algumas das mais prevalentes dentre as causadoras de podridões radiculares em mandioca, sendo *F. solani* tida como mais a amplamente distribuída entre as diferentes regiões produtoras (MENDES et al., 1998; POLTRONIERI et al., 2002; NOTARO et al., 2013).

A espécie *F. solani* também foi relatada como patogênica em mandioca na Colômbia, e com base em características morfológicas este fungo é mais comum que o *F. oxysporum* causando podridão radicular. *Fusarium solani* e *F. oxysporum* apresentaram uma frequência de 45% em um levantamento de patógenos ocorridos na Nigéria, em 1998 e 1999, sendo mais frequentes em áreas com mais de 1.600 mm de chuva por ano (BANDYOPADHYAY et al., 2006). Além da Colômbia, o *F. solani* também já foi relatado em associação com a mandioca na Índia, Malásia, Nigéria e Nova Guiné (ADISA, 1983; SHAW, 1984; SARBHOY & AGARWAL, 1990; CHEARI et al., 2014).

No gênero *Fusarium* diversas mudanças tem sido propostas para classificação das espécies com base na aplicação de técnicas moleculares, sendo que um número crescente de espécies vêm sendo reconhecida pelos taxonomistas (SEIFERT, 2006). Grande parte dos patologistas de plantas está acostumada com as divergências taxonômicas neste gênero e com os diferentes conceitos subjetivos de espécie, sobretudo em três grupos do gênero associados ao complexo *Gibberella fujikuroi* (Sawada) Wollenw, o complexo *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. e o complexo *F. graminearum* (SEIFERT, 2006). O complexo de espécies *F. solani*, por exemplo, é constituído por mais de 50 espécies filogenéticas, antes ignoradas por causa da sua semelhança morfológica (O'DONNELL, 2000; O'DONNELL et al., 2008; NALIM et al., 2011).

### **Análise filogenética de espécies do gênero *Lasiodiplodia***

A análise morfológica dos oito isolados previamente identificados como pertencentes ao gênero *Lasiodiplodia* foi realizada de forma conjunta com 65 sequências de DNA da região ITS do rDNA provenientes do banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), e o “outgroup” *Spencermartinsia viticola* (CBS 117009) (Tabela 2). Um total de 537 nucleotídeos



das regiões ITS1, 5,8 S e ITS2 foram utilizados nas análises filogenéticas, dos quais 46 foram informativos para parcimônia, 36 foram únicos e 446 constantes. Para inferência Bayesiana, o modelo de seleção adotado foi o HKY+I, sendo que as probabilidades posteriores dos ramos estão indicadas no filograma (Figura 6). A mesma topologia de árvore foi obtida na análise filogenética baseada em *Neighbor Joining*.

**Tabela 2.** Sequências de DNA depositadas no Genbank relacionadas às espécies do gênero *Botryosphaeria*, *Lasiodiplodia* e *Spencermartinsia* utilizadas nas análises filogenéticas dos isolados associados à podridão radicular em mandioca.

ESPÉCIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<i>Botryosphaeria dothidea</i>	GQ421485	B922
<i>B. dothidea</i>	AJ938005	BOTDOT1/41503052
<i>B. mamane</i>	KF531822	CBS117444
<i>B. rhodina</i>	AY236952	CMW9074
<i>B. rhodina</i>	AY640255	CBS164.96
<i>B. rhodina</i>	DQ458890	CBS124.13
<i>B. rhodina</i>	DQ233594	UCD256Ma
<i>B. rhodina</i>	DQ233596	UCD1814Md
<i>B. rhodina</i>	EF564146	M35
<i>B. rhodina</i>	EU938329	CMM1510
<i>Lasiodiplodia brasiliense</i>	JX464063	CMM4015
<i>L. brasiliense</i>	KC484792	CMM2255
<i>L. brasiliense</i>	KC484793	CMM2313
<i>L. brasiliense</i>	KC484812	CMM2186
<i>L. citricola</i>	GU945353	IRAN1521C
<i>L. citricola</i>	GU945354	IRAN1522C
<i>L. crassispora</i>	EF622086	CBS110492
<i>L. crassispora</i>	FJ888465	CMW22653
<i>L. egyptiaca</i>	JN814397	CBS130992
<i>L. egyptiaca</i>	JN814401	BOT-29
<b><i>L. euphorbicola</i></b>	<b>KF234543</b>	<b>CMM3609</b>
<i>L. euphorbicola</i>	KF234553	CMM3651
<i>L. euphorbicola</i>	KF234554	CMM3652
<i>L. euphorbicola</i>	KF369266	CMM3897
<i>L. euphorbicola</i>	KF369267	CMM3973
<i>L. euphorbicola</i>	KF369268	CMM4018
<i>L. gilanensis</i>	GU945351	IRAN1523C
<i>L. gilanensis</i>	GU945352	IRAN1501C
<i>L. gonubiensis</i>	DQ458892	CBS115812
<b><i>L. hormozganensis</i></b>	<b>GU945355</b>	<b>IRAN1500C</b>
<i>L. hormozganensis</i>	GU945356	IRAN1498C
<i>L. iraniensis</i>	GU945349	IRAN1517C
<i>L. iraniensis</i>	GU945350	IRAN1519C
<b><i>L. jatrophiicola</i></b>	<b>KF234544</b>	<b>CMM3610</b>
<b><i>L. macrospora</i></b>	<b>KF234557</b>	<b>CMM3833</b>
<i>L. mahajangana</i>	FJ900595	CMW27801
<i>L. mahajangana</i>	FJ900597	CMW27820
<i>L. margaritacea</i>	EU144050	CBS122519
<i>L. marypalme</i>	KC484841	CMM2274

Continua...

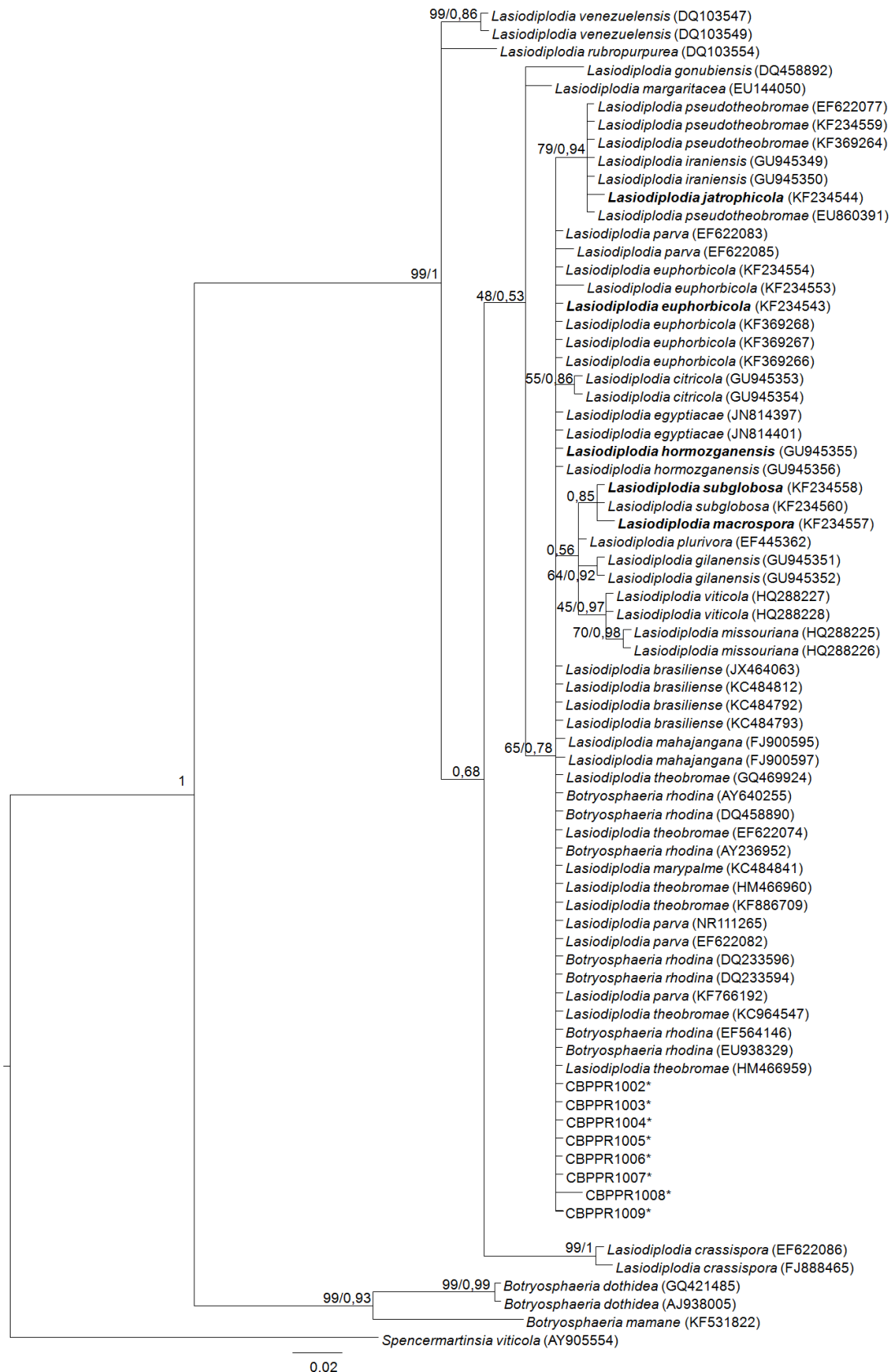
...Continuação		
ESPÉCIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<i>L. missouriana</i>	HQ288225	UCD2193MO
<i>L. missouriana</i>	HQ288226	UCD2199MO
<i>L. parva</i>	EF622082	CBS356.59
<i>L. parva</i>	EF622083	CBS456.78
<i>L. parva</i>	EF622085	CBS495.78
<i>L. parva</i>	KF766192	CBS456.78
<i>L. parva</i>	NR111265	CBS456.78
<i>L. plurivora</i>	EF445362	STE-U5803
<i>L. pseudotheobromae</i>	EF622077	CBS116459
<i>L. pseudotheobromae</i>	EU860391	UY1356
<i>L. pseudotheobromae</i>	KF234559	CMM3887
<i>L. pseudotheobromae</i>	KF369264	CMM3894
<i>L. rubropurpurea</i>	DQ103554	WAC12536
<b><i>L. subglobosa</i></b>	<b>KF234558</b>	<b>CMM3872</b>
<i>L. subglobosa</i>	KF234560	CMM4046
<i>L. theobromae</i>	EF622074	CBS111530
<i>L. theobromae</i>	GQ469924	CMW28571
<i>L. theobromae</i>	HM466959	RSGV/PD01
<i>L. theobromae</i>	HM466960	RSGV/PD02
<i>L. theobromae</i>	KC964547	PHLO10
<i>L. theobromae</i>	KF886709	CMW22924
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1002*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1003*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1004*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1005*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1006*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1007*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1008*
<i>L. theobromae</i>	ND	CBPPR1009*
<i>L. venezuelensis</i>	DQ103547	WAC12539
<i>L. venezuelensis</i>	DQ103549	CMW13513
<i>L. viticola</i>	HQ288227	UCD2553AR
<i>L. viticola</i>	HQ288228	UCD2604MO
<i>Spencermartinsia viticola</i>	AY905554	CBS117009

\* Espécies de patógenos identificadas no presente estudo.

ND: Espécies ainda não depositadas no GenBank.

Em negrito estão as espécies-tipo depositadas no GenBank.

Dos oito isolados identificados, quatro foram provenientes de cultivos no estado da Bahia e quatro do Tocantins, ou seja, 33,33% dos estados amostrados. De acordo com as análises filogenéticas baseadas na região ITS do rDNA, os isolados foram agrupados como pertencentes ao complexo *Lasiodiplodia theobromae*, o qual também engloba outras espécies já relatadas associadas à podridão negra da mandioca, como é o caso de *L. parva*, *L. pseudotheobromae* e *L. euphorbicola*. Estas espécies são geneticamente muito próximas e além disso, possuem como fase teleomórfica *Botryosphaeria rhodina* (MARQUES et al., 2013; MACHADO et al., 2014a; MACHADO et al., 2014b; NETTO et al., 2014).



**Figura 6.** Árvore filogenética de espécies do gênero *Lasiodiplodia* baseada em inferência Bayesiana e enraizada com *Spencermartinsia viticola* (AY905554). Os valores acima dos ramos indicam o suporte com base em *bootstrap* / probabilidade posterior (*Neighbour Joining* / Bayesiana). As espécies do presente estudo estão representadas com asterisco à direita e as sequências das “espécies-tipo” estão em **negrito**.

Devido à alta identidade genética (>78%) entre as espécies do complexo *L. theobromae*, estudos adicionais devem ser realizados visando à identificação mais assertiva da espécie encontrada neste trabalho, por meio de uma caracterização polifásica, incluindo a análise das características das colônias, e morfologia dos conídios e dos corpos de frutificação, bem como o sequenciamento de outras regiões gênicas, como é o caso do fator de alongação alfa (EF1- $\alpha$ ) e beta tubulina ( $\beta$ t).

### **Análise filogenética de espécies do gênero *Neoscytalidium***

Para a caracterização de *Neoscytalidium* sp. foram utilizados 27 isolados, sendo seis identificados no presente estudo e 21 sequências de DNA da região ITS do rDNA obtidas no banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), incluindo o “outgroup” *Neofusicoccum vitifusiforme* (CBS 110887) (Tabela 3). Foram utilizados 478 nucleotídeos das regiões ITS1, 5,8 S e ITS2, dos quais 5 foram informativos para parcimônia, 38 foram únicos, e 433 constantes. Além disso, para a inferência Bayesiana adotou-se o modelo HKY+G, cujas probabilidades posteriores dos ramos foram indicadas no filograma (Figura 7).

Os seis isolados identificados de *Neoscytalidium* sp. representaram 50% dos estados amostrados, sendo dois provenientes da Bahia, dois do Maranhão e dois da Paraíba. Os isolados foram agrupados no clado com semelhança a *Neoscytalidium hyalinum*, de acordo com as análises filogenéticas da região ITS.

As espécies causadoras de podridão negra da raiz da mandioca no Brasil têm sido associadas com *Scytalidium lignicola* (SILVA et al., 2013). Contudo, muitas destas espécies tiveram sua nomenclatura alterada para o gênero *Neoscytalidium*, cuja morfologia é semelhante à do *Scytalidium*, porém com diferença na presença ou ausência de picnídeos e conídios entre os gêneros, além de pertecerem a ordens diferentes de Ascomycota (CROUS et al., 2006; SEIFERT et al., 2011; PHILLIPS et al., 2013; MACHADO et al., 2014a).

**Tabela 3.** Sequências de DNA depositadas no Genbank relacionadas às espécies do gênero *Neoscytalidium* e *Neofusicoccum* utilizadas nas análises filogenéticas dos isolados associados à podridão radicular em mandioca.

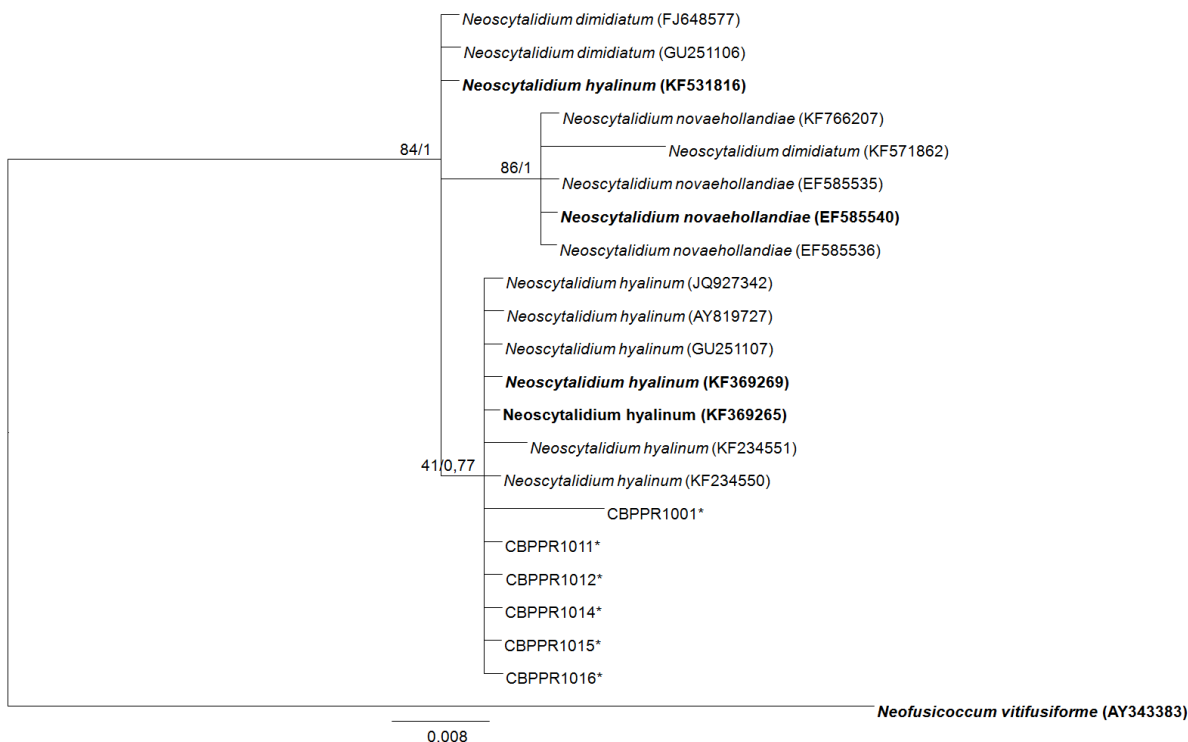
ESPÉCIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<b><i>Neofusicoccum vitifusiforme</i></b>	<b>AY343383</b>	<b>STE-U 5252</b>
<i>Neoscytalidium dimidiatum</i>	FJ648577	CBS49966
<i>N. dimidiatum</i>	KF571862	CBS135275
<i>N. dimidiatum</i>	GU251106	PD103 USA
<i>N. hyalinum</i>	AY819727	CBS49966
<i>N. hyalinum</i>	GU251107	PD104
<b><i>N. hyalinum</i></b>	<b>KF369269</b>	<b>CMM4022</b>
<b><i>N. hyalinum</i></b>	<b>KF369265</b>	<b>CMM3895</b>
<i>N. hyalinum</i>	KF234551	CMM3566
<i>N. hyalinum</i>	KF234550	CMM3649
<i>N. hyalinum</i>	JQ927342	CMM3616
<b><i>N. hyalinum</i></b>	<b>KF531816</b>	<b>CBS14578</b>
<i>N. hyalinum</i>	ND	CBPPR1001*
<i>N. hyalinum</i>	ND	CBPPR1011*
<i>N. hyalinum</i>	ND	CBPPR1012*
<i>N. hyalinum</i>	ND	CBPPR1014*
<i>N. hyalinum</i>	ND	CBPPR1015*
<i>N. hyalinum</i>	ND	CBPPR1016*
<i>N. novaehollandiae</i>	KF766207	CBS122071
<i>N. novaehollandiae</i>	EF585535	CBS122072
<i>N. novaehollandiae</i>	EF585536	CBS122610
<b><i>N. novaehollandiae</i></b>	<b>EF585540</b>	<b>CBS122071</b>

\* Espécies de patógenos identificadas no presente estudo.

ND: Espécies ainda não depositadas no GenBank.

Em negrito estão as espécies-tipo depositadas no GenBank.

A espécie *Neoscytalidium hyalinum*, antes classificada como *Neoscytalidium dimidiatum* refere-se a um fungo da família Botryosphaeriaceae, que engloba diversos fungos patogênicos endófitos ou saprofíticos, encontrados nos hospedeiros lenhosos e em todas as áreas geográficas e climáticas do mundo, com a exceção das regiões polares (CROUS et al., 2006; PHILLIPS et al., 2013). *Neoscytalidium hyalinum* já foi relatado anteriormente em associação com pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), manga (*Mangifera indica* L.) e mandioca (*Manihot esculenta*) no Brasil (MACHADO et al., 2012; MARQUES et al., 2013; MACHADO et al., 2014a; MACHADO et al., 2014b).



**Figura 7.** Árvore filogenética de espécies do gênero *Neoscytalidium* baseada em inferência Bayesiana e enraizada com *Neofusicoccum vitifusiforme* (AY343383). Os valores acima dos ramos indicam o suporte com base em *bootstrap* / probabilidade posterior (*Neighbour Joining* / Bayesiana). As espécies do presente estudo estão representadas com asterisco à direita e as sequências das “espécies-tipo” estão em **negrito**.

### **Análise filogenética de espécies do gênero *Phomopsis***

Para os fungos inicialmente caracterizados como *Phomopsis* sp. utilizaram-se 47 isolados, sendo dois isolados obtidos neste estudo e 45 sequências de DNA da região ITS do rDNA obtidas no banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), incluindo o “outgroup” (*Diaporthe corylina* CBS 121124) (Tabela 4). No total foram utilizados 514 nucleotídeos das regiões ITS1, 5,8 S e ITS2, dos quais 110 foram informativos para parcimônia, 58 foram únicos, e 321 constantes. Para inferência Bayesiana, o modelo de seleção adotado foi o SYM+I+G, com probabilidades posteriores dos ramos indicadas no filograma (Figura 8).

Os dois isolados previamente identificados como *Phomopsis* sp., baseados em características morfológicas, foram provenientes de cultivos localizados no estado da Bahia, mais especificadamente, na cidade de Cruz das Almas. De acordo com as análises filogenéticas de *ITS*-Barcoding, um isolado foi agrupado no clado que se assemelha com *Diaporthe phaseolorum*, apresentando 0,62 de

probabilidade posterior e o outro agrupado no clado contendo espécies do gênero *Phomopsis* e *Diaporthe* (probabilidade posterior = 0,63).

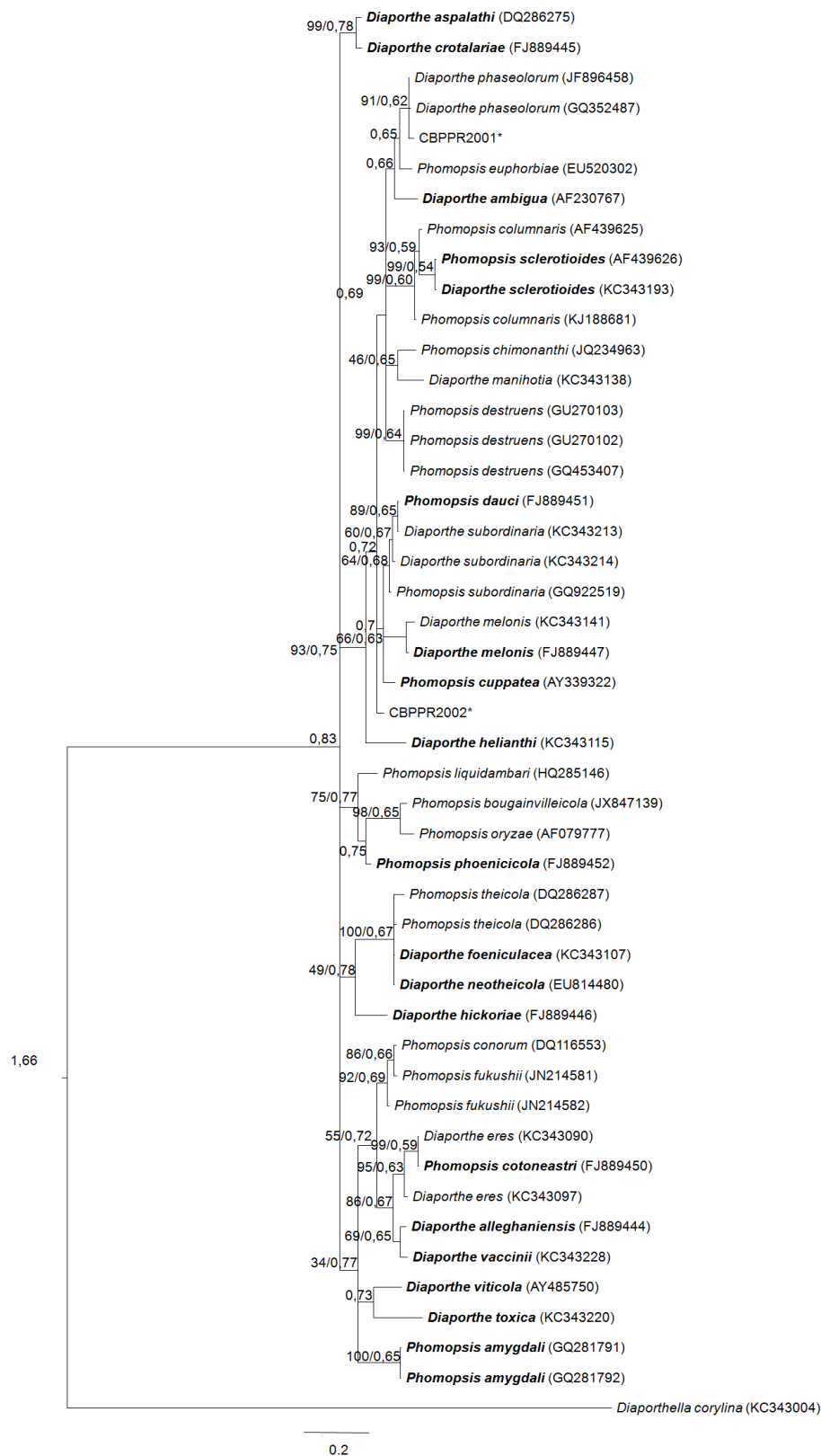
**Tabela 4.** Sequências de DNA depositadas no Genbank relacionadas às espécies do gênero *Diaporthe*, *Diaporthella* e *Phomopsis* utilizadas nas análises filogenéticas dos isolados associados à podridão radicular em mandioca.

ESPECIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<b><i>Diaporthe alleghaniensis</i></b>	<b>FJ889444</b>	<b>CBS49572</b>
<i>D. ambigua</i>	AF230767	STE-U2657
<i>D. aspalathi</i>	DQ286275	CBS117169
<b><i>D. crotalariae</i></b>	<b>FJ889445</b>	<b>CBS 16233</b>
<i>D. eres</i>	KC343090	CBS43982
<i>D. eres</i>	KC343097	CBS84184
<b><i>D. foeniculacea</i></b>	<b>KC343107</b>	<b>CBS18727</b>
<i>D. helianthi</i>	KC343115	CBS59281
<i>D. hickoriae</i>	FJ889446	CBS14526
<i>D. manihotia</i>	KC343138	CBS50576
<i>D. melonis</i>	KC343141	CBS43587
<b><i>D. melonis</i></b>	<b>FJ889447</b>	<b>CBS50778</b>
<b><i>D. neotheicola</i></b>	<b>EU814480</b>	<b>Di-C004/5</b>
<i>D. phaseolorum</i>	JF896458	FGU0001
<i>D. phaseolorum</i>	GQ352487	144GP/T
<i>D. phaseolorum</i>	ND	CBPPR2001*
<b><i>D. sclerotioides</i></b>	<b>KC343193</b>	<b>CBS29667</b>
<b><i>D. subordinaria</i></b>	<b>KC343213</b>	<b>CBS101711</b>
<i>D. subordinaria</i>	KC343214	CBS46490
<b><i>D. toxica</i></b>	<b>KC343220</b>	<b>CBS53493</b>
<b><i>D. vaccinii</i></b>	<b>KC343228</b>	<b>CBS16032</b>
<b><i>D. viticola</i></b>	<b>AY485750</b>	<b>STE-U 5683</b>
<i>Diaporthella corylina</i>	KC343004	CBS121124
<b><i>Phomopsis amygdali</i></b>	<b>GQ281791</b>	<b>3B</b>
<b><i>P. amygdali</i></b>	<b>GQ281792</b>	<b>11A</b>
<i>P. bougainvilleicola</i>	JX847139	R-4745
<i>P. chimonanthi</i>	JQ234963	
<i>P. columnaris</i>	AF439625	AR3612
<i>P. columnaris</i>	KJ188681	DWS9m1
<i>P. conorum</i>	DQ116553	CBS58779
<b><i>P. cotoneastri</i></b>	<b>FJ889450</b>	<b>CBS43982</b>
<b><i>P. cuppatea</i></b>	<b>AY339322</b>	<b>R433R</b>
<b><i>P. dauci</i></b>	<b>FJ889451</b>	<b>CBS31549</b>
<i>P. destruens</i>	GU270103	TDARES47
<i>P. destruens</i>	GU270102	TDARES45
<i>P. destruens</i>	GQ453407	TDARES36
<i>P. euphorbiae</i>	EU520302	4TnP1-2
<i>P. fukushii</i>	JN214582	Pho23
<i>P. fukushii</i>	JN214581	Pho22
<i>P. oryzae</i>	AF079777	IMI158929
<b><i>P. phoenicicola</i></b>	<b>FJ889452</b>	<b>CBS16164</b>
<b><i>P. sclerotioides</i></b>	<b>AF439626</b>	<b>CBS29667</b>
<i>Phomopsis</i> sp.	ND	CBPPR2002*
<i>P. subordinaria</i>	GQ922519	CBS10484
<i>P. theicola</i>	DQ286286	CBS117166
<i>P. theicola</i>	DQ286287	CBS117501
<i>P. liquidambari</i>	HQ285146	B3

\* Espécies de patógenos identificadas no presente estudo.

ND: Espécies ainda não depositadas no GenBank.

Em negrito estão as espécies-tipo depositadas no GenBank.



**Figura 8.** Árvore filogenética de espécies do gênero *Phomopsis* baseada em inferência Bayesiana e enraizada com *Diaporthella corylina* (KC343004). Os valores acima dos ramos indicam o suporte com base em *bootstrap* / probabilidade posterior (*Neighbour Joining* / Bayesiana). As espécies do presente estudo estão representadas com asterisco à direita e as sequências das “espécies-tipo” estão em **negrito**.



O gênero *Diaporthe* inclui espécies fitopatogênicas em muitos hospedeiros lenhosos e herbáceos, sendo encontradas, principalmente, no seu estado anamórfico *Phomopsis*. Muitas de suas espécies causam grandes perdas ao infectar plantas de interesse econômico, a exemplo de fruteiras, provocando cancos, podridões, diebacks e necroses, entre outras patologias. Estes fungos podem sobreviver como endófitos, sem causar qualquer dano ao hospedeiro, podendo tornar-se patogênicos quando o hospedeiro encontra-se senescente ou sob condições de estresse. Há ainda espécies com comportamento saprofítico. Exemplos de agentes patogênicos são *Phomopsis amygdali* (Delacr.) J.J. Tuset & M.T. Portilla, responsável pela descoloração e morte de caules de pessegueiro (FARR et al., 1999), *Diaporthe helianthi* Munt.-Cvetk., Mihaljč. & M. Petrov, o agente causal do cancro do caule do girassol (MUNTANOLA-CVETKOVIC et al., 1991), *Diaporthe phaseolorum* (Cooke & Ellis) Sacc., agente causal do cancro do caule da soja (BLACK et al., 1996) e *Phomopsis viticola* (Sacc.) Sacc., um importante patógeno da videira (MOSTERT et al., 2001). Contudo, mesmo sendo um fungo reconhecidamente causador de podridões em outras espécies de plantas, este é o primeiro relato do gênero associado à podridão radicular em mandioca.

### **Análise filogenética de espécies do gênero *Phytophthora***

Um isolado obtido de amostras com sintomas de podridão radicular, previamente caracterizado como *Phytophthora* sp. foi analisado conjuntamente com 21 sequências de DNA da região ITS do rDNA obtidas no banco de dados do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), juntamente com o “outgroup” (*Phytium citrinum* 221743) (Tabela 5). Para esta análise foram utilizados 739 nucleotídeos das regiões ITS1, 5,8 S e ITS2, dos quais 124 foram informativos para parcimônia, 108 foram únicos, e 463 constantes. O modelo de seleção adotado com base na inferência Bayesiana foi o GTR+G, com probabilidades posteriores dos ramos indicadas no filograma (Figura 9).

O isolado de *Phytophthora* sp., obtido no estado da Bahia (Cruz das Almas), e foi agrupado juntamente com a espécie *P. melonis* (0,99 de probabilidade posterior), de acordo com as análises filogenéticas baseadas na região ITS do rDNA). Espécies do gênero *Phytophthora* têm sido associadas à podridão radicular em mandioca, a exemplo de *P. palmivora*, que teve seu

primeiro relato atacando plantas de mandioca na China, cujos sintomas caracterizaram-se por murcha generalizada nas folhas superiores e posterior morte da planta (GUO et al., 2012). No Brasil, as espécies *P. drechsleri* e *P. melonis* também têm sido associadas à podridão radicular em mandioca, sendo *P. drechsleri* considerado o principal agente causal da podridão mole (LLANO et al., 2004; MUNIZ et al., 2006).

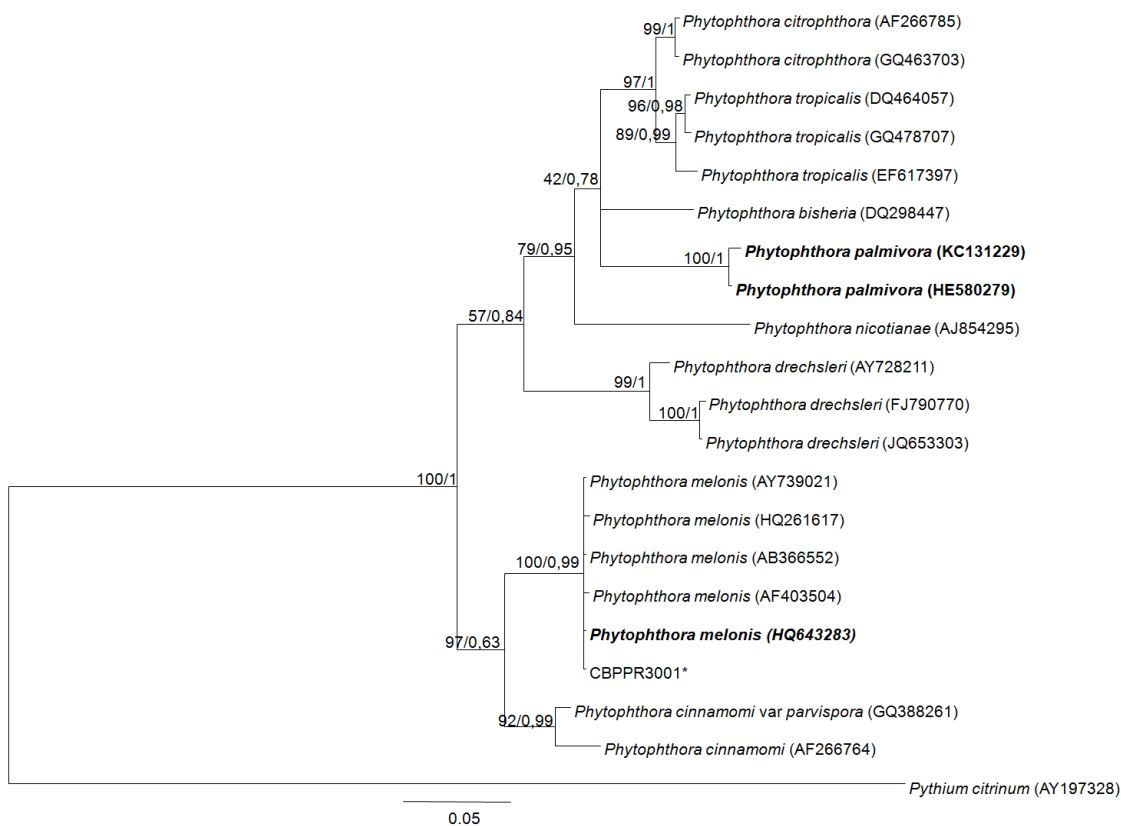
**Tabela 5.** Sequências de DNA depositadas no Genbank relacionadas às espécies do gênero *Phytophthora* e *Pythium* utilizadas nas análises filogenéticas dos isolados associados à podridão radicular em mandioca.

ESPÉCIE	Nº GenBank	Código de Acesso
<i>Phytophthora bisheria</i>	DQ298447	VPRI21375
<i>P. cambivora</i>	AF266763	IMI296831
<i>P. cinnamomi</i>	AF266764	UQ881
<i>P. cinnamomi</i> var. <i>parvispora</i>	GQ388261	Dipladenia1
<i>P. citrophthora</i>	AF266785	IMI332632
<i>P. citrophthora</i>	GQ463703	Dip24
<i>P. drechsleri</i>	AY728211	291-P0019
<i>P. drechsleri</i>	FJ790770	AC1
<i>P. drechsleri</i>	JQ653303	5
<b><i>P. melonis</i></b>	<b>HQ643283</b>	<b>CBS58269</b>
<i>P. melonis</i>	AY739021	P12
<i>P. melonis</i>	HQ261617	P3609
<i>P. melonis</i>	AB366552	CH94CUCU1
<i>P. melonis</i>	AF403504	DRE602
<i>P. melonis</i>	ND	CBPPR3001*
<i>P. nicotianae</i>	AJ854295	NIC-TB
<b><i>P. palmivora</i></b>	<b>KC131229</b>	<b>BJ-YM</b>
<b><i>P. palmivora</i></b>	<b>HE580279</b>	<b>CPPHN01</b>
<i>P. tropicalis</i>	DQ464057	CBS43491
<i>P. tropicalis</i>	GQ478707	47J6
<i>P. tropicalis</i>	EF617397	LT37
<i>Pythium citrinum</i>	AY197328	S-12

\* Espécie de patógenos identificadas no presente estudo.

ND: Espécies ainda não depositadas no GenBank.

Em negrito estão as espécies-tipo depositadas no GenBank.



**Figura 9.** Árvore filogenética de espécies do gênero *Phytophthora* baseada em inferência Bayesiana e enraizada com *Pythium citrinum* (AY197328). Os valores acima dos ramos indicam o suporte com base em *bootstrap* / probabilidade posterior (*Neighbour Joining* / Bayesiana). As espécies do presente estudo estão representadas com asterisco à direita e as sequências das “espécies-tipo” estão em **negrito**.

A podridão radicular da mandioca é uma doença de difícil manejo, pois ainda não existem fungicidas registrados pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para esse patossistema. Além do mais, os fungos e oomicetos causadores desta doença são fitopatógenos habitantes de solo, o que torna o controle químico pouco viável. Essas limitações exigem que sejam identificadas formas alternativas de manejo da doença, que preconizem práticas sustentáveis, mais acessíveis aos agricultores e menos agressivas ao meio ambiente. Estudos em áreas de várzeas mostraram que o uso de variedade resistentes, associado à rotação de culturas e sistemas de plantio, possibilitou a redução de podridões em cerca de 60% (SOUSA & BEZERRA, 2003), contribuindo substancialmente para aumentar a produtividade, melhorar a qualidade e o aspecto da mandioca, permitindo a obtenção de um produto final de melhor qualidade.

### ***Diversidade de espécies causadoras de podridão radicular***

Com base na riqueza estimada pela curva de rarefação para o menor valor de  $n$  das espécies obtidas ( $n=4$  e  $n=2$ ), verificou-se que a maior diversidade total de espécies ( $E_{obs} = 12$ ) e escalonada para tamanho de amostra 4 e 2 [ $E_{esp}(n4) = 3,18$  e  $E_{esp}(n2) = 1,84$ ] foi observada no estado da Bahia (Tabela 6). Por outro lado, a menor diversidade foi observada nos isolados provenientes da Paraíba e Tocantins.

Considerando os quinze municípios de coleta, Cruz das Almas apresentou a maior diversidade de espécies com riqueza esperada (12 espécies), ao passo que, quando todas as subpopulações foram escalonadas para um tamanho amostral de quatro indivíduos, a riqueza esperada para Cruz das Almas foi de 3,27 indivíduos. Isso significa que, se fossem coletados apenas quatro isolados, para Cruz das Almas, o esperado seria encontrar 3,27 espécies, indicando uma maior diversidade de espécies nesta cidade. No caso de um tamanho amostral de dois indivíduos coletados, seriam esperadas 1,86 espécies para Cruz das Almas, sendo superada pelas cidades de Guaratinga, São Miguel das Matas, Axixá, Humberto de Campos e Marechal Cândido Rondon, que apresentaram uma riqueza esperada de 2,00 indivíduos. Em algumas regiões produtoras de mandioca, o número de amostras obtidas foi baixo, e desta forma, optou-se por não estimar a riqueza para estes locais, a exemplo de Cachoeira, no tamanho amostral de 4 e 2 espécies e Guaratinga, Porto Seguro, São Miguel das Matas, Texeira de Freitas, Vitória da Conquista, Ribeiranópolis, Axixá, Humberto de Campos, Areia, Palmas e Marechal Cândido Rondon para um tamanho amostral de 2 espécies (Tabela 6).

**Tabela 6.** Índices de riqueza, diversidade e equitabilidade das diferentes espécies de patógenos causadores de podridões radiculares da mandioca subdivididas de acordo com o município e Estado de origem.

	$n^a$	Riqueza			Diversidade		Equitabilidade
		$E_{obs}^b$	$E_{esp}(n4)^c$	$E_{esp}(n2)^d$	$H^p$	$G^f$	$E_s^g$
<b>BA</b>	<b>47</b>	<b>12</b>	<b>3,18</b>	<b>1,84</b>	<b>2,02 ±0,27<sup>h</sup></b>	<b>5,71 ±1,51</b>	<b>0,72</b>
<i>Cachoeira</i>	1	1	--	--	--	--	--
<i>Cruz das almas</i>	36	12	3,27	1,86	2,10 ±0,30	6,17 ±1,95	0,72
<i>Guaratinga</i>	2	2	--	2,00	0,69 ±0,68	2,00 ±0,98	1,00
<i>Porto Seguro</i>	1	1	--	1,00	--	--	--
<i>São Miguel das Matas</i>	2	2	--	2,00	0,69 ±0,68	2,00 ±0,98	1,00
<i>Texeira de Freitas</i>	3	1	--	1,00	0,00	1,00	0,00
<i>Vitória da Conquista</i>	2	1	--	1,00	0,00	1,00	0,00
<b>SE</b>	<b>10</b>	<b>4</b>	<b>2,46</b>	<b>1,64</b>	<b>1,09 ±0,50</b>	<b>2,38 ±1,19</b>	<b>0,70</b>
<i>Ribeiranópolis</i>	2	1	--	1,00	0,00	1,00	0,00
<i>Umbaúba</i>	8	4	2,77	1,75	1,21 ±0,49	2,91 ±1,23	0,81
<b>MA</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>2,00</b>	<b>1,00</b>	<b>0,69 ±0,40</b>	<b>2,00 ±0,62</b>	<b>1,00</b>
<i>Axixá</i>	2	2	--	2,00	0,69 ±0,68	2,00 ±0,98	1,00
<i>Humberto de Campos</i>	2	2	--	2,00	0,69 ±0,68	2,00 ±0,98	1,00
<b>PB</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>--</b>	<b>1,00</b>	<b>0,00</b>	<b>1,00</b>	<b>0,00</b>

Continua...

...Continuação

	$n^a$	Riqueza			Diversidade		Equitabilidade
		$E_{obs}^b$	$E_{esp}(n4)^c$	$E_{esp}(n2)^d$	$H^e$	$G^f$	$E_5^g$
<i>Areia</i>	2	1	--	1,00	0,00	1,00	0,00
<b>TO</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>1,00</b>	<b>1,00</b>	<b>0,00</b>	<b>1,00</b>	<b>0,00</b>
<i>Palmas</i>	4	1	--	1,00	0,00	1,00	0,00
<b>PR</b>	<b>7</b>	<b>4</b>	<b>2,97</b>	<b>1,81</b>	<b>1,28 ±0,47</b>	<b>3,27 ±1,24</b>	<b>0,88</b>
<i>Diamante do Norte</i>	4	2	2,00	1,00	0,69 ±0,40	2,00 ±0,62	1,00
<i>Marechal Cândido Rondon</i>	3	3	--	2,00	1,10 ±0,60	3,00 ±1,19	1,00

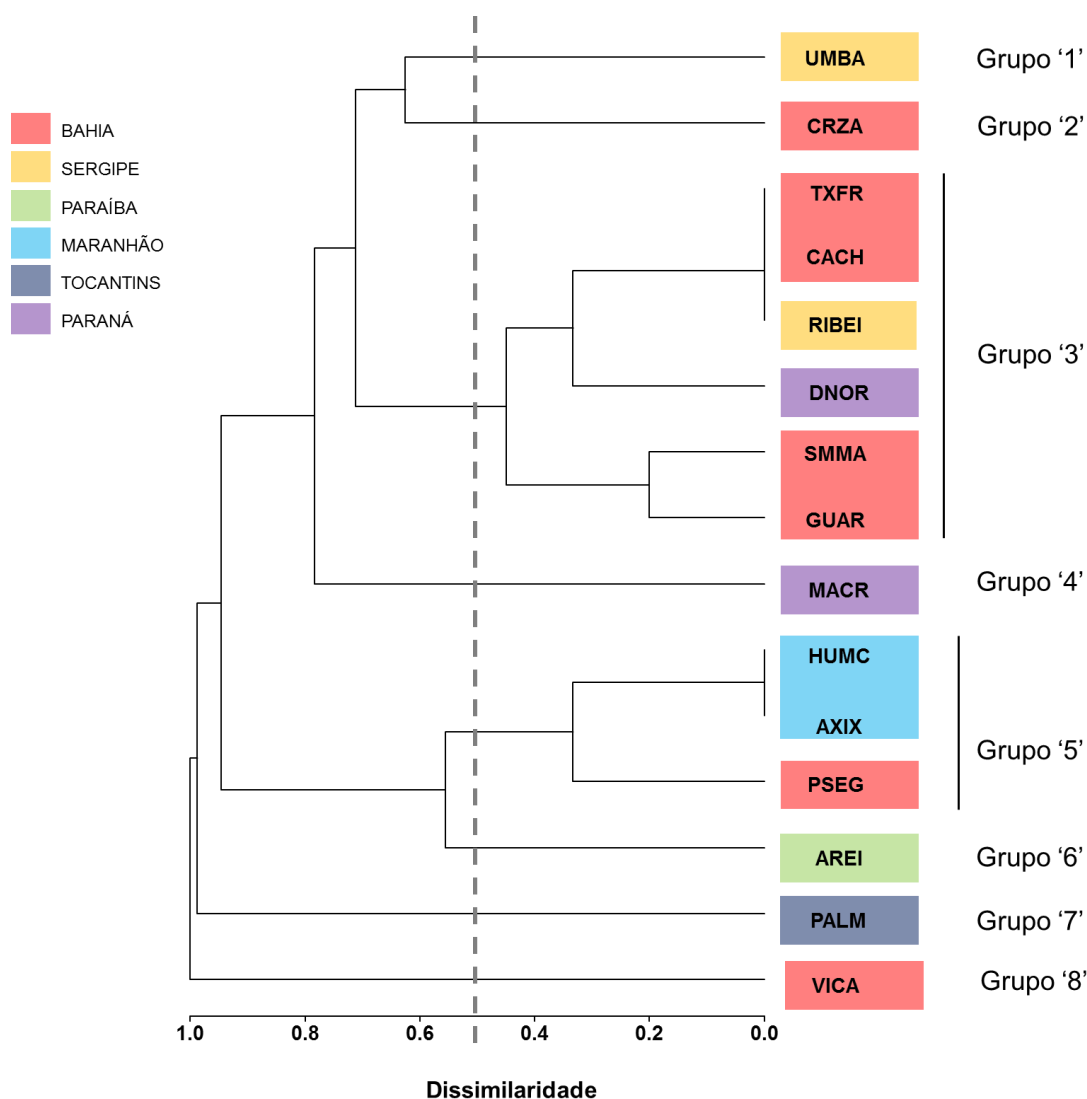
<sup>a</sup> número de indivíduos amostrados; <sup>b</sup> número espécies observadas; <sup>c</sup> número esperado de espécies baseado na curva de rarefação para uma amostra com 4 indivíduos; <sup>d</sup> número esperado de espécies baseado na curva de rarefação para uma amostra com 2 indivíduos; <sup>e</sup> índice de Shannon-Wiener; <sup>f</sup> índice de Stoddart & Taylor; <sup>g</sup>  $E_5$  índice de equitabilidade calculado definido pela fórmula:  $[(1/\lambda)-1]/(e^H-1)$ ; <sup>h</sup> intervalo de confiança calculados a partir de 1000 permutações.

Em relação aos estados, a maior diversidade genética foi encontrada na Bahia ( $H' = 2,02 \pm 0,27$  e  $G = 5,71 \pm 1,51$ ), enquanto que a menor diversidade de espécies foi encontrada na Paraíba e Tocantins, ambos com valores de  $H' = 0,00$  e  $G = 1,00$  (Tabela 6). Os maiores valores do índice de equitabilidade  $E_5$  nas populações Maranhão, Paraná, Bahia e Sergipe indicam que nestas localidades as espécies estão mais uniformemente distribuídas em relação aos isolados amostrados na Paraíba e em Tocantins. Os valores de  $E_5$  iguais a zero (PB e TO) indicam a predominância de apenas uma espécie, dentre todos os indivíduos amostrados.

Quando realizada a comparação das composições de espécies nas diferentes localidades (Figura 10), não houve nenhum tipo de estruturação da distribuição das espécies em função dos estados, sendo que as populações da Bahia (maior número de localidades amostradas) ficaram distribuídas nos diferentes *clusters* gerados. No Grupo 1 estão os isolados provenientes de Umbaúba (SE), sendo composto em sua maioria por isolados do gênero *Fusarium* e um isolado de *N. mauritiicola* (anamorfo = *Rhizostibella*). Próximo a este grupo, em relação à composição, está a cidade de Cruz das Almas (BA) (Grupo 2) com uma alta diversidade de espécies incluindo *Fusarium* spp., além de *L. theobromae*, *N. hyalinum*, *Phomopsis* sp., *D. phaseolorum* e *P. melonis*.

A maioria dos municípios (Texeira de Freitas, Cachoeira, Ribeiranópolis, Diamante do Norte, São Miguel das Matas e Guaratinga) está contida no Grupo 3, onde foram detectadas apenas espécies de *Fusarium* spp., sendo a mais frequente *F. oxysporum*. O Grupo 4 foi representado apenas pela cidade de Marechal Cândido Rondon (PR), no qual foram detectadas espécies incomuns na cultura da mandioca, como *F. graminearum*, *F. chlamydosporum* e *F. lateritium*.

Para os municípios pertencentes ao Grupo 5 foi encontrada uma maior frequência de isolados da espécie *F. solani*, enquanto para os municípios do Maranhão (Axixá e Humberto de Campos), também foi detectada a presença de *N. hyalinum*. Os Grupos 6 e 7 alocaram apenas espécies causadoras de podridões negras, sendo *N. hyalinum* e *L. theobromae* específicas dos Grupos 6 e 7, respectivamente. Enquanto que o Grupo 8, de Vitória da Conquista, foi representado por *F. oxysporum*.



**Figura 10.** Dendrograma gerado a partir dos dados de presença e ausência das 14 espécies de patógenos causadores de podridões radiculares em mandioca, construído com base no índice de dissimilaridade Brays-Curtis, e agrupamento pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). As diferentes cores representam os Estados. As abreviações indicam os nomes dos municípios de origem, sendo **CACH** = Cachoeira; **CRZA** = Cruz das Almas; **GUAR** = Guaratinga; **PSEG** = Porto Seguro; **SMMA** = São Miguel das Matas; **TXFR** = Texeira de Freitas; **VICA** = Vitória da Conquista; **RIBEI** = Ribeiranópolis; **UMBA** = Umbaúba; **AXIX** = Axixá; **HUMC** = Humberto de Campos; **AREI** = Areia; **PALM** = Palmas; **DNOR** = Diamante do Norte; **MACR** = Marechal Cândido Rondon.



As espécies do gênero *Fusarium* foram encontradas em quase todas as localidades amostradas, à exceção de Areia (PB) e Palmas (TO), nas quais as espécies *N. hyalinum* e *L. theobromae* foram predominante, respectivamente. Portanto, de maneira geral, houve uma ampla distribuição de espécies de *Fusarium*. Por outro lado, diferentes composições de espécies foram encontradas, com alguns casos restritos a uma região geográfica, como é o caso da ocorrência de espécies do complexo *F. graminearum* nos municípios do estado do Paraná (Marechal Cândido Rondon e Diamante do Norte).

Fungos causadoras de podridão negra, a exemplo de *N. hyalinum* e *L. theobromae* foram identificados sobretudo nos municípios das regiões Norte e Nordeste do Brasil. De acordo com Aigbe et al. (2008), existe uma associação entre espécies causadoras de podridão radicular e parâmetros edafoclimáticos, bem como o estágio de desenvolvimento da cultura, sendo que nas fases iniciais do desenvolvimento da planta é comum a ocorrência de espécies de *Fusarium*, enquanto nas fases mais avançadas, predominam patógenos de podridão negra.

A ausência de patógenos causadores de podridão negra nos municípios do Sul do Brasil pode estar relacionada à presença de menores temperaturas ou devido à forma diferenciada de manejo do solo nesta região que adota sistema de rotação de culturas, considerando que espécies causadores de podridão negra têm seu crescimento e colonização favorecidos em sistemas de plantios sucessivos.

Uma fração significativa das espécies isoladas (50%) são únicas ou de ocorrência restrita a uma localidade ou região, o que torna preemente a necessidade de obtenção de variedades com resistência a múltiplos patógenos, e em diferentes ambientes. Os dados obtidos neste trabalho corroboram a necessidade de um entendimento mais profundo da resistência genética dos acessos de mandioca presente em bancos de germoplasma. Da mesma forma, indicam a necessidade de avaliações baseadas na observação da reação dos genótipos de mandioca a isolados de diferentes espécies de patógenos, e não somente em função da seleção de campo, uma vez que os patógenos podem variar em função das localidades.

Problemas relacionados à seleção de plantas resistentes à podridão radicular em mandioca, foram relatados por Bandyopadhyay et al. (2006),

considerando que as diferenças geográficas relacionadas à diversidade das populações de fungos causadores de podridão radicular representam um desafio para o melhoramento genético, visando a obtenção de plantas resistentes, uma vez que genótipos considerados resistentes em uma região podem não ser em outra.

Desta forma, a obtenção de variedades com resistência a múltiplos patógenos é a estratégia mais indicada para os programas de melhoramento genético da mandioca, onde os genótipos precisam ser desafiados por diferentes espécies do patógeno, seja em avaliações individuais (cada uma das espécies vs cada um dos acessos), ou de forma direta a diferentes grupos de patógenos. Assim, os resultados obtidos neste estudo serão utilizados para conduzir experimentos de seleção de genótipos com resistência à podridão radicular da mandioca pelo Programa de Melhoramento Genético de Mandioca, da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

## CONCLUSÕES

- 1) As espécies causadoras de podridões secas (*Fusarium solani* e *F. oxysporum*) foram isoladas em quase todas as regiões, sendo as espécies do complexo *F. solani* as mais frequentes;
- 2) As análises moleculares de fungos e oomicetos causadores de podridão radicular em mandioca indicaram uma associação das espécies *Diaporthe phaseolorum*, *F. chlamyosporum*, *F. equiseti*, *F. graminearum* e *F. proliferatum* com a cultura, sendo este o seu primeiro relato;
- 3) A podridão radicular em mandioca é ocasionada por mais de uma espécie e há ocorrência de diferentes espécies causando doença na mandioca na mesma região;
- 4) A alternativa para minimizar os efeitos da podridão radicular é conhecer os patógenos que causam a doença, para que a seleção de plantas com resistência seja feita para diferentes patógenos e englobando isolados das diferentes espécies.

## REFERÊNCIAS

- ADISA, V. A. Surface mycoflora of *Manihot esculenta* and *M. utilissima* tubers in Nigeria. **Indian Phytopathology**, v. 36, p. 533-538, 1983.
- AIGBE, S. O.; REMISON, S. U. The influence of root rot incidence on cassava genotype on consumers' acceptability of the gari produced from it. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, p. 6146-6150, 2009.
- AIGBE, S. O.; REMISON, S. U.; BANDYOPADHYAY, R. Root rot fungi succession during cassava (*Manihot esculenta* Crantz) tuberous root development in different ecological zones of Nigeria. **Phytopathology**, v. 98, s. 11, 2008.
- AKINBO, O.; LABUSCHAGNE, M.; FREGENE, M. Introgression of whitefly (*Aleurotrachelus socialis*) resistance gene from F<sub>1</sub> inter-specific hybrids into commercial cassava. **Euphytica**, v. 183, p. 19-26, 2012.
- ALLEYNE, A. T.; GILKES, J. M.; BRIGGS, G. Early detection of Super-elongation disease in *Manihot esculenta* Crantz (cassava) using molecular markers for gibberellic acid biosynthesis. **European Journal of Plant Pathology**, v. 141, p. 27-34, 2015.
- ANGELOTTI, F.; TESSMANN, D. J.; ALVES, T. C. A.; VIDA, J. B.; FILHO, D. S. J.; HARAKAVA, R. Caracterização morfológica e identificação molecular de isolados de *Fusarium graminearum* associados à giberela do trigo e triticales no sul do Brasil. Botucatu: **Summa Phytopathology**, v. 32, p. 177-179, 2006.
- BANDYOPADHYAY, R.; MWANGI, M.; AIGBE, S. O.; LESLIE, J. F. *Fusarium* species from the cassava root rot complex in West Africa. **Phytopathology**, v. 96, p. 673-676, 2006.
- BENGTSSON-PALME, J.; et al. Improved software detection and extraction of ITS1 and ITS2 from ribosomal ITS sequences of fungi and other eukaryotes for analysis of environmental sequencing data. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 4, p. 914-919, 2013.

- BLACK, B. D.; PADGETT, G. B.; RUSSIN, J. S.; GRIFFIN, J. L.; SNOW, J. P.; GERGGREN, JR. G. T. Potential weed hosts for *Diaporthe phaseolorum* var. *caulivora*, causal agent for soybean stem canker. **Plant Disease**, v. 80, p. 763-765, 1996.
- CALVERT, L.; TARESH, J. M. The viruses and virus diseases of cassava. In: HILLOCKS, R. J.; TARESH, J. M.; BELLOTTI A. **Cassava: Biology, Production and Utilization**. CAB International, Wallingford, UK, p. 237-260, 2002.
- CHEARI, K.; SALLEH, B.; ZAKARIA, L. *Fusarium virguliforme*, a soybean sudden death syndrome fungus in Malaysian soil. **Australasian Plant Disease**, v. 9, p.1-7, 2014.
- COOKE, D. E. L.; DRENTH, A.; DUNCAN, J. M.; WAGELS, G.; BRASIER, C. M. A molecular phylogeny of *Phytophthora* and related *Oomycetes*. **Fungal Genetics and Biology**, v. 30, p. 17-32, 2000.
- CROUS, P. W.; SLIPPERS, B.; WINGFIELD, M. J.; RHEEDER, J.; MARASAS, W. F. O.; PHILLIPS, A. J. L.; ALVES, A.; BURGESS, T.; BARBER, P.; GROENEWALD, J. Z. Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. **Studies in Mycology**, v. 55, p. 235-253. 2006.
- FAO. “**Cassava, a 21st Century Crop,**” **Save and Grow Cassava; A Guide to Sustainable Production Intensification**. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations, p. 1-18, 2013.
- FARR D. F.; CASTLEBURY, L. A.; PARDO-SCHULTHEISS R. A. *Phomopsis amygdale* causes peach shoot blight of cultivated peach trees in the southeastern United States. **Mycologia**, v.91, p.1008–1015, 1999.
- GRÜNWARD, N. J.; GOODWIN, S. B.; MILGROOM, M. G.; FRY, W. E. Analysis of genotypic diversity data for populations of microorganisms. **Phytopathology**, v.93, p.738-746, 2003.
- GUO, H.; LI, C. P.; SHI, T.; FAN, C. J.; HUANG, G. X. First report of *Phytophthora palmivora* causing root rot of cassava in China. **Plant Disease**, v. 96, p. 1072, 2012.

HILL, M. O. Diversity and evenness: a unifying notation and its consequences. **Ecology**, v. 54, p. 427-432, 1973.

IBGE. Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias-GCEA/IBGE, DPE, COAGRO. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home>>. Acesso: 11 fev. 2015.

LEE, S. B.; TAYLOR, J. W. Phylogeny of five fungus-like protocistan *Phytophthora* species, inferred from the internal transcribed spacers of ribosomal DNA. **Molecular Biology and Evolution**, v. 94, p. 636-653, 1993.

LIMA, M. F., REIFSCHNEIDER, F. J. B.; TAKATSU, A.; FONSECA, M. E. N. Caracterização de isolados de *Phytophthora* de mandioca. **Fitopatologia Brasileira**, v. 18, p. 416-424. 1993.

LLANO, G. A.; ÁLVAREZ, E.; MUÑOZ, J. E.; FREGENE, M. Identificación de genes análogos de resistencia a enfermedades en yuca (*Manihot esculenta* Crantz) y su relación con la resistencia a tres especies de *Phytophthora*. **Acta Agronomica**, v. 53, p. 15-24, 2004.

MACHADO, A. R.; PINHO, D. B.; DUTRA, D. C.; PEREIRA, O. L. Collar and root rot caused by *Neoscytalidium dimidiatum* in the biofuel plant *Jatropha curcas*. **Plant Disease**, v. 96, p. 1697, 2012.

MACHADO, A. R.; PINHO, D. B.; OLIVEIRA, S. A. S.; PEREIRA, O. L. New occurrences of Botryosphaeriaceae causing black root rot of cassava in Brazil. **Tropical Plant Pathology**, v. 39, p.464-470, 2014a.

MACHADO, A. R.; PINHO, D. B.; PEREIRA, O. L. Phylogeny, identification and pathogenicity of the Botryosphaeriaceae associated with collar and root rot of the biofuel plant *Jatropha curcas* in Brazil, with a description of new species of *Lasiodiplodia*. **Fungal Diversity**, v. 67, p. 231-247, 2014b.

MARQUES, M. W.; LIMA, N. B.; MORAIS, J. R. M. A.; BARBOSA, M. A. G.; SOUZA, B.O.; MICHEREFF, S. J.; PHILLIPS, A. J. L.; CÂMARA, M. P. S. Species of *Lasiodiplodia* associated with mango in Brazil. **Fungal Diversity**, v. 61, p. 181-193, 2013.

MENDES, M. A. S.; DA SILVA, V. L.; DIANESE, J. C.; FERREIRA, M. A. S. V.; SANTOS, C. E. N. dos; GOMES NETO, E.; URBEN, A. F.; CASTRO, C.

**Fungos em Plantas no Brasil.** Brasília-DF: Embrapa-SPI/Embrapa-Cenargen, 1998. 555p.

MOSES, E.; OPPONG, A.; LAMPTEY, J. N. L. Reaction of local accessions of cassava to diseases in Southern Ghana. **African Crop Science Journal**, v. 23, p. 27-34, 2015.

MOSTERT, L.; CROUS, P. W.; KANG, J. C.; PHILLIPS, A. J. L. Species of *Phomopsis* and a *Libertella* sp. occurring on grapevines with specific reference to South Africa: morphological, cultural, molecular and pathological characterization. **Mycologia**, v. 93, p. 146-167, 2001.

MUNIZ, M. F. S.; ANDRADE, F. W. R.; QUEIROZ, F. M.; FILHO, G. M.; MENEZES, M. Caracterização de Isolados de *Phytophthora drechsleri*, agente causal da podridão mole de raízes de mandioca. Brasília: **Fitopatologia Brasileira**, v. 31, p. 195-198, 2006.

MUNTANOLA-CVETKOVIC, M.; VUKOJEVIC, J.; MIHALJČEVIC, M. The systemic nature of the sunflower disease caused by *Diaporthe helianthi*. **Canadian Journal of Botany**, v. 69, p. 1552-1556, 1991.

NALIM, F. A.; SAMUELS, G.J.; WIJESUNDERA, R. L.; GEISER D. M. New species from the *Fusarium solani* species complex derived from perithecia and soil in the Old World tropics. **Mycologia**, v. 103, p. 1302-1330, 2011.

NETTO, M. S. B.; ASSUNÇÃO, I. P.; LIMA, G. S. A.; MARQUES, M. W.; LIMA W.G.; MONTEIRO, J. H. A.; BALBINO, V. Q.; MICHEREFF, S. J.; PHILLIPS, A. J. L.; CÂMARA, M. P. S. Species of *Lasiodiplodia* associated with papaya stem-end rot in Brazil. **Fungal Diversity**, v.67, p.127-141, 2014.

NOTARO, K. A. MEDEIROS, E. V.; SILVA, C. A. D.; BARROS, J. A. Prospecção de fitopatógenos associados à podridão radicular da mandioca em Pernambuco, Brasil. **Bioscience Journal**, v. 29, p.1832-1839, 2013.

- NYLANDER, J. A. A. MrModeltest v2. Program distributed by the author. Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Sweden. 2004.
- O'DONNELL, K. Molecular phylogeny of the *Nectria haematococca-Fusarium solani* species complex. **Mycologia**, v. 92, p. 919-938, 2000.
- O'DONNELL, K.; SUTTON, D. A.; FOTHERGILL, A.; MCCARTHY, D.; RINALDI, M. G.; BRANDT, M. E.; ZHANG, N.; GEISER, D. M. Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 46, p. 2477-2490, 2008.
- OBILO, O.P.; IKOTUN B. Effect of canker size on availability of cassava planting materials in Nigeria. **African Crop Science Journal**, v. 16, p. 203-209, 2008.
- ONYEKA, T. J.; DIXON, A. G. O.; EKPO, E. J. A. Field evaluation of root rot disease and relationship between disease severity and yield in cassava. **Experimental Agriculture**, v. 41, p. 357-363, 2005a.
- ONYEKA, T. J.; DIXON, A. G. O.; EKPO, E. J. A. Identification of levels of resistance to cassava root rot disease (*Botryodiplodia theobromae*) in African landraces and improved germplasm using *in vitro* inoculation method. **Euphytica**, v. 145, p. 281-288, 2005b.
- PHILLIPS, A. J. L.; ALVES, A.; ABDOLLAHZADEH, J.; SLIPPERS, B.; WINGFIELD, M. J.; GROENEWALD, J. Z.; CROUS, P. W. The Botryosphaeriaceae: genera and species known from culture. **Studies in Mycology**, v. 76, p. 51-167. 2013.
- POLTRONIERI, L. S.; TRINDADE, D. R.; ALBUQUERQUE, F. C.; DUARTE, M. L. R.; CARDOSO, S. S. Incidência de *Fusarium solani* em mandioca no estado do Pará. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, p. 544, 2002.
- RONQUIST, F.; HUELSENBECK, J. P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. **Bioinformatics**, v. 19, p. 1572-1574, 2003.

SARBHOY, A. K.; AGARWAL, D. K. Descriptions of Tropical Plant Pathogenic Fungi. Set 1. **Malhotra Public House**, p.1-10, 1990.

SCHOCH, C. L.; SEIFERT, K. A.; HUHDORF, S.; ROBERT, V.; SPOUGE, J. L.; LEVESQUE, C. A.; CHEN, W.; CONSORTIUM, F. B. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, p. 6241-6246, 2012.

SEIFERT K. A.; MORGAN-JONES, G.; KENDRICK, W. B.; GAMS, W. **The genera of hyphomycetes**. Utrecht, The Netherlands. CBS-KNAW. Fungal Biodiversity Centre, 2011. 997p.

SEIFERT, K.A. A monograph of Stilbella and some allied Hyphomycetes. **Studies in Mycology**, v. 27, p.1-235, 1985.

SENA, M. G. C. Aspectos sociais. In: **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas, Ba: Embrapa Mandioca e Fruticultura. 2006. p. 91-110.

SERRA, I. M. R. S.; SILVA, G. S.; NASCIMENTO, F. S.; LIMA, L. K. F. *Scytalidium lignicola* em mandioca: ocorrência no Estado do Maranhão e reação de cultivares ao patógeno. **Summa Phytopathologica**, v. 35, p. 327–328, 2009.

SHAW, D. E. Microorganisms in Papua New Guinea. **Department of Primary Industry**, v.33, p.1-344, 1984.

SILVA, C. A. D.; MEDEIROS, E. V.; BEZERRA, C. B.; SILVA, W. M.; BARROS, J. A.; SANTOS, U. J. Interferência da incorporação de matéria orgânica no solo no controle da podridão negra da mandioca, causada por *Scytalidium lignicola*. **Bioscience Journal**, v. 29, p. 1823-1831, 2013.

SOUSA, W. P.; BEZERRA, V. S. **Recomendações de manejo de plantas daninhas e controle de podridão radicular para a cultura da mandioca**. Macapá-AP: Embrapa Amapá, 2003. (Comunicado técnico).



STODDART, J. A.; TAYLOR, J. F. Genotypic diversity: Estimation and prediction in samples. **Genetics**, v. 118, p. 705-711, 1988.

TAMURA, K.; PETERSON, D.; PETERSON, N.; STECHER, G.; NEI, M.; KUMAR, S. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. **Molecular Biology and Evolution**, v. 28, p. 2731-2739, 2011.

WHITE, T. J.; BRUNS, T.; LEE, J.; TAYLOR, J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis, M. A.; Gelfand, D. H.; Sninsky, J. J.; White, T. J. (eds), PCR protocols: a guide to methods and applications. San Diego, California, USA. **Academic Press**, p. 315-322, 1990.

## CAPÍTULO 2

**FONTES DE RESISTÊNCIA À PODRIDÃO RADICULAR EM MANDIOCA  
CAUSADA POR *Fusarium* spp.: UMA ABORDAGEM GENOTÍPICA**

## **FONTES DE RESISTÊNCIA À PODRIDÃO RADICULAR EM MANDIOCA CAUSADA POR *Fusarium* spp.: UMA ABORDAGEM GENOTÍPICA**

Autora: Sandielle Araújo Vilas Boas

Orientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Coorientador: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

**RESUMO:** O uso de variedades de mandioca resistentes à podridão radicular (PRM) é a estratégia mais viável para controle da doença. Este estudo objetivou identificar fontes estáveis de resistência à PRM e estimar parâmetros genéticos. Inoculações de *Fusarium* spp. (Fsp) foram feitas em 697 acessos em cinco ambientes, para avaliação da severidade da PRM na casca (córtex e periderme) e polpa das raízes. Na análise de modelos mistos, o ambiente foi considerado de efeito fixo e os demais efeitos como aleatórios. A estabilidade, adaptabilidade e estabilidade + adaptabilidade da resistência ao Fsp foram avaliados por meio da média harmônica do valor genotípico ( $S_i$ ), desempenho relativo dos valores genotípicos ( $A_i$ ) e média harmônica do desempenho relativo do valor genotípico ( $Z_i$ ), respectivamente. Cerca de 10% dos acessos foram considerados resistentes. Discrepâncias na classificação dos acessos resistentes na casca e polpa indicam a existência de diferentes mecanismos de defesa nestas estruturas. As herdabilidades individuais e na média dos ambientes foram de baixa magnitude, resultando em acurácias seletivas de média magnitude. Apesar da existência de forte interação genótipos x ambientes (GxA), acessos com alta adaptabilidade e estabilidade foram identificados. Os 22 acessos resistentes à PRM na casca e polpa possibilitaram redução significativa e equilibrada da doença nas estimativas de  $Z_i$  (-48,18 e -46,42%, respectivamente). A falta de resistência completa e a distribuição contínua da PRM sugerem herança quantitativa da resistência. O método  $Z_i$  é uma abordagem útil na capitalização da interação GxA para resistência a doenças.

**PALAVRAS CHAVE:** melhoramento genético, germoplasma de plantas, análise RELM/BLUP.

## **SOURCES OF RESISTANCE TO CASSAVA ROOT ROT CAUSED BY *Fusarium* spp.: A GENOTYPIC APPROACH**

Authora: Sandielle Araújo Vilas Boas

Adivisor: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Co-Adivisor: Dr. Saulo Alves Santos de Oliveira

**ABSTRACT:** The development of cassava varieties resistant to root rot (PRM) is a viable strategy for disease control. The objectives of this study were to identify stable sources to PRM resistance and to estimate genetic parameters. Inoculation with *Fusarium* spp. (Fsp) species were performed in 697 accessions and five environments which were then assessed for symptoms' severity in the bark (cortex and periderm) and root pulp. The environment was considered to have fixed effects and other effects as random, via analysis of mixed models. The resistance stability, resistance adaptability and resistance stability + adaptability for Fsp were assessed using the harmonic means of genotypic value ( $S_i$ ), relative performance of genotypic values ( $A_i$ ) and harmonic mean of the relative performance of genotypic value ( $Z_i$ ), respectively. About 10% of the accessions were considered resistant to Fsp. Discrepancies in the assessment's classification for PRM resistance in the root peel and pulp indicates the existence of different defense mechanisms in these parts of the root. The individual inheritability and environment mean were of low magnitude, resulting in medium accuracy selective magnitude. Despite the existence of strong genotype x environment interaction (G x E), accessions with high adaptability and stability were identified. The 22 accessions resistant to PRM in the peel and pulp enabled significant and balanced disease reduction on  $Z_i$  estimates (-48.18 and -46.42%, respectively). The lack of complete resistance and continuous distribution of PRM suggest quantitative inheritance of resistance. The  $Z_i$  method is a useful approach in the capitalization of GxE interaction for disease resistance.

**KEY WORDS:** breeding, plant germplasm, analysis REML/BLUP.

## INTRODUÇÃO

A mandioca possui uma alta importância social, pois é utilizada como alimento energético básico na dieta de mais de 800 milhões de pessoas em diversos países (BURNS et al., 2010). De fácil adaptação, a mandioca é cultivada em praticamente todos os países e em especial na Nigéria, Tailândia, Indonésia e Brasil, que figuram como os maiores produtores mundiais (FAO, 2015). No Brasil, a mandioca é produzida de Norte a Sul do país, em diferentes condições edafoclimáticas, com estimativa de 23,04 milhões de toneladas para o ano de 2014 (IBGE, 2014).

Apesar de ser uma cultura bastante tolerante a condições edafoclimáticas marginais, a mandioca é afetada por muitas pragas e doenças, o que compromete significativamente sua produção e comercialização (LÓPEZ & BERNAL, 2012). Dentre as doenças, a podridão radicular da mandioca, causada por um complexo de patógenos, é uma das doenças mais destrutivas (FOKUNANG et al., 2000; BANDYOPADHYAY et al., 2006). Como a podridão radicular afeta as raízes da planta, para a maioria dos patógenos associados, a magnitude e extensão dos danos são observados somente no momento da colheita, sendo difícil estabelecer diagnósticos precoces da doença. As perdas de produção podem chegar a 80% (BANDYOPADHYAY et al., 2006).

Apesar da podridão radicular ser uma das doenças mais importantes da cultura, no Brasil poucos são os relatos referentes à descrição detalhada das espécies associadas à podridão e a sua distribuição. Em países da África, espécies de *Pythium*, *Fusarium*, *Nectria mauritiicola* (= *Sphaerostilbe repens*), *Lasiodiplodia* (*Botryodiplodia*) *theobromae* e *Neofusicoccum mangiferae* (= *Nattrassia mangiferae*), têm sido comumente associadas à podridão radicular em mandioca. Embora não seja possível determinar o gênero que mais contribui para perdas econômicas, há um consenso de que espécies de *Fusarium* são comumente encontrados neste complexo fúngico (BANDYOPADHYAY et al., 2006).

O manejo baseado no plantio de variedades resistentes é a abordagem mais econômica e confiável para controlar a podridão radicular da mandioca (ONYEKA et al., 2005a), preferencialmente associado a práticas culturais preventivas, como o plantio em áreas bem drenadas, sem histórico de

ocorrência de doenças radiculares, plantio de manivas provenientes de áreas sem ocorrência da doença e rotação de culturas.

Nas últimas três décadas, a busca de variedades resistentes a doenças tem sido o principal foco de pesquisa nos programas de melhoramento genético. Contudo, um primeiro passo nesta direção é promover o *screening* por fontes de resistência, que é dependente da existência de variabilidade genética e de métodos de inoculação confiáveis e adequados à complexidade de avaliação do caráter (ONYEKA et al., 2005a).

A primeira premissa é atendida, considerando que a mandioca é uma espécie nativa do Brasil (OLSEN & SCHAAL, 2001), com ampla variabilidade genética armazenada e disponível em bancos de germoplasma. De fato, ao avaliarem 596 acessos (variedades locais e genótipos melhorados) da coleção de germoplasma do Instituto de Agricultura Tropical (IITA) em condições controladas para resistência à podridão radicular da mandioca causada por *L. theobromae*, Onyeka et al. (2005a) relataram que 59 genótipos melhorados e 61 variedades locais foram classificadas como resistentes à doença. Portanto, a espécie apresenta potencial genético para criar respostas contra o ataque dos patógenos causadores da podridão radicular.

Em relação à inoculação, métodos confiáveis e validados para a avaliação da podridão da raiz de mandioca em ambiente controlado já foram desenvolvidos (ONYEKA et al., 2005b). Entretanto, ainda é preciso promover a avaliação de outras espécies que causam podridão da raiz da mandioca e de um grande conjunto de acessos, para identificação de fontes com alta resistência à podridão radicular (especialmente no Brasil, como centro de diversidade da espécie), além de gerar informações sobre os parâmetros genéticos, herança e estabilidade da resistência, como passos anteriores ao desenvolvimento de variedades resistentes. Atualmente, o mecanismo de resistência à podridão radicular de mandioca não é totalmente compreendido.

A herança e estabilidade da severidade das doenças ao longo dos anos e ambientes influenciam enormemente a escolha dos acessos resistentes, especialmente quando o caráter é governado por muitos genes de pequeno efeito, a exemplo da podridão radicular causada por *L. theobromae* (ONYEKA et al., 2005a). Neste caso, respostas diferenciais em função do ambiente são esperadas, o que dificulta na escolha do germoplasma alvo dos cruzamentos

para geração de populações segregantes. Além dos atributos inerentes ao caráter, aspectos metodológicos também influenciam na avaliação do potencial genético do germoplasma.

De maneira geral, de acordo com Resende (2007), metodologias que assumem genótipos como efeito fixo trazem algumas limitações na análise de experimentos desbalanceados, delineamentos não-ortogonais e heterogeneidade de variâncias. Por outro lado, independentemente do balanceamento dos experimentos, a pressuposição dos tratamentos genéticos como efeitos aleatórios permite considerar erros correlacionados dentro de locais; obter valores genéticos já descontados da instabilidade; análise de qualquer número de ambientes; eliminar os ruídos da interação genótipos (G) x ambientes (A); além de gerar resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado.

Ao assumir genótipo como efeito aleatório, é possível obter os efeitos genotípicos preditos via BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) livres de influências dos efeitos fixos, por meio da máxima verossimilhança restrita (*Restricted Maximum Likelihood Estimation*). As propriedades do BLUP permitem maximizar a acurácia seletiva, minimizar o erro de predição, maximizar o ganho genético por ciclo de seleção e maximizar a probabilidade de seleção dos melhores genótipos (RESENDE, 2004).

Considerando a falta de conhecimento sobre fontes de resistência à podridão radicular no Brasil, este trabalho teve como objetivo identificar fontes de resistência a patógenos do gênero *Fusarium*; gerar informações sobre a distribuição da severidade dos sintomas da podridão radicular na casca e polpa das raízes; estimar parâmetros genéticos associados à resistência à doença; e avaliar a estabilidade da resistência dos acessos de mandioca utilizando a metodologia de modelos mistos.

## **MATERIAIS E METODOS**

### **Material vegetal**

Foram avaliados 697 acessos de germoplasma pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, Bahia, Brasil). Estes acessos são oriundos de

vários ecossistemas do Brasil, bem como da Colômbia, Venezuela e Nigéria. Fazem parte deste conjunto de acessos os seguintes genótipos: dois clones elite (9624-09 e 98150-06), onze variedades melhoradas resultante de procedimentos convencionais de melhoramento, tais como cruzamento e seleção, bem como pela seleção de variedades locais de alto potencial produtivo (BRS Aipim Brasil, BRS Amansa Burro, BRS Caipira, BRS Dourada, BRS Formosa, BRS Gema de Ovo, BRS Jari, BRS Kiriris, BRS Tapioqueira, BRS Verdinha, BRS Aramaris e IAC90), bem como variedades locais amplamente cultivadas no Brasil (Cascuda, Eucalipto e Fécula Branca).

### **Delimitação experimental e condições de inoculação do patógeno**

Os experimentos de campo foram realizados em diferentes áreas no município de Cruz das Almas (BA), situada a 12°40'19" de Latitude Sul e 39°06'22" de Longitude Oeste, a 220 m de altitude. O clima é tropical quente e úmido, Aw a Am, segundo a classificação de Köppen. O plantio foi realizado com manivas de 20 cm de comprimento, distribuídas em sulcos com cerca de 10 cm de profundidade, no período das chuvas (março a outubro), utilizando espaçamento de 0,90 m entre linhas e 0,80 entre plantas com parcelas constituídas por duas filas de 8 plantas. Os tratamentos culturais seguiram as recomendações de SOUZA et al. (2006), em solos bem drenados e com ausência de histórico de podridão radicular.

As avaliações ocorreram nos anos agrícolas de 2011, 2012 e 2013 (primeiro e segundo semestres de 2011 e 2012 e segundo semestre de 2013). Estas cinco épocas de avaliação foram considerados ambientes independentes. Em cada ambiente de avaliação, os ensaios foram compostos por 250 a 400 genótipos. Portanto, este conjunto de dados é desbalanceado, ou seja, os acessos que compuseram os ensaios de avaliação para podridão radicular variaram de ano para ano, considerando o grande número de amostras a serem avaliadas por ensaio.

A colheita foi realizada manualmente entre 10 e 12 meses após o plantio, tomando-se o cuidado de evitar ferimentos às raízes. Neste momento foi realizada uma padronização do tamanho e formato das raízes (em torno de 20 a 25 cm de comprimento e 4 a 6 cm de diâmetro), respeitando-se as características inerentes a cada acesso de germoplasma.



Para identificação de fontes de resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp. (Fsp), raízes inteiras de mandioca foram lavadas e desinfestadas em solução de hipoclorito de sódio (1%), e em seguida colocadas para secar por alguns minutos. Em seguida, furos uniformes de aproximadamente 3 a 4 mm de profundidade foram realizados na região central da raiz, com auxílio de furador metálico de 6 mm de diâmetro. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com variação de 6 a 18 repetições por acesso (parcela representada por uma raiz com três pontos de inoculação). A inoculação foi realizada com uma suspensão de esporos (100 µL, numa concentração de  $10^5$  macroconídios.mL<sup>-1</sup>) no ponto de perfuração das raízes, utilizando seis isolados considerados mais agressivos, sendo das espécies *Fusarium solani*, *F. oxysporum* e *F. lateritium*. Após a inoculação, as raízes foram colocadas em bandejas contendo chumaço de algodão umedecido, envolvidas em saco plástico, e em seguida armazenadas em câmara úmida a  $26 \pm 2^\circ\text{C}$ , por 10 dias. O controle da inoculação consistiu de raízes perfuradas e inoculadas com água destilada, e armazenadas sob as mesmas condições dos materiais inoculados.

No momento da avaliação, as raízes foram cortadas longitudinalmente e fotografadas digitalmente para posterior análise das imagens, com auxílio do software ImageTool v.3.0 (UTASCSA, University of Texas Health Science Center, San Antonio), visando calcular a área colonizada pelo patógeno. Neste caso foram tomadas duas medidas: a primeira delas foi a severidade da podridão radicular na casca das raízes (SEV-Casca) e a segunda foi a severidade da podridão radicular na polpa das raízes (SEV-Polpa).

### **Parâmetros genéticos**

Para a avaliação dos acessos no delineamento de blocos incompletos, em cinco ambientes e com uma observação por parcela foi utilizado o modelo estatístico:  $y = Xr + Tb + Zg + Wi + e$ , em que  $y$  é o vetor das observações,  $r$  é o vetor dos efeitos de ambientes (considerado como fixo) somados à média geral,  $b$  é o efeito de bloco dentro de ambiente (considerado como aleatório),  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (considerado como aleatório),  $i$  é vetor dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA) (aleatórios) e  $e$  é o vetor de

resíduos (aleatório).  $X$ ,  $T$ ,  $Z$  e  $W$ , representam as matrizes de incidência relativa aos efeitos de ambiente, bloco, genótipo e interação GxA, respectivamente.

A distribuição e estrutura das médias e variâncias foram dadas por:  $y|r, V \sim N(Xr, V)$ ,  $b|\sigma_b^2 \sim N(0, I\sigma_b^2)$ ,  $g|\sigma_g^2 \sim N(0, I\sigma_g^2)$ ,  $i|\sigma_i^2 \sim N(0, I\sigma_i^2)$  e  $e|\sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$ . As covariâncias entre todos os efeitos aleatórios do modelo foram:  $Cov(b, g')$ ,  $Cov(b, i')$ ,  $Cov(b, e')$ ;  $Cov(g, i')$ ;  $Cov(g, e')$ ;  $Cov(i, e')=0$ ; de tal forma que:

$$E \begin{bmatrix} y \\ b \\ g \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xr \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \text{ e } \text{Var} \begin{bmatrix} y \\ b \\ g \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & TPZGWCR \\ T & P & O & O & O \\ Z & O & G & O & O \\ W & O & O & C & O \\ R & O & O & O & R \end{bmatrix}, \text{ em que } P=I\hat{\sigma}_b^2, G=I\hat{\sigma}_g^2;$$

$$R=I\hat{\sigma}_e^2; C=I\hat{\sigma}_i^2 \text{ e } V=TPT+ZGZ+WCW+R$$

O sistema de equações lineares (chamados de equações do modelo misto - EMM) utilizado para obter as soluções do modelo foi:

$$\begin{bmatrix} X \\ b \\ g \\ i \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X \\ T \\ Z \\ W \\ R \end{bmatrix} \begin{bmatrix} r \\ b \\ g \\ i \\ e \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} TPZGW \\ C \\ R \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ g \\ i \\ e \end{bmatrix}$$

$$\text{em que: } \lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1}{b^2} \rho, \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1}{h_g^2} \rho \text{ e } \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_i^2} = \frac{1}{i^2} \rho \text{ referem-se}$$

aos fatores de encolhimento dos efeitos aleatórios do modelo de equações

mistas,  $\rho = \frac{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_i^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_i^2 + \hat{\sigma}_e^2}$  refere-se à repetibilidade individual dentro de

ambiente;  $c_b^2 = \frac{\hat{\sigma}_b^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_i^2 + \hat{\sigma}_e^2}$  refere-se ao coeficiente de determinação do

efeito de bloco;  $h_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_i^2 + \hat{\sigma}_e^2}$  é a herdabilidade individual no sentido

amplo dentro do bloco;  $h_{mg}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + (\hat{\sigma}_b^2/b) + (\hat{\sigma}_i^2/r) + (\hat{\sigma}_e^2/r - b)}$  é a herdabilidade

genotípica média, sendo  $r$  e  $b$  o número de ambientes e blocos, respectivamente;

$\hat{r}_{gg} = \sqrt{h_{mg}^2}$  a acurácia da seleção dos genótipos;  $c_i^2 = \frac{\hat{\sigma}_i^2}{\hat{\sigma}_b^2 + \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_i^2 + \hat{\sigma}_e^2}$  refere-se

ao coeficiente de determinação do efeito individual dentro do bloco;  $\hat{\sigma}_b^2$  é a variância do efeito de blocos;  $\hat{\sigma}_g^2$  é a variância genotípica entre genótipos;  $\hat{\sigma}_i^2$  é a variância da interação GxA;  $\hat{\sigma}_e^2$  é a variância residual;  $\hat{r}_{gA} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_i^2}$  é a correlação genotípica entre o comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes;  $cv_g = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\bar{X}} \times 100$  é o coeficiente de variação genotípica;  $cv_e = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \times 100$  é o coeficiente de variação residual; e  $\bar{X}$  é a média geral.

As estimativas REML dos componentes de variância foram obtidas por meio do algoritmo de EM (esperança e maximização), de acordo com as

seguintes expressões: 
$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'y - \hat{r}'X'y - b'T'y - \hat{g}'Z'y - \hat{i}W'y}{N - r(x)},$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{\hat{b}'\hat{b} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{22})}{q} \quad \hat{\sigma}_g^2 = \frac{\hat{g}'G^{-1}\hat{g} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{33})}{s} \quad \text{e} \quad \hat{\sigma}_i^2 = \frac{\hat{i}'\hat{i} + \hat{\sigma}_e^2 tr(C^{44})}{t}$$
 em que  $C^{22}$ ,

$C^{33}$  e  $C^{44}$  foram derivados da matriz dos coeficientes das equações do modelo misto, i.e:

$$C = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} C_{11} & C_{12} & C_{13} & C_{14} \\ C_{21} & C_{22} & C_{23} & C_{24} \\ C_{31} & C_{32} & C_{33} & C_{34} \\ C_{41} & C_{42} & C_{43} & C_{44} \end{bmatrix} \text{ que é a inversa}$$

generalizada dos coeficientes da matriz EMM,  $tr$  é o traço da matriz;  $r(x)$  é o posto da matriz  $X$ ;  $N - r(x)$  é o número de graus de liberdade do erro;  $q$  é o número de blocos;  $s$  é o número de genótipos e  $t$  é o número de combinações genótipos x ambientes.

Os preditores BLUP empíricos dos valores genotípicos livres da interação, foram dados por  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , em que  $\hat{\mu}$  é a média de todos os locais e  $\hat{g}_i$  é o efeito genotípico livre da interação GxA. A predição dos valores genotípicos considerando a interação média ( $ge_m$ ) nos diferentes locais foi obtida

por  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}_{em}$ , na qual  $\hat{\mu} = \left[ \left( \frac{\sum \hat{g}_i}{n} \right) \right]$ , em que,  $\hat{\mu}$  é a média geral de

todos os locais,  $n$  é o número de locais e  $\hat{g}_i$  é o efeito genotípico do genótipo  $i$ .

### **Classificação quanto à resistência genética dos acessos de mandioca**

Os acessos de mandioca foram classificados em diferentes grupos de respostas à resistência a Fsp, com base na distribuição normal dos valores genotípicos preditos via BLUP. Os desvios-padrão dos valores genotípicos (DPVG) de cada acesso em relação à média geral das características da severidade dos sintomas na casca das raízes e na polpa foram comparados em relação a sua distribuição na curva normal, de modo que acessos com desvios positivos foram classificados como suscetíveis, enquanto acessos com desvios negativos foram classificados como resistentes. Os acessos foram classificados em seis classes: a) altamente resistentes (AR):  $>-3$  DPVG; b) resistentes (R):  $-3 < \text{DPVG} < -1$ ; c) moderadamente resistentes (MR):  $-1 < \text{DPVG} < 0$ ; d) moderadamente suscetível (MS):  $0 < \text{DPVG} < +1$ ; e) suscetível (S):  $+1 < \text{DPVG} < +3$ , c) altamente suscetível (AS):  $>+3$  DPVG.

### **Estabilidade dos valores genotípicos relacionados à resistência à podridão radicular**

A estabilidade dos acessos de mandioca nos diferentes anos/ambientes quanto à resistência à podridão radicular causada por Fsp foi avaliada por meio da média harmônica do valor genotípico ( $S_i$ ), dada por: 
$$S_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^{n_i} \frac{1}{VG_{ij}}}$$
, em

que  $n_i$  é número de ambientes em que o genótipo  $i$  foi avaliado; e  $VG_{ij}$  o valor genotípico predito do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ . Neste caso, quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico nos diferentes locais, maior será a média harmônica de seus valores genotípicos. Portanto, a seleção dos maiores valores de  $S_i$  resulta na seleção de acessos com maior resistência e estabilidade à Fsp, de forma simultânea.

Usando os conceitos de estabilidade e adaptabilidade amplamente empregados na análise de atributos produtivos, a adaptabilidade dos acessos foi calculada considerando o desempenho relativo dos valores genotípicos nos diferentes ambientes ( $A_i$ ). Neste caso, os valores genotípicos preditos foram expressos pela proporção da média geral de cada local, e em seguida obtido o valor médio desta proporção nos diferentes locais. O  $A_i$  foi obtido por

$A_i = \frac{1}{n_i} \sum_{j=1}^{n_i} \frac{VG_{ij}}{\mu_j}$ , em que  $n_i$  é o número de ambientes na qual o genótipo  $i$  foi avaliado;  $\mu_j$  é a média do ambiente  $j$ ;  $VG_{ij} = \mu_j + g_i + ge_{ij}$  é o valor genotípico predito do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ , em que  $g_i$  é o efeito genotípico do genótipo  $i$  e  $ge_{ij}$  é o efeito da interação do genótipo  $i$  no ambiente  $j$ , estimados via REML/BLUP.

A estabilidade e adaptabilidade da resistência ao Fsp foi estimada pelo método da média harmônica do desempenho relativo do valor genotípico ( $Z_i$ ) predito dado por  $Z_i = \frac{n_i}{\sum_{j=1}^{n_i} \frac{1}{PRVG_{ij}}}$ , de acordo com Resende (2004). A estimação

dos componentes de variância e efeitos de predição não viesada foram estimados pelo procedimento REML do software Selegen (RESENDE, 2007).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

### **Classificação dos acessos de mandioca com base no nível de resistência**

Dos 697 acessos avaliados, cinco não foram utilizados na avaliação da severidade dos sintomas na polpa, em função do aparecimento da deterioração fisiológica pós-colheita, que dificultou a diferenciação dos sintomas de podridão radicular na análise das imagens. De acordo com a classificação dos acessos de mandioca com base no desvio padrão dos valores genotípicos preditos (DPVG), nenhum acesso foi considerado altamente resistente (Tabela 1). As distribuições dos acessos nas diferentes classes quanto à severidade dos sintomas da podridão na casca e polpa da raiz, foram bastante similares. Aproximadamente 10% dos acessos foram classificados como resistentes (R), 50% como moderadamente resistente (MR), 28% como moderadamente suscetíveis (MS), 10% como suscetíveis (S) e 2% altamente suscetíveis (AS) (Tabela 1).

Utilizando dados fenotípicos de resistência à podridão radicular causada por *Lasiodiplodia theobromae*, e estratégia semelhante para classificação dos acessos de mandioca em grupos de resistência, Onyeka et al. (2005a) identificaram cerca de 6% de acessos altamente resistentes, 13% resistentes,

29% moderadamente resistentes, 31% moderadamente suscetíveis, 12% suscetíveis e 7% altamente suscetíveis. Ao avaliarem a interação de 230 genótipos de festuga para resistência ao fungo *Rhizoctonia solani* Kuhn (mancha castanha), Bokmeyer et al. (2009) não observaram classes discretas de resistência ou suscetibilidade, mas sim uma distribuição contínua de respostas à doença. Além disso, alguns genótipos apresentaram níveis moderados de resistência em vários ambientes, mas nenhum apresentou resistência completa. Resultados semelhantes foram observados por Oliveira et al. (2013), ao avaliarem 353 acessos e sete variedades comerciais de mandioca para resistência à podridão radicular, e Alvarez et al. (2002), que avaliaram a resistência de genótipos de mandioca a *Phytophthora tropicalis*, outro agente patogênico de podridão radicular em mandioca. Estes resultados corroboram o padrão de herança quantitativo da podridão radicular em mandioca causado por Fsp, caracterizado pela ausência de resistência completa, distribuição contínua dos valores genotípicos e a elevada influência do ambiente na expressão da severidade da doença.

**Tabela 1.** Distribuição dos acessos de mandioca quanto à classificação da resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp. com sintomas avaliados na casca (SEV-Casca) e na polpa da raiz (SEV-Polpa).

Reação <sup>1</sup>	SEV-Casca			SEV-Polpa		
	Nº de acessos	Variação dos valores preditos		Nº de acessos	Variação dos valores preditos	
		Mínimo	Máximo		Mínimo	Máximo
AS	12	92,81	104,7	11	64,98	71,69
S	76	89,67	92,48	62	61,70	64,78
MS	194	88,23	89,64	204	60,08	61,66
MR	342	86,81	88,22	354	58,53	60,07
R	73	84,91	86,79	61	56,22	58,49
AR	0	-	-	0	-	-

<sup>1</sup>AR: altamente resistentes, R: resistentes, MR: moderadamente resistente, MS: moderadamente suscetível, S: suscetível, AS: altamente suscetível.

Vinte e dois acessos foram classificados como resistentes (tanto para sintomas na casca quanto na polpa). Por outro lado, ao considerar as testemunhas usadas no experimento, observa-se que apenas a BRS Aramaris comportou-se como resistente à Fsp tanto para severidade na casca quanto

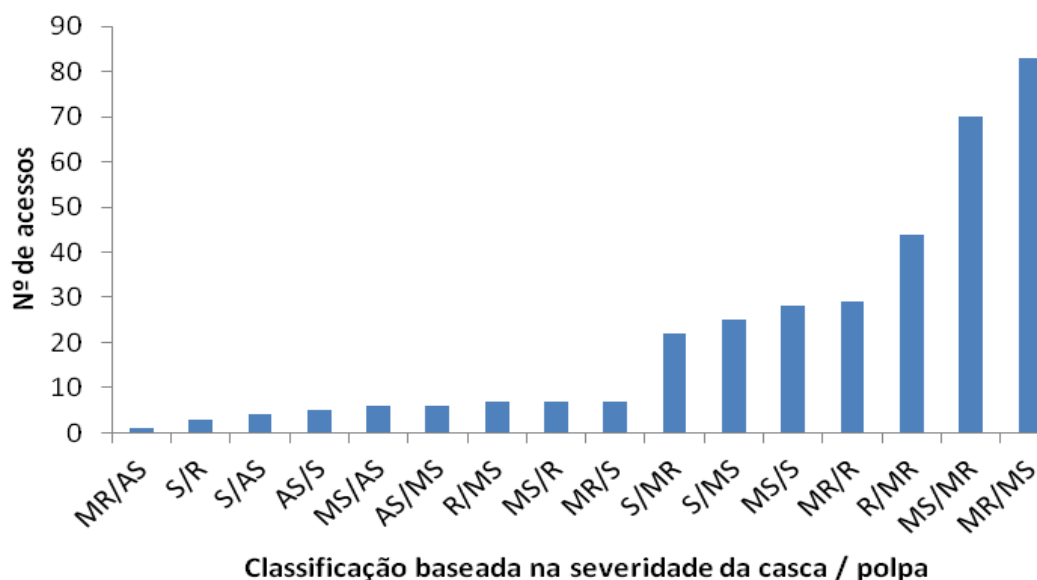
na polpa. Casos de moderada resistência foram observadas em Amansa Burro, Fécula Branca e IAC90, enquanto moderada resistência na casca e resistência na polpa foram observados para BRS Caipira, BRS Dourada, Eucalipto e BRS Verdinha. As variedades BRS Formosa e BRS Gema de Ovo comportaram-se como moderadamente resistentes e moderadamente suscetíveis à severidade na casca e polpa, respectivamente. Moderada suscetibilidade e moderada resistência foi observada nas variedades Cascuda, BRS Jari e BRS Kiriris. Aparentemente, a variedade BRS Tapioqueira possui resistência moderada à Fsp na casca, mas é suscetível na polpa, enquanto a variedade BRS Aipim Brasil é suscetível em ambas as partes da raiz.

Houve algumas discrepâncias na classificação de metade dos acessos de mandioca quanto ao nível de resistência à podridão radicular com base na severidade dos sintomas na casca e polpa das raízes, considerando que apenas 345 dos 697 acessos avaliados apresentaram a mesma classificação de resistência quanto aos sintomas avaliados na casca e polpa. Com vê-se na Figura 1, as trocas de classificações mais frequentes foram relacionadas ao grau de resistência/suscetibilidade moderada (44%), seguida de resistente (ou suscetível) para moderadamente resistente (suscetível) (36%). Contudo, em 68 acessos houve trocas de classificação que mudaram o comportamento de algum nível de suscetibilidade para algum grau de resistência (Figura 1). Estas observações sugerem que os mecanismos de resistência à podridão radicular associados a barreiras químicas e físicas contra o ataque de patógenos podem ser diferentes na casca e polpa das raízes.

Na avaliação de genótipos de festuga para resistência à mancha castanha, Bokmeyer et al. (2009) não identificaram nenhum genótipo com resistência estável nos diversos ambientes, embora todos os genótipos classificados como resistentes tenham apresentado desvios negativos em todos os locais e o mesmo ocorreu com os genótipos categorizados como suscetíveis.

Como um controle desta inoculação, o nível de resistência da variedade local BRS Aramaris (=Cigana Preta) e da variedade melhorada (BRS Kiriris), ambas consideradas resistentes em condições de campo, se mantiveram relativamente estáveis pela inoculação com Fsp. A BRS Aramaris foi considerada resistente (casca e polpa) e a BRS Kiriris moderadamente

suscetível (casca) e moderadamente resistente (polpa). Embora estas duas variedades sejam consideradas resistentes em condições de campo, sua resistência a patógenos específicos não tem sido avaliada. Assim, é possível que a variedade BRS Kiriris tenha maior suscetibilidade à podridão causada por *Fusarium*.



**Figura 1.** Discrepância na classificação da resistência dos acessos de mandioca quanto à resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp., para sintomas expressos na casca e polpa das raízes.

### **Estimativas dos parâmetros genéticos**

As estimativas da variância fenotípica decompostas em variância ambiental entre blocos, variância genotípica, variância da interação GxA e variância residual são apresentadas na Tabela 2. Tanto para severidade da podridão radicular na casca quanto na polpa, a maior parte da variância foi devida a efeitos aleatórios (resíduo), seguido da variância da interação GxA, ou seja,  $\hat{\sigma}_i^2 = 46\%$  e  $31\%$  para casca e polpa, respectivamente. As variâncias genotípicas ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) representaram cerca de 6% da variância fenotípica, tanto para casca quanto para polpa. Em estudos envolvendo potencial produtivo de arroz, considerando efeitos de genótipos avaliados em diferentes anos e locais, observaram-se proporções similares entre a variância genotípica e interação genótipo x local, embora a interação tripla tenha sido 4,5 vezes a variância genotípica (COLOMBARI FILHO et al., 2013), indicando que os efeitos da



interação com o ambiente contribuem sobremaneira para influenciar o fenótipo de caracteres quantitativos. Estudos desta natureza em outras doenças de plantas também indicaram interação significativa entre genótipos x ambientes a exemplo do patossistema festuga x *Rhizoctonia solani* Kuhn (BOKMEYER et al., 2009).

**Tabela 2.** Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos da análise conjunta dos experimentos para avaliação da severidade da podridão radicular causada por *Fusarium* spp. em mandioca.

Estimativa	Podridão radicular	
	Casca	Polpa
$\hat{\sigma}_b^2$	8,33	279,32
$\hat{\sigma}_g^2$	378,26	235,64
$\hat{\sigma}_i^2$	2792,54	1341,63
$\hat{\sigma}_e^2$	2899,68	2519,41
$\hat{r}_{gA}$	0,119	0,149
$\rho$	0,523	0,424
$c_b^2$	0,001	0,064
$h_g^2$	0,062±0,017	0,054±0,016
$h_{mg}^2$	0,366	0,371
$\hat{r}_{gg}$	0,605	0,609
$c_i^2$	0,459	0,307
$CV_g$	22,043	25,550
$CV_e$	61,032	83,543
$\bar{X}$	88,231	60,081

$\hat{\sigma}_b^2$  : variância do efeito de blocos;  $\hat{\sigma}_g^2$  : variância genotípica;  $\hat{\sigma}_i^2$  : variância da interação GxA;  $\hat{\sigma}_e^2$  : variância residual;  $\hat{r}_{gA}$  : correlação genotípica do comportamento dos genótipos nos diferentes ambientes;  $\rho$  : repetibilidade individual dentro de ambiente;  $c_b^2$  : coeficiente de determinação do efeito de bloco;  $h_g^2$  : herdabilidade individual no sentido amplo dentro do bloco;  $h_{mg}^2$  : herdabilidade média genotípica;  $\hat{r}_{gg}$  a acurácia da seleção dos genótipos;  $c_i^2$  : coeficiente de determinação do efeito individual dentro do bloco;  $CV_g$  : coeficiente de variação genotípica;  $CV_e$  : coeficiente de variação residual;  $\bar{X}$  : média fenotípica geral.

De acordo com Haynes et al. (1998), o ambiente tem um papel fundamental no desenvolvimento das condições de crescimento, tanto para o patógeno quanto para o hospedeiro, e as variações de temperatura diária, pluviosidade, tipos de solo, época de plantio, idade e qualidade do material

propagativo podem influenciar na expressão da severidade de doenças de plantas.

A correlação genotípica entre a resistência dos acessos de mandioca nos diferentes ambientes ( $\hat{r}_{gA}$ ) foi de baixa magnitude, indicando a existência de interação complexa entre os acessos, com coincidência de apenas cerca de 12% e 15% na seleção de genótipos específicos para cada ambiente, considerando a podridão radicular na casca e polpa, respectivamente. Valores de  $\hat{r}_{gA}$  de baixa ou moderada magnitude indicam alteração no ordenamento dos acessos nos diferentes ambientes, em função da alta interação GxA, o que altera o ordenamento dos genótipos nos diferentes ambientes. Resultados semelhantes foram observados em feijoeiro por Carbonell et al. (2007), que obtiveram valores de  $\hat{r}_{gA} = 8,5\%$ . Por outro lado, em cana-de-açúcar, Bastos et al. (2007) relataram uma correlação genotípica de clones quanto a produtividade de açúcar nos diferentes ambientes bem mais elevada (49%) em comparação com o presente trabalho. Também em cana-de-açúcar Oliveira et al. (2005) relataram uma concordância maior (80%) no ordenamento dos genótipos. Contudo, diferentemente do presente estudo, no qual foram avaliados quase 700 acessos de mandioca, os estudos mencionados anteriormente avaliaram apenas algumas dezenas de genótipos. Certamente, diferenças na natureza do caráter e no número de acessos avaliados podem contribuir para maior dificuldade no ordenamento dos genótipos nos diferentes ambientes, considerando o enorme efeito da interação GxA.

Em função da forte influência ambiental sobre a expressão dos sintomas da podridão radicular, as herdabilidades individuais no sentido amplo ( $h_g^2$ ) foram de baixa magnitude ( $0,062 \pm 0,017$  e  $0,054 \pm 0,016$ , para severidade na casca e polpa, respectivamente). Entretanto, é preciso levar em consideração que esta herdabilidade é livre da interação GxA e portanto, não pode ser comparada com herdabilidades fenotípicas individuais. Também utilizando modelos mistos para análise de parâmetros genéticos, estimativas semelhantes de  $h_g^2$  ( $0,0583 \pm 0,0036$ ) foram observadas por Colombari Filho et al. (2013) em ensaios de produtividade de arroz em diversas regiões do Brasil, enquanto Oliveira et al. (2005) observaram estimativas  $h_g^2 = 0,13 \pm 0,03$  em

ensaios de produtividade de cana-de-açúcar. A existência de baixas herdabilidade individuais é típica de caracteres de natureza quantitativa, e indica que a seleção baseada em plantas individuais e em poucos ambientes de avaliação pode não ser uma estratégia eficiente para melhorar a resistência da mandioca à podridão radicular.

Por outro lado, a herdabilidade genótipos média ( $h_{mg}^2$ ) nos diferentes ambientes apresenta uma melhoria considerável nas estimativas (36,6% e 37,1%, para severidade na casca e polpa, respectivamente). Comportamento semelhante foi observado em festuga, cuja herdabilidade média no sentido amplo para resistência à mancha castanha, após avaliação em dois anos e locais foi de 0,74, enquanto que a herdabilidade individual foi de apenas 0,25 (BOKMEYER et al., 2009). Entretanto, no caso da mandioca, toda a variância genética é transmitida à geração seguinte, por meio da propagação vegetativa da espécie; por isso, mesmo com baixas estimativas de  $h_g^2$  toda a variância aditiva e de dominância é transmitida entre as unidades de seleção. Neste caso, a seleção de acessos resistentes ao longo de vários anos e ambientes, associada à propagação vegetativa pode resultar em maiores ganhos genéticos.

As estimativas de acurácia seletiva ( $\hat{r}_{gg}$ ) para severidade da podridão radicular na casca e polpa apresentaram magnitudes semelhantes (60,5% e 60,9%, respectivamente). O procedimento de predição de valores genéticos está sujeito ao conhecimento do controle genético dos caracteres sob seleção, principalmente dos parâmetros herdabilidade e repetibilidade individuais. Não existem estimativas de parâmetros genéticos para todas as características de maior importância econômica em mandioca, sobretudo para resistência a doenças. Uma das iniciativas de gerar informações sobre alguns destes parâmetros foi feita por Oliveira et al. (2014), ao relatarem estimativas de parâmetros genéticos para características relacionadas à qualidade da raiz de mandioca, utilizando máxima verossimilhança restrita.

Os coeficientes de determinação ( $c_b^2$ ) ao longo de todos os ambientes foram baixos, evidenciando a homogeneidade dos blocos nos experimentos. Por outro lado, os coeficientes de determinação do efeito ambiental dentro do

bloco ( $c_i^2$ ) mostram que uma parte expressiva da variação observada é devida à interação GxA, o que justifica a captação dos efeitos da interação GxA na seleção dos acessos mais resistentes à podridão radicular.

O coeficiente de variação genotípica ( $cv_g$ ) foi de 22,04% e 25,55% para severidade da doença na casca e polpa, respectivamente. Estes valores representam o dobro das estimativas obtidas na análise de clones de cana-de-açúcar para a característica produtividade de açúcar (BASTOS et al., 2007). Portanto, estas estimativas demonstram a existência de considerável variação genética passível de seleção efetiva entre os acessos. Por outro lado, os coeficientes de variação experimental ( $cv_e$ ) foram de alta magnitude (61,03% e 83,54% para severidade na casca e polpa, respectivamente), indicando forte influência ambiental na expressão da característica. Elevado  $cv_e$  (56%) também foi observado na análise de estabilidade fenotípica para resistência a *Phytophthora infestans* em clones de batata (HAYNES et al., 1998).

### **Valores genotípicos da resistência à podridão radicular**

Por simplificação os valores preditos e ganhos para resistência à podridão radicular foram analisados apenas nos acessos classificados como resistentes pela severidade na casca (73 acessos) e polpa (61 acessos) da raiz, em comparação com algumas variedades locais e melhoradas utilizadas como testemunhas.

Nas Tabelas 3 e 4 são apresentados os valores genotípicos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ) e valores genotípicos médios ( $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ) dos acessos de mandioca testados nos cinco ambientes para severidade da podridão radicular na casca e polpa, respectivamente. A classificação dos acessos resistentes (casca e polpa) seguiu a mesma ordem pelos dois critérios ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$  e  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ). Contudo, pelo critério  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ , os valores são de magnitudes inferiores, exatamente pela capitalização da interação média no sentido de redução da média do caráter (menor severidade).

Tendo em vista classificações semelhantes para os dois parâmetros ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$  e  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ), o ranqueamento dos acessos foi baseado nos menores valores  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , pois de acordo com Resende (2007), o uso dos

valores genotípicos preditos permite a extrapolação dos resultados para locais fora da rede experimental de avaliação, uma vez que os desempenhos dos materiais são livres da interação GxA. Por outro lado, a recomendação dos acessos com base nos valores  $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$  é limitada aos locais da rede experimental ou ambientes com o mesmo padrão de interação GxA da rede experimental analisada. Em qualquer situação fora destas especificações a escolha dos melhores acessos com base nos valores  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$  é mais segura.

**Tabela 3.** Estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ) e valores genotípicos médios ( $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ) e ganhos genéticos para resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp., em acessos de mandioca, considerando a severidade na CASCA dos 73 acessos considerados resistentes.

Acesso <sup>1</sup>	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0878	697	74,95	50,41	-15,05	74,95
BGM0567	696	75,19	51,09	-14,78	75,07
BGM1969	695	75,61	52,28	-14,31	75,25
BGM1367	694	76,23	54,06	-13,60	75,50
BGM1410	693	76,63	55,20	-13,14	75,72
BGM0550	692	76,67	55,31	-13,10	75,88
BGM1771	691	76,84	55,78	-12,91	76,02
BGM0620	690	76,98	56,17	-12,76	76,14
BGM1398	689	77,04	56,35	-12,69	76,24
BGM1876	688	77,36	57,27	-12,32	76,35
BGM1729	687	77,60	57,94	-12,05	76,46
BGM1518	686	77,80	58,52	-11,82	76,57
BGM1567	685	77,89	58,77	-11,73	76,68
BGM1767	684	78,14	59,48	-11,44	76,78
BGM1333	683	78,17	59,59	-11,40	76,87
BGM0469	682	78,25	59,81	-11,31	76,96
BGM0432	681	78,47	60,44	-11,06	77,05
BGM0940	680	78,57	60,71	-10,95	77,13
BGM1423	679	78,61	60,84	-10,90	77,21
BGM1377	678	78,76	61,26	-10,73	77,29
BGM1136	677	78,83	61,47	-10,65	77,36
BGM1560	676	78,85	61,51	-10,63	77,43
BGM1370	675	79,11	62,27	-10,33	77,50
BGM1200	674	79,23	62,59	-10,20	77,57
BGM1616	673	79,31	62,82	-10,11	77,64
BGM0823	672	79,49	63,34	-9,91	77,71
BGM1194	671	79,51	63,40	-9,88	77,78
BGM1678	670	79,74	64,06	-9,62	77,85
BGM0896	669	79,76	64,11	-9,60	77,92
BGM1495	668	79,78	64,17	-9,57	77,98
BGM0492	667	80,07	64,98	-9,25	78,05
BGM1409	666	80,27	65,57	-9,02	78,12

Continua...

...Continuação

Acesso <sup>1</sup>	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1721	665	80,29	65,61	-9,00	78,18
BGM1175	664	80,52	66,27	-8,74	78,25
BGM0057	663	80,60	66,51	-8,64	78,32
BGM1814	662	80,71	66,81	-8,53	78,38
BGM0547	661	80,72	66,85	-8,51	78,45
BGM0778	660	80,74	66,90	-8,49	78,51
BGM1363	659	80,77	66,99	-8,45	78,57
BGM0810	658	80,83	67,16	-8,38	78,62
BGM0583	657	80,96	67,52	-8,24	78,68
BGM1131	656	81,00	67,64	-8,19	78,73
BGM0579	655	81,07	67,84	-8,12	78,79
BGM1321	654	81,07	67,84	-8,11	78,84
BGM1178	653	81,08	67,86	-8,11	78,89
BGM1702	652	81,17	68,12	-8,00	78,94
BGM1446	651	81,19	68,19	-7,98	78,99
<b>BRS Aramaris</b>	650	81,26	68,38	-7,90	79,04
BGM1361	649	81,28	68,45	-7,87	79,08
BGM1701	648	81,38	68,71	-7,77	79,13
BGM0776	647	81,41	68,81	-7,73	79,17
BGM1359	646	81,42	68,83	-7,72	79,22
BGM0303	645	81,45	68,92	-7,69	79,26
BGM0817	644	81,50	69,07	-7,63	79,30
BGM0338	643	81,53	69,16	-7,59	79,34
BGM1730	642	81,54	69,17	-7,58	79,38
BGM0023	641	81,69	69,61	-7,41	79,42
BGM1586	640	81,73	69,71	-7,37	79,46
BGM0636	639	81,76	69,79	-7,34	79,50
BGM0254	638	81,80	69,92	-7,29	79,54
BGM0562	637	81,83	69,99	-7,26	79,57
BGM1640	636	81,98	70,43	-7,08	79,61
BGM1273	635	82,00	70,49	-7,06	79,65
BGM0598	634	82,02	70,56	-7,03	79,69
BGM1690	633	82,05	70,63	-7,00	79,72
BGM0818	632	82,07	70,69	-6,98	79,76
BGM0144	631	82,11	70,80	-6,94	79,80
BGM0361	630	82,14	70,90	-6,90	79,83
BGM1218	629	82,26	71,22	-6,77	79,86
BGM1920	628	82,28	71,29	-6,74	79,90
BGM1610	627	82,32	71,40	-6,70	79,93
BGM1481	626	82,36	71,51	-6,65	79,97
BGM0943	625	82,45	71,77	-6,55	80,00
<b>BRS Verdinha</b>	608	82,98	73,29	-5,95	80,54
<b>IAC90</b>	521	84,54	77,73	-4,18	82,16
<b>BRS Gema de Ovo</b>	517	84,60	77,88	-4,12	82,21
<b>Amansa Burro</b>	483	85,01	79,07	-3,65	82,63
<b>Eucalipto</b>	459	85,30	79,90	-3,32	82,88
<b>BRS Caipira</b>	411	86,00	81,86	-2,53	83,34
<b>BRS Tapioqueira</b>	383	86,49	83,26	-1,98	83,60
<b>BRS Formosa</b>	377	86,58	83,52	-1,87	83,65
<b>BRS Dourada</b>	370	86,69	83,84	-1,75	83,72
<b>Fécula Branca</b>	291	88,03	87,65	-0,23	84,43
<b>BRS Jari</b>	247	88,98	90,38	0,85	84,84
<b>BRS Kiriris</b>	137	92,06	99,15	4,34	85,94
<b>Cascuda</b>	96	93,62	103,57	6,11	86,41
<b>BRS Aipim Brasil</b>	30	99,68	120,84	12,98	87,36

<sup>1</sup>: acessos em negrito e em itálico referem-se à variedades locais ou melhoradas.

A redução nas estimativas  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , com o cultivo dos 73 acessos mais resistentes à podridão radicular na casca foi de -6,55% em comparação com a população dos 697 acessos avaliados. Por outro lado, a seleção apenas dos 15 acessos mais resistentes (BGM0878, BGM0567, BGM1969, BGM1367, BGM1410, BGM0550, BGM1771, BGM0620, BGM1398, BGM1876, BGM1729, BGM1518, BGM1567, BGM1767 e BGM1333) resulta na redução de -11,40% nas estimativas  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , relacionada à podridão na casca (Tabela 3).

Considerando a podridão na polpa, o ganho predito com a seleção dos 61 acessos resistentes é de -10,59%. Os 15 acessos mais resistentes (BRS Caipira, BGM1696, BGM0878, BGM0057, BGM1398, BGM1678, BGM0567, BRS Aramaris, BGM1546, BGM1287, BRS Verdinha, BGM1377, BRS Dourada, BGM0083 e BGM1367) possibilitam a redução da severidade da podridão radicular na polpa em torno de -16,36% (Tabela 4).

A BRS Aramaris, considerada resistente em condições de campo, foi ranqueada nas posições 650<sup>o</sup> e 686<sup>o</sup> para severidade na casca e polpa, respectivamente, confirmando seu comportamento em condições de inoculação artificial contra *Fsp*. Por outro lado, a variedade BRS Kiriris desenvolvida por meio de seleção visual em áreas com alta infestação de podridão radicular, comportou-se como moderadamente suscetível (137<sup>o</sup>) e moderadamente resistente (425<sup>o</sup>) para a severidade de *Fsp* na casca e polpa, respectivamente (Anexo 1 e 2). Como a seleção desta variedade foi realizada apenas com base na seleção fenotípica (ou seja, sem análise pormenorizada dos agentes patogênicos presentes na área), é possível especular que esta variedade seja resistente a outros patógenos que também causam podridão radicular em mandioca.

A análise dos dados genotípicos referentes à podridão radicular na polpa também indicou uma variedade local (Eucalipto) e três variedades melhoradas (BRS Caipira, BRS Verdinha e BRS Dourada) como resistentes, constituindo-se, portanto, numa alternativa de uso imediato pelos produtores em locais onde *Fsp* é predominante.

Considerando o padrão atual de resistência presente em variedades já plantadas pelos agricultores (BRS Aramaris e BRS Kiriris), é possível identificar diversos outros acessos com alta resistência à podridão radicular, que podem

ser utilizados no sistema de produção, caso tenham atributos agrônômicos de interesse (alta produtividade e qualidade de raízes). Caso contrário, podem ser utilizados como parentais em programas de melhoramento genético.

**Tabela 4.** Estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ) e valores genotípicos médios ( $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ) e ganhos genéticos para resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp., em acessos de mandioca, considerando a severidade na POLPA dos 61 acessos considerados resistentes.

Acesso <sup>1</sup>	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
<b>BRS Caipira</b>	693	44,63	26,00	-25,71	44,63
BGM1696	692	46,25	29,56	-23,03	45,44
BGM0878	691	47,72	32,81	-20,58	46,20
BGM0057	690	47,80	32,99	-20,45	46,60
BGM1398	689	47,80	32,99	-20,44	46,84
BGM1678	688	48,91	35,43	-18,60	47,18
BGM0567	687	49,53	36,82	-17,55	47,52
<b>BRS Aramaris</b>	686	49,96	37,75	-16,85	47,82
BGM1546	685	49,97	37,79	-16,82	48,06
BGM1287	684	50,02	37,89	-16,75	48,26
<b>BRS Verdinha</b>	683	50,06	37,98	-16,68	48,42
BGM1377	682	50,07	37,99	-16,67	48,56
<b>BRS Dourada</b>	681	50,15	38,18	-16,53	48,68
BGM0083	680	50,16	38,20	-16,51	48,79
BGM1367	679	50,25	38,39	-16,37	48,88
BGM0547	678	50,29	38,48	-16,30	48,97
BGM0649	677	50,40	38,72	-16,12	49,06
BGM1078	676	50,41	38,76	-16,09	49,13
BGM1194	675	50,50	38,96	-15,94	49,20
BGM0940	674	50,52	39,00	-15,91	49,27
BGM0082	673	51,01	40,07	-15,10	49,35
BGM0279	672	51,03	40,11	-15,07	49,43
BGM1729	671	51,03	40,11	-15,07	49,50
BGM1611	670	51,08	40,23	-14,98	49,56
BGM0394	669	51,20	40,50	-14,77	49,63
BGM1423	668	51,25	40,60	-14,70	49,69
BGM0436	667	51,40	40,93	-14,45	49,76
BGM1576	666	51,52	41,19	-14,25	49,82
BGM0539	665	51,59	41,35	-14,13	49,88
BGM1345	664	51,59	41,36	-14,13	49,94
BGM0620	663	51,60	41,37	-14,12	49,99
BGM0778	662	51,72	41,63	-13,92	50,04
BGM1408	661	51,75	41,70	-13,87	50,10
BGM1409	660	51,76	41,73	-13,84	50,14
BGM0733	659	51,84	41,91	-13,71	50,19
BGM1495	658	51,86	41,95	-13,68	50,24
BGM1616	657	51,94	42,12	-13,55	50,29
BGM0127	656	51,95	42,15	-13,53	50,33
BGM1131	655	52,10	42,48	-13,28	50,37
BGM1593	654	52,24	42,78	-13,06	50,42

Continua...



...Continuação

Acesso <sup>1</sup>	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0767	653	52,25	42,81	-13,03	50,47
BGM1077	652	52,34	43,01	-12,88	50,51
BGM0785	651	52,43	43,19	-12,74	50,56
<b>Eucalipto</b>	650	52,91	44,27	-11,93	50,61
BGM1184	649	52,91	44,27	-11,93	50,66
BGM1206	648	53,01	44,48	-11,77	50,71
BGM1523	647	53,06	44,59	-11,69	50,76
BGM1012	646	53,13	44,76	-11,56	50,81
BGM0341	645	53,19	44,89	-11,46	50,86
BGM0901	644	53,21	44,92	-11,44	50,91
BGM0492	643	53,24	44,99	-11,39	50,95
BGM1136	642	53,29	45,10	-11,31	51,00
BGM1037	641	53,29	45,10	-11,30	51,04
BGM1348	640	53,41	45,37	-11,10	51,08
BGM0175	639	53,43	45,40	-11,08	51,13
BGM0177	638	53,51	45,58	-10,94	51,17
BGM0146	637	53,55	45,68	-10,87	51,21
BGM0204	636	53,58	45,75	-10,81	51,25
BGM1452	635	53,62	45,84	-10,75	51,29
BGM1969	634	53,71	46,03	-10,60	51,33
BGM0097	633	53,72	46,05	-10,59	51,37
<b>Fécua Branca</b>	431	58,03	55,55	-3,42	55,22
<b>BRS Kiriris</b>	425	58,10	55,72	-3,29	55,29
<b>Amansa Burro</b>	422	58,11	55,74	-3,28	55,32
<b>BRS Jari</b>	378	58,76	57,18	-2,19	55,75
<b>Cascuda</b>	325	59,36	58,50	-1,20	56,23
<b>IAC90</b>	297	59,63	59,09	-0,75	56,46
<b>BRS Formosa</b>	77	66,10	73,36	10,02	58,49
<b>BRS Gema de Ovo</b>	74	66,38	73,98	10,49	58,53
<b>BRS Aipim Brasil</b>	56	67,74	76,98	12,75	58,77
<b>BRS Tapioqueira</b>	16	76,54	96,39	27,40	59,49

<sup>1</sup>: acessos em negrito e em itálico referem-se à variedades locais ou melhoradas.

### **Estimativas de estabilidade e adaptabilidade à podridão radicular**

A média harmônica dos valores genotípicos ( $S_i$ ) leva em consideração a estabilidade e a resistência à podridão radicular de forma simultânea, havendo uma penalização para os acessos instáveis. Assim, os valores  $S_i$  são os próprios valores da resistência às Fsp (casca e polpa), penalizados pela instabilidade, o que facilita a seleção dos acessos mais resistentes e estáveis nos diferentes ambientes. Para identificação de acessos mais adaptados a condições ambientais específicas utilizou-se a performance relativa dos valores genotípicos ( $A_i$ ), que capitaliza a capacidade de resposta de cada acesso à melhoria do ambiente (no presente estudo entendido como ambientes de menor média de severidade da podridão radicular). Adicionalmente, utilizou-se o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos ( $Z_i$ ), que agrupa em uma única estatística, a estabilidade, a adaptabilidade e a

resistência à podridão radicular, facilitando a seleção dos acessos superiores. A Zi fornece os valores de cada acesso penalizados pela instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade (RESENDE, 2007).

Na Tabela 5 são apresentados os resultados da estabilidade (Si), adaptabilidade (Ai) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (Zi) para a característica resistência à podridão radicular na casca causada por Fsp. Os 15 acessos de mandioca mais estáveis quanto à severidade na casca da raiz foram BGM0144, BGM0550, BGM0567, BGM0636, BGM0810, BGM1321, BGM1361, BGM1363, BGM1367, BGM1446, BGM1690, BGM1701, BGM1702, BGM1730 e BGM1969. Resistência estável a outras doenças também foram observadas, a exemplo da resistência à *Sclerotinia homoeocarpa* F.T. Bennett, agente causal de manchas foliares em clones de *Agrostis stolonifera* L., cujas avaliações em vários anos e locais permitiram a identificação de clones positivamente estáveis (resistentes) ou negativamente estáveis (suscetíveis) em todos os ambientes (BONOS et al., 2004).

**Tabela 5.** Estabilidade (Si), adaptabilidade (Ai), estabilidade e adaptabilidade simultânea de valores genotípicos (Zi) para severidade da podridão radicular na CASCA das raízes em acessos de germoplasma de mandioca.

Acessos resistentes	Estabilidade (E)		Adaptabilidade (A)			E+A		
	Ordem	Si	Ordem	Ai	Ai* $\bar{X}$	Ordem	Zi	Zi* $\bar{X}$
BGM0023	522	57,23	536	0,67	59,12	579	0,59	51,84
BGM0057	612	47,36	540	0,66	58,39	557	0,62	54,66
BGM0144	675	35,22	523	0,68	60,26	648	0,47	41,79
BGM0254	518	57,76	480	0,74	65,58	457	0,73	64,17
BGM0303	446	64,00	539	0,66	58,46	522	0,65	57,58
BGM0338	616	47,09	543	0,66	58,15	638	0,49	42,86
BGM0361	548	54,06	545	0,66	58,01	560	0,62	54,43
BGM0432	653	41,68	626	0,53	46,33	671	0,42	36,86
BGM0469	591	49,56	641	0,51	44,66	631	0,50	44,50
BGM0492	508	58,79	594	0,60	52,72	578	0,60	52,63
BGM0547	484	60,37	565	0,63	55,83	566	0,61	53,80
BGM0550	682	32,55	685	0,37	32,72	685	0,36	32,17
BGM0562	433	66,02	520	0,69	60,63	511	0,67	58,88
BGM0567	681	33,00	687	0,36	31,66	689	0,33	29,34
BGM0579	471	61,14	551	0,65	57,42	561	0,62	54,43
BGM0583	538	55,31	555	0,65	57,18	596	0,56	49,01
BGM0598	526	56,36	476	0,75	65,77	468	0,72	63,40
BGM0620	655	40,42	662	0,45	39,54	676	0,41	35,90
BGM0636	678	34,18	688	0,36	31,55	686	0,36	31,55
BGM0776	527	56,35	566	0,63	55,67	540	0,63	55,63
BGM0778	473	60,96	570	0,63	55,41	554	0,62	54,81
BGM0810	688	31,33	692	0,31	27,24	691	0,31	27,24
BGM0817	598	49,02	530	0,68	59,86	635	0,49	43,24

Continua...

...Continuação

Acessos resistentes	Estabilidade (E)		Adaptabilidade (A)			E+A		
	Ordem	Si	Ordem	Ai	Ai* $\bar{X}$	Ordem	Zi	Zi* $\bar{X}$
BGM0818	507	58,98	525	0,68	60,21	530	0,64	56,87
BGM0823	536	55,60	601	0,57	50,32	589	0,56	49,67
BGM0878	604	48,25	621	0,54	47,21	624	0,51	45,31
BGM0896	602	48,46	561	0,64	56,45	545	0,63	55,22
BGM0940	577	51,43	628	0,52	46,21	618	0,52	46,01
BGM0943	654	40,75	670	0,43	37,62	666	0,43	37,62
BGM1131	587	50,32	590	0,60	52,86	586	0,57	50,50
BGM1136	571	52,02	619	0,54	47,49	615	0,53	46,42
BGM1175	599	48,96	586	0,60	53,24	613	0,53	46,71
BGM1178	542	54,80	572	0,63	55,21	574	0,60	53,02
BGM1194	660	39,58	632	0,51	45,40	658	0,46	40,17
BGM1200	554	53,53	608	0,56	49,26	604	0,54	47,73
BGM1218	652	41,74	672	0,42	37,43	668	0,42	37,43
BGM1273	576	51,60	524	0,68	60,23	610	0,53	46,91
BGM1321	694	27,69	694	0,29	25,56	694	0,29	25,56
BGM1333	607	47,94	640	0,51	44,69	640	0,48	42,70
BGM1359	590	49,91	550	0,65	57,74	623	0,51	45,36
BGM1361	670	35,61	689	0,35	30,96	687	0,35	30,96
BGM1363	695	24,84	696	0,26	22,94	696	0,26	22,94
BGM1367	664	39,35	678	0,41	35,82	677	0,40	35,39
BGM1370	549	53,99	612	0,55	48,62	601	0,55	48,27
BGM1377	627	45,57	639	0,51	44,77	634	0,49	43,47
BGM1398	586	50,37	595	0,59	52,32	597	0,55	48,84
BGM1409	495	59,67	585	0,61	53,53	570	0,61	53,51
BGM1410	649	42,04	669	0,43	37,69	665	0,43	37,69
BGM1423	575	51,63	627	0,52	46,30	617	0,52	46,29
BGM1446	697	15,50	697	0,19	16,63	697	0,19	16,63
BGM1481	418	67,73	513	0,71	62,37	490	0,69	60,98
BGM1495	610	47,60	618	0,54	47,67	608	0,54	47,27
BGM1518	617	47,02	647	0,49	42,97	647	0,48	41,95
BGM1560	650	41,86	614	0,54	48,03	670	0,42	36,98
BGM1567	605	48,10	645	0,49	43,13	636	0,49	43,13
BGM1586	561	52,89	519	0,69	60,77	612	0,53	46,72
BGM1610	661	39,53	675	0,41	36,50	673	0,41	36,50
BGM1616	546	54,10	604	0,56	49,58	602	0,55	48,25
BGM1640	644	42,22	674	0,42	36,71	672	0,42	36,71
BGM1678	523	57,10	597	0,58	51,36	581	0,58	51,06
BGM1690	696	23,64	695	0,29	25,36	695	0,29	25,36
BGM1701	690	30,57	691	0,32	28,23	690	0,32	28,23
BGM1702	693	28,61	693	0,30	26,41	693	0,30	26,41
BGM1721	544	54,42	582	0,61	54,14	600	0,55	48,30
BGM1729	621	46,23	654	0,48	42,06	650	0,47	41,26
BGM1730	684	32,12	690	0,34	29,65	688	0,34	29,65
BGM1767	609	47,64	642	0,50	44,53	643	0,48	42,43
BGM1771	640	43,07	665	0,44	38,59	661	0,44	38,59
BGM1814	468	61,70	567	0,63	55,60	548	0,63	55,16
BGM1876	628	45,36	660	0,46	40,79	656	0,46	40,71
BGM1920	629	45,07	663	0,44	39,18	659	0,44	39,18
BGM1969	692	30,01	683	0,38	33,68	692	0,30	26,53
BRS Aramaris	560	53,04	473	0,75	66,33	527	0,65	57,23
<b>BRS Verdinha</b>	441	64,69	418	0,83	73,12	425	0,77	67,50
<b>IAC90</b>	614	47,26	599	0,57	50,72	583	0,57	50,72
<b>BRS Gema de Ovo</b>	496	59,66	415	0,83	73,31	419	0,77	68,05
<b>Amansa Burro</b>	572	51,72	569	0,63	55,50	542	0,63	55,50
<b>Eucalipto</b>	398	70,46	361	0,90	79,43	331	0,88	77,54
<b>BRS Caipira</b>	403	70,09	354	0,91	80,67	350	0,85	75,25

Continua...

...Continuação

Acessos resistentes	Estabilidade (E)		Adaptabilidade (A)			E+A		
	Ordem	Si	Ordem	Ai	Ai* $\bar{X}$	Ordem	Zi	Zi* $\bar{X}$
<b>BRS Tapioqueira</b>	287	81,82	412	0,83	73,39	367	0,83	73,39
<b>BRS Formosa</b>	517	58,09	329	0,94	83,11	423	0,77	67,54
<b>BRS Dourada</b>	363	73,89	332	0,94	83,08	282	0,94	82,91
<b>Fécula Branca</b>	300	80,29	296	0,98	86,15	252	0,98	86,15
<b>BRS Jari</b>	232	89,37	227	1,09	95,90	190	1,09	95,90
<b>BRS Kiriris</b>	214	91,50	146	1,27	112,49	129	1,26	110,98
<b>Cascuda</b>	311	78,92	84	1,46	129,05	221	1,02	90,33
<b>BRS Aipim Brasil</b>	11	210,06	18	2,07	182,64	15	2,07	182,64

Segundo Resende (2007), a principal vantagem de calcular a estabilidade dos acessos com base no genótipo refere-se à maior acurácia de estimação dos efeitos envolvidos no cálculo do  $VG_{ij}$ , quando se considera o efeito dos genótipos como um fator aleatório. Dos 15 acessos mais resistentes, apenas sete foram coincidentes pela seleção baseada no valor genotípico predito ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ). Discordâncias no ranqueamento de variedades de arroz, em relação aos parâmetros Si e  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , também foram observados no trabalho de Colombari Filho et al. (2013), no qual 84% das variedades foram comuns aos dois parâmetros, enquanto em cana-de-açúcar, Oliveira et al. (2005) relataram concordância de 80% dos melhores selecionados para produtividade de colmos. Estes resultados reforçam a necessidade de se usar, sempre que possível, diferentes critérios para a seleção de genótipos superiores.

Em relação à adaptabilidade, houve grande coincidência entre os acessos mais estáveis com os 15 acessos de maior adaptabilidade, considerando que apenas o acesso BGM1610 foi incluído no lugar do BGM0144. Neste caso, a adaptabilidade está relacionada à capacidade do genótipo apresentar uma maior resistência em determinados ambientes. Na metodologia de modelos mistos, para adaptabilidade, os valores genotípicos preditos são expressos como proporção da média geral de cada ambiente ( $\mu_j$ ) e, posteriormente, obtém-se o  $A_i$ , cuja multiplicação pela média geral ( $\bar{X}$ ) resulta em valores na escala do atributo mensurado.

Com o objetivo de selecionar os genótipos com maior resistência à podridão radicular e ao mesmo tempo maior estabilidade e adaptabilidade da resistência, deve-se selecionar acessos cuja estimativa da  $Z_i$  seja menor do que 1 (contrariamente ao que se deseja quando o objetivo é aumentar o valor do caráter). Neste caso, os 15 acessos com maior estabilidade e

adaptabilidade simultânea (Zi) foram BGM0550, BGM0567, BGM0620, BGM0636, BGM0810, BGM1321, BGM1361, BGM1363, BGM1367, BGM1446, BGM1690, BGM1701, BGM1702, BGM1730 e BGM1969. Assim, em média estes 15 acessos corresponderam a 0,32 vez a severidade média da podridão radicular na casca, na média dos ambientes em que foi avaliada.

Em comparação com os dados de estabilidade, houve apenas a inclusão do acesso BGM0620 no lugar do BGM0144. As testemunhas com melhor ranqueamento foram IAC90 (583<sup>o</sup> posição) e Amansa Burro (542<sup>o</sup> posição). A variedade local BRS Aramaris considerada resistente à podridão radicular em condições de campo foi ranqueada na 527<sup>o</sup> posição, enquanto que a variedade melhorada BRS Kiriris na 129<sup>o</sup> posição (Tabela 5).

Os resultados da estabilidade (Si), adaptabilidade (Ai) e estabilidade e adaptabilidade simultaneamente (Zi) da resistência à podridão radicular causada por *Fsp* na polpa são apresentados na Tabela 6. Os 15 acessos mais estáveis quanto à severidade da podridão radicular na polpa foram BGM0057, BGM0082, BGM0083, BGM0127, BGM0146, BGM0175, BGM0177, BGM0204, BGM0279, BGM0539, BGM0878, BGM1377, BRS Caipira, BRS Aramaris e BRS Dourada. Por outro lado, os 15 acessos com maior adaptabilidade foram BGM0057, BGM0436, BGM0547, BGM0567, BGM0649, BGM0878, BGM0940, BGM1194, BGM1287, BGM1367, BGM1377, BGM1546, BGM1576, BGM1678 e BGM1696. Apenas três acessos (BGM0057, BGM0878 e BGM1377) foram comuns aos parâmetros Si e Ai.

**Tabela 6.** Estabilidade (Si), adaptabilidade (Ai), estabilidade e adaptabilidade simultânea de valores genotípicos (Zi) para severidade da podridão radicular na POLPA das raízes em acessos de germoplasma de mandioca.

Acessos resistentes	Estabilidade (E)		Adaptabilidade (A)			E+A		
	Ordem	Si	Ordem	Ai	Ai*MG	Ordem	Zi	Zi*MG
BGM0057	692	20,15	689	0,48	29,09	693	0,38	22,93
BGM0082	679	27,40	641	0,59	35,70	652	0,53	32,10
BGM0083	689	22,39	646	0,58	35,08	690	0,42	25,33
BGM0097	459	45,93	578	0,69	41,41	549	0,69	41,26
BGM0127	688	24,82	564	0,70	42,34	686	0,45	27,28
BGM0146	685	26,10	592	0,67	40,44	665	0,51	30,78
BGM0175	691	21,28	562	0,71	42,47	691	0,40	24,14
BGM0177	683	26,51	599	0,67	40,17	655	0,53	31,61
BGM0204	677	27,83	580	0,69	41,38	631	0,56	33,91
BGM0279	676	27,85	606	0,66	39,79	668	0,51	30,46

*Continua...*

...Continuação

Acessos resistentes	Estabilidade (E)		Adaptabilidade (A)			E+A		
	Ordem	Si	Ordem	Ai	Ai* $\bar{X}$	Ordem	Zi	Zi* $\bar{X}$
BGM0341	654	30,59	589	0,68	40,62	603	0,61	36,48
BGM0394	652	31,08	659	0,56	33,54	682	0,47	28,40
BGM0436	668	29,04	678	0,52	31,37	672	0,50	29,86
BGM0492	492	44,15	605	0,67	39,98	573	0,66	39,71
BGM0539	670	28,73	619	0,62	37,34	641	0,56	33,34
BGM0547	636	32,57	679	0,52	31,17	675	0,49	29,52
BGM0567	661	29,93	691	0,48	28,97	688	0,45	27,15
BGM0620	553	39,11	644	0,59	35,26	621	0,58	35,14
BGM0649	637	32,36	676	0,52	31,44	678	0,49	29,37
BGM0733	628	33,61	657	0,56	33,64	636	0,56	33,64
BGM0767	649	31,74	608	0,65	39,11	596	0,62	37,03
BGM0778	586	36,88	643	0,59	35,29	640	0,56	33,43
BGM0785	621	34,10	576	0,69	41,57	590	0,63	38,10
BGM0878	678	27,74	672	0,53	31,99	683	0,47	28,13
BGM0901	482	44,81	604	0,67	40,11	570	0,67	40,09
BGM0940	611	34,55	673	0,53	31,97	661	0,52	31,20
BGM1012	511	42,63	607	0,66	39,51	584	0,64	38,50
BGM1037	489	44,25	603	0,67	40,11	572	0,66	39,81
BGM1077	534	41,04	620	0,62	37,33	599	0,62	36,95
BGM1078	601	35,66	671	0,53	32,08	654	0,53	31,78
BGM1131	634	32,73	655	0,56	33,92	642	0,55	33,29
BGM1136	477	45,07	594	0,67	40,34	561	0,67	40,32
BGM1184	594	36,09	575	0,69	41,74	546	0,69	41,36
BGM1194	662	29,92	685	0,50	29,82	676	0,49	29,48
BGM1206	620	34,18	627	0,61	36,48	622	0,58	35,04
BGM1287	626	33,69	681	0,51	30,61	670	0,50	30,32
BGM1345	584	37,02	593	0,67	40,38	593	0,62	37,22
BGM1348	530	41,39	579	0,69	41,40	605	0,61	36,40
BGM1367	609	35,02	677	0,52	31,40	660	0,52	31,39
BGM1377	674	27,99	692	0,47	28,12	684	0,47	27,98
BGM1398	651	31,59	665	0,55	32,92	658	0,52	31,43
BGM1408	527	41,65	573	0,70	41,78	556	0,68	40,67
BGM1409	556	39,00	633	0,60	36,26	624	0,57	34,54
BGM1423	580	37,50	652	0,57	34,16	635	0,56	33,77
BGM1452	622	34,09	618	0,63	38,05	619	0,59	35,28
BGM1495	617	34,26	653	0,57	34,10	632	0,56	33,89
BGM1523	600	35,77	624	0,62	36,96	609	0,60	36,35
BGM1546	619	34,21	680	0,51	30,64	666	0,51	30,64
BGM1576	659	30,13	674	0,53	31,89	664	0,51	30,83
BGM1593	631	33,02	649	0,57	34,31	637	0,56	33,61
BGM1611	590	36,65	658	0,56	33,63	644	0,55	33,05
BGM1616	541	40,68	628	0,61	36,41	606	0,61	36,38
BGM1678	653	30,81	693	0,46	27,59	685	0,46	27,53
BGM1696	664	29,71	686	0,50	29,78	679	0,49	29,30
BGM1729	618	34,21	663	0,55	33,26	662	0,52	31,05
BGM1969	476	45,26	582	0,69	41,28	554	0,68	40,77
BRS Caipira	675	27,98	616	0,64	38,46	687	0,45	27,20
BRS Aramaris	693	20,04	662	0,56	33,38	692	0,39	23,15
BRS Dourada	686	25,62	650	0,57	34,29	673	0,49	29,62
Eucalipto	630	33,24	570	0,70	42,04	592	0,63	37,97
<b>BRS Verdinha</b>	595	36,05	535	0,74	44,36	625	0,57	34,46
<b>BRS Aipim Brasil</b>	27	118,81	53	1,68	100,88	48	1,68	100,88
<b>Amansa Burro</b>	538	40,79	497	0,77	46,11	464	0,77	46,11
<b>Cascuda</b>	614	34,40	271	1,01	60,62	555	0,68	40,72
<b>Fécula Branca</b>	545	40,27	511	0,76	45,52	476	0,76	45,52
<b>BRS Formosa</b>	245	59,50	74	1,47	88,34	146	1,19	71,43

Continua...

...Continuação

Acessos resistentes	Estabilidade (E)		Adaptabilidade (A)			E+A		
	Ordem	Si	Ordem	Ai	Ai* $\bar{X}$	Ordem	Zi	Zi* $\bar{X}$
<b>BRS Gema de Ovo</b>	355	51,32	148	1,24	74,30	228	1,03	61,84
<b>IAC90</b>	373	50,32	316	0,95	56,88	280	0,95	56,88
<b>BRS Jari</b>	479	44,89	425	0,84	50,75	389	0,84	50,75
<b>BRS Kiriris</b>	557	39,00	417	0,85	51,21	402	0,83	49,77
<b>BRS Tapioqueira</b>	7	172,47	16	2,49	149,76	12	2,49	149,76

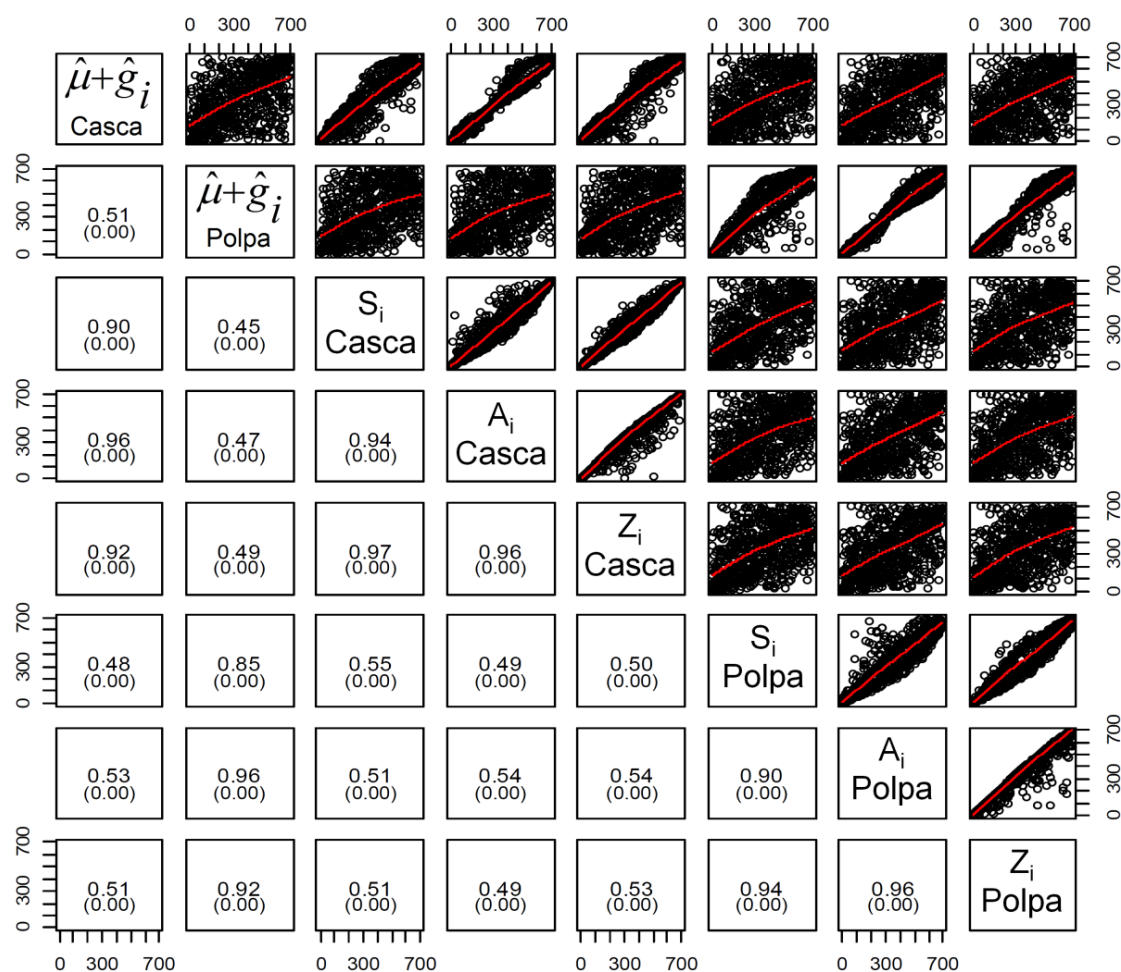
Considerando a maior estabilidade e adaptabilidade de forma conjunta, os 15 acessos com menor Zi foram BGM0057, BGM0083, BGM0127, BGM0175, BGM0394, BGM0547, BGM0567, BGM0649, BGM0878, BGM1194, BGM1377, BGM1678, BGM1696, BRS Caipira e BRS Aramaris. Apenas os acessos BGM0057, BGM0878 e BGM1377, foram comuns a Si, Ai e Zi. Independente desta classificação, uma testemunha (BRS Caipira) e uma variedade local (BRS Aramaris) foram elencadas entre os 15 acessos com alta resistência e estabilidade quanto à podridão radicular na polpa da raiz.

Em média, estes 15 acessos corresponderam a 0,45 vez a severidade da podridão radicular na polpa, na média dos ambientes em que foi avaliada. Com base nesta menor redução média da severidade da podridão da polpa em comparação com a casca, bem como pela maior discrepância no ranqueamento dos melhores acessos com base na severidade na polpa, a seleção de acessos de mandioca mais resistentes e estáveis para os sintomas na polpa deve ser feita com maior critério.

### **Correlação entre parâmetros genéticos para resistência à podridão radicular**

Foram observadas correlações positivas e significativas para os parâmetros  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , Si, Ai e Zi para a severidade da podridão radicular na casca e polpa (Figura 2). As diferenças observadas referem-se às magnitudes das correlações. De modo geral, correlações medianas ( $0,30 < |r| < 0,60$ ) foram observadas para todos os parâmetros ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , Si, Ai e Zi) quando a severidade da podridão radicular na casca e polpa foram confrontados. Estas correlações variaram de 0,45 ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$  -polpa x Si-casca) a 0,55 (Si-casca x Si-polpa). Embora estas correlações indiquem que a seleção para acessos de mandioca com resistência à podridão radicular tanto na casca quanto na polpa da raiz não é uma tarefa fácil, as correlações não são absolutas. Assim, acessos resistentes quanto

à expressão dos sintomas da podridão radicular nestas partes e com alta estabilidade da resistência podem ser selecionados, a exemplo dos genótipos BGM0567, BGM1377, BGM0878, BGM1194, BGM1729, BGM0940, BGM1367, BGM1398, BGM1131 e BGM1423. Por outro lado, as correlações entre os parâmetros para a mesma característica (casca ou polpa) foram de magnitude forte ( $0,60 < |r| < 0,90$ ) a fortíssima ( $0,90 < |r| < 1$ ), indicando que a seleção de acessos resistentes para estas características individuais considerando os diversos parâmetros avaliados é facilitada.



**Figura 2.** Correlações entre o preditor  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$  dos valores genótipicos livres da interação genótipos (G) x ambientes (A), parâmetros de estabilidade ( $S_i$ ), adaptabilidade ( $A_i$ ) e estabilidade + adaptabilidade ( $Z_i$ ) para a severidade da podridão radicular na casca e polpa das raízes. Abaixo da diagonal são apresentadas as magnitudes das correlações e os valores entre parênteses representam a significância da correlação pelo teste  $t$  e acima da diagonal esta representada a distribuição das correlações.



### **Ganhos preditos para Zi**

A seleção dos acessos mais promissores quanto à resistência à podridão radicular é facilitada quando se utiliza o parâmetro Zi, que leva em consideração os valores genotípicos preditos, além de agrupar em uma única informação a estabilidade, adaptabilidade e a resistência dos acessos. Assim, os ganhos potenciais para o parâmetro Zi dos 15 melhores acessos selecionados para cada um quatro critérios ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , Si e Ai), bem como dos 22 acessos considerados classificados como resistentes tanto para severidade da podridão radicular na casca quanto na polpa são apresentados na Tabela 7.

Quando se realizou a seleção dos 15 melhores acessos de mandioca com base diretamente no parâmetro Zi - Casca observou-se redução expressiva na podridão radicular (-68,06% e -14,17%, casca e polpa, respectivamente). A seleção praticada em Zi - Polpa também resultou em reduções significativas de -34,19% e -54,46% (casca e polpa, respectivamente). Por outro lado, quando a seleção foi praticada com base nos parâmetros  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , Si e Ai, os ganhos foram menores, mas ainda expressivos.

Quando a seleção é praticada com ênfase na podridão radicular na polpa, os acessos selecionados para esta característica proporcionam uma redução mais equilibrada da podridão radicular tanto na polpa quanto na casca. Como exemplo, tem-se reduções de -32,86% e -51,25% para podridão na casca e polpa, respectivamente, quando se seleciona para Ai – Polpa. Por outro lado, ao se praticar a seleção diretamente para Ai – Casca, as reduções são de -68,02% e -12,58% para podridão na casca e polpa, respectivamente. Além disso, dentre os três parâmetros analisados, os valores genéticos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ) apresentaram um ganho mais equilibrado entre a severidade da podridão radicular na casca e polpa. Entretanto, tendo em vista que as correlações entre os parâmetros relacionadas à podridão na casca e polpa não são absolutas (Figura 2), os melhores acessos selecionados para uma característica (casca ou polpa) geralmente não o são para a outra com base na classificação quanto à reação às doenças. Por exemplo, quando se utiliza o parâmetro  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$  - Casca todos os acessos de mandioca foram classificados como resistentes com base nos sintomas na casca, porém alguns deles se comportaram como moderadamente suscetíveis (BGM0550) ou moderadamente

resistentes (BGM1333, BGM1410, BGM1518, BGM1567, BGM1767, BGM1771, BGM1876) para a severidade da podridão radicular na polpa. Isto ocorreu em todos os parâmetros.

Considerando todas as dificuldades inerentes à seleção de germoplasma resistente à podridão radicular causada por *Fsp* e posterior incorporação destes alelos de resistência em variedades elite, o desenvolvimento de diferentes populações segregantes com menor severidade da doença na casca e polpa seria de difícil manejo prático. Neste sentido, a seleção dos acessos considerados resistentes em ambas as partes da raiz permitiria o direcionamento de esforços (humanos, físicos e financeiros) em uma única população segregante, com consequente otimização dos recursos disponíveis. Assim, o ganho genético em Zi, considerando os 22 acessos com estas características, possibilitou reduções significativas e equilibradas para a podridão na casca e polpa da raiz, -48,18 e -46,42%, respectivamente (Tabela 7). Nesta lista estão incluídos 21 acessos de germoplasma (BGM0057, BGM0492, BGM0547, BGM0567, BGM0620, BGM0778, BGM0878, BGM0940, BGM1131, BGM1136, BGM1194, BGM1367, BGM1377, BGM1398, BGM1409, BGM1423, BGM1495, BGM1616, BGM1678, BGM1729 e BGM1969) e a testemunha BRS Aramaris.

Estas reduções na severidade da podridão radicular são bastante elevadas, indicando que mesmo com o forte componente ambiental na expressão desta característica, é possível obter ganhos genéticos por meio de recombinação e seleção dos melhores acessos. Isto é especialmente importante, considerando que resultados em outras culturas, utilizando a metodologia de modelos mistos, revelam ganhos genéticos menores que os apresentados no presente trabalho, a exemplo de Colombari Filho et al. (2013), cujos ganhos foram de 13,28% para produtividade de grãos de arroz, ao selecionarem a melhor variedade (CNA 8555), e o trabalho de Oliveira et al. (2005), em que a seleção dos cinco melhores clones de cana-de-açúcar propiciaram ganhos de 21,17 em relação à media dos genótipos avaliados.

**Tabela 7.** Amplitude e ganhos potenciais para o parâmetro Zi, pela seleção dos 15 melhores acessos de mandioca considerando a seleção para  $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ , Si e Ai considerando a severidade da podridão radicular (casca e polpa).

Seleção em:*	Casca				Polpa			
	Mínimo	Máximo	Média	Ganho	Mínimo	Máximo	Média	Ganho
Ai - Casca	16,63	36,50	28,30	-68,02	27,15	98,70	52,08	-12,58
Ai - Polpa	29,34	120,17	59,41	-32,86	22,93	31,39	29,04	-51,25
Si - Casca	16,63	41,79	28,65	-67,62	27,15	98,70	51,65	-13,29
Si - Polpa	43,47	102,67	69,02	-21,99	22,93	33,91	28,53	-52,10
$\hat{\mu} + \hat{g}_i$ - Casca	26,53	48,84	38,80	-56,15	27,15	62,12	39,15	-34,27
$\hat{\mu} + \hat{g}_i$ - Polpa	29,34	82,91	58,69	-33,67	22,93	34,46	28,44	-52,26
Zi - Casca	16,63	35,90	28,26	-68,06	27,15	98,70	51,13	-14,17
Zi - Polpa	29,34	92,33	58,23	-34,19	22,93	29,52	27,13	-54,46
Reação	26,53	57,23	45,85	-48,18	22,93	40,77	31,92	-46,42

\*Si, Ai e Zi: estabilidade, adaptabilidade, estabilidade + adaptabilidade genotípica.

### **Perspectivas de uso no melhoramento da mandioca**

De modo geral, apenas recentemente o conhecimento da arquitetura genética das principais características de interesse agrônomo e econômico têm sido efetivamente utilizado para orientação das melhores estratégias de seleção a serem aplicadas nos programas de melhoramento genético de mandioca (KIZITO et al., 2007). O aperfeiçoamento de metodologias de análise genética na seleção de genótipos de mandioca resistentes a podridão radicular, advém da necessidade de se garantir a competitividade e sustentabilidade da mandiocultura nacional, em função dos diversos desafios impostos à produção mais sustentável e rentável.

O melhoramento da mandioca é bastante complexo e demorado, considerando a necessidade de incorporação de múltiplos caracteres, muitos dos quais controlados por diversos genes com efeitos aditivos e dominantes, além da baixa taxa de multiplicação, inerente à espécie. A complexidade de diversos caracteres agrônômicos foi reportada em mandioca (KIZITO et al., 2007; OLIVEIRA et al., 2014), porém este conhecimento tem sido pouco estudado nas principais doenças da cultura. Entretanto, considerando o forte efeito ambiental e a distribuição contínua da severidade da podridão radicular em mandioca, esse trabalho mostra que há fortes evidências de herança do tipo quantitativa.

Diante da complexidade do caráter, a escolha dos parentais corretos para geração das populações segregantes, ou mesmo para ensaios de avaliação e validação do germoplasma é uma etapa essencial para garantir o sucesso e a otimização dos investimentos na pesquisa. Desta forma, o uso de melhores métodos de predição dos valores genotípicos via modelos mistos pode contribuir para maior precisão na seleção, além de minimizar o período de avaliação dos genótipos superiores, já que as estimativas dos valores genotípicos podem ser obtidas nas populações segregantes de forma precoce, utilizando informações de famílias.

O método Zi mostrou-se uma ferramenta importante e prática para a identificação de acessos de mandioca com alta resistência à podridão radicular e ao mesmo tempo com adaptação a ambientes de alta pressão do patógeno (baixa severidade) e com resistência estável nos ambientes avaliados. Com este método foi possível identificar 22 acessos de mandioca estáveis quanto à resistência à podridão radicular em vários ambientes. Portanto, estes acessos podem ser utilizados no programa de melhoramento genético para incorporar resistência a esta doença em variedades comerciais de mandioca. Isto é especialmente importante, considerando que a resistência genética é provavelmente a abordagem mais barata e fácil para o controle de doenças, e pelo fato de que o uso de fontes de resistência estáveis nos diversos ambientes é uma estratégia eficaz contra a quebra de resistência frequentemente relatada em algumas culturas (LETTA & TILAHUN, 2007).

Além da necessidade de alta acurácia na seleção dos acessos de mandioca mais resistentes à podridão radicular, o conhecimento sobre a herdabilidade permite direcionar as melhores estratégias para condução das populações segregantes. Baixas estimativas de herdabilidade genotípica individual foram observadas para resistência à podridão radicular, indicando uma forte influência do ambiente sobre esta característica. As interações significativas GxA sugerem que as avaliações quanto à resistência à podridão radicular devem ser realizadas ao longo de vários anos e locais, para identificar acessos que apresentem elevada resistência associada à alta estabilidade ao longo dos ambientes.

Considerando o forte efeito ambiental e a distribuição contínua da severidade da podridão radicular em mandioca, há fortes evidências de que

sua resistência é quantitativamente herdada. Assim, um programa de seleção recorrente utilizando acessos com alta estabilidade da resistência pode ser uma ferramenta eficaz para maximização dos ganhos genéticos para incorporação desta característica em variedades comerciais.

## CONCLUSÕES

- 1) As correlações genóticas através dos diferentes ambientes foram de elevada magnitude, indicando predominância de interação complexa entre genótipos x ambientes para a resposta da resistência à podridão radicular da mandioca;
- 2) A baixa herdabilidade da resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp. em mandioca indica que métodos de melhoramento mais complexos deverão ser utilizados para incorporação destes genes em variedades melhoradas;
- 3) As discrepâncias na classificação dos acessos de mandioca quanto ao nível de resistência à podridão radicular na casca e polpa das raízes sugerem a presença de mecanismos diferenciados de resistência nestas partes da raiz;
- 4) Os parâmetros  $S_i$ ,  $A_i$  e  $Z_i$  utilizadas na seleção de genótipos produtivos, são igualmente úteis na identificação de fontes de resistência mais estáveis ao longo dos diferentes ambientes de avaliação;
- 5) A seleção de 22 acessos de mandioca com base no método  $Z_i$  possibilitou reduções significativas e equilibradas para a podridão na casca e polpa da raiz, -48,18 e -46,42%, respectivamente.

**REFERÊNCIAS**

ALVAREZ, E.; LOKE, J.; RIVERA, S.; LLANO, G. A. Genética de la resistencia a pudrición causada por *Phytophthora tropicalis* em dos poblaciones segregantes de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). **Fitopatologia Colombiana**, v. 26, p. 61-66, 2002.

BANDYOPADHYAY, R.; MWANGI, M.; AIGBE, S. O.; LESLIE, J. F. *Fusarium* species from the cassava root rot complex in West Africa. **Phytopathology**, v. 96, p. 673-676, 2006.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 195-203, 2007.

BOKMEYER, J. M.; BONOS, S. A.; MEYER, W. A. Broad-sense Heritability and Stability Analysis of Brown Patch Resistance in Tall Fescue. **Hortscience**, v. 44, p. 289–292, 2009.

BONOS, S. A.; CASLER, M. A.; MEYER, W. A. Plant responses and characteristics associated with dollar spot resistance in creeping bentgrass. **Crop Science**, v. 44, p. 1763–1769, 2004.

BURNS, A.; GLEADOW, R.; CLIFF, J.; ZACARIAS, A.; CAVAGNARO, T. Cassava: the drought, war and famine crop in a changing world. **Sustainability**, v. 2, p. 3572-3607, 2010.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S.; BERALDO, A. L. A.; PERINA, E. F. Estabilidade de cultivares e linhagens de feijoeiro em diferentes ambientes no estado de São Paulo. **Bragantia**, v. 66, p. 193-201, 2007.

COLOMBARI FILHO, J. M.; RESENDE, M. D. V.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; GUIMARÃES, E. P.; PEREIRA, J. A.; UTUMI, M. M.; BRESEGHELLO, F.

Upland rice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, v. 192, p. 117-129, 2013.

FAOSTAT. database. Disponível em <<http://faostat.fao.org/faostat>>. Acesso em: 10 de abril de 2015.

FOKUNANG, C. N.; AKEM, C. N.; DIXON, A. G. O.; IKOTUN, T. Evaluation of a cassava germplasm collection for reaction to tARee major diseases and the effect on yield. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 47, p. 63-71, 2000.

HAYNES, K. G.; LAMBERT, D. H.; CARIST, B. J.; WEINGARTNER, D. P.; DOUCHES, D. S.; BACKHMD, J. E.; SECOR, G.; FRY, W.; STEVENSON, W. Phenotypic stability of resistance to late blight in potato clones evaluated at eight sites in the United States. **American Journal of Potato Research**, v. 75, p. 211-217, 1998.

IBGE - Grupo de Coordenação de Estatísticas Agropecuárias-GCEA/IBGE, DPE, COAGRO - Levantamento Sistemático da Produção Agrícola. (<http://www.ibge.gov.br/home>). Acesso: 12 dez. 2014.

KIZITO, E.; RONNBERG-WASTLJUNG, A. C.; EGWANG, T.; GULLBERG, U.; FREGENE, M.; WESTERBERGH, A. Quantitative trait loci controlling cyanogenic glucoside and dry matter content in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) roots. **Hereditas**, v. 144, p. 129-136, 2007.

LETTA, T.; TILAHUN, A. Stability analysis for selecting stem rust resistance in some Ethiopian durum wheat varieties. **African Crop Science Conference Proceedings**, v. 8, p. 853-856, 2007.

LÓPEZ, C. E.; BERNAL, A. J. Cassava bacterial blight: using genomics for the elucidation and management of an old problem. **Tropical Plant Biology**, v. 5, p. 117-126, 2012.

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**, v. 13, p. 6683-6700, 2014.

OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in tARee environments in the state of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 426-434, 2005.

OLIVEIRA, S. A. S.; HOHENFELD, C. S.; SANTOS, V. S.; HADDAD, F.; OLIVEIRA, E. J. Resistência à podridão seca das raízes ocasionada por *Fusarium* em acessos de mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1414-1417, 2013.

OLSEN, K. M.; SCHAAL, B. A. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, Euphorbiaceae) and its wild relatives: further evidence for a Southern Amazonian origin of domestication. **American Journal of Botany**, v. 88, p. 131-142, 2001.

ONYEKA, T. J.; DIXON, A. G. O.; EKPO, E. J. A. Assessment of laboratory methods for evaluating cassava genotypes for resistance to root rot disease. **Mycopathologia**, v. 159, p. 461-467, 2005a.

ONYEKA, T. J.; DIXON, A. G. O.; EKPO, E. J. A. Identification of levels of resistance to cassava root rot disease (*Botryodiplodia theobromae*) in African landraces and improved germplasm using *in vitro* inoculation method. **Euphytica**, v. 145, p. 281-288, 2005b.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 65p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 361p.

SOUZA, L. S.; FARIAS, A. R.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agronômicos da mandioca**. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2006. 817p.



## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A mandioca apresenta grandes perdas causadas pela podridão radicular. Como consequência, os agricultores têm sofrido muitos prejuízos, o que têm levado ao desenvolvimento de pesquisas em busca de cultivares resistentes. Como esta doença é causada por um complexo de espécies, há a necessidade de conhecer quais delas são mais frequentes na cultura.

Nesse trabalho foi observada uma ampla variabilidade de espécies em associação com a podridão radicular em mandioca, e que as espécies causadoras de podridões secas (*Fusarium solani* e *F. oxysporum*) foram frequentes em quase todas as regiões.

Do ponto de vista de seleção de germoplasma resistente, houve uma interação complexa entre genótipos x ambientes, gerando uma baixa herdabilidade para a seleção de acessos resistentes à podridão radicular da mandioca causada por *Fusarium*. Além disso, houve diferenças na classificação dos acessos quanto ao nível de resistência à podridão radicular na casca e polpa das raízes de mandioca.

Dessa forma, deve-se realizar mais estudos para a identificação de mais espécies em outras localidades onde também ocorre a podridão radicular e utilizar métodos de melhoramento mais elaborados para incorporação dos genes de resistência em variedades melhoradas.

**ANEXO**

**Anexo 1.** Estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ) e valores genotípicos médios ( $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ) e ganhos genéticos para resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp., em acessos de mandioca, considerando a severidade na CASCA.

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0878	697	74,95	50,41	-15,05	74,95
BGM0567	696	75,19	51,09	-14,78	75,07
BGM1969	695	75,61	52,28	-14,31	75,25
BGM1367	694	76,23	54,06	-13,60	75,50
BGM1410	693	76,63	55,20	-13,14	75,72
BGM0550	692	76,67	55,31	-13,10	75,88
BGM1771	691	76,84	55,78	-12,91	76,02
BGM0620	690	76,98	56,17	-12,76	76,14
BGM1398	689	77,04	56,35	-12,69	76,24
BGM1876	688	77,36	57,27	-12,32	76,35
BGM1729	687	77,60	57,94	-12,05	76,46
BGM1518	686	77,80	58,52	-11,82	76,57
BGM1567	685	77,89	58,77	-11,73	76,68
BGM1767	684	78,14	59,48	-11,44	76,78
BGM1333	683	78,17	59,59	-11,40	76,87
BGM0469	682	78,25	59,81	-11,31	76,96
BGM0432	681	78,47	60,44	-11,06	77,05
BGM0940	680	78,57	60,71	-10,95	77,13
BGM1423	679	78,61	60,84	-10,90	77,21
BGM1377	678	78,76	61,26	-10,73	77,29
BGM1136	677	78,83	61,47	-10,65	77,36
BGM1560	676	78,85	61,51	-10,63	77,43
BGM1370	675	79,11	62,27	-10,33	77,50
BGM1200	674	79,23	62,59	-10,20	77,57
BGM1616	673	79,31	62,82	-10,11	77,64
BGM0823	672	79,49	63,34	-9,91	77,71
BGM1194	671	79,51	63,40	-9,88	77,78
BGM1678	670	79,74	64,06	-9,62	77,85
BGM0896	669	79,76	64,11	-9,60	77,92
BGM1495	668	79,78	64,17	-9,57	77,98
BGM0492	667	80,07	64,98	-9,25	78,05
BGM1409	666	80,27	65,57	-9,02	78,12
BGM1721	665	80,29	65,61	-9,00	78,18
BGM1175	664	80,52	66,27	-8,74	78,25
BGM0057	663	80,60	66,51	-8,64	78,32
BGM1814	662	80,71	66,81	-8,53	78,38
BGM0547	661	80,72	66,85	-8,51	78,45
BGM0778	660	80,74	66,90	-8,49	78,51
BGM1363	659	80,77	66,99	-8,45	78,57
BGM0810	658	80,83	67,16	-8,38	78,62
BGM0583	657	80,96	67,52	-8,24	78,68
BGM1131	656	81,00	67,64	-8,19	78,73
BGM0579	655	81,07	67,84	-8,12	78,79
BGM1321	654	81,07	67,84	-8,11	78,84
BGM1178	653	81,08	67,86	-8,11	78,89
BGM1702	652	81,17	68,12	-8,00	78,94
BGM1446	651	81,19	68,19	-7,98	78,99
BRS Aramaris	650	81,26	68,38	-7,90	79,04
BGM1361	649	81,28	68,45	-7,87	79,08

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1701	648	81,38	68,71	-7,77	79,13
BGM0776	647	81,41	68,81	-7,73	79,17
BGM1359	646	81,42	68,83	-7,72	79,22
BGM0303	645	81,45	68,92	-7,69	79,26
BGM0817	644	81,50	69,07	-7,63	79,30
BGM0338	643	81,53	69,16	-7,59	79,34
BGM1730	642	81,54	69,17	-7,58	79,38
BGM0023	641	81,69	69,61	-7,41	79,42
BGM1586	640	81,73	69,71	-7,37	79,46
BGM0636	639	81,76	69,79	-7,34	79,50
BGM0254	638	81,80	69,92	-7,29	79,54
BGM0562	637	81,83	69,99	-7,26	79,57
BGM1640	636	81,98	70,43	-7,08	79,61
BGM1273	635	82,00	70,49	-7,06	79,65
BGM0598	634	82,02	70,56	-7,03	79,69
BGM1690	633	82,05	70,63	-7,00	79,72
BGM0818	632	82,07	70,69	-6,98	79,76
BGM0144	631	82,11	70,80	-6,94	79,80
BGM0361	630	82,14	70,90	-6,90	79,83
BGM1218	629	82,26	71,22	-6,77	79,86
BGM1920	628	82,28	71,29	-6,74	79,90
BGM1610	627	82,32	71,40	-6,70	79,93
BGM1481	626	82,36	71,51	-6,65	79,97
BGM0943	625	82,45	71,77	-6,55	80,00
BGM1245	624	82,53	72,01	-6,46	80,04
BGM1447	623	82,61	72,23	-6,37	80,07
BGM1037	622	82,66	72,37	-6,31	80,10
BGM1884	621	82,77	72,68	-6,19	80,14
BGM1177	620	82,79	72,74	-6,16	80,17
BGM0103	619	82,80	72,75	-6,16	80,21
BGM0834	618	82,80	72,76	-6,16	80,24
BGM1381	617	82,82	72,82	-6,13	80,27
Mandim	616	82,85	72,90	-6,10	80,30
BGM2018	615	82,86	72,93	-6,09	80,33
BGM1344	614	82,90	73,04	-6,05	80,36
BGM0140	613	82,93	73,14	-6,01	80,39
BGM0960	612	82,94	73,17	-5,99	80,42
BGM0623	611	82,96	73,22	-5,97	80,45
BGM0133	610	82,97	73,24	-5,96	80,48
BGM1139	609	82,97	73,25	-5,96	80,51
BRS Verdinha	608	82,98	73,29	-5,95	80,54
BGM0082	607	82,99	73,30	-5,94	80,56
BGM0196	606	83,02	73,39	-5,91	80,59
BGM1012	605	83,02	73,39	-5,90	80,62
BGM1183	604	83,04	73,44	-5,89	80,64
BGM0399	603	83,08	73,55	-5,84	80,67
BGM0162	602	83,09	73,59	-5,83	80,69
BGM0752	601	83,10	73,62	-5,81	80,72
BGM2060	600	83,13	73,71	-5,78	80,74
BGM2080	599	83,14	73,74	-5,77	80,77
BGM0034	598	83,18	73,85	-5,72	80,79
BGM0127	597	83,19	73,88	-5,71	80,81
BGM0511	596	83,22	73,97	-5,68	80,84
BGM0479	595	83,24	74,02	-5,66	80,86
BGM1590	594	83,24	74,02	-5,65	80,88

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1347	593	83,27	74,11	-5,62	80,91
BGM0195	592	83,29	74,16	-5,60	80,93
BGM1611	591	83,30	74,18	-5,59	80,95
BGM0512	590	83,30	74,18	-5,59	80,97
Mani Branca	589	83,30	74,20	-5,59	80,99
BGM0985	588	83,37	74,39	-5,51	81,02
BGM0394	587	83,39	74,44	-5,49	81,04
BGM0188	586	83,39	74,45	-5,48	81,06
BGM1197	585	83,40	74,48	-5,47	81,08
BGM1053	584	83,41	74,50	-5,46	81,10
BGM1491	583	83,43	74,55	-5,44	81,12
BGM1547	582	83,46	74,64	-5,41	81,14
BGM0477	581	83,49	74,74	-5,37	81,16
BGM1202	580	83,51	74,78	-5,35	81,18
BGM1696	579	83,51	74,80	-5,35	81,20
BGM0659	578	83,58	74,97	-5,28	81,22
BGM1015	577	83,58	75,00	-5,27	81,24
Filha Preta	576	83,60	75,04	-5,25	81,26
BGM0974	575	83,61	75,07	-5,24	81,28
BGM0873	574	83,66	75,22	-5,18	81,30
BGM0447	573	83,68	75,28	-5,16	81,32
BGM1535	572	83,72	75,38	-5,11	81,33
BGM1388	571	83,72	75,39	-5,11	81,35
BGM0510	570	83,73	75,40	-5,11	81,37
BGM0557	569	83,74	75,45	-5,09	81,39
BGM1389	568	83,75	75,47	-5,08	81,41
BGM0158	567	83,76	75,51	-5,06	81,43
BGM1750	566	83,80	75,62	-5,02	81,44
BGM1682	565	83,84	75,74	-4,97	81,46
BGM1193	564	83,85	75,76	-4,96	81,48
BGM1723	563	83,86	75,79	-4,95	81,50
BGM2084	562	83,97	76,09	-4,83	81,52
BGM0242	561	84,00	76,17	-4,80	81,53
BGM2055	560	84,00	76,19	-4,79	81,55
BGM0552	559	84,01	76,20	-4,79	81,57
BGM1992	558	84,01	76,21	-4,78	81,59
BGM1397	557	84,07	76,37	-4,72	81,60
BGM0443	556	84,07	76,38	-4,72	81,62
BGM0211	555	84,08	76,41	-4,70	81,64
BGM1125	554	84,11	76,51	-4,67	81,66
BGM0085	553	84,12	76,51	-4,66	81,67
BGM1318	552	84,13	76,55	-4,65	81,69
BGM0667	551	84,17	76,66	-4,61	81,71
BGM0246	550	84,20	76,75	-4,57	81,72
BGM0098	549	84,22	76,80	-4,55	81,74
BGM0145	548	84,23	76,85	-4,53	81,76
BGM1489	547	84,24	76,85	-4,53	81,77
BGM0460	546	84,25	76,88	-4,52	81,79
BGM0312	545	84,26	76,91	-4,51	81,81
BGM2054	544	84,27	76,95	-4,49	81,82
BGM1099	543	84,28	76,97	-4,48	81,84
BGM0025	542	84,28	76,99	-4,48	81,85
BGM0728	541	84,31	77,06	-4,45	81,87
BGM1163	540	84,32	77,08	-4,44	81,88
BGM1716	539	84,34	77,14	-4,41	81,90

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1867	538	84,37	77,24	-4,38	81,92
BGM0128	537	84,38	77,25	-4,37	81,93
BGM1822	536	84,38	77,26	-4,36	81,95
BGM1138	535	84,39	77,30	-4,35	81,96
BGM0270	534	84,40	77,31	-4,35	81,98
BGM1569	533	84,41	77,34	-4,33	81,99
BGM1324	532	84,42	77,38	-4,32	82,01
BGM0449	531	84,42	77,38	-4,32	82,02
BGM0083	530	84,43	77,41	-4,31	82,03
BGM0097	529	84,43	77,41	-4,31	82,05
BGM0089	528	84,44	77,42	-4,30	82,06
BGM1434	527	84,44	77,43	-4,30	82,08
BGM0642	526	84,47	77,51	-4,27	82,09
BGM0183	525	84,47	77,53	-4,26	82,10
BGM0046	524	84,50	77,59	-4,23	82,12
BGM1190	523	84,50	77,59	-4,23	82,13
BGM0179	522	84,51	77,63	-4,22	82,14
IAC90	521	84,54	77,73	-4,18	82,16
NAGIB 103	520	84,55	77,73	-4,18	82,17
BGM0472	519	84,55	77,75	-4,17	82,18
BGM1597	518	84,57	77,80	-4,15	82,20
BRS Gema de Ovo	517	84,60	77,88	-4,12	82,21
BGM1559	516	84,60	77,90	-4,11	82,22
BGM2047	515	84,62	77,94	-4,09	82,24
BGM0649	514	84,66	78,07	-4,04	82,25
BGM1513	513	84,68	78,11	-4,03	82,26
BGM0271	512	84,72	78,24	-3,98	82,28
BGM0177	511	84,73	78,26	-3,97	82,29
BGM0157	510	84,74	78,30	-3,95	82,30
BGM0440	509	84,74	78,30	-3,95	82,32
BGM0558	508	84,75	78,32	-3,94	82,33
BGM1510	507	84,77	78,37	-3,92	82,34
BGM1270	506	84,77	78,38	-3,92	82,35
BGM0398	505	84,78	78,40	-3,91	82,37
BGM0070	504	84,79	78,42	-3,91	82,38
BGM0182	503	84,80	78,47	-3,88	82,39
BGM0409	502	84,80	78,47	-3,88	82,40
BGM0033	501	84,81	78,49	-3,88	82,42
BGM1249	500	84,83	78,53	-3,86	82,43
BGM0058	499	84,83	78,55	-3,85	82,44
BGM0509	498	84,85	78,61	-3,83	82,45
BGM1751	497	84,88	78,69	-3,80	82,46
BGM1685	496	84,89	78,72	-3,79	82,48
BGM0546	495	84,89	78,73	-3,78	82,49
BGM0821	494	84,91	78,76	-3,77	82,50
BGM0660	493	84,93	78,83	-3,74	82,51
BGM0656	492	84,94	78,85	-3,73	82,52
BGM1153	491	84,94	78,86	-3,73	82,54
BGM1816	490	84,94	78,87	-3,73	82,55
BGM1186	489	84,94	78,87	-3,72	82,56
BGM0185	488	84,95	78,88	-3,72	82,57
BGM0920	487	84,97	78,93	-3,70	82,58
BGM1380	486	84,97	78,94	-3,70	82,59
BGM0503	485	84,98	78,98	-3,68	82,60
BGM1581	484	85,00	79,02	-3,66	82,62

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
Amansa Burro	483	85,01	79,07	-3,65	82,63
BGM1026	482	85,02	79,09	-3,64	82,64
BGM1210	481	85,04	79,14	-3,62	82,65
BGM1455	480	85,05	79,17	-3,61	82,66
BGM0640	479	85,06	79,19	-3,60	82,67
BGM1057	478	85,08	79,25	-3,57	82,68
BGM0707	477	85,08	79,27	-3,57	82,69
BGM1441	476	85,09	79,29	-3,56	82,70
BGM1452	475	85,10	79,33	-3,54	82,71
BGM0930	474	85,11	79,34	-3,54	82,72
BGM0436	473	85,12	79,37	-3,53	82,74
BGM1450	472	85,12	79,38	-3,52	82,75
BGM0919	471	85,12	79,38	-3,52	82,76
BGM1284	470	85,13	79,40	-3,51	82,77
BGM2086	469	85,17	79,51	-3,47	82,78
BGM0382	468	85,18	79,55	-3,46	82,79
Laza	467	85,19	79,58	-3,44	82,80
BGM1252	466	85,20	79,59	-3,44	82,81
BGM0022	465	85,20	79,60	-3,44	82,82
BGM0444	464	85,24	79,72	-3,39	82,83
BGM2081	463	85,25	79,75	-3,38	82,84
BGM1502	462	85,27	79,79	-3,36	82,85
BGM0587	461	85,27	79,80	-3,36	82,86
BGM0456	460	85,28	79,83	-3,35	82,87
Eucalipto	459	85,30	79,90	-3,32	82,88
BGM1319	458	85,31	79,90	-3,31	82,89
BGM0331	457	85,32	79,93	-3,30	82,90
BGM0631	456	85,32	79,94	-3,30	82,91
BGM0148	455	85,32	79,94	-3,30	82,92
BGM1681	454	85,36	80,04	-3,26	82,93
BGM0273	453	85,36	80,04	-3,26	82,94
BGM0894	452	85,36	80,07	-3,25	82,95
BGM0209	451	85,37	80,10	-3,24	82,96
BGM1352	450	85,38	80,11	-3,23	82,97
BGM1614	449	85,38	80,12	-3,23	82,98
BGM2048	448	85,42	80,22	-3,19	82,99
BGM2057	447	85,45	80,31	-3,15	83,00
BGM1255	446	85,46	80,33	-3,15	83,01
BGM1942	445	85,46	80,33	-3,14	83,02
BGM2061	444	85,49	80,42	-3,11	83,03
BGM0239	443	85,50	80,45	-3,10	83,04
BGM0295	442	85,54	80,57	-3,05	83,05
BGM1693	441	85,54	80,58	-3,05	83,06
BGM0042	440	85,56	80,63	-3,02	83,07
BGM1392	439	85,58	80,67	-3,01	83,08
BGM0499	438	85,59	80,72	-2,99	83,09
BGM1691	437	85,62	80,78	-2,96	83,10
BGM0783	436	85,63	80,83	-2,95	83,11
BGM0232	435	85,70	81,01	-2,87	83,12
BGM0146	434	85,70	81,02	-2,87	83,13
BGM2070	433	85,70	81,03	-2,87	83,14
BGM1719	432	85,71	81,06	-2,85	83,14
BGM0319	431	85,72	81,09	-2,84	83,15
BGM0908	430	85,73	81,10	-2,84	83,16
BGM0625	429	85,73	81,11	-2,83	83,17

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0437	428	85,75	81,16	-2,81	83,18
BGM1268	427	85,75	81,17	-2,81	83,19
BGM0032	426	85,76	81,18	-2,80	83,20
BGM0670	425	85,80	81,30	-2,76	83,21
BGM1439	424	85,80	81,32	-2,75	83,22
BGM0966	423	85,84	81,42	-2,71	83,23
BGM1511	422	85,87	81,50	-2,68	83,24
BGM1981	421	85,88	81,54	-2,66	83,25
BGM1209	420	85,90	81,58	-2,65	83,26
BGM1349	419	85,90	81,59	-2,64	83,27
BGM0248	418	85,91	81,63	-2,63	83,28
BGM1323	417	85,92	81,65	-2,62	83,29
BGM1507	416	85,92	81,66	-2,62	83,30
BGM0977	415	85,95	81,73	-2,59	83,31
BGM0668	414	85,96	81,76	-2,57	83,32
BGM1083	413	85,98	81,83	-2,55	83,32
BGM1828	412	85,98	81,83	-2,55	83,33
BRS Caipira	411	86,00	81,86	-2,53	83,34
BGM0297	410	86,00	81,87	-2,53	83,35
BGM1485	409	86,00	81,87	-2,53	83,36
BGM1714	408	86,01	81,90	-2,52	83,37
BGM0438	407	86,02	81,94	-2,51	83,38
BGM0378	406	86,02	81,94	-2,50	83,39
BGM0018	405	86,06	82,04	-2,46	83,40
BGM2083	404	86,10	82,15	-2,42	83,41
BGM0591	403	86,10	82,16	-2,42	83,42
BGM0662	402	86,11	82,20	-2,40	83,43
BGM0324	401	86,12	82,23	-2,39	83,43
BGM1440	400	86,14	82,26	-2,38	83,44
BGM0152	399	86,14	82,27	-2,37	83,45
BGM1143	398	86,15	82,29	-2,36	83,46
BGM0041	397	86,17	82,35	-2,34	83,47
BGM1731	396	86,20	82,43	-2,31	83,48
BGM0433	395	86,20	82,45	-2,30	83,49
BGM0854	394	86,22	82,51	-2,28	83,50
BGM0425	393	86,27	82,64	-2,23	83,51
BGM1376	392	86,27	82,64	-2,23	83,52
BGM0426	391	86,30	82,73	-2,19	83,52
BGM1254	390	86,35	82,89	-2,13	83,53
BGM1525	389	86,37	82,94	-2,11	83,54
BGM1643	388	86,38	82,96	-2,10	83,55
NAGIB 123	387	86,43	83,09	-2,05	83,56
BGM1191	386	86,45	83,17	-2,01	83,57
BGM0010	385	86,46	83,18	-2,01	83,58
BGM1837	384	86,47	83,21	-2,00	83,59
BRS Tapioqueira	383	86,49	83,26	-1,98	83,60
BGM1594	382	86,49	83,27	-1,98	83,61
BGM0890	381	86,51	83,33	-1,95	83,62
BGM1050	380	86,52	83,36	-1,94	83,63
BGM0155	379	86,52	83,36	-1,94	83,63
BGM1437	378	86,58	83,52	-1,88	83,64
BRS Formosa	377	86,58	83,52	-1,87	83,65
BGM1345	376	86,58	83,54	-1,87	83,66
BGM0445	375	86,59	83,56	-1,86	83,67
BGM0113	374	86,60	83,59	-1,85	83,68

Continua...



...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0341	373	86,61	83,60	-1,84	83,69
BGM0405	372	86,65	83,72	-1,79	83,70
BGM0624	371	86,65	83,72	-1,79	83,71
BRS Dourada	370	86,69	83,84	-1,75	83,72
BGM1222	369	86,69	83,85	-1,74	83,73
BGM0507	368	86,75	84,00	-1,68	83,73
BGM1348	367	86,75	84,02	-1,68	83,74
BGM0464	366	86,78	84,10	-1,65	83,75
BGM1598	365	86,79	84,13	-1,63	83,76
BGM1523	364	86,80	84,14	-1,63	83,77
BGM0541	363	86,82	84,21	-1,60	83,78
BGM0630	362	86,83	84,24	-1,59	83,79
BGM1212	361	86,86	84,34	-1,55	83,80
BGM0932	360	86,87	84,36	-1,54	83,81
BGM1165	359	86,90	84,45	-1,51	83,82
BGM0279	358	86,94	84,56	-1,46	83,83
BGM0236	357	86,96	84,60	-1,45	83,84
BGM0976	356	86,96	84,61	-1,44	83,84
BGM1817	355	86,99	84,69	-1,41	83,85
BGM0991	354	87,00	84,71	-1,40	83,86
BGM1850	353	87,01	84,74	-1,39	83,87
BGM1043	352	87,01	84,74	-1,39	83,88
BGM1211	351	87,01	84,77	-1,38	83,89
BGM1185	350	87,02	84,77	-1,38	83,90
BGM0494	349	87,04	84,85	-1,34	83,91
BGM2063	348	87,05	84,86	-1,34	83,92
BGM0779	347	87,05	84,87	-1,34	83,93
BGM1515	346	87,07	84,92	-1,32	83,93
BGM2064	345	87,12	85,06	-1,26	83,94
BGM0767	344	87,13	85,09	-1,25	83,95
BGM0190	343	87,16	85,18	-1,21	83,96
BGM2069	342	87,16	85,19	-1,21	83,97
BGM0205	341	87,18	85,25	-1,19	83,98
BGM2020	340	87,20	85,30	-1,17	83,99
BGM1794	339	87,21	85,32	-1,16	84,00
BGM0785	338	87,22	85,34	-1,15	84,01
BGM1840	337	87,23	85,37	-1,14	84,02
BGM1261	336	87,24	85,42	-1,12	84,02
BGM0149	335	87,28	85,52	-1,08	84,03
BGM1533	334	87,33	85,66	-1,02	84,04
BGM1290	333	87,33	85,66	-1,02	84,05
BGM2074	332	87,35	85,72	-1,00	84,06
BGM0075	331	87,42	85,91	-0,92	84,07
BGM1534	330	87,42	85,92	-0,92	84,08
BGM1067	329	87,44	85,99	-0,89	84,09
BGM1206	328	87,45	86,01	-0,89	84,10
BGM0928	327	87,50	86,14	-0,83	84,11
BGM0383	326	87,54	86,27	-0,78	84,12
BGM2044	325	87,56	86,31	-0,77	84,12
BGM0120	324	87,62	86,48	-0,70	84,13
BGM1223	323	87,64	86,55	-0,67	84,14
BGM0885	322	87,65	86,57	-0,66	84,15
BGM1078	321	87,66	86,61	-0,65	84,16
BGM0206	320	87,67	86,62	-0,64	84,17
BGM1387	319	87,68	86,67	-0,62	84,18

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1672	318	87,70	86,72	-0,60	84,19
BGM0063	317	87,70	86,72	-0,60	84,20
BGM1414	316	87,72	86,78	-0,58	84,21
BGM1865	315	87,72	86,79	-0,58	84,22
BGM1386	314	87,73	86,79	-0,57	84,23
BGM0051	313	87,73	86,82	-0,56	84,24
BGM1091	312	87,76	86,88	-0,54	84,24
BGM0517	311	87,76	86,90	-0,53	84,25
BGM1372	310	87,77	86,92	-0,52	84,26
BGM1393	309	87,79	86,99	-0,50	84,27
BGM1824	308	87,80	87,01	-0,49	84,28
BGM1810	307	87,83	87,08	-0,46	84,29
BGM0637	306	87,83	87,09	-0,45	84,30
BGM0217	305	87,84	87,11	-0,45	84,31
BGM1477	304	87,84	87,12	-0,44	84,32
BGM0471	303	87,84	87,13	-0,44	84,33
BGM0388	302	87,86	87,18	-0,42	84,33
BGM1741	301	87,88	87,22	-0,40	84,34
BGM1077	300	87,91	87,31	-0,37	84,35
BGM1589	299	87,91	87,32	-0,36	84,36
BGM1457	298	87,92	87,34	-0,36	84,37
BGM2072	297	87,96	87,46	-0,31	84,38
BGM1280	296	87,96	87,47	-0,30	84,39
BGM1174	295	87,96	87,47	-0,30	84,40
BGM1694	294	87,97	87,48	-0,30	84,41
BGM1464	293	87,99	87,55	-0,27	84,41
BGM0126	292	88,02	87,64	-0,24	84,42
Fécula Branca	291	88,03	87,65	-0,23	84,43
BGM1595	290	88,05	87,71	-0,21	84,44
BGM1325	289	88,06	87,76	-0,19	84,45
BGM0887	288	88,07	87,77	-0,18	84,46
BGM0945	287	88,08	87,80	-0,17	84,47
BGM2079	286	88,13	87,94	-0,12	84,48
BGM1432	285	88,13	87,95	-0,11	84,49
BGM1287	284	88,15	88,01	-0,09	84,49
BGM1527	283	88,18	88,10	-0,05	84,50
BGM0310	282	88,23	88,24	0,00	84,51
BGM1593	281	88,25	88,27	0,02	84,52
BGM1830	280	88,25	88,28	0,02	84,53
BGM0304	279	88,36	88,60	0,14	84,54
BGM1179	278	88,38	88,64	0,16	84,55
BGM2066	277	88,41	88,75	0,21	84,56
BGM1024	276	88,50	89,00	0,31	84,57
BGM0544	275	88,50	89,01	0,31	84,58
BGM0626	274	88,54	89,11	0,35	84,59
BGM1184	273	88,56	89,16	0,37	84,60
BGM0564	272	88,57	89,19	0,38	84,60
BGM0956	271	88,59	89,25	0,40	84,61
BGM0255	270	88,59	89,26	0,41	84,62
BGM1465	269	88,62	89,35	0,45	84,63
BGM0543	268	88,64	89,40	0,46	84,64
BGM1331	267	88,64	89,41	0,47	84,65
BGM1220	266	88,67	89,49	0,50	84,66
BGM1371	265	88,67	89,49	0,50	84,67
BGM0016	264	88,73	89,65	0,56	84,68

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1615	263	88,73	89,65	0,56	84,69
BGM0826	262	88,75	89,70	0,58	84,70
BGM1957	261	88,77	89,77	0,61	84,71
BGM0480	260	88,78	89,79	0,62	84,72
BGM0135	259	88,78	89,81	0,63	84,73
BGM1094	258	88,80	89,84	0,64	84,73
BGM0249	257	88,84	89,97	0,69	84,74
BGM0597	256	88,85	90,01	0,71	84,75
BGM1116	255	88,86	90,03	0,71	84,76
BGM1295	254	88,90	90,12	0,75	84,77
BGM1062	253	88,90	90,14	0,76	84,78
BGM2076	252	88,90	90,14	0,76	84,79
BGM1648	251	88,93	90,23	0,79	84,80
BGM0822	250	88,94	90,26	0,81	84,81
BGM0706	249	88,97	90,33	0,83	84,82
BGM0027	248	88,98	90,38	0,85	84,83
BRS Jari	247	88,98	90,38	0,85	84,84
BGM1623	246	89,00	90,41	0,87	84,85
BGM0390	245	89,02	90,47	0,89	84,86
BGM1546	244	89,02	90,47	0,89	84,86
BGM1521	243	89,04	90,53	0,91	84,87
BGM1171	242	89,04	90,53	0,92	84,88
BGM1562	241	89,05	90,56	0,93	84,89
BGM1479	240	89,08	90,64	0,96	84,90
BGM0846	239	89,08	90,65	0,96	84,91
BGM0563	238	89,09	90,67	0,97	84,92
BGM0420	237	89,09	90,68	0,97	84,93
BGM0820	236	89,09	90,68	0,98	84,94
BGM0638	235	89,09	90,69	0,98	84,95
BGM0800	234	89,12	90,78	1,01	84,96
BGM0863	233	89,18	90,93	1,07	84,96
BGM0610	232	89,25	91,14	1,16	84,97
BGM0428	231	89,30	91,27	1,21	84,98
BGM2073	230	89,31	91,31	1,23	84,99
BGM1617	229	89,33	91,35	1,24	85,00
BGM0868	228	89,37	91,48	1,29	85,01
BGM0788	227	89,43	91,64	1,36	85,02
BGM0713	226	89,48	91,80	1,42	85,03
BGM0611	225	89,50	91,85	1,44	85,04
BGM1484	224	89,57	92,05	1,52	85,05
BGM1686	223	89,58	92,06	1,53	85,06
BGM0931	222	89,58	92,07	1,53	85,07
BGM0451	221	89,60	92,12	1,55	85,08
BGM1532	220	89,62	92,19	1,58	85,09
BGM0276	219	89,65	92,27	1,61	85,10
BGM0064	218	89,71	92,43	1,67	85,11
BGM1108	217	89,71	92,45	1,68	85,11
BGM1412	216	89,73	92,49	1,70	85,12
BGM0104	215	89,73	92,50	1,70	85,13
BGM0165	214	89,77	92,62	1,75	85,14
BGM0937	213	89,79	92,66	1,76	85,15
BGM0164	212	89,80	92,70	1,78	85,16
BGM0053	211	89,82	92,76	1,80	85,17
BGM1236	210	89,82	92,77	1,81	85,18
BGM0434	209	90,07	93,46	2,08	85,19

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0263	208	90,09	93,53	2,11	85,20
BGM0452	207	90,11	93,58	2,13	85,21
BGM0654	206	90,12	93,60	2,14	85,22
BGM1100	205	90,12	93,61	2,14	85,23
BGM1550	204	90,14	93,65	2,16	85,24
BGM0153	203	90,15	93,69	2,17	85,25
BGM0895	202	90,16	93,73	2,19	85,26
BGM2082	201	90,17	93,75	2,20	85,27
BGM1342	200	90,19	93,82	2,22	85,28
BGM1519	199	90,21	93,87	2,24	85,29
BGM1417	198	90,23	93,93	2,27	85,30
BGM0455	197	90,28	94,07	2,32	85,31
BGM2059	196	90,30	94,13	2,35	85,32
BGM1476	195	90,36	94,29	2,41	85,33
BGM0539	194	90,38	94,35	2,43	85,34
BGM0163	193	90,50	94,69	2,57	85,35
BGM1277	192	90,52	94,76	2,60	85,36
BGM0814	191	90,53	94,77	2,60	85,37
BGM0561	190	90,53	94,79	2,61	85,38
BGM1692	189	90,58	94,91	2,66	85,39
BGM0856	188	90,59	94,96	2,68	85,40
BGM0214	187	90,61	95,01	2,70	85,41
BGM0339	186	90,61	95,01	2,70	85,42
BGM1526	185	90,65	95,13	2,74	85,43
BGM0365	184	90,70	95,27	2,80	85,44
BGM1707	183	90,74	95,37	2,84	85,45
BGM0384	182	90,75	95,40	2,85	85,46
BGM0900	181	90,75	95,42	2,86	85,47
BGM0593	180	90,79	95,53	2,90	85,48
BGM0733	179	90,81	95,57	2,92	85,49
BGM0584	178	90,81	95,58	2,92	85,50
BGM1188	177	90,82	95,61	2,94	85,51
Amarela	176	90,83	95,64	2,95	85,52
BGM1203	175	90,86	95,70	2,97	85,54
BGM1025	174	90,87	95,74	2,99	85,55
BGM1620	173	90,93	95,93	3,06	85,56
BGM1492	172	90,98	96,05	3,11	85,57
BGM1956	171	91,07	96,31	3,21	85,58
BGM1195	170	91,08	96,35	3,23	85,59
BGM0664	169	91,09	96,38	3,24	85,60
BGM0356	168	91,12	96,45	3,27	85,61
BGM2067	167	91,21	96,71	3,37	85,62
BGM1080	166	91,23	96,77	3,40	85,63
BGM1137	165	91,23	96,77	3,40	85,64
BGM2065	164	91,26	96,85	3,43	85,65
BGM0574	163	91,26	96,85	3,43	85,66
BGM2034	162	91,29	96,93	3,46	85,67
BGM0166	161	91,31	97,00	3,49	85,68
BGM0280	160	91,32	97,03	3,50	85,69
BGM1627	159	91,36	97,13	3,54	85,70
BGM1189	158	91,50	97,53	3,70	85,71
BGM1666	157	91,50	97,53	3,70	85,72
BGM0677	156	91,51	97,56	3,71	85,73
BGM0501	155	91,57	97,75	3,79	85,74
BGM1257	154	91,62	97,88	3,84	85,76

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1622	153	91,72	98,17	3,95	85,77
BGM1482	152	91,73	98,20	3,97	85,78
BGM1524	151	91,80	98,39	4,04	85,79
BGM0986	150	91,80	98,40	4,04	85,80
BGM0369	149	91,81	98,42	4,06	85,81
BGM0337	148	91,81	98,43	4,06	85,82
BGM1042	147	91,82	98,46	4,07	85,83
BGM0330	146	91,85	98,55	4,11	85,84
BGM2038	145	91,85	98,55	4,11	85,85
BGM0250	144	91,86	98,57	4,12	85,86
BGM1085	143	91,88	98,61	4,13	85,88
BGM0876	142	91,89	98,64	4,14	85,89
BGM2078	141	91,89	98,67	4,15	85,90
BGM0160	140	91,96	98,84	4,22	85,91
BGM0049	139	91,97	98,89	4,24	85,92
BGM1621	138	92,06	99,13	4,34	85,93
BRS Kiriris	137	92,06	99,15	4,34	85,94
BGM0419	136	92,15	99,40	4,45	85,95
BGM1613	135	92,21	99,55	4,51	85,96
BGM1626	134	92,33	99,91	4,65	85,97
BGM1494	133	92,35	99,97	4,67	85,99
BGM0225	132	92,38	100,04	4,70	86,00
BGM0556	131	92,39	100,06	4,71	86,01
BGM0039	130	92,39	100,08	4,72	86,02
BGM0093	129	92,44	100,22	4,77	86,03
BGM0540	128	92,56	100,55	4,90	86,04
BGM1873	127	92,58	100,63	4,93	86,05
BGM1406	126	92,58	100,63	4,93	86,07
BGM0901	125	92,61	100,69	4,96	86,08
BGM1365	124	92,63	100,75	4,98	86,09
BGM1557	123	92,63	100,77	4,99	86,10
BGM0307	122	92,67	100,87	5,03	86,11
BGM0889	121	92,68	100,90	5,04	86,12
BGM0582	120	92,71	100,98	5,07	86,13
BGM0184	119	92,72	101,01	5,09	86,14
BGM0601	118	92,75	101,11	5,12	86,16
BGM0837	117	92,76	101,12	5,13	86,17
BGM0204	116	92,79	101,20	5,16	86,18
BGM1618	115	92,79	101,21	5,16	86,19
BGM1124	114	92,83	101,32	5,21	86,20
BGM1757	113	92,95	101,67	5,35	86,21
BGM0542	112	92,97	101,72	5,37	86,22
BGM1328	111	92,97	101,72	5,37	86,24
BGM1263	110	93,00	101,81	5,40	86,25
NAGIB 310	109	93,01	101,85	5,42	86,26
BGM1407	108	93,10	102,09	5,51	86,27
BGM1689	107	93,12	102,15	5,54	86,28
BGM1650	106	93,14	102,22	5,56	86,29
BGM1354	105	93,15	102,23	5,57	86,31
BGM0316	104	93,24	102,49	5,68	86,32
BGM1732	103	93,29	102,63	5,73	86,33
BGM1749	102	93,37	102,87	5,82	86,34
BGM1010	101	93,40	102,96	5,86	86,35
BGM0343	100	93,45	103,09	5,91	86,36
BGM1667	99	93,52	103,30	6,00	86,38

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0702	98	93,56	103,40	6,04	86,39
BGM0655	97	93,58	103,46	6,06	86,40
Cascuda	96	93,62	103,57	6,11	86,41
BGM0376	95	93,64	103,62	6,12	86,42
BGM0221	94	93,64	103,63	6,13	86,44
BGM1073	93	93,66	103,69	6,15	86,45
BGM1283	92	93,76	103,98	6,27	86,46
BGM0888	91	93,82	104,14	6,33	86,47
BGM0315	90	93,86	104,25	6,37	86,48
BGM0924	89	93,87	104,28	6,39	86,50
BGM1549	88	93,97	104,58	6,51	86,51
BGM1395	87	93,99	104,63	6,52	86,52
BGM0175	86	94,04	104,77	6,58	86,53
BGM0374	85	94,24	105,35	6,81	86,55
BGM0877	84	94,26	105,41	6,84	86,56
BGM0207	83	94,28	105,47	6,86	86,57
BGM1517	82	94,33	105,59	6,91	86,58
BGM0791	81	94,37	105,71	6,95	86,60
BGM1539	80	94,41	105,82	7,00	86,61
BGM0408	79	94,41	105,82	7,00	86,62
BGM0532	78	94,68	106,59	7,31	86,63
BGM1487	77	94,70	106,66	7,33	86,65
BGM0815	76	94,73	106,75	7,37	86,66
BGM1413	75	94,78	106,89	7,43	86,67
BGM1281	74	95,07	107,71	7,75	86,69
BGM1486	73	95,10	107,80	7,79	86,70
BGM0473	72	95,21	108,10	7,91	86,71
BGM0136	71	95,35	108,51	8,07	86,73
BGM0793	70	95,37	108,56	8,09	86,74
BGM0360	69	95,45	108,80	8,18	86,76
BGM0807	68	95,57	109,13	8,32	86,77
BGM1576	67	95,60	109,21	8,35	86,78
BGM1357	66	95,86	109,97	8,65	86,80
BGM0590	65	95,87	109,99	8,66	86,81
BGM0699	64	95,92	110,13	8,72	86,83
BGM0116	63	95,93	110,15	8,72	86,84
BGM1671	62	96,08	110,59	8,90	86,86
BGM1725	61	96,09	110,60	8,90	86,87
BGM1118	60	96,11	110,66	8,92	86,88
BGM1420	59	96,18	110,86	9,01	86,90
Preta	58	96,21	110,96	9,04	86,91
BGM0267	57	96,23	111,02	9,07	86,93
BGM1291	56	96,25	111,08	9,09	86,94
BGM1123	55	96,41	111,52	9,27	86,96
BGM1602	54	96,44	111,61	9,30	86,97
NAGIB POLY	53	96,55	111,93	9,43	86,99
BGM0947	52	96,78	112,58	9,69	87,00
BGM2085	51	96,79	112,61	9,70	87,02
BGM0201	50	96,86	112,80	9,78	87,03
BGM0375	49	96,95	113,06	9,88	87,05
BGM0678	48	96,98	113,15	9,92	87,06
BGM0847	47	96,99	113,18	9,93	87,08
BGM1219	46	97,04	113,32	9,98	87,09
BGM1624	45	97,04	113,32	9,98	87,11
BGM0737	44	97,22	113,84	10,19	87,12

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1356	43	97,24	113,88	10,21	87,14
BGM1122	42	97,26	113,95	10,24	87,15
BGM0570	41	97,34	114,17	10,32	87,17
BGM1353	40	97,47	114,56	10,48	87,19
BGM0845	39	98,14	116,44	11,23	87,20
98150-06	38	98,20	116,62	11,30	87,22
BGM1308	37	98,64	117,88	11,80	87,24
BGM1027	36	98,66	117,93	11,82	87,25
BGM1161	35	98,74	118,17	11,91	87,27
BGM1561	34	98,89	118,58	12,08	87,29
BGM1759	33	99,17	119,39	12,40	87,31
BGM1490	32	99,41	120,07	12,67	87,32
BGM0332	31	99,62	120,66	12,91	87,34
BRS Aipim Brasil	30	99,68	120,84	12,98	87,36
BGM1636	29	99,76	121,07	13,07	87,38
BGM0298	28	100,23	122,40	13,60	87,40
BGM1608	27	100,47	123,07	13,87	87,42
BGM0465	26	100,50	123,17	13,91	87,44
BGM0045	25	100,54	123,30	13,96	87,46
BGM1403	24	100,54	123,30	13,96	87,48
BGM1552	23	100,72	123,80	14,16	87,50
BGM1744	22	101,23	125,25	14,73	87,52
BGM0600	21	101,40	125,74	14,93	87,54
BGM1408	20	102,31	128,33	15,96	87,56
BGM1282	19	102,39	128,55	16,04	87,58
BGM1632	18	103,57	131,91	17,38	87,60
BGM0367	17	103,58	131,96	17,40	87,63
BGM1327	16	104,90	135,70	18,89	87,65
BGM0554	15	104,95	135,85	18,95	87,68
BGM1400	14	104,97	135,90	18,97	87,70
BGM1607	13	105,24	136,66	19,27	87,73
9624-09	12	106,55	140,40	20,76	87,76
BGM0406	11	108,29	145,37	22,74	87,79
BGM1669	10	108,33	145,47	22,78	87,82
BGM0850	9	108,61	146,26	23,09	87,85
BGM0892	8	108,62	146,29	23,10	87,88
BGM0802	7	109,99	150,21	24,66	87,91
BGM2053	6	110,62	151,98	25,37	87,94
BGM1362	5	111,49	154,48	26,36	87,98
BGM0576	4	120,53	180,23	36,61	88,02
BGM0189	3	120,72	180,77	36,83	88,07
BGM1483	2	134,01	218,60	51,88	88,14
BGM1311	1	154,09	275,80	74,64	88,23

**Anexo 2.** Estimativas dos valores genotípicos preditos ( $\hat{\mu} + \hat{g}_i$ ) e valores genotípicos médios ( $\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$ ) e ganhos genéticos para resistência à podridão radicular causada por *Fusarium* spp., em acessos de mandioca, considerando a severidade na POLPA.

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BRS Caipira	693	44,63	26,00	-25,71	44,63
BGM1696	692	46,25	29,56	-23,03	45,44
BGM0878	691	47,72	32,81	-20,58	46,20
BGM0057	690	47,80	32,99	-20,45	46,60
BGM1398	689	47,80	32,99	-20,44	46,84
BGM1678	688	48,91	35,43	-18,60	47,18
BGM0567	687	49,53	36,82	-17,55	47,52
BRS Aramaris	686	49,96	37,75	-16,85	47,82
BGM1546	685	49,97	37,79	-16,82	48,06
BGM1287	684	50,02	37,89	-16,75	48,26
BRS Verdinha	683	50,06	37,98	-16,68	48,42
BGM1377	682	50,07	37,99	-16,67	48,56
BRS Dourada	681	50,15	38,18	-16,53	48,68
BGM0083	680	50,16	38,20	-16,51	48,79
BGM1367	679	50,25	38,39	-16,37	48,88
BGM0547	678	50,29	38,48	-16,30	48,97
BGM0649	677	50,40	38,72	-16,12	49,06
BGM1078	676	50,41	38,76	-16,09	49,13
BGM1194	675	50,50	38,96	-15,94	49,20
BGM0940	674	50,52	39,00	-15,91	49,27
BGM0082	673	51,01	40,07	-15,10	49,35
BGM0279	672	51,03	40,11	-15,07	49,43
BGM1729	671	51,03	40,11	-15,07	49,50
BGM1611	670	51,08	40,23	-14,98	49,56
BGM0394	669	51,20	40,50	-14,77	49,63
BGM1423	668	51,25	40,60	-14,70	49,69
BGM0436	667	51,40	40,93	-14,45	49,76
BGM1576	666	51,52	41,19	-14,25	49,82
BGM0539	665	51,59	41,35	-14,13	49,88
BGM1345	664	51,59	41,36	-14,13	49,94
BGM0620	663	51,60	41,37	-14,12	49,99
BGM0778	662	51,72	41,63	-13,92	50,04
BGM1408	661	51,75	41,70	-13,87	50,10
BGM1409	660	51,76	41,73	-13,84	50,14
BGM0733	659	51,84	41,91	-13,71	50,19
BGM1495	658	51,86	41,95	-13,68	50,24
BGM1616	657	51,94	42,12	-13,55	50,29
BGM0127	656	51,95	42,15	-13,53	50,33
BGM1131	655	52,10	42,48	-13,28	50,37
BGM1593	654	52,24	42,78	-13,06	50,42
BGM0767	653	52,25	42,81	-13,03	50,47
BGM1077	652	52,34	43,01	-12,88	50,51
BGM0785	651	52,43	43,19	-12,74	50,56
Eucalipto	650	52,91	44,27	-11,93	50,61
BGM1184	649	52,91	44,27	-11,93	50,66
BGM1206	648	53,01	44,48	-11,77	50,71
BGM1523	647	53,06	44,59	-11,69	50,76
BGM1012	646	53,13	44,76	-11,56	50,81
BGM0341	645	53,19	44,89	-11,46	50,86

Continua...



...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0901	644	53,21	44,92	-11,44	50,91
BGM0492	643	53,24	44,99	-11,39	50,95
BGM1136	642	53,29	45,10	-11,31	51,00
BGM1037	641	53,29	45,10	-11,30	51,04
BGM1348	640	53,41	45,37	-11,10	51,08
BGM0175	639	53,43	45,40	-11,08	51,13
BGM0177	638	53,51	45,58	-10,94	51,17
BGM0146	637	53,55	45,68	-10,87	51,21
BGM0204	636	53,58	45,75	-10,81	51,25
BGM1452	635	53,62	45,84	-10,75	51,29
BGM1969	634	53,71	46,03	-10,60	51,33
BGM0097	633	53,72	46,05	-10,59	51,37
BGM0834	632	53,89	46,42	-10,31	51,41
BGM0542	631	53,93	46,52	-10,24	51,45
BGM0477	630	53,94	46,54	-10,22	51,49
BGM0845	629	53,96	46,58	-10,19	51,53
BGM1342	628	53,96	46,58	-10,19	51,57
BGM0331	627	54,21	47,13	-9,77	51,61
BGM1751	626	54,24	47,20	-9,72	51,64
BGM0464	625	54,25	47,23	-9,70	51,68
BGM1410	624	54,33	47,39	-9,58	51,72
BGM1218	623	54,39	47,52	-9,48	51,76
BGM0587	622	54,40	47,54	-9,46	51,79
BGM1624	621	54,41	47,58	-9,43	51,83
BGM0248	620	54,48	47,72	-9,33	51,87
BGM1640	619	54,48	47,73	-9,32	51,90
BGM0343	618	54,50	47,77	-9,29	51,93
BGM1533	617	54,57	47,93	-9,17	51,97
BGM1876	616	54,58	47,95	-9,16	52,00
BGM0382	615	54,62	48,04	-9,09	52,04
BGM0104	614	54,68	48,16	-9,00	52,07
BGM1586	613	54,71	48,24	-8,94	52,10
BGM1518	612	54,73	48,29	-8,90	52,13
BGM0817	611	54,76	48,34	-8,86	52,16
BGM1175	610	54,82	48,48	-8,76	52,20
BGM1139	609	54,83	48,49	-8,75	52,23
BGM1560	608	54,96	48,79	-8,52	52,26
BGM1920	607	55,00	48,88	-8,45	52,29
BGM1590	606	55,08	49,04	-8,33	52,32
BGM1177	605	55,11	49,12	-8,27	52,35
BGM0164	604	55,19	49,29	-8,15	52,39
BGM0810	603	55,19	49,29	-8,14	52,42
BGM0562	602	55,19	49,29	-8,14	52,45
BGM0455	601	55,24	49,41	-8,06	52,48
BGM1767	600	55,24	49,41	-8,05	52,51
BGM1524	599	55,30	49,53	-7,96	52,53
BGM1163	598	55,31	49,56	-7,94	52,56
BGM1867	597	55,31	49,56	-7,94	52,59
BGM0469	596	55,34	49,63	-7,89	52,62
BGM1193	595	55,35	49,65	-7,87	52,65
BGM1125	594	55,36	49,66	-7,86	52,67
BGM0908	593	55,38	49,71	-7,83	52,70
BGM1245	592	55,38	49,72	-7,82	52,73
Mandim	591	55,40	49,77	-7,78	52,75
BGM0271	590	55,41	49,79	-7,77	52,78

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1547	589	55,43	49,81	-7,75	52,80
BGM1481	588	55,43	49,82	-7,74	52,83
BGM1273	587	55,49	49,96	-7,64	52,85
BGM0656	586	55,49	49,96	-7,64	52,88
BGM0640	585	55,51	49,99	-7,61	52,90
BGM1465	584	55,52	50,02	-7,59	52,93
BGM0818	583	55,55	50,09	-7,54	52,95
BGM1165	582	55,55	50,09	-7,54	52,97
BGM1597	581	55,59	50,17	-7,48	53,00
BGM0179	580	55,61	50,22	-7,44	53,02
BGM1517	579	55,62	50,25	-7,42	53,04
BGM0583	578	55,63	50,27	-7,40	53,06
BGM0631	577	55,66	50,34	-7,35	53,09
BGM1489	576	55,69	50,39	-7,31	53,11
BGM0579	575	55,74	50,50	-7,23	53,13
BGM0023	574	55,75	50,52	-7,21	53,15
BGM1648	573	55,75	50,54	-7,20	53,17
BGM0089	572	55,76	50,54	-7,20	53,20
BGM0443	571	55,77	50,58	-7,17	53,22
BGM0752	570	55,82	50,67	-7,10	53,24
BGM0868	569	55,83	50,71	-7,07	53,26
BGM0144	568	55,85	50,75	-7,04	53,28
BGM0356	567	55,85	50,75	-7,04	53,30
BGM0016	566	55,86	50,76	-7,03	53,32
BGM1816	565	55,90	50,85	-6,97	53,34
BGM2080	564	55,90	50,86	-6,96	53,36
BGM0920	563	55,92	50,90	-6,93	53,38
BGM0642	562	55,92	50,90	-6,93	53,40
BGM0943	561	55,94	50,95	-6,89	53,42
BGM0472	560	56,00	51,08	-6,79	53,44
BGM1702	559	56,01	51,10	-6,78	53,45
BGM1290	558	56,03	51,14	-6,75	53,47
BGM1210	557	56,05	51,19	-6,71	53,49
BGM0297	556	56,10	51,30	-6,62	53,51
BGM2079	555	56,15	51,41	-6,54	53,53
BGM0937	554	56,20	51,51	-6,47	53,55
BGM1085	553	56,20	51,52	-6,46	53,57
BGM1333	552	56,22	51,56	-6,43	53,59
BGM0557	551	56,24	51,60	-6,40	53,61
BGM2083	550	56,25	51,63	-6,38	53,62
BGM0075	549	56,32	51,78	-6,26	53,64
BGM0184	548	56,33	51,80	-6,25	53,66
BGM0707	547	56,33	51,81	-6,24	53,68
BGM1202	546	56,33	51,81	-6,24	53,70
BGM1197	545	56,34	51,82	-6,23	53,71
BGM1370	544	56,36	51,87	-6,20	53,73
BGM1026	543	56,38	51,92	-6,16	53,75
BGM0558	542	56,38	51,92	-6,16	53,77
BGM1319	541	56,43	52,02	-6,08	53,78
BGM1561	540	56,46	52,09	-6,03	53,80
BGM0046	539	56,46	52,10	-6,03	53,82
BGM0120	538	56,46	52,10	-6,02	53,84
BGM2081	537	56,47	52,11	-6,01	53,85
BGM1476	536	56,48	52,14	-5,99	53,87
BGM0479	535	56,48	52,14	-5,99	53,89

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1174	534	56,52	52,22	-5,93	53,90
98150-06	533	56,57	52,33	-5,85	53,92
BGM0702	532	56,60	52,40	-5,80	53,94
BGM0889	531	56,62	52,46	-5,75	53,95
BGM0985	530	56,63	52,46	-5,75	53,97
BGM0932	529	56,66	52,53	-5,70	53,98
BGM0063	528	56,67	52,55	-5,69	54,00
BGM0316	527	56,67	52,55	-5,68	54,02
BGM1525	526	56,68	52,58	-5,66	54,03
BGM1347	525	56,71	52,64	-5,62	54,05
BGM0236	524	56,71	52,64	-5,61	54,06
BGM1682	523	56,71	52,64	-5,61	54,08
BGM2057	522	56,71	52,65	-5,61	54,09
BGM1352	521	56,71	52,65	-5,61	54,11
BGM0398	520	56,73	52,69	-5,57	54,12
BGM1482	519	56,74	52,70	-5,57	54,14
BGM1249	518	56,74	52,71	-5,57	54,15
BGM1388	517	56,74	52,71	-5,56	54,17
BGM2055	516	56,74	52,72	-5,56	54,18
BGM0149	515	56,75	52,74	-5,54	54,20
BGM1099	514	56,77	52,78	-5,51	54,21
BGM1050	513	56,77	52,79	-5,50	54,23
BGM1487	512	56,80	52,84	-5,47	54,24
BGM1412	511	56,82	52,90	-5,42	54,25
BGM1434	510	56,83	52,91	-5,41	54,27
BGM0885	509	56,83	52,91	-5,41	54,28
BGM0209	508	56,84	52,94	-5,39	54,30
BGM0409	507	56,85	52,96	-5,37	54,31
BGM1183	506	56,90	53,06	-5,30	54,32
BGM1598	505	56,94	53,15	-5,23	54,34
BGM0820	504	56,99	53,27	-5,14	54,35
BGM0776	503	57,00	53,29	-5,13	54,37
BGM1381	502	57,00	53,29	-5,12	54,38
BGM1073	501	57,02	53,33	-5,09	54,39
BGM0512	500	57,03	53,36	-5,07	54,41
BGM1617	499	57,04	53,37	-5,06	54,42
BGM0678	498	57,05	53,38	-5,05	54,43
BGM0319	497	57,05	53,40	-5,04	54,45
BGM0826	496	57,07	53,44	-5,01	54,46
BGM0659	495	57,08	53,45	-5,00	54,47
BGM1771	494	57,08	53,46	-4,99	54,49
Laza	493	57,08	53,47	-4,99	54,50
BGM1191	492	57,09	53,49	-4,98	54,51
BGM2054	491	57,11	53,53	-4,94	54,52
BGM0018	490	57,13	53,58	-4,91	54,54
BGM1730	489	57,14	53,59	-4,90	54,55
BGM1178	488	57,23	53,79	-4,75	54,56
BGM1270	487	57,24	53,82	-4,72	54,58
BGM1190	486	57,26	53,85	-4,70	54,59
BGM1721	485	57,26	53,86	-4,69	54,60
BGM1824	484	57,27	53,89	-4,67	54,61
BGM1015	483	57,28	53,89	-4,67	54,63
BGM1397	482	57,28	53,89	-4,67	54,64
BGM0058	481	57,28	53,91	-4,66	54,65
BGM1607	480	57,31	53,96	-4,62	54,66

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1389	479	57,32	53,99	-4,60	54,68
BGM2047	478	57,32	53,99	-4,59	54,69
BGM1535	477	57,33	54,02	-4,58	54,70
BGM1281	476	57,35	54,05	-4,55	54,71
BGM1567	475	57,37	54,11	-4,51	54,73
BGM1212	474	57,38	54,13	-4,49	54,74
BGM0196	473	57,39	54,14	-4,48	54,75
BGM1283	472	57,40	54,16	-4,47	54,76
Mani Branca	471	57,41	54,19	-4,44	54,77
BGM1236	470	57,41	54,20	-4,44	54,78
BGM0113	469	57,44	54,26	-4,40	54,80
BGM1643	468	57,44	54,26	-4,39	54,81
BGM1171	467	57,46	54,31	-4,36	54,82
BGM0510	466	57,47	54,32	-4,35	54,83
BGM0511	465	57,50	54,38	-4,30	54,84
BGM1750	464	57,53	54,45	-4,25	54,85
BGM0032	463	57,54	54,48	-4,23	54,87
BGM0085	462	57,55	54,51	-4,21	54,88
BGM1417	461	57,59	54,59	-4,14	54,89
BGM0133	460	57,60	54,62	-4,12	54,90
BGM1731	459	57,62	54,66	-4,09	54,91
BGM0140	458	57,63	54,67	-4,09	54,92
BGM1083	457	57,64	54,69	-4,07	54,94
BGM0033	456	57,64	54,69	-4,07	54,95
BGM0207	455	57,65	54,72	-4,05	54,96
BGM0974	454	57,68	54,78	-4,00	54,97
BGM0042	453	57,68	54,78	-4,00	54,98
BGM0295	452	57,72	54,86	-3,94	54,99
BGM0145	451	57,74	54,91	-3,90	55,00
BGM0217	450	57,74	54,93	-3,89	55,01
BGM0449	449	57,75	54,94	-3,88	55,03
BGM0034	448	57,78	55,00	-3,83	55,04
BGM2070	447	57,80	55,06	-3,79	55,05
BGM1671	446	57,82	55,09	-3,76	55,06
BGM1387	445	57,83	55,12	-3,74	55,07
BGM1138	444	57,83	55,12	-3,74	55,08
BGM1549	443	57,85	55,16	-3,72	55,09
BGM1502	442	57,88	55,22	-3,67	55,10
BGM1392	441	57,89	55,24	-3,65	55,11
BGM1455	440	57,90	55,26	-3,64	55,13
BGM0895	439	57,90	55,27	-3,63	55,14
BGM2065	438	57,92	55,32	-3,60	55,15
BGM0670	437	57,97	55,42	-3,52	55,16
BGM1268	436	58,00	55,48	-3,47	55,17
BGM1447	435	58,00	55,49	-3,47	55,18
BGM0887	434	58,00	55,49	-3,46	55,19
BGM0447	433	58,00	55,50	-3,46	55,20
BGM1850	432	58,02	55,53	-3,44	55,21
Fécula Branca	431	58,03	55,55	-3,42	55,22
BGM1318	430	58,05	55,60	-3,38	55,23
BGM0894	429	58,05	55,60	-3,38	55,24
BGM1363	428	58,05	55,61	-3,38	55,26
BGM0452	427	58,08	55,67	-3,33	55,27
BGM1252	426	58,10	55,72	-3,29	55,28
BRS Kirisir	425	58,10	55,72	-3,29	55,29

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0307	424	58,11	55,73	-3,29	55,30
BGM1223	423	58,11	55,73	-3,28	55,31
BRS Amansa Burro	422	58,11	55,74	-3,28	55,32
BGM0956	421	58,11	55,74	-3,27	55,33
BGM0636	420	58,14	55,81	-3,23	55,34
BGM1440	419	58,15	55,81	-3,22	55,35
BGM0211	418	58,16	55,85	-3,19	55,36
BGM1331	417	58,18	55,89	-3,16	55,37
BGM0438	416	58,22	55,98	-3,10	55,38
NAGIB 103	415	58,26	56,07	-3,02	55,39
BGM1610	414	58,26	56,07	-3,02	55,40
BGM1209	413	58,27	56,09	-3,01	55,41
BGM0010	412	58,27	56,10	-3,01	55,42
BGM0369	411	58,30	56,15	-2,96	55,43
BGM2061	410	58,30	56,16	-2,96	55,44
BGM0873	409	58,33	56,22	-2,92	55,45
BGM0623	408	58,33	56,22	-2,91	55,46
BGM1123	407	58,35	56,27	-2,88	55,47
BGM0242	406	58,35	56,27	-2,87	55,48
BGM0155	405	58,36	56,28	-2,86	55,49
BGM0276	404	58,39	56,34	-2,82	55,50
BGM0361	403	58,39	56,36	-2,81	55,51
BGM0465	402	58,41	56,38	-2,79	55,52
BGM1491	401	58,41	56,39	-2,79	55,53
BGM0158	400	58,42	56,41	-2,77	55,54
BGM1822	399	58,43	56,44	-2,75	55,55
BGM1507	398	58,43	56,45	-2,74	55,56
BGM0433	397	58,43	56,45	-2,74	55,57
BGM2048	396	58,49	56,56	-2,66	55,58
BGM1725	395	58,49	56,58	-2,64	55,59
BGM1439	394	58,52	56,63	-2,60	55,60
BGM0877	393	58,54	56,67	-2,57	55,61
BGM0960	392	58,54	56,69	-2,56	55,62
BGM0182	391	58,55	56,71	-2,55	55,63
BGM1814	390	58,57	56,75	-2,52	55,64
BGM1118	389	58,57	56,75	-2,52	55,65
BGM0246	388	58,62	56,86	-2,43	55,66
BGM0822	387	58,62	56,87	-2,42	55,67
BGM1057	386	58,64	56,90	-2,40	55,68
BGM0425	385	58,64	56,91	-2,39	55,69
BGM0480	384	58,66	56,94	-2,37	55,70
BGM1515	383	58,66	56,95	-2,36	55,71
BGM0255	382	58,67	56,96	-2,35	55,71
BGM1621	381	58,68	56,98	-2,34	55,72
BGM0312	380	58,70	57,04	-2,29	55,73
BGM0206	379	58,71	57,07	-2,27	55,74
BRS Jari	378	58,76	57,18	-2,19	55,75
BGM1692	377	58,77	57,18	-2,19	55,76
BGM0863	376	58,77	57,19	-2,18	55,77
BGM0160	375	58,80	57,24	-2,14	55,78
BGM0378	374	58,82	57,29	-2,10	55,79
BGM0051	373	58,83	57,32	-2,08	55,80
BGM0162	372	58,84	57,33	-2,07	55,81
BGM1255	371	58,84	57,35	-2,06	55,82
BGM0928	370	58,85	57,36	-2,05	55,83

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1189	369	58,87	57,41	-2,02	55,84
BGM1261	368	58,87	57,41	-2,02	55,85
BGM0070	367	58,87	57,41	-2,01	55,86
BGM2060	366	58,88	57,44	-1,99	55,87
BGM0919	365	58,91	57,51	-1,94	55,87
BGM1324	364	58,91	57,51	-1,94	55,88
BGM0625	363	58,92	57,52	-1,93	55,89
BGM1349	362	58,93	57,53	-1,92	55,90
BGM0440	361	58,94	57,56	-1,90	55,91
BGM0924	360	58,94	57,57	-1,90	55,92
BGM0239	359	58,94	57,57	-1,90	55,93
BGM1143	358	58,96	57,61	-1,87	55,94
BGM1354	357	58,96	57,61	-1,86	55,95
BGM1437	356	58,97	57,62	-1,86	55,96
BGM1200	355	58,97	57,63	-1,85	55,97
BGM1550	354	58,99	57,68	-1,81	55,97
BGM0821	353	59,00	57,70	-1,79	55,98
BGM1376	352	59,02	57,74	-1,76	55,99
BGM0041	351	59,03	57,77	-1,74	56,00
BGM1153	350	59,05	57,81	-1,71	56,01
BGM0426	349	59,06	57,83	-1,70	56,02
BGM0552	348	59,07	57,85	-1,68	56,03
BGM1681	347	59,08	57,88	-1,66	56,04
BGM1701	346	59,09	57,90	-1,65	56,04
BGM0022	345	59,11	57,94	-1,62	56,05
BGM1395	344	59,12	57,96	-1,60	56,06
BGM0185	343	59,14	58,01	-1,56	56,07
BGM2059	342	59,15	58,03	-1,55	56,08
BGM1602	341	59,15	58,03	-1,55	56,09
BGM1325	340	59,17	58,07	-1,51	56,10
BGM0126	339	59,18	58,08	-1,51	56,11
BGM2086	338	59,18	58,09	-1,51	56,11
BGM1359	337	59,21	58,15	-1,46	56,12
BGM1321	336	59,23	58,20	-1,42	56,13
BGM1615	335	59,24	58,22	-1,40	56,14
BGM0270	334	59,25	58,25	-1,38	56,15
BGM1124	333	59,26	58,28	-1,36	56,16
BGM2064	332	59,29	58,33	-1,32	56,17
BGM1736	331	59,29		-1,32	56,18
BGM2074	330	59,32	58,41	-1,26	56,18
BGM0098	329	59,33	58,42	-1,25	56,19
BGM1627	328	59,34	58,44	-1,24	56,20
BGM0338	327	59,34	58,44	-1,23	56,21
BGM0152	326	59,34	58,45	-1,23	56,22
Cascuda	325	59,36	58,50	-1,20	56,23
BGM1689	324	59,37	58,50	-1,19	56,24
BGM0471	323	59,37	58,52	-1,18	56,24
BGM1414	322	59,38	58,54	-1,16	56,25
BGM1042	321	59,39	58,56	-1,15	56,26
BGM0856	320	59,40	58,58	-1,13	56,27
BGM1828	319	59,45	58,69	-1,05	56,28
BGM1494	318	59,45	58,69	-1,05	56,29
BGM1490	317	59,47	58,72	-1,02	56,29
BGM1477	316	59,48	58,76	-1,00	56,30
BGM0437	315	59,49	58,77	-0,99	56,31

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1067	314	59,49	58,78	-0,98	56,32
BGM2038	313	59,49	58,79	-0,98	56,33
BGM0654	312	59,51	58,82	-0,95	56,34
BGM1053	311	59,52	58,84	-0,94	56,34
BGM1981	310	59,52	58,85	-0,93	56,35
BGM1222	309	59,54	58,88	-0,91	56,36
BGM2044	308	59,54	58,89	-0,90	56,37
BGM1254	307	59,54	58,89	-0,90	56,38
BGM1116	306	59,54	58,90	-0,89	56,39
BGM0630	305	59,56	58,93	-0,87	56,39
BGM0195	304	59,57	58,96	-0,85	56,40
BGM0420	303	59,58	58,98	-0,83	56,41
BGM1622	302	59,58	58,98	-0,83	56,42
BGM1594	301	59,59	59,00	-0,81	56,43
BGM0408	300	59,59	59,01	-0,81	56,43
BGM0546	299	59,60	59,03	-0,79	56,44
BGM0157	298	59,62	59,06	-0,77	56,45
IAC90	297	59,63	59,09	-0,75	56,46
BGM1666	296	59,68	59,20	-0,67	56,47
BGM0823	295	59,68	59,20	-0,67	56,47
BGM1686	294	59,71	59,26	-0,62	56,48
BGM0668	293	59,72	59,29	-0,60	56,49
BGM1511	292	59,73	59,30	-0,59	56,50
BGM0254	291	59,74	59,33	-0,57	56,51
BGM1527	290	59,76	59,38	-0,53	56,51
BGM0896	289	59,77	59,40	-0,51	56,52
BGM0494	288	59,81	59,48	-0,45	56,53
BGM1830	287	59,82	59,50	-0,44	56,54
BGM1992	286	59,83	59,52	-0,43	56,55
BGM1441	285	59,87	59,62	-0,35	56,56
BGM1716	284	59,90	59,68	-0,30	56,56
BGM1714	283	59,98	59,85	-0,17	56,57
BGM0249	282	60,00	59,90	-0,13	56,58
BGM1195	281	60,00	59,91	-0,13	56,59
BGM0706	280	60,01	59,93	-0,12	56,60
BGM0267	279	60,04	59,99	-0,07	56,60
BGM1091	278	60,05	60,02	-0,05	56,61
BGM0304	277	60,09	60,10	0,02	56,62
BGM2082	276	60,17	60,27	0,14	56,63
BGM0388	275	60,18	60,30	0,17	56,64
BGM1188	274	60,20	60,33	0,19	56,65
BGM0846	273	60,21	60,38	0,22	56,66
BGM0456	272	60,22	60,39	0,23	56,66
BGM1344	271	60,26	60,48	0,30	56,67
BGM0854	270	60,29	60,54	0,34	56,68
BGM1532	269	60,30	60,56	0,36	56,69
BGM0166	268	60,31	60,58	0,38	56,70
BGM1220	267	60,31	60,58	0,38	56,71
BGM0540	266	60,31	60,59	0,38	56,71
BGM0460	265	60,32	60,61	0,40	56,72
BGM0728	264	60,34	60,66	0,44	56,73
BGM0610	263	60,38	60,73	0,49	56,74
BGM1685	262	60,39	60,75	0,51	56,75
BGM1328	261	60,41	60,80	0,54	56,76
BGM0190	260	60,41	60,81	0,55	56,77

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1608	259	60,43	60,86	0,59	56,77
BGM0148	258	60,49	60,97	0,67	56,78
BGM0945	257	60,49	60,98	0,68	56,79
BGM1589	256	60,54	61,10	0,77	56,80
BGM2066	255	60,55	61,12	0,78	56,81
BGM0332	254	60,56	61,14	0,80	56,82
BGM0183	253	60,62	61,26	0,89	56,82
BGM1693	252	60,64	61,31	0,92	56,83
BGM0601	251	60,65	61,33	0,94	56,84
BGM1581	250	60,65	61,34	0,95	56,85
BGM1372	249	60,66	61,35	0,96	56,86
Filha Preta	248	60,68	61,40	0,99	56,87
BGM0814	247	60,69	61,42	1,01	56,88
BGM2076	246	60,71	61,48	1,05	56,88
BGM0986	245	60,74	61,54	1,10	56,89
BGM0165	244	60,76	61,58	1,13	56,90
BGM1626	243	60,77	61,61	1,15	56,91
BGM0900	242	60,78	61,61	1,16	56,92
BGM2069	241	60,79	61,63	1,17	56,93
BGM1386	240	60,79	61,65	1,18	56,94
BGM1257	239	60,82	61,71	1,23	56,94
BGM2072	238	60,83	61,72	1,24	56,95
BGM1203	237	60,86	61,80	1,30	56,96
BGM2078	236	60,90	61,89	1,37	56,97
BGM1837	235	60,91	61,91	1,38	56,98
BGM1186	234	60,92	61,93	1,39	56,99
BGM1380	233	60,95	61,99	1,44	57,00
BGM0847	232	60,97	62,04	1,48	57,00
BGM1094	231	60,99	62,09	1,51	57,01
BGM1371	230	61,00	62,11	1,53	57,02
BGM0550	229	61,00	62,11	1,53	57,03
BGM2067	228	61,00	62,12	1,54	57,04
BGM0399	227	61,01	62,13	1,55	57,05
BGM0188	226	61,01	62,14	1,55	57,06
BGM0503	225	61,04	62,20	1,60	57,06
BGM0563	224	61,09	62,30	1,67	57,07
BGM0428	223	61,10	62,32	1,69	57,08
BGM0598	222	61,14	62,42	1,77	57,09
BGM0135	221	61,18	62,51	1,84	57,10
BGM2020	220	61,19	62,52	1,84	57,11
BGM0788	219	61,23	62,61	1,91	57,12
BGM0330	218	61,23	62,62	1,91	57,12
BGM1884	217	61,26	62,69	1,97	57,13
BGM1185	216	61,28	62,73	2,00	57,14
BGM0367	215	61,32	62,81	2,06	57,15
BGM1562	214	61,34	62,86	2,10	57,16
BGM1569	213	61,35	62,89	2,12	57,17
BGM0444	212	61,37	62,93	2,15	57,18
BGM1719	211	61,38	62,95	2,17	57,19
BGM1027	210	61,40	63,00	2,20	57,19
BGM1526	209	61,42	63,03	2,23	57,20
BGM0434	208	61,46	63,12	2,29	57,21
BGM1450	207	61,46	63,12	2,29	57,22
BGM0564	206	61,47	63,14	2,31	57,23
BGM1280	205	61,47	63,15	2,32	57,24

Continua...



...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM0517	204	61,48	63,16	2,32	57,25
BGM1618	203	61,49	63,19	2,35	57,26
BGM1510	202	61,50	63,22	2,37	57,26
BGM0947	201	61,52	63,25	2,39	57,27
BGM2063	200	61,52	63,26	2,40	57,28
BGM0931	199	61,52	63,26	2,40	57,29
BGM1694	198	61,53	63,28	2,41	57,30
BGM0624	197	61,54	63,29	2,42	57,31
BGM0103	196	61,57	63,36	2,47	57,32
BGM1957	195	61,57	63,37	2,49	57,32
BGM0419	194	61,58	63,39	2,50	57,33
BGM0374	193	61,63	63,51	2,59	57,34
BGM0662	192	61,64	63,52	2,59	57,35
BGM0045	191	61,69	63,63	2,68	57,36
BGM1492	190	61,80	63,87	2,86	57,37
BGM1956	189	61,84	63,97	2,94	57,38
BGM0405	188	61,86	64,01	2,96	57,38
BGM0189	187	61,87	64,02	2,97	57,39
BGM0890	186	61,90	64,10	3,03	57,40
BGM1308	185	61,91	64,11	3,04	57,41
BGM0930	184	61,92	64,13	3,06	57,42
BGM0445	183	61,92	64,15	3,07	57,43
BGM1614	182	61,93	64,16	3,08	57,44
BGM0677	181	61,94	64,19	3,10	57,45
BGM0660	180	61,96	64,23	3,13	57,46
BGM1691	179	61,96	64,23	3,13	57,46
BGM0626	178	62,02	64,35	3,22	57,47
BGM0116	177	62,04	64,40	3,26	57,48
BGM0543	176	62,07	64,47	3,31	57,49
BGM0406	175	62,10	64,52	3,35	57,50
BGM1669	174	62,11	64,56	3,38	57,51
BGM0136	173	62,11	64,56	3,38	57,52
BGM0532	172	62,12	64,58	3,40	57,53
BGM1211	171	62,16	64,66	3,45	57,53
BGM1757	170	62,19	64,74	3,51	57,54
NAGIB 310	169	62,20	64,75	3,53	57,55
BGM1323	168	62,21	64,78	3,55	57,56
BGM0501	167	62,23	64,83	3,58	57,57
BGM1263	166	62,24	64,84	3,59	57,58
BGM1108	165	62,26	64,90	3,63	57,59
BGM1295	164	62,27	64,91	3,64	57,60
BGM0225	163	62,28	64,93	3,66	57,61
BGM2073	162	62,30	64,98	3,70	57,61
BGM0593	161	62,31	65,00	3,72	57,62
BGM1062	160	62,32	65,02	3,73	57,63
BGM1277	159	62,33	65,03	3,74	57,64
BGM0337	158	62,33	65,05	3,75	57,65
BGM2084	157	62,37	65,13	3,81	57,66
BGM1723	156	62,41	65,22	3,88	57,67
BGM0280	155	62,44	65,27	3,92	57,68
NAGIB POLY	154	62,45	65,31	3,95	57,69
BGM1479	153	62,50	65,41	4,02	57,69
BGM0783	152	62,55	65,53	4,11	57,70
BGM1361	151	62,59	65,63	4,18	57,71
BGM0637	150	62,69	65,85	4,35	57,72

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1557	149	62,72	65,90	4,39	57,73
BGM1413	148	62,76	66,00	4,47	57,74
BGM1613	147	62,79	66,05	4,50	57,75
BGM1744	146	62,79	66,05	4,51	57,76
BGM1690	145	62,82	66,11	4,55	57,77
BGM1840	144	62,87	66,23	4,64	57,78
BGM0339	143	62,91	66,32	4,70	57,79
BGM0451	142	62,91	66,33	4,71	57,80
BGM0991	141	62,95	66,41	4,77	57,80
BGM1043	140	62,95	66,41	4,78	57,81
BGM0837	139	62,96	66,43	4,79	57,82
BGM0892	138	62,99	66,50	4,84	57,83
BGM1810	137	63,08	66,69	4,99	57,84
BGM0597	136	63,12	66,78	5,05	57,85
9624-09	135	63,16	66,87	5,12	57,86
BGM0303	134	63,18	66,92	5,16	57,87
BGM1100	133	63,20	66,96	5,19	57,88
BGM0324	132	63,22	67,01	5,23	57,89
BGM0507	131	63,29	67,15	5,34	57,90
BGM0432	130	63,32	67,21	5,38	57,91
BGM1080	129	63,38	67,35	5,49	57,92
BGM1865	128	63,57	67,78	5,81	57,93
BGM0977	127	63,57	67,79	5,81	57,94
BGM1519	126	63,58	67,80	5,83	57,95
BGM0360	125	63,61	67,86	5,87	57,96
BGM0221	124	63,61	67,86	5,87	57,97
BGM1432	123	63,64	67,93	5,92	57,98
BGM0793	122	63,68	68,01	5,99	57,99
BGM0541	121	63,72	68,11	6,06	58,00
BGM1137	120	63,72	68,11	6,06	58,01
BGM0561	119	63,75	68,17	6,11	58,02
BGM0310	118	63,77	68,22	6,14	58,03
BGM0888	117	63,77	68,22	6,14	58,04
BGM0509	116	63,85	68,39	6,27	58,05
BGM1122	115	63,85	68,40	6,28	58,06
BGM0499	114	63,89	68,47	6,33	58,07
BGM0584	113	63,89	68,48	6,34	58,08
BGM0800	112	63,92	68,55	6,39	58,09
BGM1393	111	63,98	68,69	6,49	58,10
BGM0591	110	63,98	68,69	6,50	58,11
BGM0638	109	63,99	68,71	6,51	58,12
BGM0667	108	64,07	68,89	6,65	58,13
BGM0779	107	64,10	68,95	6,69	58,14
BGM1620	106	64,16	69,07	6,79	58,15
BGM1559	105	64,17	69,09	6,80	58,16
BGM1741	104	64,23	69,23	6,90	58,17
BGM1362	103	64,32	69,43	7,05	58,18
BGM1464	102	64,60	70,04	7,51	58,19
BGM0390	101	64,62	70,10	7,56	58,20
BGM1595	100	64,65	70,16	7,61	58,21
BGM1672	99	64,78	70,45	7,82	58,22
BGM0600	98	64,94	70,79	8,08	58,23
BGM1010	97	65,10	71,16	8,36	58,25
BGM1327	96	65,12	71,19	8,38	58,26
BGM1942	95	65,24	71,45	8,58	58,27

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu} + \hat{g}_i$	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$	Ganho (%)	Média prevista
BGM1353	94	65,25	71,48	8,60	58,28
BGM0655	93	65,32	71,63	8,71	58,29
BGM1446	92	65,53	72,09	9,07	58,30
BGM1817	91	65,55	72,15	9,11	58,32
BGM1365	90	65,69	72,45	9,33	58,33
BGM0664	89	65,71	72,50	9,37	58,34
BGM1420	88	65,78	72,65	9,49	58,35
BGM2034	87	65,80	72,70	9,53	58,37
BGM0064	86	65,80	72,70	9,53	58,38
BGM0153	85	65,89	72,90	9,67	58,39
BGM0205	84	65,92	72,95	9,71	58,40
BGM1749	83	65,95	73,02	9,76	58,41
BGM1552	82	65,96	73,04	9,78	58,43
BGM2085	81	65,99	73,11	9,83	58,44
BGM0128	80	66,04	73,23	9,92	58,45
BGM1284	79	66,04	73,23	9,92	58,46
BGM0791	78	66,10	73,36	10,02	58,48
BRS Formosa	77	66,10	73,36	10,02	58,49
BGM0976	76	66,27	73,72	10,29	58,50
BGM0966	75	66,29	73,77	10,33	58,51
BRS Gema Ovo	74	66,38	73,98	10,49	58,53
BGM0053	73	66,54	74,34	10,76	58,54
BGM0611	72	66,54	74,34	10,76	58,55
BGM0375	71	66,62	74,50	10,88	58,57
BGM0737	70	66,62	74,51	10,89	58,58
BGM1534	69	66,63	74,52	10,90	58,59
BGM1759	68	66,68	74,63	10,98	58,60
BGM0876	67	66,71	74,71	11,04	58,62
BGM0039	66	66,74	74,76	11,08	58,63
BGM1403	65	66,92	75,16	11,38	58,64
BGM0544	64	66,95	75,22	11,43	58,66
BGM0298	63	67,06	75,48	11,62	58,67
BGM0807	62	67,08	75,51	11,64	58,68
BGM1667	61	67,08	75,52	11,65	58,70
BGM1486	60	67,27	75,93	11,96	58,71
BGM0556	59	67,44	76,32	12,25	58,72
BGM0027	58	67,70	76,89	12,68	58,74
BGM1873	57	67,70	76,89	12,69	58,75
BRS Aipim Brasil	56	67,74	76,98	12,75	58,77
BGM0273	55	68,16	77,90	13,45	58,78
BGM0315	54	68,50	78,65	14,01	58,80
BGM1025	53	68,56	78,78	14,11	58,81
BGM0713	52	68,60	78,87	14,18	58,83
BGM0815	51	68,63	78,93	14,22	58,84
BGM0263	50	68,64	78,95	14,24	58,86
BGM0699	49	68,67	79,03	14,30	58,87
BGM0365	48	68,73	79,16	14,40	58,89
BGM1356	47	68,74	79,18	14,41	58,90
BGM1357	46	68,81	79,33	14,53	58,92
BGM1623	45	69,18	80,14	15,14	58,93
BGM1650	44	69,36	80,54	15,44	58,95
BGM1794	43	69,46	80,76	15,60	58,97
BGM1732	42	69,67	81,24	15,97	58,98
BGM0201	41	69,69	81,28	16,00	59,00
BGM0473	40	70,09	82,16	16,66	59,02

Continua...

...Continuação

Acesso	Ordem	$\hat{\mu}_j + \hat{g}_i + \hat{g}e_m$			Média prevista
		$\hat{\mu} + \hat{g}_i$		Ganho (%)	
BGM0214	39	70,16	82,31	16,77	59,03
BGM0025	38	70,16	82,32	16,78	59,05
BGM1539	37	70,20	82,41	16,85	59,07
BGM0163	36	70,23	82,47	16,90	59,08
BGM0850	35	70,37	82,77	17,12	59,10
BGM1291	34	70,68	83,47	17,65	59,12
BGM1219	33	70,94	84,03	18,07	59,14
BGM1707	32	71,00	84,17	18,18	59,15
BGM1024	31	71,24	84,68	18,57	59,17
BGM1179	30	71,28	84,79	18,64	59,19
BGM1521	29	71,42	85,10	18,88	59,21
Preta	28	71,68	85,66	19,30	59,23
BGM1632	27	72,18	86,76	20,13	59,25
BGM0802	26	72,31	87,05	20,35	59,27
BGM1407	25	72,49	87,45	20,65	59,29
BGM0570	24	72,68	87,87	20,97	59,31
BGM0582	23	73,34	89,32	22,06	59,33
BGM1161	22	73,64	89,99	22,57	59,35
BGM0590	21	73,93	90,63	23,05	59,37
BGM0383	20	74,01	90,80	23,18	59,39
BGM1406	19	74,02	90,82	23,20	59,41
BGM0232	18	75,87	94,91	26,28	59,44
BGM0250	17	76,22	95,69	26,87	59,46
BRS Tapioqueira	16	76,54	96,39	27,40	59,49
BGM1483	15	76,55	96,42	27,42	59,51
BGM0576	14	78,00	99,61	29,83	59,54
BGM1311	13	78,37	100,41	30,43	59,57
BGM1484	12	78,86	101,50	31,25	59,60
BGM1400	11	79,67	103,30	32,61	59,63
BGM1636	10	80,42	104,95	33,86	59,66
BGM1485	9	83,79	112,37	39,46	59,69
BGM0384	8	84,21	113,31	40,16	59,73
BGM0376	7	85,09	115,25	41,63	59,76
BGM0554	6	90,07	126,22	49,91	59,81
BGM0574	5	90,15	126,40	50,05	59,85
BGM0093	4	91,93	130,32	53,00	59,90
Amarela	3	93,77	134,38	56,07	59,95
BGM0049	2	106,25	161,90	76,84	60,01
BGM1282	1	106,53	162,54	77,32	60,08