

UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MATO GROSSO
“CARLOS ALBERTO REYES MALDONADO”
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE
PLANTAS

GIOVANA CUCHI

Manihot esculenta Crantz: ESTUDO CIENCIOMÉTRICO E
DIVERSIDADE GENÉTICA UTILIZANDO MARCADORES
MICROSSATÉLITES

ALTA FLORESTA
MATO GROSSO - BRASIL
FEVEREIRO – 2025

GIOVANA CUCHI

Manihot esculenta Crantz: **ESTUDO CIENCIOMÉTRICO E
DIVERSIDADE GENÉTICA UTILIZANDO MARCADORES
MICROSSATÉLITES**

Dissertação apresentada à Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado”, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Ana Aparecida Bandini Rossi.

**ALTA FLORESTA
MATO GROSSO - BRASIL
FEVEREIRO - 2025**

Ficha catalográfica elaborada pela Supervisão de Bibliotecas da UNEMAT Catalogação de Publicação na Fonte. UNEMAT -
Unidade padrão

C963m Cuchi, Giovana.

Manihot esculenta Crantz: estudo cienciométrico e diversidade genética utilizando marcadores microsatélites / Giovana Cuchi. - Alta Floresta, 2025.
66f.: il.

Universidade do Estado de Mato Grosso "Carlos Alberto Reyes Maldonado", Genética e Melhoramento de Plantas/CAC-PGMP - Alta Floresta - Mestrado Academico, Campus Universitário De Cáceres "Jane Vanini".

Orientador: Rossi, Ana Aparecida Bandini.

1. Indicadores científicos. 2. Mandioca. 3. SSR. I. Rossi, Ana Aparecida Bandini. II. Título.

UNEMAT / MTSCB

CDU 633.493

ATA DA BANCA EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE MESTRADO DA PÓS-GRADUANDA GIOVANA CUCHI

As sete e meia horas do dia vinte e cinco de fevereiro de dois mil e vinte e cinco a Banca Examinadora de Dissertação de Mestrado em epígrafe, composta pelas Professoras Doutoras: **Ana Aparecida Bandini Rossi, Magali Gonçalves Garcia, Kelli Évelin Müller Zortéa e Eliane Cristina Moreno de Pedri**, sendo a primeira orientadora e presidente da banca. A sessão foi aberta pela presidente que apresentou os membros da banca examinadora, passando em seguida a palavra à candidata para que apresentasse seu trabalho, intitulado “*Manihot esculenta* Crantz: estudo cienciométrico e diversidade genética utilizando marcadores microssatélites”. Terminada a exposição, a candidata foi arguida pelos membros da Banca, que na sequência procederam ao julgamento, sendo, no final, a pós-graduanda Giovana Cuchi, candidata ao Título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, considerada aprovada. Para a conclusão do curso e obtenção do título de Mestre, a pós-graduanda deverá atender às demais exigências do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Este resultado deverá ser homologado pelo conselho do programa. Nada mais havendo a tratar, para constar, foi lavrada a presente Ata, que após lida vai assinada pelos membros da Banca Examinadora.

Alta Floresta-MT, aos vinte e cinco dias de fevereiro de dois mil e vinte e cinco.

Documento assinado digitalmente



ANA APARECIDA BANDINI ROSSI
Data: 27/02/2025 13:34:17-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a. Dr^a. Ana Aparecida Bandini Rossi
Orientadora – UNEMAT - Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos
Alberto Reyes Maldonado

Documento assinado digitalmente



MAGALI GONCALVES GARCIA
Data: 26/02/2025 16:46:48-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a. Dr^a. Magali Gonçalves Garcia UFPA – Universidade Federal do Pará

Documento assinado digitalmente



KELLI EVELIN MULLER ZORTEA
Data: 26/02/2025 20:11:19-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a. Dr^a. Kelli Évelin Müller Zortéa
UNEMAT- Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes
Maldonado

Documento assinado digitalmente



ELIANE CRISTINA MORENO DE PEDRI
Data: 26/02/2025 23:20:03-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof^a. Dr^a. Eliane Cristina Moreno de Pedri
UNEMAT- Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes
Maldonado

Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas
Av Santos Dumont, s/n- Jardim Universitário– Cáceres-MT CEP: 78.211-260
Unidade Cidade Universitária Telefone (65) 3221-1335
Internet: www.unemat.br/prppg/pgmp – Email: posgraduacao.cac@unemat.br

DEDICATÓRIA

Dedico à minha família. Aos meus pais Elenir e Tarcisio, pelo apoio incondicional em todas as etapas até aqui concluídas. À minha irmã Nathalia, pelo carinho em me escutar quando precisei. E ao meu marido Iury, pela confiança e incentivo, que foram essenciais em todos os momentos.

AGRADECIMENTOS

Á Deus, por me sustentar durante todo o caminho trilhado, me dando forças e determinação.

Á minha família, meu alicerce e porto seguro para toda a vida.

Aos meus colegas de turma, que fizeram nossa trajetória mais leve.

Á equipe do laboratório GenBioMol, pela colaboração.

Á minha orientadora, professora Ana Rossi, por todos os ensinamentos e oportunidades oferecidas.

Á Eliane, por me instruir e acompanhar diariamente.

Aos meus professores do PGMP, pela dedicação em ensinar e encorajar.

Á UNEMAT, CAPES e CNPq, pela oportunidade e apoio financeiro oferecido durante todo o curso.

BIOGRAFIA

Giovana Cuchi, filha de Elenir Ribeiro Cuchi e Tarcisio Cuchi. Nascida em 26 de março de 1999 no município de Tapurah – Mato Grosso, Brasil. Ingressou no curso de graduação em Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas na Universidade do Estado de Mato Grosso “Carlos Alberto Reyes Maldonado” - UNEMAT, *campus* de Alta Floresta no ano de 2017. Em 2023, graduou-se e deu início ao curso de Pós-Graduação *Stricto Sensu* no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, na linha de pesquisa em Biotecnologia e Recursos Genéticos Vegetais, também pela UNEMAT, *campus* de Alta Floresta, com previsão para finalização em 2025.

SUMÁRIO

RESUMO.....	xiii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. A espécie <i>Manihot esculenta</i> Crantz.....	3
2.2. Centro de origem e produção atual.....	4
2.3. Circulação de manivas, conservação <i>on farm</i> e variabilidade genética.....	4
2.4. Marcadores microssatélites	5
2.5. Cienciometria e Indicadores Cienciométricos	6
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	7
4. CAPÍTULOS	13
4.1. Capítulo 1 Análise cenciométrica do uso de marcadores moleculares para a espécie <i>Manihot esculenta</i> Crantz	13
Resumo.....	13
Abstract.....	14
Introdução	15
Material e métodos.....	16
Coleta e filtragem dos dados	16
Análise os dados	17
Resultados e discussão	17
Conclusões	27
Referências Bibliográficas.....	27
4.2. Capítulo 2 Diversidade genética de variedades locais de mandioca com uso de marcadores microssatélites	31
Resumo.....	31
Abstract.....	32
Introdução	33
Material e métodos.....	34
Coleta do material foliar e área de amostragem	34
Extração de DNA vegetal.....	37
Amplificações utilizando marcadores microssatélites	38
Análise de dados	41
Resultados e discussão	41
Conclusões	46
Referências bibliográficas	46
5. CONCLUSÕES GERAIS.....	50

LISTA DE TABELAS

Capítulo I

Tabela 1. Finalidades das publicações analisadas publicadas entre 1998-2023.....	22
--	----

Capítulo II

Tabela 1. Identificação das variedades locais de mandioca coletadas e seus respectivos locais de coleta.....35

Tabela 2. Características dos oito *primers* microssatélites utilizados para o estudo da diversidade genética de *Manihot esculenta*.....39

Tabela 3. Índices de diversidade genética por marcador microssatélite [Número de alelos (N_a); Heterozigosidade esperada (H_e); Heterozigosidade observada (H_o); coeficiente de endogamia ou índice de fixação (f) e Conteúdo de informação polimórfica (PIC)] 42

LISTA DE FIGURAS

Capítulo I

Figura 1. Variação temporal do número de publicações científicas entre os anos de 1998-2023	19
Figura 2. Nuvem de palavras das 50 palavras-chave dos autores mais frequentes .	20
Figura 3. Variação no número de publicações científicas de 5 marcadores moleculares entre os anos de 1998-2023.....	21
Figura 4. Percentual de publicações por tipo de finalidade das publicações em que foram utilizados marcadores SSR e/ou SNP. *Finalidades que foram citadas em apenas um artigo cada.....	23
Figura 5. As quatro instituições mais relevantes quanto a produção científica.....	24
Figura 6. Produção por país do autor correspondente entre os anos de 1998 e 2023, considerando publicações de um único país (SCP: <i>Single Country Publications</i>) e de múltiplos países (MCP: <i>Multiple Country Publications</i>)	25
Figura 7. Quantidade de publicações por tipo de variedade de mandioca estudada.....	26

Capítulo II

Figura 1. Localidade de coleta do material foliar das variedades locais de mandioca.....35

Figura 2. Processo de extração de DNA total de folhas de mandioca utilizando o método do detergente CTAB. A) folha de mandioca fresca; B) folhas trituradas em nitrogênio líquido com auxílio de pistilo e almofariz de porcelana; C) amostras agitadas em vórtex após adição de CTAB 3%, PVP 1% e β -mercaptoetanol 2%; D) amostras com precipitação da fase sólida e fase aquosa superior após microcentrifugação; E) sobrenadante coletado para a adição de isopropanol; F) *pellet* formado após purificação das amostras.....37

Figura 3. DNA total de folhas de mandioca de indivíduos coletados na Comunidade Santa Isabel em Nova Monte Verde, MT após padronização. M=Marcador DNA λ 100 ng μL^{-1} 38

Figura 4. Amplificação de fragmentos de DNA (268-314 pb) de 10 variedades locais de mandioca utilizando o *primer* microssatélite SSRY08 comparado com marcador de DNA Ladder de 50 pb (M).....40

Figura 5. Agrupamento hierárquico (UPGMA) das 50 variedades locais de mandioca coletadas em seis municípios do norte do estado de Mato Grosso. *Origem das variedades por cores*: Nova Monte Verde (•); Paranaíta (•); Alta Floresta (•); Carlinda (•); Sinop (•) e Cláudia (•) 43

Figura 6. Dispersão gráfica baseada na análise das coordenadas principais das 50 variedades locais de mandioca cultivadas no estado de Mato Grosso 44

Figura 7. Análise bayesiana das 50 variedades de mandioca considerando o melhor $K=4$ para representar os dados. Os números entre parênteses são as localidades de coleta das variedades, sendo: (1) Nova Monte Verde; (2) Paranaíta; (3) Alta floresta; (4) Carlinda; (5) Sinop; (6) Cláudia 45

LISTA DE ABREVIATURAS

CEPTAM Centro de Pesquisa e Tecnologia da Amazônia Meridional

CTAB *Cationic Hexadecyltrimethyl Ammonium Bromide*

dDNTP *Deoxynucleotide Triphosphates*

DNA *Deoxyribonucleic acid*

EMBRAPA Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

HCN Ácido cianídrico

IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

KCl Cloreto de Potássio

MgCl₂ Cloreto de Magnésio

PCR *Polymerase Chain Reaction*

PVP Polivinilpirrolidona

SSR *Simple Sequence Repeats*

UNEMAT Universidade do Estado de Mato Grosso

LISTA DE SIGLAS

°C graus Celsius
β beta
λ lambda
μg micrograma
μL microlitro
μM micromolar
mM milimolar
g grama
h hora
Mg magnésio
mg miligrama
mL mililitro
mm milímetro
ng nanograma
nm nanômetro
pb pares de base
pH potencial de hidrogênio
rpm rotação por minuto
U unidades
V volts

RESUMO

CUCHI, Giovana; M. Sc. Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, março de 2025. *Manihot esculenta* Crantz: estudo cienciométrico e diversidade genética utilizando marcadores microssatélites. Orientadora: Prof^a. Dr^a. Ana Aparecida Bandini Rossi.

A mandioca é uma planta da família Euphorbiaceae com ampla distribuição no Brasil e no mundo. O cultivo tradicional da mandioca no Brasil está intimamente ligado aos aspectos culturais além dos econômicos. A análise da produção científica é essencial no auxílio para tomada de decisões, assim como a avaliação da diversidade genética é de muita importância para programas de conservação e melhoramento genético. Portanto, este trabalho objetiva analisar cienciometricamente a utilização de marcadores moleculares em estudos com a espécie ao longo dos anos de 1998 a 2023, além de identificar e avaliar a diversidade genética de variedades locais de mandioca utilizando marcadores moleculares microssatélites. Para a análise cienciométrica, foram utilizadas as bases Web of Science e Scopus na coleta de dados. Os dados foram filtrados e organizados para a análise das variáveis com o pacote Bibliometrix no Rstudio. Para a análise da diversidade genética, folhas de 50 variedades locais de mandioca cultivadas em seis municípios do norte de Mato Grosso foram coletadas e utilizadas para a extração de DNA. Posterior o DNA extraído foi submetido à amplificação via PCR com a utilização de oito marcadores moleculares microssatélites. Os resultados da análise cienciométrica indicaram que o ano de 2011 foi o mais produtivo, alcançando 11% da produção total, e que 2012 marca uma queda persistente no número de publicações até 2023. Os microssatélites e SNPs são os marcadores mais utilizados nas pesquisas e visam principalmente, identificar a diversidade genética e mapear o genoma da espécie. Dentre os países que mais publicam nesta temática, o Brasil se destaca dentre os demais, além de sediar a EMBRAPA, instituição mais produtiva mundialmente. As variedades de mandioca mais estudadas são as melhoradas, sendo a TMS30572 a mais significativa. A variedade não melhorada mais utilizada é a “Amarela”. Quanto à análise molecular utilizando os *primers* SSR, os índices de diversidade indicaram a presença de variabilidade genética. Os resultados dos testes de agrupamentos permitiram identificar que as variedades provenientes do mesmo local são mais próximas geneticamente. Isso mostra que apesar do método de produção por estaquia, a troca de manivas entre produtores vizinhos e o manejo do produtor influenciaram no aumento da diversidade genética das variedades. Esses resultados demonstram a importância da utilização dos marcadores moleculares no estudo e conservação de variedades locais de mandioca, além da importância dos produtores que fazem a manutenção da diversidade genética da espécie.

Palavras-chave: Indicadores científicos, Mandioca, SSR.

ABSTRACT

CUCHI, Giovana; M. Sc. Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, March 2025. *Manihot esculenta* Crantz: scientometric study and genetic diversity using microsatellite markers. Advisor: Prof. Dr. Ana Aparecida Bandini Rossi.

Cassava is a plant of the Euphorbiaceae family with wide distribution in Brazil and worldwide. Traditional cassava cultivation in Brazil is closely linked to cultural aspects in addition to economic ones. The analysis of scientific production is essential to aid decision-making, just as the assessment of genetic diversity is of great importance for conservation and genetic improvement programs. Therefore, this work aims to scientometrically analyze the use of molecular markers in studies with the species over the years from 1998 to 2023, in addition to identifying and evaluating the genetic diversity of local cassava varieties using microsatellite molecular markers. For the scientometric analysis, the Web of Science and Scopus databases were used to collect data. The data were filtered and organized for analysis of variables using the Bibliometrix package in Rstudio. For the analysis of genetic diversity, leaves of 50 local cassava varieties grown in six municipalities in northern Mato Grosso were collected and used for DNA extraction. The extracted DNA was then subjected to PCR amplification using eight microsatellite molecular markers. The results of the scientometric analysis indicated that 2011 was the most productive year, reaching 11% of total production, and that 2012 marks a persistent decline in the number of publications until 2023. Microsatellites and SNPs are the most widely used markers in research and are mainly aimed at identifying genetic diversity and mapping the genome of the species. Among the countries that publish the most on this topic, Brazil stands out among the others, in addition to being home to EMBRAPA, the most productive institution in the world. The most studied cassava varieties are the improved ones, with TMS30572 being the most significant. The most widely used unimproved variety is "Amarela". Regarding the molecular analysis using SSR primers, the diversity indices indicated the presence of genetic variability. The results of the cluster tests allowed us to identify that the varieties originating from the same location are genetically closer. This shows that despite the production method by cuttings, the exchange of cuttings between neighboring producers and the producer's management influenced the increase in the genetic diversity of the varieties. These results demonstrate the importance of using molecular markers in the study and conservation of local cassava varieties, in addition to the importance of producers who maintain the genetic diversity of the species.

Keywords: Scientific indicators, Cassava, SSR.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A espécie *Manihot esculenta* Crantz (mandioca, macaxeira e/ou aipim), faz parte da grande família de plantas Euphorbiaceae. Tendo o Brasil como centro de origem (Pereira et al., 2010), *M. esculenta* é uma espécie de grande interesse mundial. Dentre as características que despertam interesse, destacam-se a existência de diversas variedades nativas que servem como fonte de genes de interesse. A realização de pesquisas em recursos genéticos vegetais são a base para a produção de variedades melhoradas (Pereira et al., 2010) que amplificam qualidades já apresentadas pela mandioca, como a adaptação a diferentes condições edafoclimáticas (Pedri et al., 2019), a alta produtividade (Somavilla et al., 2022), resistência a pragas (Soro et al., 2021) e o baixo risco de perdas na colheita (SEAPA, 2020).

A produção mundial de raízes frescas de mandioca foi de 330,408,753.77 toneladas no ano de 2022 (FAO, 2022), o que destaca a grande importância socioeconômica da espécie. Devido a necessidade de manter essa produção, uma quantidade extensa de pesquisas é realizada e depositada nos bancos de dados científicos todos os anos. Com o avanço das tecnologias de estudo das espécies vegetais, há a necessidade de criar um panorama da pesquisa científica. Uma área que visa esse objetivo é a cienciometria.

A cienciometria (ou cientometria) visa uma análise detalhada das produções científicas. Por vezes a bibliometria e a cienciometria podem ser consideradas erroneamente como iguais, mas “a primeira focaliza a produção, disseminação e uso da informação, enquanto a cienciometria se concentra nas atividades que geram, propagam e utilizam a informação” (Camargo e Barbosa, 2018, p.113). A esse tipo de estudo são aplicados também métodos matemáticos e análise estatística para a investigação das características da produção científica (Spinak, 1998). Para construir as análises são utilizados indicadores científicos *input* (insumos) e *output* (resultados/produtos).

Os indicadores cienciométricos permitem medir a produtividade científica e tecnológica, o uso e qualidade dos documentos, analisar as redes sociais colaborativas e investigar as relações entre temas (Maricato e Noronha, 2012). Esse

ramo da ciência possibilita a análise da produção de uma região ou instituição, contribuindo na escolha de novas investigações (Parra et al., 2019).

Uma característica abordada nas pesquisas com mandioca é a diversidade intraespecífica existente. Dentre as ferramentas de pesquisa para estudos com *M. esculenta*, os marcadores moleculares são muito utilizados na exploração do genoma da espécie, e até então, não existem trabalhos publicados que visem analisar cientimetricamente a produção científica nesta temática.

Para conceituar os marcadores moleculares, Fonseca e Bointeux (2021, p.131) sugerem que os mesmos “são fragmentos de DNA (genes ou regiões não codantes) que são ligados ou codificam uma característica a ser estudada, sinalizando a presença/ausência do gene alvo na planta sob análise”.

O mais popular entre os marcadores é o microssatélite ou SSR (*Simple Sequence Repeats*), esse tipo de marcador é de caráter codominante, multialélico, fácil de isolar e de alta reprodutibilidade (Turchetto-Zolet et al., 2017). Um microssatélite consiste em pequenas sequências de nucleotídeos que se repetem uma após a outra e estão distribuídas ao acaso no genoma de todos os organismos (Faleiro, 2007; Ramalho et al., 2012).

O primeiro registro do uso de microssatélites no estudo da *Manihot esculenta* foi em 1998, quando Chavarriaga-Aguirre et al. (1998) utilizou tais marcadores em uma avaliação da diversidade genética e redundância em coleções de núcleos de mandioca, desde então esses e outros marcadores vêm sendo aperfeiçoados e contribuem para o avanço dos estudos genéticos.

Considerando a importância de explorar a diversidade genética da mandioca e, então, promover a conservação da mesma, objetivou-se neste estudo analisar cientimetricamente a utilização de marcadores moleculares em estudos com *Manihot esculenta* Crantz ao longo dos últimos 25 anos e estimar a diversidade genética entre variedades locais de mandioca com marcadores moleculares microssatélites.

Este trabalho foi organizado em dois capítulos. O capítulo I trata da análise cientimétrica do uso de marcadores moleculares nos estudos da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). E o capítulo II, trata da análise da diversidade genética entre variedades locais de mandioca através da utilização de marcadores microssatélites.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A espécie *Manihot esculenta* Crantz

A espécie *Manihot esculenta*, também conhecida como mandioca, macaxeira ou aipim, a depender da região brasileira de cultivo, é uma espécie pertencente à família Euphorbiaceae (Cordeiro et al., 2015), uma das maiores e mais diversas famílias de angiospermas (Flora e Funga do Brasil, 2023). O gênero *Manihot* abriga cerca de 80% das espécies nativas do Brasil, sendo elas árvores, arvoretas, arbustos, subarbustos ou lianas que são identificáveis pela presença de ácido cianídrico (HCN) nos tecidos vegetativos, sendo que uma característica marcante do gênero é o odor típico da substância exalado pelas plantas, o que facilita a identificação das mesmas em campo (Martins et al., 2024).

A mandioca é considerada um arbusto que pode apresentar entre um e seis metros de altura, é caracterizada pelo caule ereto e liso com presença de nós intumescidos e látex branco, as folhas são pecioladas, não peltadas, com três a sete lobos elípticos, lanceolados e ovados, inflorescências em panículas com flores unissexuadas no mesmo indivíduo, sendo que as estaminadas estão distribuídas ao longo da inflorescência e as pistiladas ocupam a porção basal, e a porção de maior interesse são as raízes tuberosas (Fernandes e Lopes, 2022; Martins et al., 2024), muito apreciadas na culinária.

A propagação da mandioca é realizada de forma vegetativa por meio de ramas (manivas), ainda assim, a planta mantém sua reprodução sexuada ativa, e é classificada como monoica e alógama (Silva et al., 2001; Nolasco, 2011). A *Manihot esculenta* também é retratada na literatura como uma espécie protogínica, já que as flores femininas amadurecem e abrem antes das masculinas (Nolasco, 2011). Essas características podem explicar as altas taxas de heterozigosidade observadas por Barbiero (2018), Carrasco et al. (2016) e Costa (2019) em estudo de diversidade genética com a espécie. Em contrapartida, também há registros bibliográficos de ocorrências de apomixia (Freitas, 2014), mecanismo muito importante para o melhoramento genético, visto que a formação de sementes sem a ocorrência da fertilização, preserva as características da mãe na prole, assim, essa particularidade pode ser utilizada para a fixação de genótipos superiores (Silva et al., 2001; Bessalok

et al., 2014).

2.2. Centro de origem e produção atual

Apesar de ter sido motivo de divisão de opinião entre pesquisadores no passado, hoje sabe-se que a mandioca é de origem americana (Candolle, 2011; Cândido, 1953) e que o centro de origem é o brasileiro-paraguaio (Pereira, Silva, Pereira, 2010). Acredita-se que a domesticação da mandioca também tenha ocorrido no Brasil, mais especificamente na Amazônia, devido à alta diversidade genética da espécie em regiões habitadas por povos nativos (Clement et al., 2010). A mandioca já era cultivada pelos povos originários amazônicos muito antes da colonização do país (Siviero et al., 2019), e esses mantinham o costume, que permanece até os dias de hoje, de nomear as variedades cultivadas por eles (Candolle, 2011). Além do Brasil, acredita-se que a mandioca teve seu cultivo expandido para o Paraguai, Bolívia, Peru e a Guiana, e pode ter chegado aos povos originários mesoamericanos (Hue, 2008; Apolinário, 2019).

Atualmente, a mandioca é cultivada em vários países do mundo e em todas as regiões brasileiras, principalmente nos sistemas de agricultura familiar. Segundo o prognóstico agropecuário de 2021/2022 da DERAL (2021), a mandioca é cultivada em mais de 100 países, e os três maiores produtores mundiais são países do continente africano, sendo eles, a Nigéria, a República Democrática do Congo e Gana. Segundo dados da FAO (2025), em 2023 o Brasil produziu 18.514.317 toneladas de mandioca, ficando na quinta posição entre os dez países mais produtivos. Dentre os estados brasileiros o Pará é o maior produtor nacional atualmente, com produção de 3.992.172 toneladas, já o estado de Mato Grosso produziu 212.705 toneladas até fevereiro de 2025 (IBGE, 2025).

2.3. Circulação de manivas, conservação *on farm* e variabilidade genética

O cultivo da mandioca é realizado, principalmente, por produtores rurais que adotam o sistema de circulação de manivas (Emperaire e Peroni, 2007), uma prática cultural herdada dos povos originários (Oliveira, 2017; França, 2022) e que se mantém em todo o país. Essa prática consiste na troca de manivas de mandioca entre os produtores rurais, sejam eles vizinhos, parentes e amigos próximos ou distantes. As

variedades mantidas nas roças são escolhidas através de seleção feita pelo próprio agricultor, considerando, segundo Nascimento et al. (2020), fatores como maior produção e polpa das raízes de melhor qualidade, além de outras características que forem de interesse do produtor.

A prática de cultivo adotada pelos produtores de mandioca, pode ser considerada um método de conservação *in situ on farm*. As roças costumam apresentar mais de um tipo de variedade de mandioca, sendo que a origem das manivas nem sempre é da mesma propriedade. A circulação de manivas faz com que seja possível diversificar a cultura mesmo em um sistema de propagação vegetativa.

Dessa forma os recursos genéticos utilizados pelos agricultores são mantidos e, conseqüentemente, conservados em seus locais de origem (Moura et al., 2010), já que a seleção de manivas é feita pelas qualidades identificadas em cada variedade. As roças cultivadas pelos produtores tradicionais mantêm um grande acervo da diversidade da mandioca que permite o prosseguimento da evolução da espécie (Rondon, 2022) e previnem a erosão genética.

Segundo Nascimento et al. (2020), a erosão genética ameaça diversos cultivos devido a atual situação de expansão das fronteiras agrícolas, desmatamento desenfreado, estresses bióticos e abióticos e em menor impacto, pela substituição das variedades tradicionais por variedades melhoradas. Considerando os riscos atuais aos recursos genéticos e sua importância, estes devem ser explorados, visando avaliar a variabilidade existente dentro da espécie.

A variabilidade genética pode ser conceituada como capacidade de uma espécie, população ou progênie de expressar diferentes fenótipos e pode ser estimada através do estudo da diversidade genética, buscando a presença de polimorfismos entre variedades de uma população (Ramalho et al., 2012). O estudo da diversidade genética é fundamental nos programas de melhoramento, visando o apoio na conservação de espécies importantes como a da mandioca (Gomes et al., 2020).

2.4. Marcadores microsatélites

A caracterização da diversidade genética de uma população pode ser classificada, segundo Rodrigues et al. (2010), a depender do tipo de descritor utilizado,

sendo ela morfológica, agronômica, citológica, bioquímica ou molecular. A caracterização da diversidade genética utilizando marcadores moleculares contribuem com a determinação mais precisa e facilitada da variação genética, por não sofrer influência ambiental (Rodrigues et al., 2010).

Dentre os marcadores moleculares existentes, os microssatélites ou *Simple Sequence Repeat* (SSR) têm sido os mais utilizados em estudos com *M. esculenta*. Esses marcadores são sequências repetitivas presentes no DNA genômico de todos os organismos, flanqueadas por sequências altamente conservadas (Ramalho et al., 2012). Marcadores SSR são considerados muito eficientes, por serem abundantes no genoma, codominantes (permitindo a diferenciação entre *loci* heterozigóticos de homozigóticos), multialélicos e por apresentarem maiores padrões de variabilidade alélica (Turchetto-Zolet et al., 2017).

Trabalhos atuais com a mandioca vêm mostrando como os marcadores SSR podem ser utilizados na caracterização genética da espécie. O trabalho de Moura et al. (2016), abrangeu 39 variedades de mandioca dos bancos de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental e Ocidental em Belém (PA) e Manaus (AM). Já Tiago et al. (2020) e Rondon et al. (2023), utilizaram 29 amostras cada, sendo variedades dos municípios de Alta Floresta e Cuiabá no estado de Mato Grosso. Tais trabalhos comprovam a presença de diversidade genética entre e dentro os agrupamentos das variedades analisadas através do uso de SSRs, além de indicar a presença de duplicatas que comprova a troca de manivas entre produtores próximos e a ocorrência de mutações genéticas favoráveis para o melhoramento da mandioca.

2.5. Cienciometria e Indicadores Cienciométricos

A cienciometria é um campo de estudo relativamente recente, acredita-se que os primeiros passos para sua criação tenham sido por volta de 1930, através da necessidade de uma área dedicada apenas a análise da produção dos estudos científicos e organização dos mesmos (Maricato e Noronha, 2012). Alguns conceitos podem ser atribuídos a cienciometria, porém o mais utilizado é o definido por Tague-Sutcliffe (1992, p.1), sendo: “o estudo dos aspectos quantitativos da ciência enquanto uma disciplina ou atividade econômica”.

Com o avanço da ciência no século XX a quantidade de publicações

científicas também aumentou, tornando a tarefa de lidar com todas as informações muito complexa, havendo então a necessidade de incorporar análises bibliométricas aliadas à matemática e estatística para estabelecer índices do avanço científico das áreas ou disciplinas de interesse (Camargo e Barbosa, 2018). Além disso, para realizar a avaliação do avanço das produções científicas e seus demais aspectos, a criação de indicadores cientiométricos é essencial.

Os indicadores cientiométricos são, segundo Parra et al. (2019), os elementos e quesitos que norteiam a investigação cientiométrica. Segundo Camargo e Barbosa (2018) os indicadores podem ser, indicadores de atividade (Número de publicações, citações, autores, instituições, países, revistas, etc.) e indicadores de relação de primeira (Análise de colaboração científica/coautoria e análise de cocitação) e de segunda geração (análise de coocorrência de palavras, centralidade e densidade dos temas e análise de sobreposição de palavras). É importante que na criação dos indicadores sejam levadas em consideração a qualidade e a relevância dos indicadores escolhidos para assegurar assim, a confiabilidade e utilidade dos dados.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

APOLINÁRIO, J. R. Sabores, saberes e o “pão dos trópicos”: contatos interétnicos entre indígenas e colonizadores a partir da circulação e uso da mandioca. **Patrimônio e Memória**, 15: 28-46, 2019.

AYACHE, G. E.; PEDRINHO, D. R.; REIS NETO, J. F. Descrição das condições socioeconômicas e processo de produção da farinha de mandioca da Colônia do Pulador, Anastácio, MS. **Uniciências**, 25: 2, 70-76, 2021. DOI: 10.17921/1415-5141.2021v25n2p70-76

AZEVEDO, J. M. A.; AZÊVEDO, H. S. F. S.; CAMPOS, T.; ENES, T. C. P. Indicação geográfica da farinha de Cruzeiro do Sul: prospecção da diversidade de mandioca com uso de marcadores moleculares. **Cadernos de Prospecção**, 16: 4, 1375-1390, 2023.

BAPTISTA, M. N.; CAMPOS, D. C. **Metodologias Pesquisa em Ciências - Análise Quantitativa e Qualitativa**, 2ª edição, Grupo GEN, 2016.

BARBIERO, N. Z. **Variabilidade genética de genótipos de mandioca no Estado do Espírito Santo**. Alegre, ES: Universidade Federal do Espírito Santo, 2018. 78p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento).

BESPALHOK, J. C. F.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Sistemas reprodutivos de plantas cultivadas. In: BESPALHOK, J. C. F.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Curitiba: UFPR, 2007. p.21-28. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%204.pdf>>. Acesso em: 06 jun. 2023.

CAMARGO, L. S.; BARBOSA, R. R. Bibliometria, cienciometria e um possível caminho para a construção de indicadores e mapas da produção científica. **PontodeAcesso**, 12: 3, 109-125, 2018.

CÂNDIDO, A. Carlos Borges Schmidt: A mandioca. Contribuição para o conhecimento de sua origem. **Revista de Antropologia**, 1: 2, 157-157, 1953.

CANDOLLE, A. Plants cultivated for their subterranean parts, such as roots, tubercles, or bulbs. In CANDOLLE, A. **The Origin of Cultivated Plants**. Cambridge: Cambridge University Press, 2011, p. 29-82. DOI:10.1017/CBO9781139107365.004

CARRASCO, N. F.; OLER, J. R. L.; MARCHETTI, F. F.; CARNIELLO, M. A.; AMOROZO, M. C. M.; VALLE, T. L.; VEASEY, E. A. Growing cassava (*Manihot esculenta*) in Mato Grosso, Brazil: genetic diversity conservation in small-scale agriculture. **Economic Botany**, 70: 15-28, 2016. DOI: 10.1007/s12231-016-9331-5

CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P.; MAYA, M. M.; TOHME, J.; DUQUE, M. C.; IGLESIAS, C.; BONIERBALE, M. W.; KRESOVICH, S.; KOCHERT, G. Using microsatellites, isozymes and AFLPs to evaluate genetic diversity and redundancy in the cassava core collection and to assess the usefulness of DNA-based markers to maintain germplasm collections. **Molecular Breeding**, 5, 263-273, 1998.

CLEMENT, C. R.; CRISTO-ARAÚJO, M.; COPPENS D'EECKENBRUGGE, G.; ALVES PEREIRA, A.; PICANÇO-RODRIGUES, D. Origin and domestication of native Amazonian crops. **Diversity**, 2: 72-106, 2010.

CORDEIRO, I.; SECCO, R.; SILVA, M. J.; SODRÉ, R. C.; MARTINS, M. L. L. **Manihot in Lista de Espécies da Flora do Brasil**. 2015. Disponível em: <<http://floradobrasil2015.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB17600>>. Acesso em: 05 jun. 2023.

CORRÊA, F. V.; PIRES, J. O. M. Uma breve revisão da história, dos desafios e da resiliência da economia indígena na Amazônia. In: Encontro Nacional da Associação Nacional de Pós-Graduação e Pesquisa em Planejamento Urbano e Regional, 20., 2023, Belém. **Anais...** Belém: XX ENA, 2023. Sessão temática 13. Disponível em: <<https://anpur.org.br/wp-content/uploads/2023/11/st13-27.pdf>>. Acesso em: 08 mar. 2024.

COSTA, N. A. **Caracterização molecular de *Manihot esculenta* Crantz do Acre usando marcadores microssatélites**. Rio Branco: Universidade Federal do Acre, 2019. 53p. (Dissertação – Mestrado em Ciência e Inovação Tecnológica).

DERAL. **Prognóstico agropecuário mandioca 2021-2022**. 2021. 13p. Disponível em:

<https://www.agricultura.pr.gov.br/sites/default/arquivos_restritos/files/documento/2022-01/vol_13_n_34_2021_prognostico_agropecuário_mandioca_0.pdf>. Acesso em: 05 jun. 2023.

EMPERAIRE, L.; PERONI, N. Traditional management of agrobiodiversity in Brazil: a case study of manioc. **Human Ecology**, 35: 6, 761-768, 2007.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 102p.

FAO. 2022. **Crops and livestock products**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>>. Acesso em: 29 de ago. 2024.

FAO. 2025. **Production Indices**. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QI>>. Acesso em: 13 mar. 2024.

FERNANDES, J. M.; LOPES, C. R. A. S. Euforbiáceas proibidas na composição de produtos tradicionais fitoterápicos no Brasil. **Revista da Saúde da AJES**, 8: 15, 31-44, 2022.

FONSECA, M. E. N; BOITEUX, L. S. Biotecnologia no melhoramento genético de plantas para resistência a patógenos: exemplos da aplicação de sistemas de seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) no tomateiro. In: RIOS, J. A.; ALMEIDA, L. C.; SOUZA, E. B. **Resistência de plantas a patógenos**. 1 ed. Recife, PE: Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2021. 121-167p.

FRANÇA, L. Redes de circulação entre manivas e mulheres nos rios da bacia do Rio Negro. In: VIII ReACT-Reunião de Antropologia da Ciência e Tecnologia, 2022. **Anais...** São Carlos: UFSCar, 2022, p. 448-465

FREITAS, D. Y. H. **Citoquimeras e poliploides totais em *Manihot esculenta* (mandioca): citogenética, anatomia e ontogenia do saco embrionário**. Brasília: Universidade de Brasília, 2014. 104p. (Tese – Doutorado em Botânica).

FREITAS FILHO, W. F.; FARIAS JÚNIOR, J. A.; QUINTEIRO, M. E. M. Cultura indígena Jenipapo-Kanindé: o caso da mandioca. **Revista Interdisciplinar em Educação e Territorialidade–RIET**, 3: 1, 193-211, 2023.

GOMES, D. A.; AMARAL, L. S.; FERREIRA, D. S. A.; MOREIRA, G. R.; GOMES-SILVA, F.; COSTA, M. L. L.; PIMENTEL, P. G. Caracterização de genótipos de mandioca por técnicas multivariadas. **Research, Society and Development**, 9: 7 e252974181-e252974181, 2020.

GONÇALVES, T. M. **Caracterização, divergência genética e estrutura populacional de cultivares tradicionais de mandioca-de-mesa coletadas na Região Sul de Minas Gerais**. Iguatu: Quipá Editora, 2021. 143 p.

HUE, S. **Delícias do descobrimento: a gastronomia brasileira no século XVI**. Rio de Janeiro: Zahar, 2008. 208p.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA.

Levantamento Sistemático de Produção Agrícola (SIDRA), 2025. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618#resultado>>. Acesso em: 15 mar. 2025.

LOPES, R. J. **1499: o Brasil antes de Cabral**. HarperCollins Brasil, 2017.

MARICATO, J. M.; NORONHA, D. P. Indicadores bibliométricos e cientométricos em CT&I: apontamentos históricos, metodológicos e tendências de aplicação. In: HAYASHI, M. C. P. I.; LETA, J. (Org.). **Bibliometria e Cientometria: reflexões teóricas e interfaces**. São Carlos: Pedro & João, 2012, p. 21-41.

MARMEY, P.; BEECHING, J. R.; HAMON, S.; CHARRIER, A. Evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collections using RAPD markers. **Euphytica**, 74: 203-209, 1994.

MARTINS, M.L.L.; ORLANDINI, P.; Mendoza F., J.M.; Silveira, T.C. **Manihot in Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro**. Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB17591>>. Acesso em: 21 fev. 2024

MOURA, E. F.; SOUSA, N. R.; MOURA, M. F.; DIAS, M. C.; SOUZA, E. D.; FARIAS NETO, J. T.; SAMPAIO, J. E. Molecular characterization of accessions of a rare genetic resource: sugary cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from Brazilian Amazon. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 63: 583-593, 2016. DOI: 10.1007/s10722-016-0378-z

MOURA, M. C. C. L.; VALOIS, A. C. C.; VEIGA, R. F. A.; BRITO, A. C. Conservação *in situ*: cenário nacional e manejo. In: PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Arca, 2010. p. 17-58.

NASCIMENTO, A. M.; GUIMARAES, J. G.; LOURENÇO, J. N. P.; RAMOS, S. L. F.; LOURENÇO, F. S. Variedades tradicionais de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), na região do Rio Arari em Itacoatiara-AM. In: XI Congresso Brasileiro de Agroecologia, 2020. **Anais...** São Cristóvão: Cadernos de Agroecologia, 2020.

NOLASCO, C. A. **Caracterização citogenética e morfológica de híbridos de mandioca (*Manihot esculenta*)**. Vitória da Conquista: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2011. 46p. (Dissertação - Mestrado em Agronomia).

OLER, J. R. L.; AMOROZO, M. C. D. M. Etnobotânica e conservação on farm de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala no Estado de Mato Grosso, Brasil. **Interações**, 18: 137-153, 2017.

OLIVEIRA, A. R. Redes de manivas: circulação de conhecimentos nas práticas indígenas de manejo agrícola na fronteira Brasil-Guiana. In: VI ReACT-Reunião de Antropologia da Ciência e Tecnologia, São Paulo, SP. 2017. **Anais...** São Paulo: USP, 2017, p. 1-23.

PARRA, M. R.; COUTINHO, R. X.; PESSANO, E. F. C. Um breve olhar sobre a cienciometria: origem, evolução, tendências e sua contribuição para o ensino de ciências. **Revista Contexto & Educação**, 34: 107, 126-141, 2019.

PEDRI, E. C. M.; Hoogerheide, E. S. S.; Tiago, A. V.; CARDOSO, E. D. S.; Pinto, J. M. A.; Santos, L. L.; Yamashita, O.M.; Rossi, A. A. B. Genetic diversity of cassava landraces cultivated in northern Mato Grosso State, Brazil, using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, 18: gmr18315, 2019. DOI: 10.4238/gmr18315

PEREIRA, M. G.; FILHO DA SILVA, F.; PEREIRA, T. N. S. Recursos Genéticos Vegetais e o Melhoramento de Plantas. In: PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: Conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Arca, 2010. p. 141-176.

PEREIRA, M. G.; FILHO DA SILVA, F.; PEREIRA, T. N. S. Recursos Genéticos Vegetais e o Melhoramento de Plantas. In: PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: Conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Arca, 2010. p. 141-176.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. S.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. S.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Revisada. Lavras: Editora UFLA, 2012. 565p.

RODRIGUES, R.; BENTO, C. S.; SILVA, M. G. M.; SUDRÉ, C. P. **Atividades de caracterização e avaliação em bancos de germoplasma**. In: PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Arca, 2010. p. 115-140.

RONDON, M. J. P. **Conservação on farm da mandioca, Cuiabá, Mato Grosso: aspectos etnobotânicos e diversidade genética**. Sinop: Universidade do Estado de Mato Grosso, 2022. 34p. (Dissertação – Mestrado em Melhoramento de Plantas).

RONDON, M. J. P.; TIAGO, A. V.; HOOGERHEIDE, E. S. S. On-farm conservation of cassava in Cuiabá, Mato Grosso state, Brazil: ethnobotanical aspects and genetic diversity. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, 53: e73659, 2023.

SEAPA. **Guia prático para cultivo de mandioca**. 2020. 8p. Disponível em: <<https://www.agricultura.go.gov.br/files/Cartilhas/CARTILHACULTIVODEMANDIOC A.pdf>>. Acesso em: 05 jun. 2023.

SOMAVILLA, A.; MASSEM, D. S.; FRONZA, R. T. L.; MEDEIROS, V. V.; MICHELON, C. J.; JUNGES, E.; DEON, B. C. Produtividade de mandioca sob adubação orgânica em diferentes locais de cultivo. **Brazilian Journal of Development**, 8: 11644-11654, 2022. DOI:10.34117/bjdv8n2-212

Euphorbiaceae in Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB113>>. Acesso em: 20 mar. 2024

SILVA, R. M. D.; BANDEL, G.; FARALDO, M. I. F.; MARTINS, P. S. Biologia reprodutiva de etnovariedades de mandioca. **Scientia Agricola**, 58: 101-107, 2001.

SIVIERO, A.; LESSA, L. S.; SANTOS, R. C. Variedades de mandioca do Acre. In: SIVIERO, A.; SANTOS, R. C. D.; MATTAR, E. P. L. **Conservação e tecnologias para o desenvolvimento agrícola e florestal do Acre**. Rio Branco: IFAC, 2019. p.519-566. Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1120468>>. Acesso em: 06 jun. 2023.

SORO, M.; SOMÉ, K.; TIENDRÉBÉOGO, F.; PITA, J. S.; ROMBA, R.; NÉYA, B. J.; KONÉ, D. Evaluation of Ten Cassava Varieties for Resistance to Cassava Mosaic Disease in Burkina Faso. **Univers. J. Agric. Res**, 9: 266-276, 2021.

SPINAK, E. Indicadores cienciométricos. **Ciência da informação**, 27: 141-148, 1998.

TAGUE-SUTCLIFFE, J. An introduction to informetrics. **Information processing & management**, 28: 1-3, 1992.

TIAGO, A. V.; ROSSI, A.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F.; ROCHA, V. D.; LIMA, J.; SOUZA, S. Estrutura genética de mandiocas cultivadas na amazônia norte mato-grossense. In: OLIVEIRA JUNIOR, J. M. B.; CALVÃO, L. B. **Ciências biológicas: campo promissor em pesquisa 3**. Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2020. 169-179p.

TURCHETTO-ZOLET, A. C. T.; C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. 181 p.

4. CAPÍTULOS

4.1. CAPÍTULO 1

ANÁLISE CENCIOMÉTRICA DO USO DE MARCADORES MOLECULARES PARA A ESPÉCIE *Manihot esculenta* CRANTZ

RESUMO

Marcadores moleculares são marcações ao longo do DNA utilizadas para identificação de diferenças genéticas entre indivíduos. Desde a década de 80 uma ampla variedade de marcadores moleculares passou a ser desenvolvida e utilizada, permitindo o avanço nos estudos de aspectos moleculares de espécies vegetais, dentre elas a *Manihot esculenta* Crantz, ou mandioca. Considerando que o gênero *Manihot* vem sendo alvo de estudos com marcadores moleculares desde o início dos anos 90 e o cultivo de *Manihot esculenta* é amplamente difundido pelo mundo, sendo um alimento muito consumido, é importante analisar os progressos e lacunas dos estudos moleculares com a espécie. Uma das formas de realizar essa análise é por meio de estudos cienciométricos, técnica que visa avaliar as atividades que geram, propagam e utilizam a informação científica. Portanto, o objetivo deste trabalho é identificar por meio da análise cienciométrica, a utilização de marcadores moleculares no estudo da espécie *Manihot esculenta* ao longo dos últimos 25 anos de pesquisa. Para a realização do levantamento bibliográfico foram utilizadas as bases de dados Scopus e Web of Science. Após refinamento e coleta dos indicadores cienciométricos, os dados foram analisados estatisticamente através dos pacotes Bibliometrix e Biblioshiny no Rstudio. Constatou-se então que no período de 1998 a 2023 foram publicados 157 artigos, e que 2011 marca o ano de maior quantidade de publicações seguido de uma baixa que persiste até 2023. As palavras-chave do autor indicam que a maioria dos estudos tratam-se da análise de diversidade genética. Os marcadores moleculares mais utilizados nos estudos com a mandioca ao longo dos 25 anos foram os SSRs e SNPs e ao analisar as finalidades dos artigos que fizeram uso desses marcadores, a diversidade genética e o mapeamento genético são as de maior destaque. Quanto à produção por instituição científica, a EMBRAPA é a que mais colabora, com 39 publicações, apesar de o Brasil, assim como a maioria dos países mais produtivos terem poucas colaborações internacionais, o que indica uma lacuna a ser explorada. Finalmente sobre as variedades estudadas foi identificado que a maioria dos trabalhos visa a análise de variedades melhoradas, já as variedades não melhoradas compreendem apenas 23% dos trabalhos. Essa escassez de trabalhos indica uma lacuna a ser preenchida, visto a importância que as variedades locais de mandioca representam para o melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Bibliometrix; Ciencimetria; Mandioca; Marcadores genéticos.

SCENCIOMETRIC ANALYSIS OF THE USE OF MOLECULAR MARKERS FOR THE SPECIES *Manihot esculenta* CRANTZ

ABSTRACT

Molecular markers are DNA markers used to identify genetic differences between individuals. Since the 1980s, a wide variety of molecular markers have been developed and used, allowing advances in studies of molecular aspects of plant species, including *Manihot esculenta* Crantz, or cassava. Considering that the *Manihot* genus has been the target of studies with molecular markers since the early 1990s and that the cultivation of *Manihot esculenta* is widespread throughout the world, being a widely consumed food, it is important to analyze the progress and gaps in molecular studies with the species. One way to perform this analysis is through scientometric studies, a technique that aims to evaluate the activities that generate, propagate and use scientific information. Therefore, the objective of this work is to identify, through scientometric analysis, the use of molecular markers in the study of the *Manihot esculenta* species over the last 25 years of research. To carry out the bibliographic survey, the Scopus and Web of Science databases were used. After refining and collecting the scientometric indicators, the data were statistically analyzed using the Bibliometrix and Biblioshiny packages in Rstudio. It was then found that in the period from 1998 to 2023, 157 articles were published, and that 2011 marks the year with the highest number of publications, followed by a decline that persists until 2023. The author's keywords indicate that most studies deal with the analysis of genetic diversity. The molecular markers most used in cassava studies over the 25 years were SSRs and SNPs, and when analyzing the purposes of the articles that used these markers, genetic diversity and genetic mapping are the most prominent. As for production by scientific institution, EMBRAPA is the one that collaborates the most, with 39 publications, although Brazil, like most of the most productive countries, has few international collaborations, which indicates a gap to be explored. Finally, regarding the varieties studied, it was identified that most of the studies aimed to analyze improved varieties, while unimproved varieties comprised only 23% of the studies. This scarcity of studies indicates a gap that needs to be filled, given the importance that local cassava varieties represent for the improvement of the species.

Keywords: Bibliometrix; Scientometrics; Cassava; Genetic markers.

INTRODUÇÃO

Marcadores moleculares são marcações ao longo do DNA (Destro e Montalván, 1999) que podem ser utilizadas para identificação de diferenças genéticas entre indivíduos (Borém e Miranda, 2013). São marcadores utilizados em estudos de mapeamento genético, teste de paternidade, fluxo gênico, diversidade genética, seleção assistida, dentre outros que compreendem as subáreas da genética vegetal (Ramalho et al., 2012).

Dentre as vantagens da utilização dos marcadores moleculares, destacam-se o alto número de polimorfismo obtido, a não influência do ambiente sob os genótipos identificados e a possibilidade de obtenção de dados a partir de amostras em qualquer estágio de desenvolvimento (Brammer, 2000; Faleiro, 2011).

Desde a década de 80 uma infinidade de marcadores foi desenvolvida, desencadeando uma crescente utilização dos marcadores moleculares em pesquisas com diferentes espécies (Ramalho et al., 2012; Turchetto-Zolet et al., 2017). Dentre a diversidade de espécies vegetais estudadas, a *Manihot esculenta* Crantz., popularmente conhecida como mandioca, vem sendo amplamente explorada na genética molecular por meio dos marcadores moleculares, considerando sua importância cultural, social e, principalmente, comercial.

O primeiro registro científico do uso de marcadores moleculares para estudos com o gênero *Manihot*, data o ano de 1993, no trabalho de diversidade genética de Marmey et al. (1994) que utilizou marcadores do tipo RAPD e RFLP (Gonçalves, 2021). Desde então muitos outros trabalhos tendo a *M. esculenta* como objeto de estudo, têm sido realizados com o auxílio de uma variedade de marcadores moleculares.

Levando em conta o tempo decorrido desde o surgimento dos marcadores moleculares e os primeiros estudos com o gênero *Manihot*, existe a necessidade de agrupar e analisar a produção científica até o momento. Nesse contexto, a cienciometria pode servir como ferramenta de estudo sobre as tendências de publicações científicas de uma área ao longo dos anos (Spinak, 1998).

A cienciometria faz parte das diferentes técnicas e métodos quantitativos de análise da informação. Esse método surgiu na Rússia em 1979 com a utilização do

termo “*naukometriya*”, mas só se difundiu em outros países por volta da década de 80 como cientometria (Maricato e Noronha, 2013). A cienciometria pode ser também chamada de “a ciência da ciência”, e conceitua-se como: “o estudo quantitativo das comunicações científicas, que aplica a bibliometria à literatura científica” (Börner et al., 2003, p. 5).

Apesar de estarem interligadas, a bibliometria busca avaliar a produção científica e a cienciometria avalia as atividades que geram, propagam e utilizam a informação científica (Camargo e Barbosa, 2018). Desta forma, a cienciometria pode ser utilizada como ferramenta que permite visualizar o desenvolvimento da pesquisa científica com passar do tempo, além de identificar as relações entre os pesquisadores.

Assim, objetivou-se neste estudo identificar por meio da análise cienciométrica, a tendência temporal da utilização de marcadores moleculares no estudo da espécie *Manihot esculenta* ao longo dos últimos 25 anos de pesquisa.

MATERIAL E MÉTODOS

Coleta e filtragem dos dados

Os dados bibliográficos das publicações científicas foram obtidos por meio das bases de dados Scopus® e Web of Science™. As pesquisas bibliográficas foram realizadas utilizando as seguintes palavras-chave e operadores *booleanos*: “*Manihot esculenta*” AND “Molecular Markers”, contemplando apenas os campos de título, resumo e palavras-chave. Foi utilizado também um filtro para selecionar apenas trabalhos em formato de artigo que tenham sido publicados entre os anos de 1998 a 2023.

Os dados obtidos foram importados para os softwares Mendeley Reference Manager® (versão 2.122.0) e Rstudio® [versão 2023.9.1 (R Core Team, 2019)]. Nessa etapa foi realizada a mesclagem dos dados das duas bases em um só arquivo. No Rstudio® os arquivos foram convertidos para .xlsx com o pacote ‘xlsx’ [versão 0.6.5 (Dragulescu; Arendt, 2022)] para só então serem unidos com a opção “mesclar coleções” no aplicativo Biblioshiny® (Aria; Cuccurullo, 2017), do pacote Bibliometrix® [versão 4.3.0 (Aria; Cuccurullo, 2017)]. Após, o arquivo com os dados totais foi salvo

como cópia e acessado através do software Microsoft® Excel® (Versão 2108).

A identificação de duplicatas e leitura dos artigos foi feita no Mendeley®, para isso os dados também foram mesclados em uma mesma coleção dentro do programa. Todas as exclusões feitas no Mendeley® foram aplicadas ao arquivo cópia importado do Biblioshiny®. O padrão de exclusão de dados estabelecido foi de desconsiderar trabalhos não relacionados à utilização de marcadores moleculares, ou ainda, em que o uso dos marcadores não fosse destinado a pesquisas com o material genético da mandioca.

Através da leitura dos trabalhos foram obtidos os seguintes indicadores cienciométricos: 1) Nome das variedades de mandioca; 2) Tipo de variedade: local ou melhorada; 3) Tipo de marcador molecular utilizado e 4) Finalidade do trabalho. Já com a utilização da análise no Biblioshiny®, os indicadores obtidos foram: 5) Produção científica anual; 6) Palavras-chave dos autores; 7) Instituições mais produtivas e 8) Produção por país do autor correspondente.

Análise dos dados

Após a filtragem dos dados e a aplicação das alterações no arquivo cópia, o mesmo foi visualizado com o Biblioshiny®, dessa vez através da opção 'importar ou carregar arquivos bibliometrix'. Nessa fase foi realizada a análise dos indicadores científicos e confecção de figuras e tabelas informativas.

Para a análise dos indicadores cienciométricos obtidos manualmente, foi aplicada estatística descritiva no Excel®, com base na frequência relativa simples para identificar os tipos e variedades de mandioca mais utilizadas nos estudos, quais os tipos de marcadores mais utilizados e para que finalidades. Após, figuras ilustrativas foram confeccionadas com os resultados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A busca realizada na base de dados Scopus® resultou em 164 publicações e na Web of Science™ 145 publicações, totalizando 309 resultados. Após a filtragem

dos dados foram excluídos da pesquisa 172 artigos identificados como repetidos e/ou que não se encaixavam nos padrões da pesquisa, resultando em um total de 157 artigos restantes.

Constatou-se então após análise dos dados, que no período entre 1998 a 2023 foram publicados 157 artigos em que se utilizou marcadores moleculares para estudos com a espécie *Manihot esculenta*. Nos 25 anos de pesquisa analisados (Figura 1) o ano de 2011 foi o de maior número de publicações, sendo publicados 17 artigos sobre o tema em questão que equivalem a 11% da produção total. A partir de 2012 houve uma grande queda no número de publicações que persiste (mesmo que com algumas poucas publicações feitas nesse período) até 2023, ano em que foi publicado apenas um artigo científico.

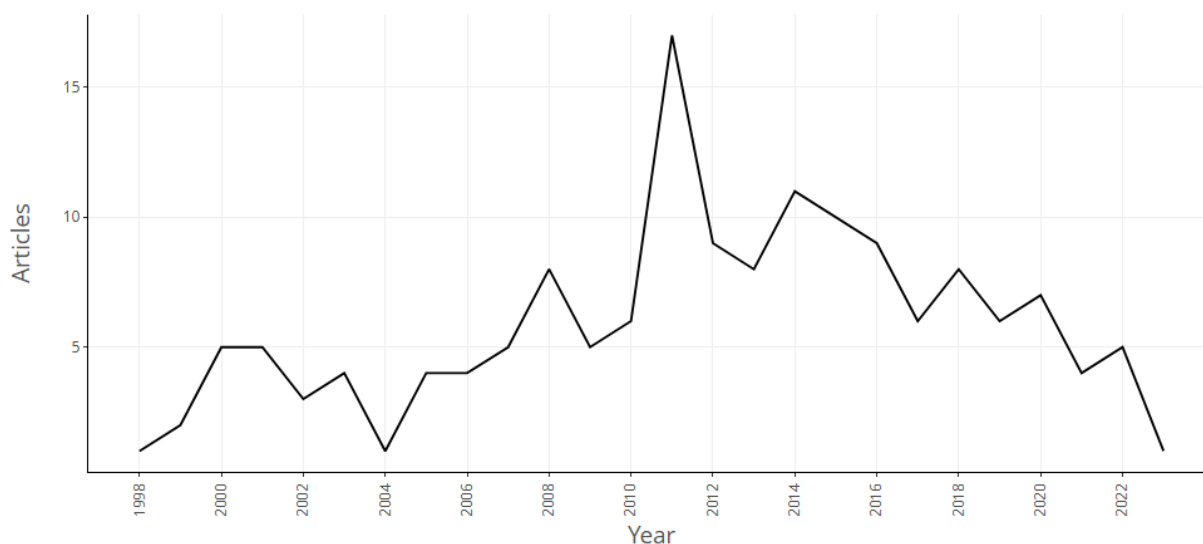


Figura 1. Variação temporal do número de publicações científicas entre os anos de 1998-2023.

Um indicador interessante são as palavras-chave utilizadas pelos autores, que podem ser classificadas também como indicadores de coocorrência. As palavras-chave são elementos essenciais em qualquer artigo e sua função principal é a representação do conteúdo do texto. Com esses indicadores foi possível elaborar uma nuvem de palavras (Figura 2) com 50 das 334 identificadas.

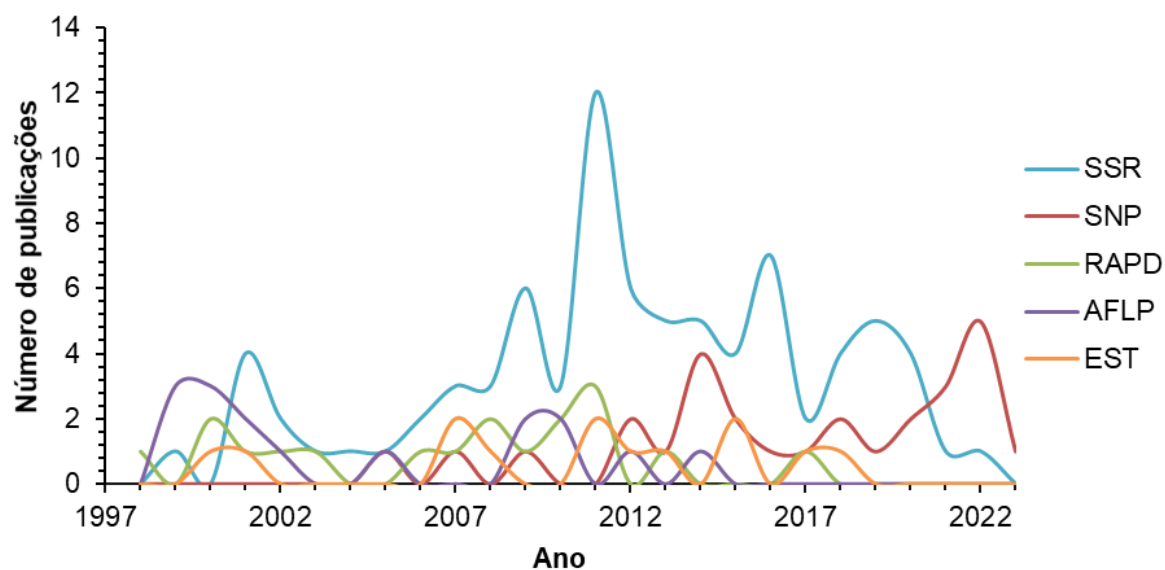


Figura 3. Variação no número de publicações científicas de 5 marcadores moleculares entre os anos de 1998-2023.

O marcador do tipo SSR (*Simple Sequence Repeats*), ou microssatélite, foi o mais utilizado a partir de 2001, compreendendo ao todo 83 publicações que tiveram a maior alta no ano de 2011. Esses marcadores foram desenhados em 1998 (Chavarriaga-Aguirre et al., 1998), e após somente dois anos tornou-se o mais relevante dentre os demais. Já o segundo marcador mais utilizado e que abrangeu 28 publicações foi o SNP (*Single Nucleotide Polymorphis*), que passou a se destacar no ano de 2012, sendo o ano de 2022 o que teve o maior número de publicações (5) utilizando esse marcador. Os demais marcadores se equiparam no número de publicações em que foram utilizados (18, 16, e 13, respectivamente).

A preferência pela utilização dos marcadores SSR e SNP é bem nítida e se mantém ao longo da maior parte do período analisado (Figura 3). Isso pode ser explicado pelas características e vantagens destes marcadores em comparação com os outros tipos. Ambos os marcadores, SSR e SNP, são baseados em PCR (*Polymerase Chain Reaction*), sendo que a partir do surgimento dessa metodologia esses e outros marcadores foram desenvolvidos em grande quantidade (Borém e Caixeta, 2016), sobrepondo os já existentes. Marcadores SSR e SNP também possuem natureza alélica codominante, permitindo amplificação e diferenciação entre genótipos heterozigotos e homozigotos (Borém e Caixeta, 2016), o que possibilita resultados mais detalhados e precisos.

A preferência pelo uso de SSRs e SNPs não ocorre apenas nas pesquisas com mandioca. As análises cienciométricas de Oliveira et al. (2019) e Kafer et al. (2021), respectivamente, mostram que o uso dos SSRs se destaca para o estudo da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) na linha temporal de 1974 a 2017, já os marcadores SSR e SNP são os mais utilizados nos estudos com feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) desde 1990 a 2020.

Outro ponto que pode estar relacionado com a preferência por um determinado marcador é a finalidade da pesquisa, já que o marcador precisa ser escolhido considerando quais informações se deseja obter para alcançar o objetivo proposto. Dessa forma, a finalidade do trabalho serve como um indicativo da necessidade do uso de um marcador específico. Foram detectadas 62 finalidades para o uso dos marcadores moleculares nos resultados dessa pesquisa, sendo identificadas nove finalidades em pelo menos quatro publicações (Tabela 1). Verificou-se que mais de uma finalidade foi identificada em alguns artigos, por isso calculou-se a frequência relativa do número de artigos em que cada finalidade foi identificada.

Tabela 1. Finalidades das publicações analisadas publicadas entre 1998-2023

Finalidade	Freq. Absoluta (FA)	Freq. Relativa (FR%)
<i>Diversidade genética</i>	52	25
<i>Mapeamento Genético</i>	32	15
<i>Caracterização Molecular</i>	17	8
<i>Resistência Genética</i>	10	5
<i>Variabilidade Genética</i>	10	5
<i>Análise QTL</i>	9	4
<i>Estrutura Populacional</i>	8	4
<i>Mapeamento QTL</i>	6	3
<i>Caracterização Genética</i>	4	2
<i>Outras*</i>	59	29
	207	100

*Finalidades identificadas em apenas um artigo cada

Dentre as 62 finalidades detectadas, duas delas se destacam como parte do objetivo na maioria das publicações. A *Diversidade genética* foi a finalidade identificada mais vezes, em 52 publicações (25% dos artigos), seguida de *Mapeamento Genético*, identificada em 32 publicações (15% dos artigos).

Ao relacionar as finalidades de cada artigo com o tipo de marcador utilizado

(Figura 4), verificou-se que a maioria das publicações que utilizam os marcadores SSR e/ou SNP visam identificar a *Diversidade genética* (31% das publicações) e realizar o *Mapeamento genético* (17% das publicações) de variedades de mandioca.

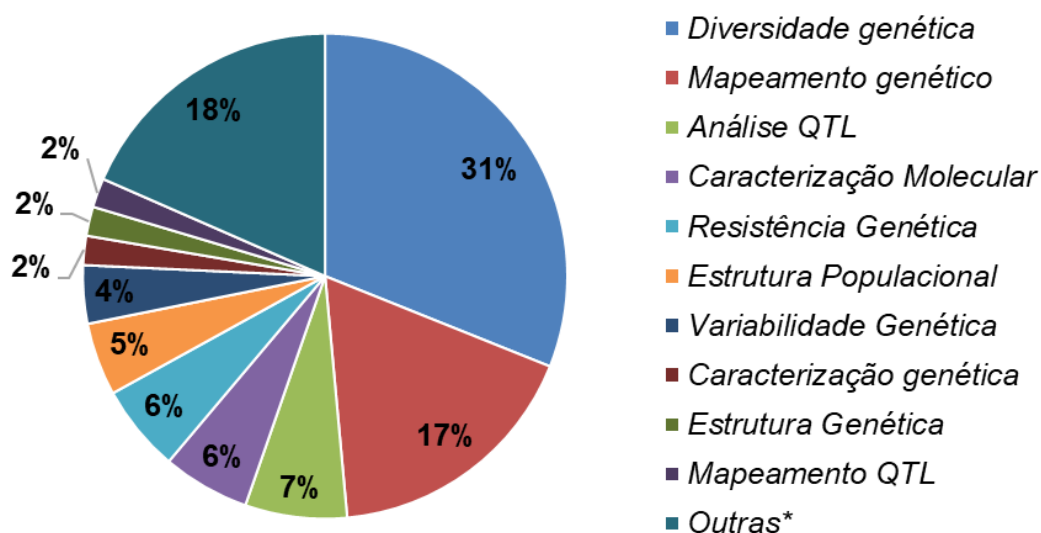


Figura 4. Percentual de publicações por tipo de finalidade das publicações em que foram utilizados marcadores SSR e/ou SNP. *Finalidades que foram citadas em apenas um artigo cada.

Esses resultados podem ser explicados pela existência de grande quantidade de marcadores SSRs e SNPs no genoma de diferentes espécies (Borém e Caixeta, 2016; Turchetto-Zolet et al., 2017), dentre elas a mandioca, dessa forma, tal característica pode facilitar o alcance da análise no genoma, favorecendo a descoberta de polimorfismos e genes de interesse.

Outro indicador ligado à produção científica é a afiliação de cada autor, com ele podemos analisar a produção por instituição científica. Foi dado destaque para as quatro instituições mais produtivas (Figura 5) das 31 identificadas.

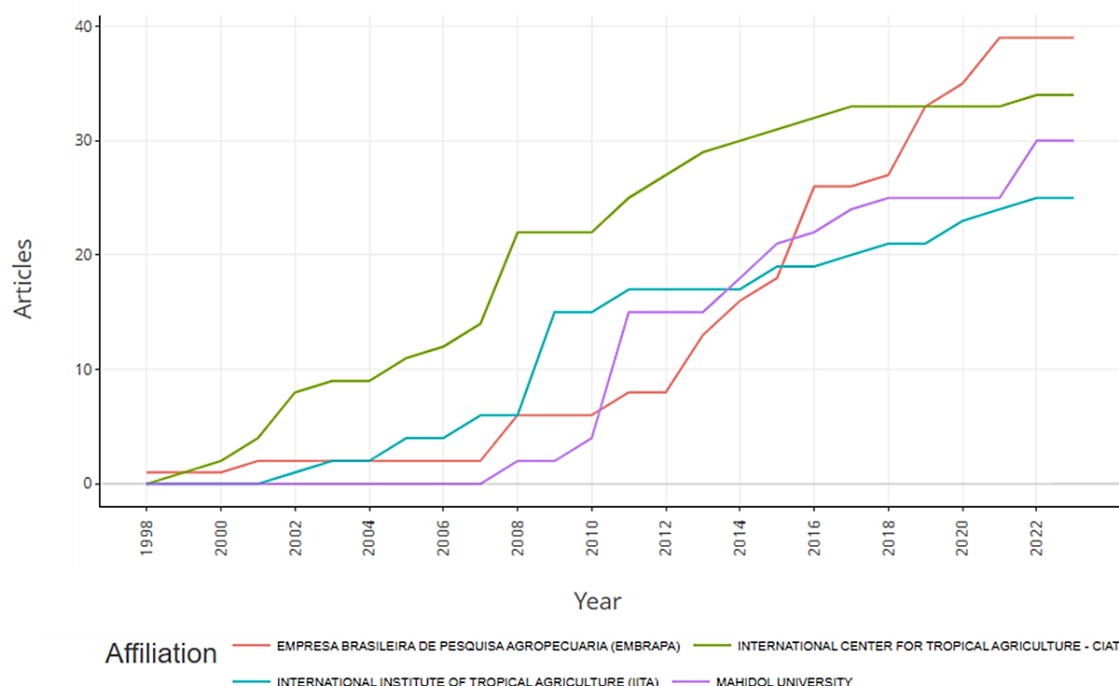


Figura 5. As quatro instituições mais relevantes quanto à produção científica.

Dentre as instituições selecionadas, a Empresa Brasileira de Pesquisa e Agropecuária (EMBRAPA) é a que mais produz material científico utilizando marcadores moleculares com a mandioca, sendo 39 artigos publicados durante todo o período de 1998 a 2023. Sendo a EMBRAPA uma empresa brasileira, seu grande amparo a pesquisa está relacionado a existência de uma unidade que trata especificamente de estudos com mandioca, contribuindo com o lançamento de variedades mais produtivas e resistentes (Embrapa, 2025), além disso, é sediada no centro de domesticação da *M. esculenta* (Crepaldi, 1992) o que contribui para o acesso de recursos nativos. Outra instituição sul-americana que contribuiu com 34 artigos no mesmo período é o Centro Internacional da Agricultura Tropical (CIAT), o mesmo está localizado em Palmira, na Colômbia, é uma instituição que tem a mandioca como uma das espécies alvo de estudos.

Também podemos destacar a Universidade Mahidol que possui 30 artigos publicados e está localizada em Bangkok, Tailândia e o Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA), localizado em Ibadan, Nigéria com 25 publicações. As duas instituições pertencem aos países considerados o maior e o terceiro maior produtor de mandioca em todo o mundo até o ano de 2022 (FAO, 2022). Dessa forma, a alta

produção científica dessas instituições fica clara quando se investiga os países de origem e sua relação com a cultura da mandioca.

Algo em comum é que as instituições citadas são todas financiadas com recursos públicos ou, no caso do IITA, organização sem fins lucrativos. Além disso, também são instituições comprometidas com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS), portanto é possível dizer que seus investimentos e foco estão atrelados e tem contribuído muito para com as pesquisas com mandioca, uma das espécies chave para o combate à fome no mundo.

Além da produção por instituição podemos considerar a produção científica do país do autor correspondente, tanto em publicações feitas apenas em colaboração com instituições nacionais quanto com instituições de outros países (Figura 6). Isso permite analisar como funcionam as relações científicas dentro e entre países.

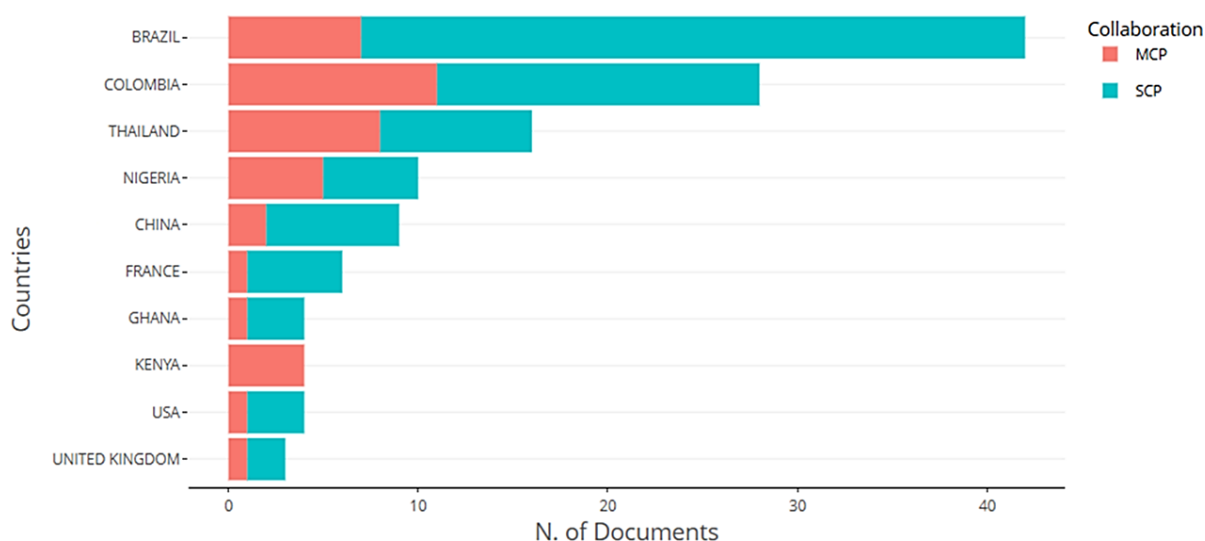


Figura 6. Produção por país do autor correspondente entre os anos de 1998 e 2023, considerando publicações de um único país (SCP: *Single Country Publications*) e de múltiplos países (MCP: *Multiple Country Publications*).

Ao observar o gráfico da figura 5 podemos notar que o Brasil é o país que mais publica na temática estabelecida, sendo que a maioria das publicações possuem colaboração com autores de instituições nacionais (35 artigos) e apenas sete são em colaboração com outros países. Essa característica é mantida na maioria dos países, exceto Tailândia e Nigéria, em que 50% das pesquisas são colaborativas com outros

países, isso também pode ser atribuído ao grande interesse econômico desses países na cultura da mandioca. Já o Kenya possui apenas quatro publicações, mas todas em coautoria com outros países.

Esses resultados indicam que a falta de colaborações científicas entre países é uma lacuna nos estudos moleculares com a mandioca. Por estarem localizados na América do Sul, que é considerada o centro de origem da mandioca (Schaal et al., 1994), países como o Brasil e a Colômbia têm muito a contribuir devido a riqueza genética existente e que pode servir de base para programas de melhoramento da cultura nos trópicos (Fukuda et al., 1999).

Uma informação relevante e que pode direcionar sobre a escolha dos recursos genéticos, são os tipos de variedades de mandioca utilizadas, sendo elas melhoradas ou que não passaram por qualquer técnica de seleção ou melhoria genética (variedades nativas ou locais). Dessa forma, analisando um a um os 141 artigos (dos 157) que continham informações sobre as variedades utilizadas, foi possível verificar que em 81 artigos (57%) os autores optaram por trabalhar apenas com variedades melhoradas sendo o tipo de variedade mais presente na maioria dos trabalhos. Em 32 artigos (23%) foram identificadas apenas variedades não melhoradas, e os outros 28 artigos (20%) apresentaram dados de estudos feitos com ambos os tipos de variedades (Figura 7).

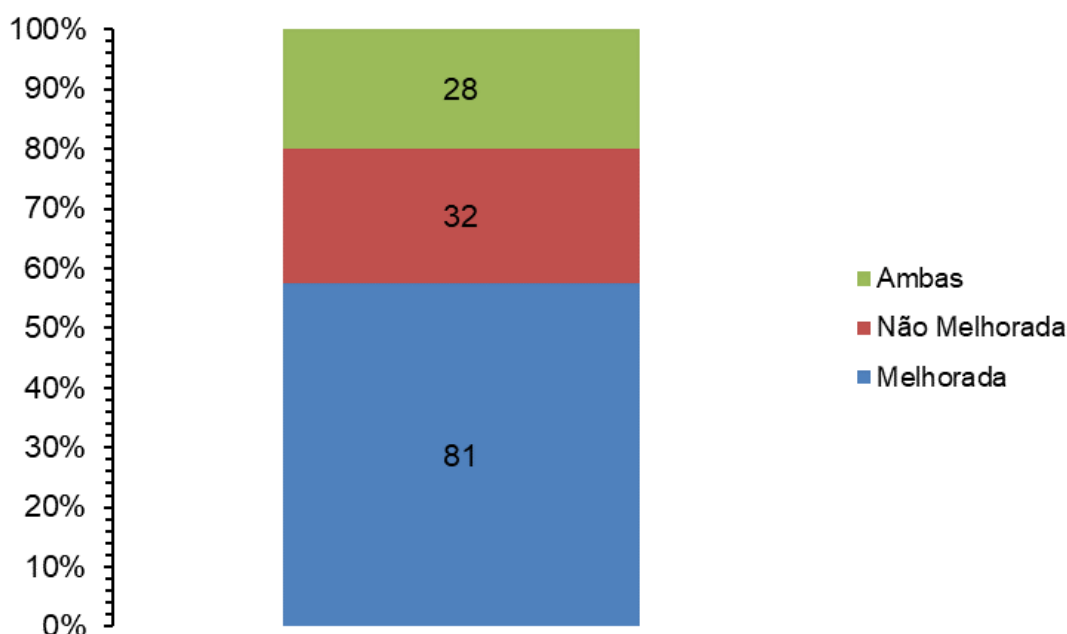


Figura 7. Quantidade de publicações por tipo de variedade de mandioca estudada.

Ao todo 375 variedades melhoradas foram contabilizadas desconsiderando os dados de artigos que utilizaram ambos os tipos de variedades. Assim, as cinco variedades melhoradas mais frequentes nos estudos são: TMS30572, SG107-35, CM2177-2, CM523-7 e IAC12, respectivamente. Quanto às variedades não melhoradas, foram identificadas 564 seguindo o mesmo método de análise das melhoradas, excluindo os dados de artigos com os dois tipos de variedades. As cinco variedades não melhoradas mais utilizadas nos trabalhos foram: *Amarela*, *Branca*, *Amarelinha*, *Água Morna* e *Cacau Amarela*.

De modo geral os estudos com variedades melhoradas buscam realizar o Mapeamento Genético destas, além de alguns trabalhos voltados a Diversidade Genética da espécie. Para as variedades não melhoradas a maioria dos estudos têm sido sobre Diversidade Genética e Estrutura Populacional. Esses resultados indicam outra lacuna nos estudos moleculares com a mandioca. Visto a grande quantidade existente de variedades locais de mandioca e considerando toda a variabilidade genética presente nessas, a quantidade de trabalhos realizados é muito inferior se comparada com o estudo das variedades já melhoradas, o que indica uma evidência da necessidade de mais pesquisas nessa perspectiva.

Quanto aos objetivos dos trabalhos que utilizaram as variedades TMS30572 e *Amarela*, as principais abordagens são o Mapeamento Genético (Suarez et al., 2000; Mba et al., 2001; Mora Moreno et al., 2016) e a Identificação/Detecção de Marcadores (López et al., 2007; Olasanmi et al., 2014) para TMS30572 e Diversidade Genética (Mezette et al., 2013; Pedri et al., 2019; Tiago et al., 2020) e Caracterização Molecular (Moura et al., 2013; Cunha et al., 2016) para *Amarela*, sendo que para a primeira são utilizados para tais fins os marcadores EST, SNP e SSR e para a última os marcadores SSR.

Com as informações obtidas sobre essa temática é possível visualizar o desenvolvimento das pesquisas, principalmente a nível molecular com mandioca, foco deste estudo, que tem contribuído para o avanço no levantamento de dados e na elaboração de estratégias de conservação dos recursos naturais e melhoria genética da espécie.

CONCLUSÕES

Nos últimos 25 anos o uso de marcadores moleculares nos estudos com mandioca alcançou uma produção de 157 artigos, sendo 2011 o ano mais produtivo. Marcadores do tipo SSR e SNP são os mais utilizados, especialmente em análises de diversidade e mapeamento genético. O Brasil é o país mais produtivo, assim como a EMBRAPA é a instituição mais produtiva, entretanto são registradas poucas colaborações científicas entre os países. Quanto às variedades, as não melhoradas são pouco presentes na maioria dos trabalhos, tornando-se uma lacuna nos estudos moleculares com mandioca.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. Bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. **Journal of informetrics**, 11: 4, 959-975, 2017.

BORÉM, A.; CAIXETA E. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2016. 384p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV, 2013.

BÖRNER, K.; CHEN, C.; BOYACK, K. W. Visualizing knowledge domains. In: CRONIN, B. (Ed.), **Annual Review of Information Science & Technology**, Medford, NJ: Information Today, Inc./American Society for Information Science and Technology, 2003. p. 179-255.

BRAMMER, S. P. **Marcadores moleculares: princípios básicos e uso em programas de melhoramento genético vegetal**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2000.12p.

CAMARGO, L. S.; BARBOSA, R. R. Bibliometria, cienciometria e um possível caminho para a construção de indicadores e mapas da produção científica. **PontodeAcesso**, 12: 3,109-125, 2018.

CREPALDI, I. Origem, evolução e geografia da mandioca: uma revisão. **Sitientibus**, 10, 1992.

CUNHA, E. F. M.; SILVA, C. R. D. S; ALBUQUERQUE, P. S. B. D; RAMALHO, G. F; PONTES, L. C. G; FARIAS NETO, J. T. D. Molecular characterization of 'sweet' cassavas (*Manihot esculenta*) from a germplasm bank in Brazilian Eastern Amazonia. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, 16: 28-34, 2016.

DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Ed. UEL, 1999. 818p.

DRAGULESCU, A. A.; ARENDT, C. Read, write, format Excel 2007 and Excel 97/2000/XP/2003 files, 2022. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/xlsx/xlsx.pdf>>. Acesso em: 04 dez. 2024.

EMBRAPA. **Apresentação**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/mandioca-e-fruticultura/apresentacao>>. Acesso em: 21 mar. 2025.

FALEIRO, F. G. Aplicações de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar em programas de conservação, caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético vegetal. In: FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JUNIOR, F. B. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2011. p.55-118.

FAO. FAOSTAT: Countries by commodity, 2022. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity>. Acesso em: 05 dez. 2024.

FUKUDA, W. M. G.; CAVALCANTI, J.; FUKUDA, C.; COSTA, I. R. S. Variabilidade genética e melhoramento da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999.

GONÇALVES, T. M. **Caracterização, divergência genética e estrutura populacional de cultivares tradicionais de mandioca-de-mesa coletadas na Região Sul de Minas Gerais**. Iguatu: Quipá Editora, 2021. 143 p.

KAFER, J. M.; GOBATTO, D. R.; WOYANN, L. G.; CARNEIRO, E.; DA SILVA, G. R.; FINATTO, T. The impact of molecular markers in common bean through a scientometric approach. **Euphytica**, 217: 1-12, 2021.

LÓPEZ, C. E.; QUESADA-OCAMPO, L. M.; BOHÓRQUEZ, A.; DUQUE, M. C.; VARGAS, J.; TOHME, J.; VERDIER, V. Mapping EST-derived SSRs and ESTs involved in resistance to bacterial blight in *Manihot esculenta*. **Genome**, 50: 12, 1078-1088, 2007.

MARICATO, J. M.; NORONHA, D. P. Indicadores bibliométricos e cientométricos em CT&I: apontamentos históricos, metodológicos e tendências de aplicação. In: HAYASHI, M. C. P. I.; LETA, J. (Org.). **Bibliometria e Cientometria: reflexões teóricas e interfaces**. São Carlos: Pedro & João, 2012. p.21-41.

MARMEY, P.; BEECHING, J. R.; HAMON, S.; CHARRIER, A. Evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collections using RAPD markers. **Euphytica**, 74: 203-209, 1994.

MBA, R. E. C.; STEPHENSON, P.; EDWARDS, K.; MELZER, S.; NKUMBIRA, J.; GULLBERG, U.; APEL, K.; GALE, M.; TOHME, J.; FREGENE, M. Simple sequence

repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards an SSR-based molecular genetic map of cassava. **Theoretical and Applied Genetics**, 102: 21-31, 2001.

MEZETTE, T. F.; BLUMER, C. G.; VEASEY, E. A. Morphological and molecular diversity among cassava genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 48: 510-518, 2013.

MORA MORENO, R. E.; SOTO, J. C.; LÓPEZ, C. Identificación de QTLs asociados a caracteres de arquitectura vegetal en yuca (*Manihot esculenta*). **Acta Biológica Colombiana**, 21: 1, 99-109, 2016.

MOURA, E. F.; FARIAS NETO, J. T. D; SAMPAIO, J. E; SILVA, D. T. D; RAMALHO, G. F. Identification of duplicates of cassava accessions sampled on the North Region of Brazil using microsatellite markers. **Acta Amazonica**, 43: 461-467, 2013.

OLASANMI, B.; AKORODA, M. O.; OKOGBENIN, E.; EGESI, C.; KAHYA, S. S.; ONYEGBULE, O.; EWA, F.; GUITIÉRREZ, J.; CEBALLOS H.; TOHME, J.; FREGENE, M. Bulk segregant analysis identifies molecular markers associated with early bulking in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Euphytica**, 195: 235-244, 2014.

OLIVEIRA, I. B.; NUNES, R.; MATTIELLO, L.; BARROS-RIBEIRO, S.; DE SOUZA, I. P.; COELHO, A. S. G.; COLLEVATTI, R. G. Research and partnership in studies of sugarcane using molecular markers: a scientometric approach. **Scientometrics**, 119: 1, 335-355, 2019.

PEDRI, E. C. M.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; TIAGO, A. V.; CARDOSO, E. D. S.; PINTO, J. M. A.; SANTOS, L. L.; YAMASHITA, O. M.; ROSSI, A. A. B. Genetic diversity of cassava landraces cultivated in northern Mato Grosso State, Brazil, using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, 18: 3, gmr18135, 2019.

TIAGO, A. V.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; DOS SANTOS, L. L.; LIMA, J. A.; CARDOSO, E. D. S.; ROVEDA, A. P.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Phenotypic characterization of cassava ethno-varieties in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, 19: 2, gmr18538, 2020.

R CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria, 2023. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 13 mar. 2024.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. S.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. S.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. P. **Genética na Agropecuária**. 5 ed. Revisada. Lavras: Editora UFLA, 2012. 565p.

SCHAAL, B.; OLSON, P.; PRINZIE, T.; CARVALHO, L. J. C. B.; TONUKARI, N. J.; HAYWORTH, D. Phylogenetic analysis of the Genus *Manihot* based on molecular markers. In: **The cassava biotechnology network: proceedings of the second international scientific meeting**. Cali: CIAT, 1995. p.62-70,

SPINAK, E. Indicadores cienciométricos. **Ciência da informação**, 27: 141-148, 1998.

SUAREZ, M. C.; BERNAL, A.; GUTIERREZ, J.; TOHME, J.; FREGENE, M. Developing expressed sequence tags (ESTs) from polymorphic transcript-derived fragments (TDFs) in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Genome**, 43: 1, 62-67, 2000.

TURCHETTO-ZOLET, A. C. T.; C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. 181p.

4.2. CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES LOCAIS DE MANDIOCA COM USO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

RESUMO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), planta nativa do Brasil, possui ampla diversidade genética presente nas diversas variedades locais distribuídas por todo o país. Este estudo teve como objetivo caracterizar a diversidade genética de variedades locais de mandioca cultivadas em municípios do norte de Mato Grosso. Foram coletadas 50 variedades locais de mandioca em seis municípios. As amostras foliares foram processadas pelo método CTAB para extração de DNA e amplificadas via PCR utilizando oito *primers* SSRs. A diversidade genética foi avaliada por estatísticas como heterozigosidade e índice de fixação (f), com análises complementares por UPGMA, PCoA e bayesiana. Os resultados mostram a amplificação de 89 alelos, com média de 11,13 por *primer*. Os índices de heterozigosidade observada ($H_o = 0,630$) foram menores que os esperados ($H_e = 0,890$), sugerindo endogamia leve a moderada (f médio = 0,303). No entanto, a endogamia não comprometeu a variabilidade das variedades e pode estar associada à seleção e troca de manivas realizada por produtores. O PIC médio de 0,880 indicou alta capacidade informativa dos *primers*. A análise UPGMA revelou dois grupos principais, com um grupo exclusivo para variedades de Nova Monte Verde e outro abrangendo as demais 44 variedades, subdividido em subgrupos. A PCoA e a análise bayesiana corroboraram os resultados, mostrando similaridade genética entre variedades de mesma localidade e evidenciando a troca de material genético das plantações. Apesar do método de produção por estaquia, a variabilidade genética foi mantida pelo manejo dos produtores. Os resultados destacam a importância da conservação das variedades locais de mandioca, garantindo a conservação da diversidade genética. Esse monitoramento é essencial para evitar erosão genética e promover a resiliência das plantações frente a desafios ambientais. Além disso, o estudo reforça o papel dos marcadores SSRs como ferramentas eficientes para análise genética em *Manihot esculenta*.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; Polymerase Chain Reaction; SSR; Variabilidade genética.

GENETIC DIVERSITY OF THE LOCAL VARIETIES OF CASSAVA BY MEANS OF MICROSATELLITE MARKERS

ABSTRACT

Cassava (*Manihot esculenta* Crantz), a plant native to Brazil, has broad genetic diversity present in several local varieties distributed throughout the country. This study aimed to characterize the genetic diversity of local cassava varieties cultivated in municipalities in northern Mato Grosso. Fifty local cassava varieties were collected in six municipalities. Leaf samples were processed by the CTAB method for DNA extraction and amplified via PCR using eight SSR primers. Genetic diversity was evaluated by statistics such as heterozygosity and fixation index (θ), with complementary analyses by UPGMA, PCoA and Bayesian. The results show the amplification of 89 alleles, with an average of 11.13 per primer. The observed heterozygosity indices ($H_o = 0.630$) were lower than those expected ($H_e = 0.890$), suggesting mild to moderate inbreeding (mean $\theta = 0.303$). However, inbreeding did not compromise the variability of the varieties and may be associated with the selection and exchange of cuttings carried out by producers. The average PIC of 0.880 indicated high informative capacity of the primers. The UPGMA analysis revealed two main groups, with one group exclusive to varieties from Nova Monte Verde and another group encompassing the other 44 varieties, subdivided into subgroups. PCoA and Bayesian analysis corroborated the results, showing genetic similarity between varieties from the same location and evidencing the exchange of genetic material from the plantations. Despite the production method by cuttings, genetic variability was maintained by the producers' management. The results highlight the importance of conserving local cassava varieties, ensuring the conservation of genetic diversity. This monitoring is essential to avoid genetic erosion and promote the resilience of plantations against environmental challenges. Furthermore, the study reinforces the role of SSR markers as efficient tools for genetic analysis in *Manihot esculenta*.

Keywords: *Manihot esculenta*; Polymerase Chain Reaction; SSR; Genetic variability.

INTRODUÇÃO

A família de plantas Euphorbiaceae inclui um grande número de espécies, dentre elas as que compõem o gênero *Manihot*. Cerca de 80% das espécies do gênero são nativas do Brasil (Martins et al., 2024), um exemplo é a *Manihot esculenta* Crantz., uma planta que tem o Brasil como centro de origem e diversidade genética (Pereira et al., 2010), sendo que a região neotropical brasileira é considerada como possível centro de sua domesticação (Allem, 2002).

No Brasil, a espécie é conhecida por diferentes nomes populares, como mandioca, aipim ou macaxeira. A mandioca é utilizada pelo homem na alimentação, tanto no consumo das raízes *in natura* ou na produção de fécula, amido, farinha, *chips* e massas (Oliveira et al., 2019), além disso também pode ser usada no trato dos animais (Matte et al., 2021; Silva e Silva, 2021; Lederer et al., 2023).

A mandioca é cultivada pelos povos originários brasileiros desde muito antes da colonização do país (Apolinário, 2019), atualmente sua produção é sustentada principalmente por agricultores familiares. Durante esse longo período de cultivo da espécie, houve o surgimento de muitas variedades multiplicadas por estaquia, e trocadas entre os produtores em um sistema denominado por Oler e Amoroza (2017) de “rede de circulação de propágulos”. Essa técnica de propagação funciona como acervo genético *on farm*, por isso é essencial que a diversidade genética dessas variedades seja monitorada.

Uma forma de avaliar a diversidade genética das espécies vegetais é por meio do uso de ferramentas moleculares, como a utilização dos marcadores genéticos. Dentre os marcadores disponíveis se destacam os microssatélites, ou SSRs (*Simple Sequence Repeats*). Os marcadores do tipo microssatélite são amplamente utilizados em estudos de outras espécies vegetais cultivadas como o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e o milho (*Zea mays* L.) (Carloni et al., 2023; Carvalho et al., 2023). Além do uso para análise da diversidade genética, esse tipo de marcador pode ser utilizado em estudos de diferentes finalidades, dentre elas o mapeamento genético da espécie (Hmwe et al., 2022), resistência genética (Soro et al., 2021), análise de QTLs (Tappiban et al., 2018), níveis de endogamia (Oliveira et al., 2018), dentre outras opções.

A escolha por marcadores microssatélites como ferramenta molecular pode

ser explicada pelas vantagens desse tipo de marcador em relação a outros presentes no mercado. Isso se deve a sua alta reprodutibilidade, a não influência do ambiente sob os genótipos identificados e a possibilidade de obtenção de dados a partir de amostras em qualquer estágio de desenvolvimento (Brammer, 2000; Faleiro et al., 2011). Além disso, SSRs possuem expressão alélica codominante, alto desempenho polimórfico, e exigem pouca quantidade de DNA para as análises (Borém e Caixeta, 2016). Um fator que favorece sua utilização para estudos com a mandioca, é que existem *primers* desenvolvidos para tal espécie (Chavarriaga-Aguirre et al., 1998).

Dessa forma, objetiva-se neste estudo caracterizar a diversidade genética de variedades locais de mandioca cultivadas em assentamentos rurais da região norte do Mato Grosso por meio de marcadores microssatélites.

MATERIAL E MÉTODOS

Coleta do material foliar e área de amostragem

As amostras foliares de mandioca utilizadas são provenientes de localidades de coleta que compreendem seis municípios da região norte do estado de Mato Grosso. Dentro de cada município foram selecionadas as áreas rurais para realizar a coleta, sendo em: Nova Monte Verde (NMV) as Comunidades Santa Isabel e Santa Terezinha 2; Paranaíta (PTA), Assentamento São Pedro; Alta Floresta (AFL), Assentamento Jacaminho e Vila Rural; Carlinda (CRL), Assentamento São Paulo; Sinop (SNP), Assentamento São Judas Tadeu e Gleba Mercedes e em Cláudia (CLD), Assentamento 12 de outubro (Figura 1).

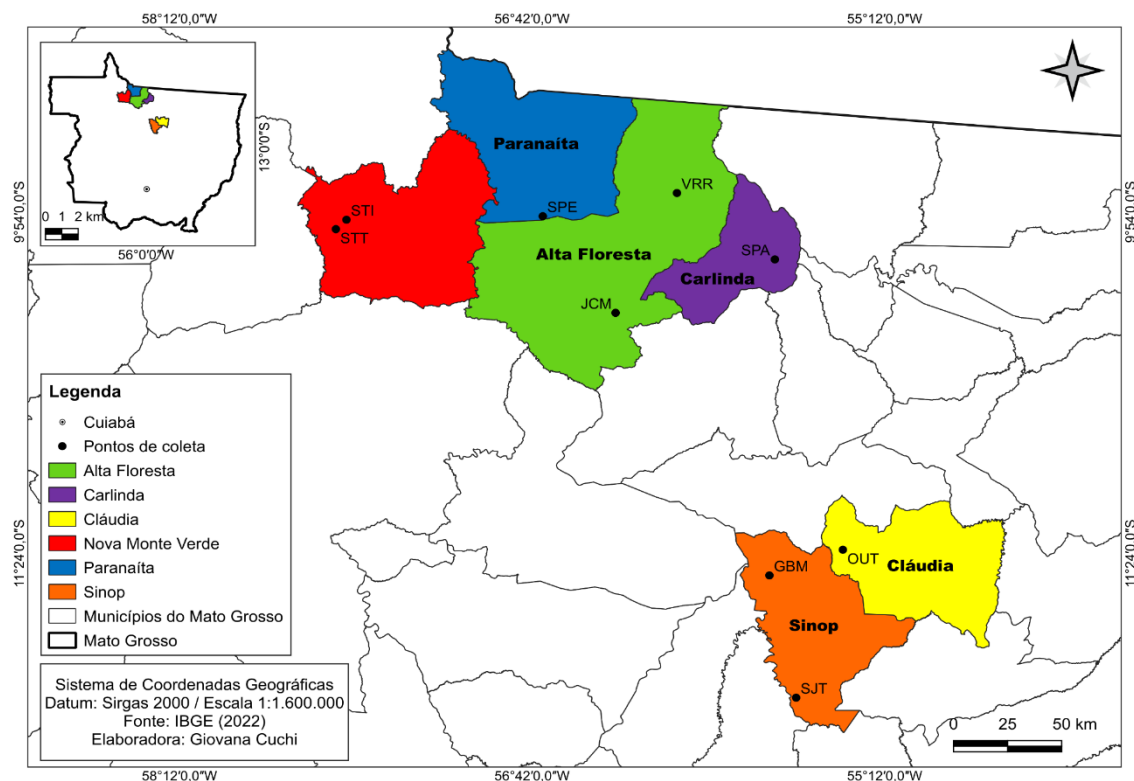


Figura 1. Localidade de coleta do material foliar das variedades locais de mandioca.

O método bola de neve (Vinuto, 2014) foi utilizado para a realização das coletas nas propriedades rurais que produzem a mandioca para fins de consumo próprio, trato animal e/ou comercialização. Nesse caso, um entrevistado-chave foi escolhido para a primeira visita, esse primeiro produtor indicou o próximo e assim sucessivamente. Foram coletadas folhas de todas as variedades produzidas na propriedade, desde que fossem tipos de variedades diferentes. Ao todo, a coleta compreende 50 diferentes variedades locais de mandioca, sendo que em cada município foram amostradas entre cinco e 16 variedades (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação das variedades locais de mandioca coletadas e seus respectivos locais de coleta

Nº	Variedade Local	Município	Áreas Rurais
1	Branquinha	Nova Monte Verde	Com. Santa Isabel
2	Cacau amarela	Nova Monte Verde	Com. Santa Isabel
3	Beterraba	Nova Monte Verde	Com. Santa Isabel
4	Verdadeira amarelinha	Nova Monte Verde	Com. Santa Isabel
5	Cacau	Nova Monte Verde	Com. Santa Terezinha 2
6	Cacauzona	Nova Monte Verde	Com. Santa Terezinha 2
7	Mandioca de porco	Nova Monte Verde	Com. Santa Terezinha 2

Tabela 1. Cont...

8	Vassourinha branca	Nova Monte Verde	Com. Santa Terezinha 2
9	Vassourinha rama roxa	Nova Monte Verde	Com. Santa Terezinha 2
10	Vassourinha da polpa amarela	Nova Monte Verde	Com. Santa Terezinha 2
11	Mandioca talo roxo	Paranaíta	Ass. São Pedro
12	Amarela comum	Paranaíta	Ass. São Pedro
13	Mandioca do Paraná	Paranaíta	Ass. São Pedro
14	Mandioca de fritar	Paranaíta	Ass. São Pedro
15	Mandioca cana roxa	Paranaíta	Ass. São Pedro
16	Não identificada	Paranaíta	Ass. São Pedro
17	Amarelinha	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
18	Mandioca de 4 meses	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
19	Cacau manteiga	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
20	Roxinha	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
21	Cacau talo roxo	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
22	Amarela de fritar	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
23	Cacau talo amarelo	Alta Floresta	Ass. Jacaminho
24	Cacau Roxa	Alta Floresta	Vila Rural
25	Cacau Arara	Alta Floresta	Vila Rural
26	Mandioca Cenoura	Alta Floresta	Vila Rural
27	Cacau Branca	Alta Floresta	Vila Rural
28	Cacau Pinheiro	Alta Floresta	Vila Rural
29	Mandioca Vassourinha	Alta Floresta	Vila Rural
30	Branca Comum	Alta Floresta	Vila Rural
31	Mandioca de Ano	Alta Floresta	Vila Rural
32	Branca do Baiano	Alta Floresta	Vila Rural
33	Mandioca de mercado	Carlinda	Ass. São Paulo
34	Mandioca avermelhada	Carlinda	Ass. São Paulo
35	Mandioca de metro	Carlinda	Ass. São Paulo
36	Mandioca branca	Carlinda	Ass. São Paulo
37	Mandioca amarela	Carlinda	Ass. São Paulo
38	Vassourinha	Sinop	Ass. São Judas Tadeu
39	Amarela	Sinop	Ass. São Judas Tadeu
40	Branca	Sinop	Ass. São Judas Tadeu
41	Americana	Sinop	Gleba Mercedes
42	Branca de Mutum	Sinop	Gleba Mercedes
43	Roxa	Sinop	Gleba Mercedes
44	Poupa Roxa	Sinop	Gleba Mercedes
45	Mato Grosso	Sinop	Gleba Mercedes
46	Cuiabana	Claudia	Ass. 12 de outubro
47	Fritar	Claudia	Ass. 12 de outubro
48	Amarela de Sinop	Claudia	Ass. 12 de outubro
49	Roxa de Oliver	Claudia	Ass. 12 de outubro
50	Vassourinha Amarela	Claudia	Ass. 12 de outubro

As folhas coletadas foram armazenadas em sacos plásticos com fecho hermético contendo sílica gel, posteriormente higienizadas com água, secas e armazenadas em freezer a -20 °C no Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular de Plantas (GenBioMol) no CEPTAM (Centro de Pesquisa e Tecnologia da Amazônia Meridional), localizado na Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reyes Maldonado, Campus Universitário de Alta Floresta, Mato Grosso.

Extração de DNA Vegetal

O material foliar foi submetido a extração de DNA total (Figura 2) por meio do método CTAB (*Cetyltrimethylammonium Bromide*), protocolo descrito por Doyle e Doyle (1987) com algumas modificações descritas por Tiago et al. (2016) como: acréscimo de polivinilpirrolidona (PVP) na concentração de 1%; aumento nas concentrações de CTAB de 2% para 3% e de β -mercaptoetanol de 0,2% para 2% no tampão de extração, além do aumento na temperatura de incubação de 60 °C para 65 °C, por 30 minutos. O material genético extraído foi armazenado em freezer a -20 °C para posterior uso.

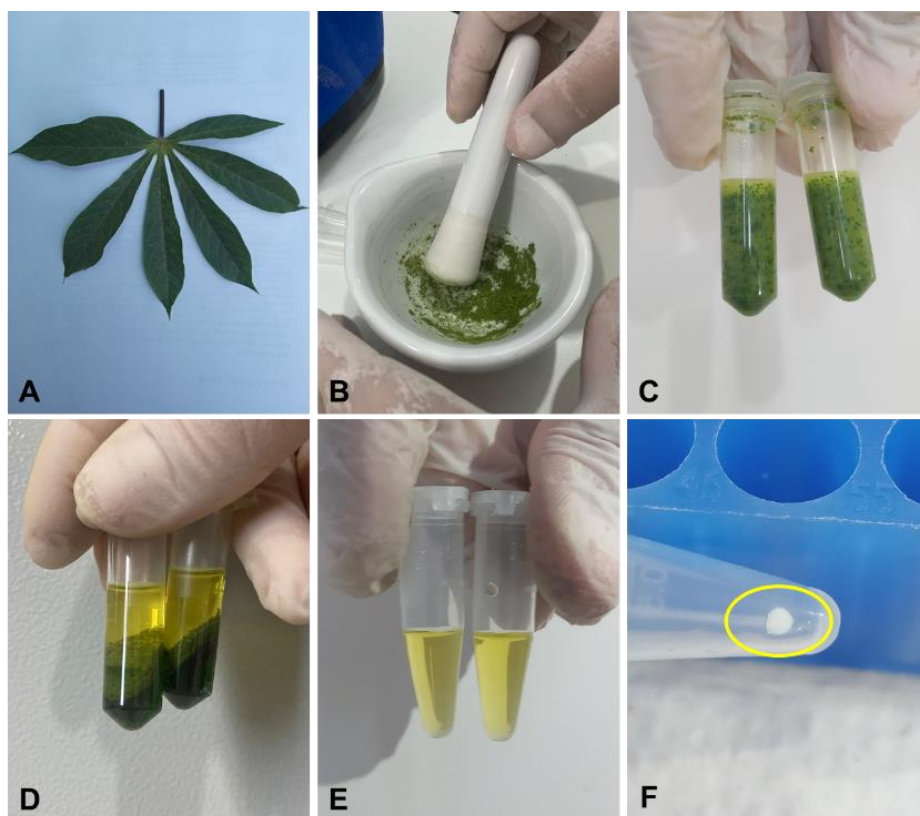


Figura 2. Processo de extração de DNA total de folhas de mandioca utilizando o método do detergente CTAB. A) folha de mandioca fresca; B) folhas trituradas em

nitrogênio líquido com auxílio de pistilo e almofariz de porcelana; C) amostras agitadas em vórtex após adição de CTAB 3%, PVP 1% e β -mercaptoetanol 2%; D) amostras com precipitação da fase sólida e fase aquosa superior após microcentrifugação; E) sobrenadante coletado para a adição de isopropanol; F) *pellet* formado após purificação das amostras.

Em seguida, a qualidade do material genético foi analisada em gel de agarose 1% [corado com brometo de etídio (10 mg mL^{-1})] em cuba horizontal de eletroforese contendo solução tampão TBE 1X [diluído a partir da solução TBE 10X (Tris-Ácido bórico-EDTA)]. O gel foi visualizado, fotografado e editado em transiluminador com luz UVB LTB-STi – Loccus Biotecnologia®, fotodocumentador L-Pix Sti – Loccus Biotecnologia® e software L-Pix Sti Image – Loccus Biotecnologia®.

A quantificação do DNA extraído (Figura 3) foi realizada utilizando Microespectrofotômetro ND-3800-OD18 Hercuvan® e, posteriormente, feita a diluição padronizando as amostras à aproximadamente $100 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$ para a realização das amplificações via reação em cadeia da polimerase (PCR).

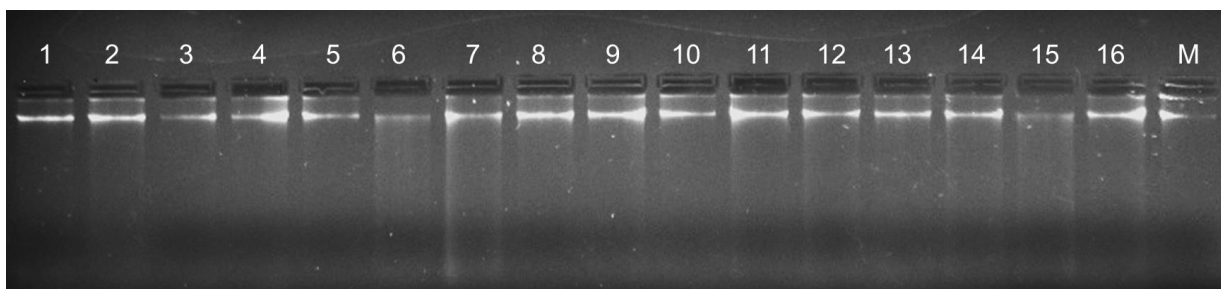


Figura 3. DNA total de folhas de mandioca de indivíduos coletados na Comunidade Santa Isabel em Nova Monte Verde, MT após padronização. M=Marcador DNA λ $100 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$.

Amplificações utilizando marcadores microsatélites

O material genético extraído e padronizado foi submetido à amplificação via PCR com reações padronizadas a um volume total de $10 \mu\text{L}$, contendo: $1 \mu\text{L}$ de Tampão IB 10x PHT® (500 mM KCL ; $100 \text{ mM Tris-HCL pH } 8,4$; $1\% \text{ TritonX-100}$; 15 mM MgCl_2); $0,8 \mu\text{L}$ de dNTPs ($1,0 \text{ mM}$); $0,25 \mu\text{L}$ de cada *primer* [*forward* e *reverse* ($10 \mu\text{M}$), respectivamente]; $0,2 \mu\text{L}$ de Taq DNA Polimerase PHT® (5 U); $2 \mu\text{L}$ DNA ($100 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$), e água ultrapura Milli-Q® até completar o volume total da reação.

Para as amplificações foram utilizados oito *primers* microsatélites (Tabela 2) desenvolvidos para *M. esculenta* (Chavarriaga-Aguirre et al., 1998; Mba et al., 2001).

Tabela 2. Características dos oito *primers* microssatélites utilizados para o estudo da diversidade genética de *Manihot esculenta*

Nome	Sequência (5' - 3')	Amplitude alélica (pb)	Motivo
GA131 ^a	F: TTCCAGAAAGACTTCCGTCCA R: CTCAACTACTGCACTGCACTC	75-139	NP
GA136 ^a	F: CGTTGATAAAGTGGAAGAGCA R: ACTCCACTCCCGATGCTCGC	145-185	NP
GA140 ^a	F: TTCAAGGAAGCCTTCAGCTC R: GAGCCACATCTACTCGACACC	154-184	NP
GAGG5 ^a	F: TAATGTCATCGTCGGCTCG R: GCTGATAGCACAGAACACAG	108-150	NP
SSRY08 ^b	F: AGTGGTTTGAGAAGACTGGTGA R: TTTCCAAAATGGAAGTTCAA	268-314	(CA)14CT(CA)2 **
SSRY21 ^b	F: CCTGCCACAATATTGAAATGG R: CAACAATTGGACTAAGCAGCA	172-212	(GA)26 *
SSRY28 ^b	F: TTGACATGAGTGATATTTTCTTGAG R: GCTGCGTGCAAACTAAAAT	160-204	(CT)26(AT)3AC(AT)2 **
SSRY126 ^b	F: AATGGATCATGTTCAATGTCTTC R: TTGAAATACGGCTCAAGCTC	225-297	(GT)2T(GT)5(GC)4 **

F= *forward locus*; R= *reverse locus*; NP= Motivo não publicado; Classificação do motivo: *Simples perfeita; **Composta imperfeita; Pares de base (pb). ^aChavarriaga-Aguirre et al. (1998); ^bMba et al. (2001)

As amplificações foram conduzidas em termociclador Eppendorf Mastercycler® nexus, utilizando o programa de amplificação descrito por Tiago et al. (2019) com alterações no número de ciclos e aumento da temperatura de anelamento do primeiro ciclo de 30 para 25 ciclos e de 45 °C para 52 °C, respectivamente: desnaturação inicial a 94 °C durante 5 min; 25 ciclos seguido de desnaturação a 94 °C por 30 s; temperatura de anelamento de 52 °C por 45 s e 72 °C por 45 s e oito ciclos a 94 °C por 30 s, 53 °C por 45 s, 72 °C por 45 s e uma extensão final de 72 °C por 10 min.

A eficiência do processo de amplificação (Figura 4) foi testada através de eletroforese em gel de agarose Metaphor™ 3% [corado com brometo de etídio (0,6 µg mL⁻¹)] em cuba horizontal a 80V utilizando tampão TBE 1X (Tris-Ácido bórico-EDTA).

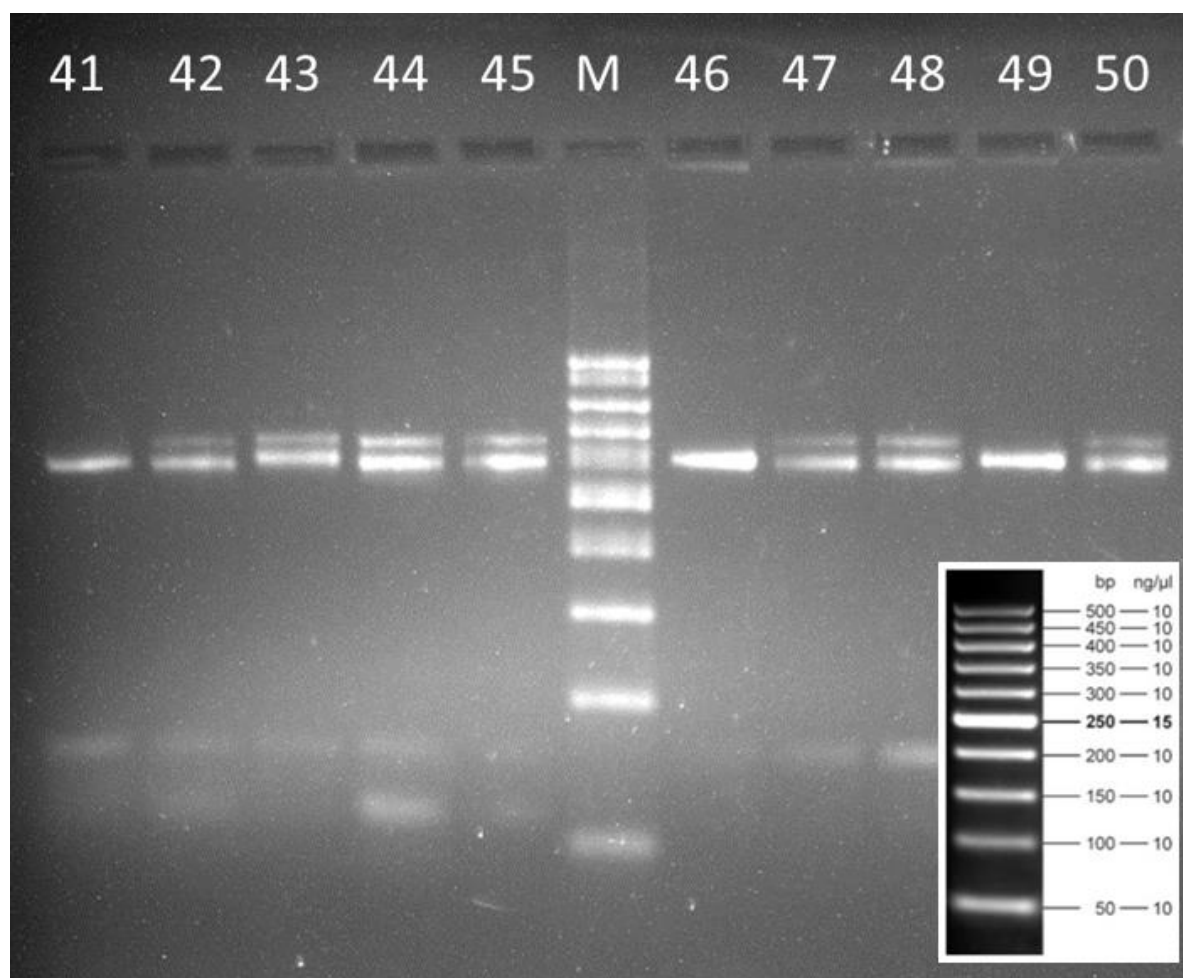


Figura 4. Amplificação de fragmentos de DNA (268-314 pb) de 10 variedades locais de mandioca utilizando o *primer* microssatélite SSRY08 comparado com marcador de DNA Ladder de 50 pb (M).

Os resultados da amplificação foram comparados com um marcador (DNA Ladder 50 pb Cellco Biotech[®]) de 50 pb e os géis foram visualizados em transiluminador e registrados por meio de fotodocumentador e software L-Pix STi Image.

Análise de dados

A caracterização da diversidade genética das variedades de mandioca foi estimada pelo número de alelos por loco (N_a), conteúdo de informação polimórfica (PIC), heterozigosidade esperada (H_e) e observada (H_o) e índice de fixação (f). Para tais análises foi utilizado o software Power Marker v. 3.25 (Liu e Muse, 2005).

A matriz de distância genética de Nei (1983) foi obtida por meio do programa Power Marker e utilizada para a construção do dendrograma utilizando o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average*) no software MEGA-X v. 10.1. A Análise de Coordenadas Principais (PCoA) foi realizada com o auxílio do programa GenALEx 6.5 (Peakall e Smouse, 2012) executado no Microsoft Excel[®].

A Análise Bayesiana foi aplicada pelo programa STRUCTURE (Pritchard et al., 2000). Foram realizadas vinte execuções para cada valor de K (1 a 9), 200.000 burn-ins e 500.000 simulações de Monte Carlo de cadeia de Markov (MCMC). Os critérios propostos por Pritchard e Wen (2004) e Evano et al. (2005) foram utilizados para definir o K mais provável em relação aos demais, e os resultados foram executados no software web Structure Selector (Li e Liu, 2018).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O conjunto de *primers* amplificou um total de 89 alelos que variaram entre oito e 13 alelos por *primer*, com média de 11,13. A média obtida foi superior ao encontrado por Mühlen et al. (2019), Oler et al. (2019) e Tiago et al. (2019) (9,7; 6,75 e 7,27, respectivamente) em estudos com a espécie. Os *primers* com maior número de alelos amplificados são GA136 e GA140 sendo 13 alelos cada. Já GAGG5 amplificou oito alelos (Tabela 3).

Tabela 3. Índices de diversidade genética por marcador microsatélite [Número de alelos (Na); Heterozigosidade esperada (He); Heterozigosidade observada (Ho); coeficiente de endogamia ou índice de fixação (*f*) e Conteúdo de informação polimórfica (PIC)]

<i>Primer</i>	Na	He	Ho	PIC	<i>f</i>
GA131	11	0,876	0,380	0,865	0,573
GA136	13	0,917	0,875	0,910	0,061
GA140	13	0,915	0,940	0,908	-0,017
GAGG5	8	0,841	0,040	0,821	0,953
SSRY08	12	0,910	0,809	0,903	0,122
SSRY21	10	0,872	0,705	0,859	0,203
SSRY28	12	0,910	0,795	0,903	0,139
SSRY126	10	0,882	0,500	0,870	0,441
Média	11,13	0,890	0,630	0,880	0,303

Ao avaliar a heterozigosidade esperada (He) e observada (Ho), vemos que os valores médios de Ho (0,630) são mais baixos que os de He (0,890), isso também é visto nos valores individuais para cada *primer*, com exceção de GA140 que apresentou heterozigosidade observada acima da esperada (He=0,915 e Ho=0,940). Entretanto, os valores de Ho continuam indicando uma alta porcentagem de heterozigotos nas variedades locais analisadas. Apesar do plantio da mandioca ser por estaquia, o número de alelos e a heterozigosidade não estão baixos como é esperado desse método de reprodução. Esses resultados se devem ao manejo da cultura, onde, segundo Emperaire et al. (2003) é feito de forma contínua, manejando toda a roça e valorizando a diversidade de variedades locais. Dessa forma, tanto a seleção quanto a obtenção de manivas vindas de outros produtores contribuem na alta diversidade genética.

Com exceção do *primer* GA140 (*f*=-0,017), os outros *primers* apresentaram índice de fixação (*f*) positivo, mas apenas dois (GA131 e GAGG5) dos oito *primers* exibiram resultados que ultrapassam 50% de probabilidade de um indivíduo da população ser homozigoto. Ao considerar também o *f* médio de 0,303 (30%), podemos afirmar que existem indícios leves a moderados de endogamia no conjunto de amostras, refletindo a forma de propagação por estaquia no cultivo da mandioca.

Os valores de PIC (conteúdo de informação polimórfica) individual e médio

(0,880) mostraram que os *primers* são altamente informativos pois atingiram valores acima de 0,50 segundo a classificação de Botstein et al. (1980), refletindo sua eficiência em identificar regiões polimórficas. Assim, os *primers* GA136, GA140, SSRY08 e SSRY28 são os mais informativos dentre o conjunto analisado.

Quanto aos agrupamentos genéticos, o dendrograma gerado pelo método UPGMA (Figura 5) permitiu a formação de dois grupos principais (GI e GII) entre as variedades de mandioca divididos em vários subgrupos. O grupo 1 é formado por apenas seis variedades exclusivamente originadas do município de Nova Monte Verde. Já o grupo 2 engloba todas as demais 44 variedades que estão distribuídas em dois subgrupos com diversas ramificações.

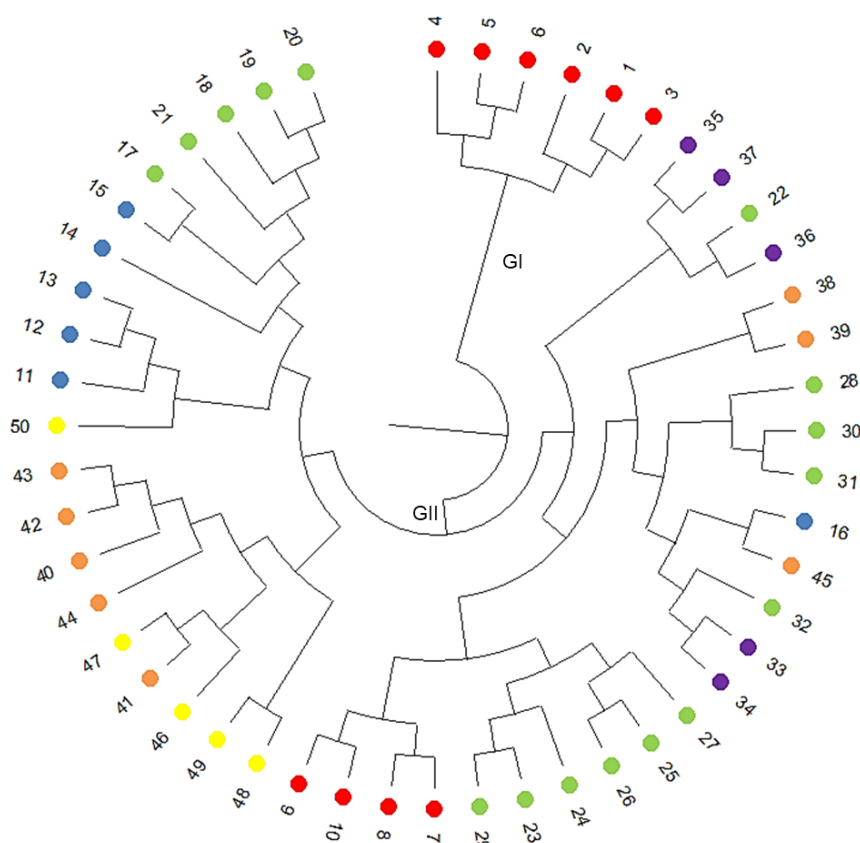


Figura 5. Agrupamento hierárquico (UPGMA) das 50 variedades locais de mandioca coletadas em seis municípios do norte do estado de Mato Grosso. *Origem das variedades por cores:* Nova Monte Verde (•); Paranaíta (•); Alta Floresta (•); Carlinda (•); Sinop (•) e Cláudia (•).

A concentração de uma pequena parte das variedades em apenas um grupo (G1), indica que o compartilhamento de material propagativo dessas variedades não

tem ocorrido entre os produtores, tornando seus alelos restritos a uma região. É importante destacar que em nossos resultados não foi identificada nenhuma duplicata, dados como esses reforçam a importância e eficácia dos saberes empíricos dos produtores na identificação e seleção das variedades (Brayner, 2019), principalmente ao evitar a perda dos recursos genéticos (Marchetti, 2012; Pedri et al., 2024).

O grupo 2 é mais complexo em sua organização pois reúne a maioria das variedades locais estudadas, além disso apresenta vários subgrupos que refletem a diversidade genética do material cultivado nas roças dos agricultores. A disposição dos grupos também pode ser observada no gráfico da figura 6 que traz os resultados da Análise de Coordenadas Principais (PCoA), esses resultados corroboram com os do método UPGMA, destacando a diversidade genética das variedades locais e a circulação do material genético entre os cultivos nos diferentes municípios.

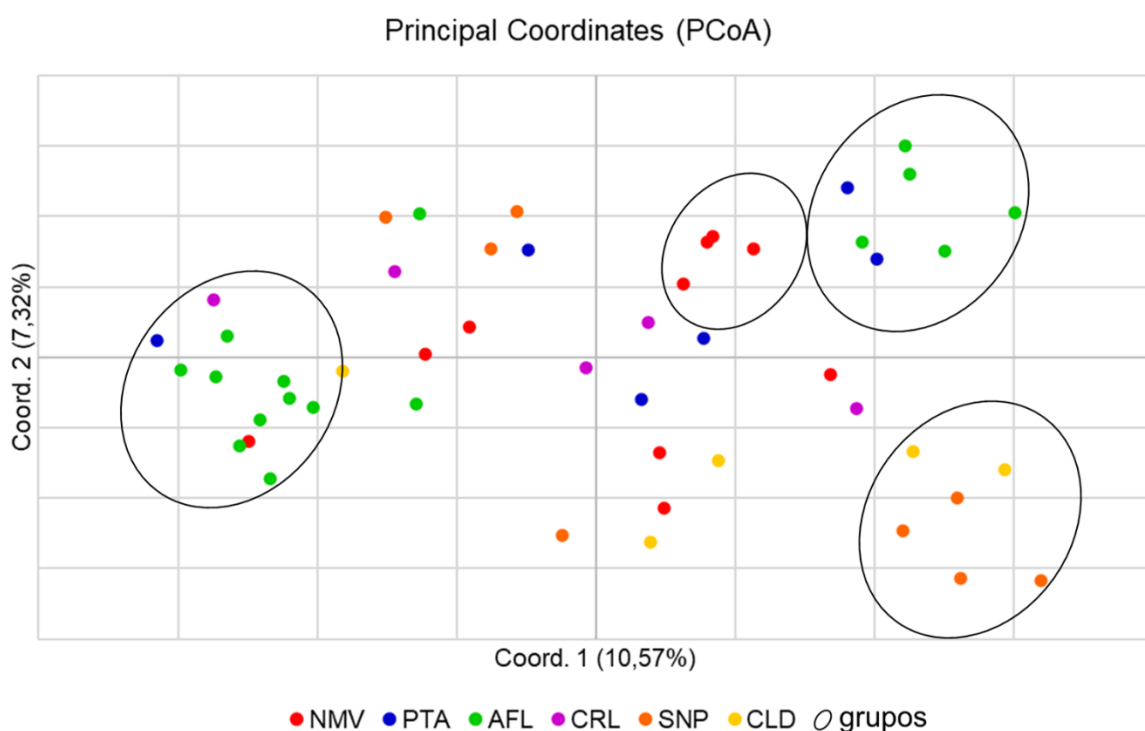


Figura 6. Dispersão gráfica baseada na análise das coordenadas principais das 50 variedades locais de mandioca cultivadas no estado de Mato Grosso.

Outra evidência sobre a diversidade genética entre as variedades locais é obtida pela análise bayesiana, representada pelo gráfico da figura 7.

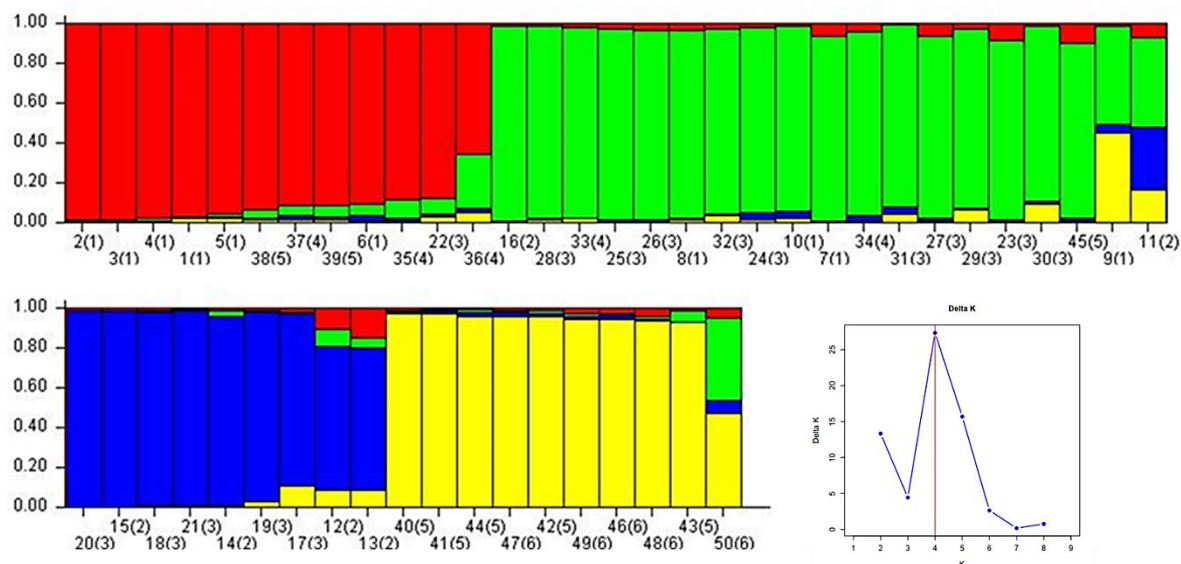


Figura 7. Análise bayesiana das 50 variedades de mandioca considerando o melhor $K=4$ para representar os dados. Os números entre parênteses são as localidades de coleta das variedades, sendo: (1) Nova Monte Verde; (2) Paranaíta; (3) Alta floresta; (4) Carlinda; (5) Sinop; (6) Cláudia.

O gráfico acima indica a formação de quatro grupos nos quais as 50 variedades estão organizadas. O maior grupo é o verde, representado por 19 variedades, e os demais grupos, vermelho, azul e amarelo, possuem 12, 9 e 10 variedades cada, respectivamente. A análise bayesiana confirma a presença de variabilidade genética e reforça o resultado das demais análises feitas.

Nossos resultados mostram que há diversidade genética entre as variedades locais de mandioca cultivadas nos seis municípios pela formação de vários agrupamentos genéticos. Há uma semelhança genética entre variedades cultivadas no mesmo município que permite o agrupamento das mesmas, revelando que há troca de material genético nas roças através da circulação de manivas entre produtores, principalmente vizinhos. A diversificação do cultivo também é influenciada pela seleção das manivas a serem extraídas de diferentes pés de mandioca, considerando a saúde e atributos da planta.

É importante destacar que esses eventos como o citado acima, ocorrem pois

os produtores cultivam diferentes variedades em suas roças, e isso tem permitido a evolução contínua mesmo no plantio por estaquia, o que só é possível em condições de conservação *in situ* (Bennet, 1968 Apud Pistorius, 1997) especialmente no sistema *in situ on farm*. Nas coleções *on farm* a permanência de variedades em uso se baseia no seu interesse pelos agricultores (Moura et al., 2010), no caso da mandioca este interesse vai além dos aspectos econômicos, mas também culturais. Nesse sentido, os investimentos em apoio aos produtores rurais são essenciais para que continuem realizando o cultivo da mandioca, promovendo assim a variabilidade nas roças e a proteção da cultura contra as intempéries climáticas e a erosão genética.

CONCLUSÕES

Há diversidade genética entre as variedades locais de mandioca cultivadas nos assentamentos rurais no norte de Mato Grosso. As variedades do mesmo local tendem a estarem mais próximas geneticamente, o que indica que apesar do método de reprodução por estaquia, a troca de manivas entre vizinhos e o manejo do produtor influenciam no aumento da diversidade genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLEM, A. C. The Origins and Taxonomy of Cassava. In: HILLOCKS, R. J.; THRESH, J. M.; BELLOTTI, A. **Cassava: biology, production, and utilization**. Cabi, 2001. p.1-16

APOLINÁRIO, J. R. Sabores, saberes e o “pão dos trópicos”: contatos interétnicos entre indígenas e colonizadores a partir da circulação e uso da mandioca. **Patrimônio e Memória**, 15: 28-46, 2019.

BORÉM, A. Caixeta E. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2016. 384p.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American Journal of Human Genetics**, 32: 3, 314, 1980.

BRAMMER, S. P. Marcadores moleculares: princípios básicos e uso em programas de melhoramento genético vegetal. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2000. 12p.

BRAYNER, N. G. Da roça à mesa: Caminhos e sentidos da patrimonialização do Sistema Agrícola Tradicional do Rio Negro, AM. In: Embrapa. EIDT, J. S. **Sistemas Agrícolas Tradicionais no Brasil. Coleção povos e comunidades tradicionais**. ConsolacionUdry, Brasília, DF: Embrapa, 3, 2019. p. 29-54

CARLONI, P. R.; SOUZA, T. L. P. O.; AGUIAR, M. S.; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Parâmetros genéticos e validação de marcadores microssatélites associados com ferro e zinco em feijão comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 58: e03267, 2023. DOI: 10.1590/S1678-3921.pab2023.v58.03267

CARVALHO, V. P.; RUAS, P. M.; RUAS, C. F.; FERREIRA, J. M.; GAETA, M. L.; SUMIDA, C. H.; RUAS, E. A.; DE SOUZA, S. G. H. Recurrent selection effects on the genetic structure of maize landrace assessed by SSR markers. **Cuadernos de Educación y Desarrollo**, 15: 12, 16063-16081, 2023. DOI: 10.55905/cuadv15n12-052

CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P.; MAYA, M. M.; BONIERBALE, M. W.; KRESOVICH, S.; FREGENE, M. A.; TOHME, J.; KOCHERT, G. Microssatellites in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz): discovery, inheritance and variability. **Theoretical and Applied Genetics**, 97: 493-501, 1998. DOI: 10.1007/s001220050922

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, 19: 11–15, 1987.

EMPERAIRE, L.; MÜHLEN, G. S.; FLEURY, M.; ROBERT, T.; MCKEY, D.; PUJOL, B.; ELIAS, M. Approche comparative de la diversité génétique et de la diversité morphologique des maniocs en Amazonie (Brésil et Guyanes). **Les Actes du BRG**, 4: 247-267, 2003.

EVANO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology**, 14: 8, 2611–2620, 2005. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x

FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JUNIOR, F. B. Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. 730 p.

HMWE, N. H.; SRAPHET, S.; SRISAWAD, N.; SMITH, D. R.; TRIWITAYAKORN, K. Identification of QTL Underlying Plant Height and First Branch Height of Cassava. **Philippine Journal of Science**, 15: 2, 2022.

LEDERER, P.; MAGALHÃES, G. C.; ISSAKOWICZ, A. C. K. S. Farelo de folha de mandioca na alimentação de aves de postura para o controle de verminose. In: Salão de Iniciação Científica Tecnológica, 2023. **Anais...** Anais do Salão de Iniciação Científica Tecnológica, 2023.

LIU K.; MUSE, S. V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data. **Bioinformatics**, 21: 21-29, 2005

LI Y. L.; LIU J. X. StructureSelector: a web based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. **Molecular Ecology Resources**,

18: 176–177, 2018.

MARCHETTI, F. F. **Agricultura tradicional e a manutenção da agrobiodiversidade em comunidades rurais do município de Santo Antonio do Leverger - MT.** Rio Claro: Universidade Estadual Paulista, 2012. 99p. (Dissertação - Mestrado em Biologia Vegetal).

MARTINS, M. L. L.; ORLANDINI, P.; MENDOZA FILHO, J. M.; SILVEIRA, T.C. ***Manihot* in Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.** Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB17591>>. Acesso em: 21 fev. 2024

MATTE, W. D.; SILVA, H. M.; ZEFERINO, C. P. Subprodutos da mandioca como alimento alternativo para frangos de corte. **Pubvet**, 15: 1-11, 2021.

MBA, R. E. C.; STEPHENSON, P.; EDWARDS, K.; MELZER, S.; NKUMBIRA, J.; GULLBERG, U.; APEL, K.; GALE, M.; TOHME, J.; FREGENE, M. Simple Sequence Repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards an SSR-based molecular genetic map of cassava. **Theoretical and Applied Genetics**, 102: 21-31, 2001. DOI: 10.1007/s001220051614.

MOURA, M. C. C. L.; VALOIS, A. C. C.; VEIGA, R. F. A.; BRITO, A. C. Conservação *in situ*: cenário nacional e manejo. In: PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas.** Viçosa: Arca, 2010. p.17-58.

MÜHLEN, G. S.; ALVES-PEREIRA, A.; CARVALHO, C. R. L.; JUNQUEIRA, A. B.; CLEMENT, C. R.; VALLE, T. L. Genetic diversity and population structure show different patterns of diffusion for bitter and sweet manioc in Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution**, 66: 1773-1790, 2019.

NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. **Journal of Molecular Evolution**, 19: 153-170, 1983.

OLER, J. R.; HOOGERHEIDE, E. S.; PINTO, J. M.; TIAGO, A. V.; SILVA, J. F.; VEASEY, E. A. Influence of the use of manioc on its genetic diversity conservation in a quilombo community in Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, 18: 3, 1-15, 2019.

OLER, J. R. L.; AMOROZO, M. C. M. Etnobotânica e conservação *on farm* de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) na agricultura de pequena escala no Estado de Mato Grosso, Brasil. **Interações**, 18: 137-153, 2017.

OLIVEIRA, E. J.; SANTOS, V. D. S.; OLIVEIRA, L. A. Endogamia e características produtivas em germoplasma de mandioca. In: Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2., 2012, Belém, PA. **Anais...** Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2012.

OLIVEIRA, L. A.; MOTTA, J. D. S.; JESUS, J. L.; SASAKI, F. F. C.; VIANA, E. D. S. Processamento de aipim e mandioca-brava. Brasília, DF: Embrapa, 2019. 64p.

OLIVEIRA, P. H. G. D.; BARBOSA, A. C. O.; DINIZ, R. P.; OLIVEIRA, E. J. D.; FERREIRA, C. F. Molecular marker assisted selection for increasing inbreeding in S1 populations of cassava. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, 90: 4, 3853-3869, 2018.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research--an update. **Bioinformatics** (Oxford, England), 28: 19, 2537–2539, 2012. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460

PEDRI, E. C. M.; CUCHI, G.; TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B. Utilização de marcadores microssatélites para avaliação da diversidade genética de variedades locais de mandioca. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, 19: 23-29, 2024.

PEREIRA, M. G.; SILVA FILHO, F.; PEREIRA, T. N. S. Recursos genéticos vegetais e o melhoramento de plantas. In: PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**. Viçosa: Arca, 2010. p.141-176.

PISTORIUS, R. **Scientists, plants and politics: a history of the plant genetic resources movement**. IPGRI, Roma, Italia, 1997, 27p.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, 155: 945– 959, 2000. DOI: 10.1093/genetics/155.2.945

PRITCHARD, J. K.; WEN, W. Documentation for structure software: Version 2. **Department of Human Genetics**, University of Chicago, Chicago, 2004.

SILVA, H. M.; SILVA, V. C. Fornecimento de raspas de mandioca como alimentação alternativa para suínos. **Multidebates**, 5: 222-230, 2021.

SORO, M.; SOMÉ, K.; TIENDRÉBÉOGO, F.; PITA, J. S.; ROMBA, R.; NÉYA, B. J.; KONÉ, D. Evaluation of ten cassava varieties for resistance to cassava mosaic disease in Burkina Faso. **Univers. J. Agric. Res**, 9: 266-276, 2021.

TAPPIBAN, P.; SRAPHET, S.; SRISAWAD, N.; SMITH, D. R.; TRIWITAYAKORN, K. Identification and expression of genes in response to cassava bacterial blight infection. **Journal of applied genetics**, 59: 391-403, 2018.

TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B.; TIAGO, P. V.; CARPEJANI, A. A.; SILVA, B. M.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; YAMASHITA, O. M. Genetic diversity in cassava landraces grown on farms in Alta Floresta-MT, Brazil. **Genet. Mol. Res.**, 15 (3): gmr.15038615, 2016.

TIAGO, A. V.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; CARDOSO, E. S.; PINTO, J. M. A.; PENA, G. F.; ROSSI, A. A. B. Genetic diversity and population structure of cassava ethno-varieties grown in six municipalities in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, 18: gmr18357, 2019. DOI: 10.4238/gmr18357

VINUTO, J. A amostragem em bola de neve na pesquisa qualitativa: um debate em aberto. **Temáticas**, 22: 203-220, 2014.

5. CONCLUSÕES GERAIS

A análise cienciométrica alcançou 157 publicações, sendo que a maioria visa, principalmente, o uso dos SSRs e SNPs na análise da diversidade genética em variedades melhoradas. Além disso há necessidade de aumentar as colaborações científicas entre Brasil e demais países, além voltar o foco dos estudos para variedades não melhoradas.

Os SSRs foram fieis em detectar a diversidade genética de variedades locais de seis municípios do norte do estado de Mato Grosso, agrupando-as quanto a diversidade por município e revelando a troca de manivas entre vizinhos.