

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA VIA MODELOS MISTOS.

Lidiane dos Santos Gomes Oliveira, Diego Pereira do Couto, Jônatas Gomes Santos, Vinicius Sartori Fioresi, Matheus Alves da Silva, Adesio Ferreira, Marcia Flores da Silva Ferreira.

¹Universidade Federal do Espírito Santo, Alto Universitário - Alegre-ES, Brasil,
lidianegomes31@gmail.com, diego_couto@hotmail.com, gomesjonatas21@gmail.com,
vinicius_fioresi@hotmail.com, alvesmatheuss21@gmail.com, adesioferreira@gmail.com,
mfloressf@gmail.com.

Resumo

O objetivo deste trabalho foi identificar genótipos superiores de mandioca que combinem alto teor de amido, baixo teor de amilose e rápido tempo de cozimento, visando à seleção de materiais para programas de melhoramento genético. Foram avaliados 15 genótipos, em seis ambientes distintos, utilizando o delineamento de blocos aumentados. Os parâmetros analisados incluíram teor de amilose, amido total e tempo de cozimento, com dados analisados via modelos mistos (REML/BLUE), análise de componentes principais (PCA) e análise de Índice de Qualidade. Os resultados apresentaram a seleção de dois genótipos, com destaque para o genótipo G6, por apresentar a maior pontuação no índice (1,95), associado a elevado teor de amido (75,96%) e rápido tempo de cozimento (0–10 min). A metodologia de seleção foi eficaz para identificar genótipos promissores para o desenvolvimento de cultivares de mandioca de mesa com alta qualidade tecnológica, e há variabilidade genética na população estudada.

Palavras-chave: Amido. Amilose. Tempo de cozimento.

Área do Conhecimento: Ciências Agrárias – Agronomia.

Introdução

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), é considerada a quarta commodity mais importante depois do arroz, milho e trigo; tornando-se um componente básico na dieta de bilhões de pessoas, rica em carboidratos é nativa da América do Sul, (Rivas *et al.*, 2021). Devido a sua ampla adaptação às diferentes condições edafoclimáticas, rusticidade e potencial produtivo é altamente cultivada, sendo a a quinta maior cultura produzida no mundo. Como cultura de subsistência, é valorizada por suas raízes de armazenamento de amido, especialmente por pequenos agricultores (FAO, 2019).

A procura por genótipos mais produtivos, estáveis e mais adaptados tem sido um dos maiores objetivos dos programas de melhoramento da espécie, e estudos visando a seleção de genótipos superiores se tornam essenciais nos dias atuais. Os avanços do melhoramento molecular e da fenômica, possibilitaram um progresso significativo no melhoramento da cultura em vários exemplos, como estudos no desenvolvimento de resistência a diversas doenças, melhoria do rendimento e da qualidade do amido, redução do teor de cianeto e aumento do valor nutricional (Bouis *et al.*, 2011; Karlström *et al.*, 2016; Narayanan *et al.*, 2011; Olanmi *et al.* 2021).

Visando maximizar a eficiência da seleção, metodologias estatísticas robustas são essenciais para lidar com a complexidade inerente à avaliação de genótipos em múltiplos ambientes. Nesse contexto, abordagem de Modelos Mistos via REML/BLUE (Maximum Restricted Likelihood / Best Linear Unbiased Estimation) destaca-se como ferramenta fundamental no melhoramento genético moderno, por permitir a estimação não viesada dos valores genotípicos, ajustando adequadamente os efeitos de ambiente e bloco (Resende, 2007; Piepho *et al.*, 2008).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo identificar genótipos superiores que combinem alto amido, baixa amilose e rápido cozimento; e selecionar genótipos para programa de melhoramento da mandioca.

Metodologia

Os genótipos foram obtidos de pequenos produtores rurais que o cultivam por várias gerações em diversos municípios do Espírito Santo: Castelo, Cachoeiro de Itapemirim, Jerônimo Monteiro, Alegre, Mimoso do Sul, Divino de São Lourenço, Conceição do Castelo, Venda Nova do Imigrante, Afonso Cláudio, Domingos Martins, Sooretama, São Mateus, Jaguaré, Nova Venécia e Aracruz., buscando a escolha dos que apresentem características agrônômicas de interesse. O plantio dos experimentos foi realizado nos anos de 2018 e 2019, em três locais de plantio. Cada época de plantio foi considerada um ambiente, totalizando seis ambientes.

Os experimentos foram realizados nos municípios de Mimoso do Sul – ES, Venda Nova do Imigrante – ES e Linhares – ES. O município de Mimoso do Sul – ES é caracterizado pelo clima tropical chuvoso, com estação seca no inverno, temperatura média de 24,6 °C, índice pluviométrico de 1.376,4 mm e altitude média de 240 m. Venda Nova do Imigrante – ES é classificada com clima mesotérmico de inverno seco, temperatura média de 18,5 °C, índice pluviométrico anual de 1.363,7 mm e altitude média de 950 metros acima do nível do mar. E Linhares – ES, caracterizada por clima tropical chuvoso, com estação seca no inverno e temperatura média em torno de 24,3 °C, índice pluviométrico anual de 1.278,9 mm e altitude média de 40 m (INCAPER, 2022).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados (DBA), sendo 10 genótipos e 3 testemunhas, distribuídos em três blocos com cinco plantas por parcela. Estacas de caule de 15 a 20 cm foram plantadas em linhas durante a estação chuvosa (maio a julho). Os espaçamentos entre linhas e plantas foram de 1,0 e 0,7 m, respectivamente. As plantas foram colhidas aos 12 meses após o plantio. Os parâmetros avaliados foram: teor de amilose e amido total foram determinados segundo metodologia proposta pela Megazyme (Megazyme, 2006), utilizando-se o Kit Amylose/Amylopectin (K-Amyl). Os resultados obtidos foram expressos em porcentagem em relação à matéria seca. O tempo de cozimento (TC), foi determinado segundo metodologia proposta por Pereira *et al.* (1985), modificada por Borges *et al.*, (2002), descritos conforme as tabelas 1.

Tabela 1-Identificação (ID) do tempo de cozimento para os genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) avaliados.

ID	Tempo (min.)
1	0 a 10
2	11 a 20
3	21 a 30
4	> 30

Fonte: Pereira *et al.* (1985), modificada por Borges *et al.*, (2002).

Os dados fenotípicos foram analisados por meio de modelos mistos pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML) para estimativa dos componentes de variância. Os valores genotípicos foram preditos por meio do melhor estimador linear não viciado (BLUE - Best Linear Unbiased Estimator), conforme a equação:

$$Y_k = \mu + G_j + B_k + \varepsilon_k$$

Onde:

Y_k = valor fenotípico observado;

μ = média geral de todos os tratamentos;

G_j = efeito do genótipo (fixo);

B_k = efeito do bloco (aleatório);

ε_k = erro experimental (aleatório)

Com os valores BLUEs foi feita análise de Componentes Principais (PCA) utilizando a função `prcomp()` no R, para visualizar a similaridade e a estrutura de agrupamento entre os genótipos. A seleção de genótipos foi baseada no Índice de Qualidade determinado, onde levou em consideração genótipos com alto amido (valor padronizado positivo), baixa amilose (valor padronizado negativo, que é subtraído) e baixo tempo de cozimento (TC), resultando em um índice final elevado para os materiais desejáveis, utilizando a seguinte fórmula:

A Ciência do NANO e seu impacto transformador no MACRO

$$I_Q = A_p - TC_p - (ASe_p)$$

Onde:

I_Q = Índice de qualidade;

A_p = valor padronizado do teor de amido total;

TC_p = valor padronizado do tempo de cozimento;

ASe_p = valor absoluto do teor de amilose padronizado.

Todas as análises foram conduzidas utilizando o software R (R CORE TEAM, 2025).

Resultados

As médias dos três grupos formados pela análise de Componentes Principais (PCA) para as características teor de amilose, teor de amido total e tempo de cozimento são apresentadas na Tabela 2. O Grupo 1, composto por 5 genótipos, com a menor média de amilose (15,70%), a maior média de amido (59,38%) e o tempo médio de cozimento (1,6). O Grupo 2 (2 genótipos), com menor média de amilose (24,47%) e a menor média de amido (48,91).

Tabela 2- Características médias dos três grupos de genótipos identificados pela análise de componentes principais (PCA).

Grupo	Nº de genótipos	Amilose (%)	Amido (%)	Tempo de Cozimento (TC)
1	5	15,70	70,96	1,6
2	2	24,47	48,91	2,5
3	5	25,50	59,38	1,2

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Com base no Índice de Qualidade, foram selecionados 2 genótipos (Tabela 3). Apresentaram tempo de cozimento mínimo (0-10min) e elevados teores de amido.

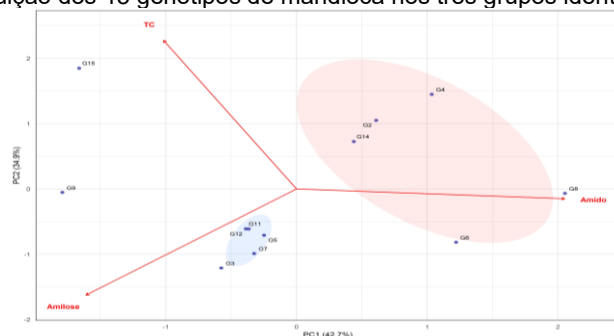
Tabela 3 - Genótipos selecionados com base no Índice de Qualidade

Genótipo	Índice Qualidade	Amilose	Amido	Tempo de Cozimento (TC)
G6	1,95	21,71	75,96	1
G8	1,38	13,18	77,17	1

Fonte: elaborado pelo próprio autor.

A análise de Componentes Principais (PCA) possibilitou a distribuição dos 15 genótipos em três grupos distintos.

Figura 1 - Análise de Componentes Principais (PCA) mostrando a distribuição dos 15 genótipos de mandioca nos três grupos identificados.



Fonte: elaborado pelo próprio autor.

Discussão

Os resultados apresentaram variabilidade genética para as características avaliadas em mandioca e foi possível a formação de três grupos pela Análise de Componentes Principais (PCA). O Grupo 1, composto por 5 genótipos com alto teor de amido (70,96%), baixo teor de amilose (15,70%) e tempo médio de cozimento, apresentam atributos tecnológicos ideais para consumo (Tabela 2).

A relação entre tempo de cozimento e amido total observada onde um genótipo com maior quantidade de amido está associada a um menor tempo de cozimento, pode ser explicada pela qualidade e estrutura do amido, e não apenas pela sua quantidade. Segundo Li *et al.* (2025), a molécula de amido é composta por dois polímeros: a amilose, que tem uma estrutura linear formando uma rede molecular firme e estável; e a amilopectina, com uma estrutura altamente ramificada. O grão de amido rico em amilopectina, com isso possui baixo teor de amilose, possuem um arranjo menos denso. Essa estrutura mais aberta e menos densa facilita a penetração de água e de calor durante o cozimento, levando a gelatinização mais rápida em menos tempo (Zhu, 2015), isso faz com que o Grupo 1 se destaca entre os demais. A gelatinização mais rápida e completa do amido, um dos principais fatores de amolecimento do tecido durante o cozimento (Beleia *et al.*, 2006), contribui diretamente para a redução do tempo necessário para que a raiz atinja uma textura adequada para o consumo.

Analisando o Grupo 3 composto por 5 genótipos, apresentou teor de amido de 59,38% e teor de amilose de 25,50% quando comparado aos genótipos do Grupo 1. Do ponto de vista teórico, conforme Li *et al.* (2025) era esperado que os genótipos do Grupo 3 apresentasse tempo de cozimento mais lento, isto devido estrutura linear da amilose. Porém, foi observado que o Grupo 3 apresentou tempo de cozimento baixo (0-10 min), e isso pode ser devido a outras causas que não foi o foco do nosso estudo. Com base no Índice de Qualidade (Tabela 3), foram selecionados 2 genótipos considerados superiores, com tempo de cozimento reduzido (0-10 min), característica altamente desejável para mandioca de mesa, e teores de amilose variando de 13,18% a 21,71% e de amido de 75,96% a 77,17%, sugerindo diferenças na textura o que pode influenciar nos atributos sensoriais, conforme o que foi relatado também Reis *et al.* (2021).

A análise dos componentes principais (Figura 1), evidenciou a existência de variabilidade genética na população estudada, o que é essencial para programas de melhoramento genético (Daemo *et al.*, 2023). Os resultados apontam que o Grupo 1 (posicionado no lado direito do eixo principal - PC1) está associado a altos valores de amido e baixos de amilose, em oposição ao Grupo 3 (lado esquerdo do PC1), associado baixo amido e alta amilose. Essa distribuição espacial reforça a forte influência entre as variáveis amido e amilose na composição química das raízes da mandioca e é consistente com estudos que utilizam PCA para discriminar variedades de mandioca com base em atributos de qualidade (Chen *et al.*, 2024).

Verifica-se que as metodologias de seleção utilizadas nesse trabalho, demonstraram concordâncias entre elas, pelo fato de que os dois genótipos selecionados pelo Índice de Qualidade (Tabela 3) estarem localizados dentro do Grupo 1 (Figura 1), isto aumenta a confiabilidade da seleção, indicando que o Índice de Qualidade foi capaz de capturar de forma eficiente os padrões naturais de variação existentes na população, identificando os materiais que representam os atributos tecnológicos da mandioca mais desejáveis. Essa metodologia pode identificar genótipos que são compensadores, ou seja, que possuem uma característica menos desejada, mas são excelentes nas outras, algo que uma análise visual do PCA poderia subestimar. O genótipo G6 pode ser um desses genótipos compensadores, pois apresentou amilose relativamente elevada (21,71%), mas ainda assim foi selecionado, o que pode ser explicado pela ponderação da fórmula do Índice de Qualidade, que compensa um valor mais alto de amilose com valores favoráveis de amido total (75,96%) e tempo de cozimento (1), sendo suficiente para resultar em um Índice de Qualidade alto, garantindo sua seleção. Este genótipo provavelmente aparece em uma posição intermediária no PCA, entre os Grupos 1 e 3.

Conclusão

A população estudada apresentou variabilidade genética para as características de amido, amilose e tempo de cozimento, o que possibilita a seleção de genótipos superiores. O índice de qualidade mostrou-se uma ferramenta prática e eficiente para a seleção simultânea de múltiplas características, permitindo a identificação de dois genótipos elite (13,3% da população). O genótipo G6 é destaque pois

apresentou a maior pontuação no índice (1,95), com teor de amido de 75,96% associado a um rápido cozimento.

Referências

BELEIA, A.; BUTARELO, S.S.; SILVA, R.S.F. Modeling of starch gelatinization during cooking of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **LWT - Food Science and Technology**, v.39, n.4, Pages 400-405, 2006. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0023643805000496?via%3Dihub>

BORGES, M. F.; FUKUDA, W. M. G.; ROSSETTI, A. G. Avaliação de variedades de mandioca para consumo humano. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 11, p. 1559-1565, 2002. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/yCr4cSMX9PhzfX9pf8rPjwQ/?lang=pt>

BOUIS, H. E; HOTZ, C; MCCLAFFERTY, B; MEENAKSHI, J. V; PFEIFFER, W. H. Biofortification: a new tool to reduce micronutrient malnutrition. **Food and Nutrition Bulletin**, v. 32, n. 1, p. S31- S40, 2011. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21717916/>

CHEN, L.; CHEN, R.; ELSAYED M. ATWA, E.M.; MABROUK, M.; JIANG, H.; XIANGWEI MOU, X.; MA, X. Nutritional Quality Assessment of Miscellaneous Cassava Tubers Using Principal Component Analysis and Cluster Analysis. **Foods**, v. 13, n. 12, p.1861, 2024. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2304-8158/13/12/1861>

DAEMO, B.B.; YOHANNES, D.B.; BEYENE, T.M.; WOSENE GEBRESELASSIE ABTEW, W.G. Genetic variability and divergence analysis in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) accessions for storage root yield and other agronomic characters. **Journal of Agriculture and Food Research**, v. 14; p. 100874, 2023. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666154323003812>

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Food outlook biannual report on Global food markets. p.152, 2019. Disponível em: <http://www.fao.org/family-farming/detail/en/c/1277661/>. Acesso em: 28 agosto 2025.

FONDONG, V. N. The Search for Resistance to Cassava Mosaic Geminiviruses: How Much We Have Accomplished, and What Lies Ahead. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, n. 1, p. 408, 2017. Disponível: <https://www.frontiersin.org/journals/plantscience/articles/10.3389/fpls.2017.00408/full>

INCAPER (INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL). Meteorologia. Disponível em: <https://meteorologia.incaper.es.gov.br/>. Acesso em: 20 agosto 2025.

KARLSTRÖM, A; CALLE, F; SALAZAR, S; MORANTE, N; DUFOUR, D; CEBALLOS, H. Biological Implications in Cassava for the Production of Amylose-Free Starch: Impact on Root Yield and Related Traits. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, n.1, p. 604, 2016. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2016.00604/full>

LI, S.; WANG, Z.; PAN, Y.; SUN, C.; LI, E.; GILBERT, R. Effects of amylose and amylopectin molecular structures on the emulsification performance of starch nanoparticles. **International journal of biological macromolecules**, v. 308, n. 4, p.142717, 2025. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0141813025032696>

MEGAZYME INTERNATIONAL IRELAND LIMITED. Amylose/amylopectin: assay procedure. Wicklow, p. 11, 2006.

NARAYANAN, N. N; IHEMERE, U; ELLERY, C; SAYRE, R. T. Overexpression of Hydroxynitrile Lyase in Cassava Roots Elevates Protein and Free Amino Acids while Reducing Residual Cyanogen Levels.

A Ciência do NANO e seu impacto transformador no MACRO

PLoS ONE, v. 6, n. 7. 2011. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0021996>

OLASANMI, B; KYALLO, M; YAO, N. Marker-assisted Selection Complements Phenotypic Screening at Seedling Stage to Identify Cassava Mosaic Disease-resistant Genotypes in African Cassava Populations. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 2850. 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-021-82360-8>

PEREIRA, A. S.; LORENZI, J. O.; VALLE, T. L. Avaliação do tempo de cozimento e padrão de massa cozida em mandioca de mesa. **Revista Brasileira da Mandioca**, v. 4, p. 27-32, 1985.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, p. 209–228, 2008. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-007-9449-8>

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>

REIS, R. C.; OLIVEIRA, L. A. DE; ALMEIDA, J. M.; JESUS NETA, P. DE; SANTOS, F. D.; SANTOS, V. DA S.; CRUZ, R. S. Culinary quality and sensory profile of cassava varieties harvested at different ages. **Semina: Ciências Agrárias**, v.42, n.2, p. 657–678, 2021. Disponível em: <https://ojs.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/41002>

RESENDE, M. D. V. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/314759>

RIVAS, D. V; RAMÍREZ, R. M; PINO, M. M; CRUZ, M. T; CALDERÓN, L. M; SANTOS, R. C; CARRERA, C. O; VÁSQUEZ, M. G; VALQUE, R. B. Factors related to the starch content during the extraction process of Cassava (*Manihot Esculenta* Crantz) Crop. **Annals of the Romanian Society for Cell Biology**, v. 25, n.1, p. 10441-10448, 2021. Disponível em: <http://annalsofrscb.ro/index.php/journal/article/view/3807>

ZHU, F. Composition, structure, physicochemical properties, and modifications of cassava starch. **Carbohydrate Polymers**, v.122, p. 456–480, 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S014486171401087X>

Agradecimentos

O apoio financeiro a este estudo foi fornecido pelo Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq, Brasil); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Brasil)—Código de Financiamento 001, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo (FAPES, Vitória—ES, Brasil)