

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CURSO DE MESTRADO**

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E VARIABILIDADE GENÉTICA DE  
INHAME (*Dioscorea rotundata* Poiret.) SOB CONDIÇÕES DO  
RECÔNCAVO BAIANO**

**VIRGÍLIO CARMÍNIA COSSA**

CRUZ DAS ALMAS – BAHIA  
JUNHO - 2016

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E VARIABILIDADE GENÉTICA DE  
INHAME (*Dioscorea rotundata* Poiret.) SOB CONDIÇÕES DO  
RECÔNCAVO BAIANO**

**VIRGÍLIO CARMÍNIA COSSA**

Biólogo

Universidade Pedagógica de Moçambique – Sede, 2011

Dissertação submetida ao Colegiado de Curso do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura, como requisito parcial para obtenção do Grau de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais.

**Orientador: Prof. Dr. RICARDO FRANCO CUNHA MOREIRA**

**Coorientadora: Dra. ELAINE COSTA CERQUEIRA-PEREIRA**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
MESTRADO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CRUZ DAS ALMAS, BA, 2016**

## FICHA CATALOGRÁFICA

C Cossa, Virgílio Carménia.

Caracterização fenotípica e variabilidade genética de inhame (*Dioscorea rotundata* Poiret.) sob condições do Recôncavo Baiano / Virgílio Carménia Cossa. – Cruz das Almas, BA, 2016.  
53f. il.; 30 cm.

Orientador: Ricardo Franco Cunha Moreira.  
Coorientador: Elaine Costa Cerqueira-Pereira.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, 2016.

1. Inhame. 2. Recursos genéticos. 3. Melhoramento vegetal. I. Moreira, Ricardo Franco Cunha. II. Cerqueira-Pereira, Elaine Costa. III. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia IV. Título.

CDD: 635.23 (21.ed.)

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

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS  
EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS  
CURSO DE MESTRADO

COMISSÃO EXAMINADORA DA DEFESA DE DISSERTAÇÃO DE  
VIRGÍLIO CARMÍNIA COSSA



Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira  
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB  
Orientador



Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo  
Embrapa Mandioca e Fruticultura - CNPMF



Prof. Dr. Angelo Gallotti Prazeres  
Instituto Federal Baiano - IFBAIANO

Dissertação homologada pelo colegiado do Curso de Mestrado em Recursos  
Genéticos Vegetais em .....  
conferindo o Grau de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais em  
.....

.....

À minha mãe e ao tio Inácio pela educação ofertada e pelo amor incondicional.

**Dedico**

Aos meus avós: Manuel e Amélia pelo carinho e a toda minha família, por apostar em mim.

**Ofereço**

## **AGRADECIMENTOS**

Ao convênio firmado entre a Universidade Federal do Recôncavo da Bahia com a Universidade Pedagógica de Moçambique que foi valioso na minha formação.

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, a Embrapa Mandioca e Fruticultura e ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, pela oportunidade na realização do curso de Mestrado e pela qualidade de ensino.

À Universidade Pedagógica de Moçambique – Delegação de Niassa, pela permissão na continuação da minha formação.

Ao Pessoal do SUPAI, que envidou todos os esforços, para solucionar todas as minhas dificuldades.

Ao meu orientador Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira, pela orientação, dedicação e sua contribuição no meu crescimento intelectual.

À minha coorientadora Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira, pelo apoio, amizade, paciência e dedicação de execução deste trabalho.

À Pós-doutoranda e amiga Dra. Darcilúcia Oliveira do Carmo de Almeida, pela presteza e colaboração na coleta de dados e pelas contribuições na realização deste trabalho.

À Prof<sup>a</sup> Dra. Ana Cristina Vello Loyola Dantas pela sua dedicação, atenção, disponibilidade e pelo seu apoio no meu ingresso no curso de mestrado.

À secretária do Programa Rejane Barbosa Cardoso pela acessibilidade e pelo dinamismo.

Aos produtores de inhame, que aceitaram fornecer os materiais, para a execução da pesquisa.

À banca examinadora pelas valiosas contribuições para a conclusão deste trabalho.

Ao Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo, pela disponibilidade e pelas sugestões, que contribuíram para a melhoria deste trabalho.

À estagiária Isabella, pela amizade e apoio na coleta de dados.

Aos Professores e colegas do curso, pelos conhecimentos transmitidos e por fazerem parte dos momentos muitos importantes da minha vida.

Ao Doutorando António Leandro da Silva Conceição pela amizade e pelas contribuições.

Ao Prof. MSc. António Augusto de Oliveira Fonseca e ao Prof. Ricardo Luís Cardoso por terem concedido o Laboratório de Tecnologia de Alimentos.

À Juliana Cardoso pela elaboração do mapa da área de estudo.

Aos colegas e amigos Manuel Cassamo, Celina Bahule, Castigo Tivane e Inácio Jala pela força e pelos momentos de desconcentração, que me proporcionaram durante os dois anos de convivência.

À minha mãe Carménia Virgílio Cossa e a toda minha família, pelo carinho, atenção e pelo amor incondicional.

À minha noiva Ester Jonasse Félix pelo seu amor, carinho, paciência, confiança e pelo apoio constante.

Aos amigos que a distância nunca nos separa: Joaquim, Hermínio, Marcos, Wilson, Ana Teresinha, Arão, Arnaldo, Beni, Ancha, Lusitâneo.

À todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

**MUITO OBRIGADO!**

## SUMÁRIO

Página

RESUMO

ABSTRACT

INTRODUÇÃO ..... 1

### **Capítulo I**

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE INHAME NO RECÔNCAVO BAIANO .... 15

### **Capítulo II**

VARIABILIDADE GENÉTICA DE INHAME COM BASE EM DESCRITORES QUANTITATIVOS ..... 35

CONSIDERAÇÕES FINAIS ..... 53



# **CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E VARIABILIDADE GENÉTICA DE INHAME (*Dioscorea rotundata* Poiret.) SOB CONDIÇÕES DO RECÔNCAVO BAIANO**

**Autor:** Virgílio Carménia Cossa

**Orientador:** Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

**Coorientadora:** Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira

**RESUMO:** O inhame (*Dioscorea rotundata*) produz tubérculos ricos em carboidratos, que além de constituir um agronegócio promissor, permite a fixação dos pequenos agricultores na zona rural, na região do Recôncavo Baiano. No entanto, a falta de conhecimento sobre a variabilidade genética desta cultura limita o desenvolvimento de cultivares melhoradas, adaptadas as condições edafoclimáticas da região e resistentes as principais doenças e pragas. Neste sentido, este trabalho teve como objetivo caracterizar genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata*), coletados em quatro municípios da região do Recôncavo Baiano, mediante marcadores fenotípicos, bem como avaliar a divergência genética com base em descritores quantitativos, através de métodos multivariados. Os genótipos foram coletados nos municípios de Cruz das Almas, São Felipe, São Félix e Maragogipe, sendo posteriormente caracterizados e avaliados com base em descritores preconizados pelo IPGRI/IITA. Os resultados indicaram que os maiores valores de nível de entropia de Renyi foram observados para: distância entre a inserção do pecíolo na folha, extremidade inferior e superior, diâmetro do caule, peso e largura do tubérculo. O comprimento do tubérculo foi a variável com maior contribuição para a divergência genética. O método UPGMA foi eficiente e permitiu a distinção de oito grupos com variáveis multicategóricas e sete grupos com variáveis quantitativas, indicando existência de variabilidade genética da espécie, fazendo-se necessário o estabelecimento de estratégias, para a conservação *ex situ* e *in situ* dos recursos genéticos desta cultura, com vista a subsidiar programas de melhoramento genético.

**Palavras chave:** Métodos multivariados, Recursos genéticos, Melhoramento de plantas.

## **PHENOTYPIC CHARACTERIZATION AND GENETIC VARIABILITY OF YAM (*Dioscorea rotundata* Poiret.) UNDER CONDITIONS OF RECÔNCAVO BAIANO**

**Author:** Virgílio Carménia Cossa

**Advisor:** Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

**Co-Advisor:** Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira

**ABSTRACT:** Yam (*Dioscorea rotundata*) produces tubers rich in carbohydrates, which in addition to constitute a promising agribusiness, allow the establishment of small farmers in the countryside of the Recôncavo Baiano region. However, the lack of knowledge about the genetic variability of this crop limits the development of improved cultivars adapted soil and climatic conditions of the region and resistant to main diseases and pests. Thus, this work aimed to characterize phenotypically 89 yam genotypes, as well as evaluate genetic divergence based on quantitative descriptors, through multivariate methods. The genotypes were collected in the municipalities of Cruz das Almas, São Felipe, São Félix and Maragogipe and were characterized and evaluated based on descriptors recommended by IPGRI/IITA. The results indicated that the highest Renyi entropy level values were observed for: distance of the insertion of the petiole on leaf, to the lower and top, diameter of stem, tubers weight and tubers width. The tuber length was the variable with the greatest contribution to the genetic divergence. The UPGMA method was efficient and allowed the distinction of eight clusters with multicategorical variables and seven clusters with quantitative variables, indicating the existence of genetic variability of the species under study, making it necessary to establish strategies for *ex situ* and *in situ* conservation of this culture in order to support programs breeding.

**Key words:** Multivariate methods, Genetic resources, Plant breeding.

## INTRODUÇÃO

O inhame pertence ao gênero *Dioscorea*, família *Dioscoreaceae*, que contempla cerca de 600 espécies cultivadas na África, Ásia, América do Sul e no Caribe (VELASCO-RAMÍREZ et al., 2014). Dentre as espécies que apresentam maior importância economicamente destacam-se a *Dioscorea rotundata* Poir, *D. cayenensis* Lam, *D. alata* L., *D. bulbifera* L., e *D. trifida* L. (SIQUEIRA, 2011). Estas espécies são propagadas vegetativamente e produzem tubérculos ricos em carboidratos, além de possuírem grande importância farmacológica (SHEIKH et al., 2013).

Na América do Sul, o Brasil é o segundo maior produtor, perdendo apenas para a Colômbia. A produção nacional do inhame, em 2014, foi de aproximadamente, 247 mil toneladas (FAO, 2016), sendo que a maior contribuição concentra-se na Região Nordeste. Na Bahia, a região do Recôncavo representa a maior área cultivada, destacando-se os municípios de Maragogipe, São Felipe, São Félix e Cruz das Almas (ALMEIDA, 2013) e sua produção alcança cerca de 20 mil toneladas (SILVA et al., 2012).

No entanto, a diversidade genética de inhame sofre grande pressão seletiva na região do Recôncavo Baiano, causada por doenças e pragas, com maior destaque, para os nematóides: *Meloidogyne incognita* e *Scutellonema bradys* que causam tumores e o escurecimento da casca nos tubérculos. Outros patógenos importantes são os fungos, em especial a *Curvularia eragrostidis* e *Phylosticta* spp, que causam a queima das folhas, e provocam danos nas lavouras, condicionando assim, a erosão genética e o conseqüente abandono da cultura.

Neste sentido, os produtores de inhame necessitam de variedades melhoradas, que combinem resistência a doenças e pragas, alta produtividade com atributos apreciados pelo consumidor, conforme apontam Mignouna et al. (2007) e Obidiegwu et al. (2009). Entretanto, o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético, depende do conhecimento da diversidade genética presente na espécie de interesse (CRUZ et al., 2011).

Apesar de constituir um negócio promissor para os pequenos agricultores, o conhecimento da diversidade genética do inhame na região do Recôncavo baiano é incipiente, limitando assim, ações de conservação, manejo e uso destes recursos genéticos em programas de melhoramento vegetal.

A caracterização fenotípica com base em dados qualitativos e quantitativos constitui a etapa preliminar na caracterização da divergência genética de acessos em bancos de germoplasma. Os descritores qualitativos são governados por poucos genes e permitem fazer inferências confiáveis sobre a divergência genética, entretanto estes são reduzidos. Em contrapartida, os dados de natureza quantitativa apresentam limitações, visto que, são influenciados pelo ambiente, podendo fornecer dados não confiáveis (JESUS et al., 2013). No entanto, estes descritores são muito importantes, pois fornecem informações úteis sobre potencial produtivo dos genótipos, que possibilitam a formação de combinações promissoras, com maior efeito heterótico.

O uso de algoritmos de estatística multivariada é considerado uma estratégia importante para a quantificação da similaridade genética (GONÇALVES et al., 2008, MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). Dentre estes, destacam-se a análise de componentes principais, análise de variáveis canônicas e análise de agrupamento (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). A escolha do método depende da acurácia desejada pelo pesquisador, da facilidade da análise e do modo como os dados foram obtidos (CRUZ et al., 2012).

Desta forma, o objetivo deste trabalho foi de caracterizar genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata*), coletados em quatro municípios da região do Recôncavo baiano, mediante marcadores fenotípicos, bem como avaliar a divergência genética com base em descritores quantitativos, através de métodos multivariados.

## REVISÃO DE LITERATURA

### Origem e Distribuição do gênero *Dioscorea*

As espécies do gênero *Dioscorea* têm como centro de origem, as áreas tropicais de três continentes: África Ocidental, o Sudeste Asiático e a América do Sul (ALEXANDER; COURSEY, 1969). *D. rotundata*, *D. cayenensis* e *D. dumetorum* originaram-se na margem oriental do rio Niger no Continente africano, *D. alata* e *D. esculenta*, provavelmente, originaram-se na Índia e na Tailândia, enquanto, *D. trifida* tem como centro de origem a América do Sul (ALEXANDER; COURSEY, 1969). As espécies africanas e asiáticas separaram-se há, aproximadamente, cinco milhões de anos, durante o período Mioceno (COURSEY, 1967). Bhattacharjee et al. (2011), sugerem que espécies asiáticas

foram introduzidas na África Ocidental, enquanto que, as africanas direcionaram-se para a oeste do Continente americano.

Segundo Ayensu e Coursey (1972) existem controvérsias em relação a origem da *D. rotundata*. Para alguns autores, esta espécie é um híbrido entre *D. abyssinica* Hochest ex. Knuth e *D. praehensilis* Benth (COURSEY, 1967). Esta idéia é sustentada por vários estudos, realizados por meio de marcadores isoenzimáticos e moleculares (DUMONT et al., 2010). Outros autores consideram-na, como sendo uma subespécie da *D. cayenensis*. Entretanto, esta última hipótese é rejeitada, visto que, estas espécies diferenciam-se, fenotipicamente, pela cor da polpa, sendo a da *D. rotundata* (branca) e da *D. cayenensis* (amarela), e por meio da produção de tubérculos, em que a *D. rotundata* é precoce enquanto para *D. cayenensis* é tardia (SILVA, 2012). Ademais, estudos anatômicos ilustram diferenças no tecido vascular entre ambas (AYENSU; COURSEY, 1972). No entanto, devido a esta situação, alguns autores consideram estas espécies como sendo uma única, por isso, as denominam de *Complexo D. cayenensis/D. rotundata* (OBIDIEGWU et al., 2009; ZANNOU et al., 2015; ZOUNDJIHEKPOD et al; 1997).

A dispersão do gênero *Dioscorea* deu-se no século XVI, pelos portugueses e espanhóis, que eram os maiores navegadores da época, durante a colonização (COURSEY, 1967). De acordo com Ayensu e Coursey (1972) quando os portugueses visitaram a costa da Guiné, observaram um comércio extenso do inhame, e devido a presença de ácido ascórbico nos tubérculos, estes eram consumidos nas longas viagens, por prevenirem o escorbuto (PERSEGLOVE, 1972 citado por SIQUEIRA, 2011), que dizimou muitos marinheiros na era dos descobrimentos.

No entanto, a *D. rotundata* só foi definida, taxonomicamente, por Poiret na Jamaica no século XVIII, que acreditava que esta espécie tivesse derivado de plantas cultivadas, e que a mesma fosse indígena para o Novo Mundo (AYENSU; COURSEY, 1972).

### **Descrição botânica e cultivo do gênero *Dioscorea* ssp.**

O inhame (*Dioscorea* spp) pertence a família *Dioscoreaceae* e a ordem *Dioscoreales*. Suas espécies deste gênero estão divididas em cinco seções: *D. rotundata*, *D. alata*, e *D. cayenensis* pertencem a seção (Enantiophyllum), *D.*

*dumetorum*, *D. hispida* e *D. pentaphylla* a seção (Lasiophyton), *D. bulbifera* a seção (Opsohyton); *D. esculenta* a seção (Combilium); e *D. trifida* a seção (Macrogynodium) (BHATTACHARJEE et al., 2011).

As plantas do gênero *Dioscorea* ssp são monocotiledôneas, anuais e/ou perenes, herbáceas e geralmente trepadeiras (DEMUYAKOR et al., 2013). O caule é aéreo volúvel, com enrolamento horário ou anti-horário, e pode ou não apresentar espinhos. As folhas apresentam grandes variações morfológicas, sendo, geralmente: alternas, opostas ou espiraladas, lobadas ou não e pecioladas em forma de coração ou seta. As flores são actinomorfas, trímeras, pequenas e geralmente unissexuais (SIQUEIRA, 2011) e podem ser brancas, amarelas ou verdes-claras (BRESSAN, 2005). As flores masculinas possuem perigônio com seis peças em dois verticilos, apresentando seis estames com anteras férteis, distribuídas em um só verticilo (CARNEIRO, 2013). Entretanto, a floração é escassa nas espécies alimentícias. Na sua maioria o inhame é uma planta dióica, embora existam plantas monóicas (ZOUNDJIHEKPOD, 1997). Os frutos são do tipo cápsulas tripartidas, bagas ou drupas (SIQUEIRA, 2011). É uma planta com sistema reprodutivo por alogamia e propagação vegetativa, exclusivamente, por meio de tubérculos sementes, que são pequenos tubérculos ou pedaços com aproximadamente 200 g (CARNEIRO, 2013; SILVA et al., 2012).

A citogenética das espécies do gênero *Dioscorea* é controversa. Estas espécies são poliploides, com os seguintes níveis de ploidia, 2x (diploides), 3x (triploides) e altos níveis de ploidia (MUTHAMIA et al., 2014). A *D. rotundata* é diploide ( $2n = 40$ ) e seu número básico de cromossomos é  $X = 20$  (SCARCELLI et al., 2005), em contrapartida Obidiegwu et al. (2009), consideram que as espécies do complexo *D. cayenensis/D. rotundata* são tetraploides, hexaploides e octaploides. A *D. cayenensis* e a *D. alata* apresentam genótipos com número diferentes de cromossomos ( $2n = 40, 60$  e  $80$ ) (SARTIE; ASIEDU, 2011). Já a *D. trifida* também apresenta vários níveis de ploidia ( $2n = 54-81$ ) (MAHALAKSHMI et al. 2007).

Em relação ao ciclo de vida, o inhame apresenta as seguintes fases: dormência (20 a 80 dias), caracterizada por uma paralisação no desenvolvimento dos meristemas. A fase de crescimento vegetativo ocorre 80 a 180 dias, cujos principais eventos são a emissão das primeiras raízes, desenvolvimento do caule, formação das primeiras folhas e o aparecimento das inflorescências. A fase

reprodutiva (180 a 210 dias) inicia-se com formação das flores e encerra-se com a senescência das mesmas e a fase de maturação (210 a 270 dias) corresponde ao período do término da floração à colheita (SILVA et al., 2012).

Em relação à época de plantio, no Recôncavo Baiano a cultura do inhame é semeada durante as primeiras chuvas, que ocorrem a partir de novembro, prolongando-se até o início de fevereiro, pois a época para se plantar inhame depende da disponibilidade de irrigação (SILVA. et al., 2012).

### **Importância econômica, nutricional e medicinal do gênero *Dioscorea* ssp.**

A cultura do inhame apresenta grande importância econômica, nutricional e medicinal na África, Ásia, América Latina, nas Caraíbas e nas ilhas do sul do oceano Pacífico. As espécies *D. rotundata*, *D. cayennensis* e *D. alata* são as mais cultivadas e representam 95% da produção mundial (SARTIE et al., 2012).

De acordo com a FAO (2016) a área plantada e a produção de inhame, à nível mundial, em 2014, foram de 5 milhões de hectares e 63 milhões de toneladas, respectivamente. O continente Africano concentra 96% da produção mundial, sendo a Nigéria o maior produtor com cerca de 45 milhões de toneladas, seguida por Ghana, Costa do Marfim, Benin e Etiópia. No cenário da América do Sul, o Brasil é o segundo maior produtor, perdendo para a Colômbia. A produção nacional do inhame, em 2014, foi estimada em, aproximadamente, 247 mil toneladas, colhidas em 25 mil hectares (FAO, 2016), sendo que a maior produção concentra-se na Região Nordeste, nos estados da Paraíba, Pernambuco, Bahia, Alagoas e Piauí (SILVA, L. et al., 2012).

Na Bahia, a região do Recôncavo representa a maior área cultivada, destacando-se os municípios de Maragogipe, São Felipe, São Félix e Cruz das Almas (ALMEIDA, 2013) e sua produção alcança cerca de 20 mil toneladas e uma movimentação financeira de cerca de 18 milhões de reais, anualmente (SILVA et al., 2012), oriundos das exportações dos tubérculos. No entanto, o tamanho dos tubérculos define o mercado consumidor (CARVALHO; CARVALHO, 1999), em que os tubérculos com peso entre 0,70 e 1,50 kg são exportados aos mercados dos EUA; 1,60 até 2,00 kg, para a França e entre 2,10 e 3,00 kg para outros mercados europeus, enquanto que aqueles com peso superior a 3 kg constituem o tipo não exportação, alcançando preços inferiores (SANTOS, 1996).

Sob o ponto de vista nutricional, o inhame é rico em amido, contém proteínas, vitaminas do complexo B (com altos teores de tiamina, riboflavina e niacina), teores de vitaminas A, D, C (VELASCO-RAMÍREZ et al., 2014), alguns minerais: fósforo, cálcio, ferro, potássio, sódio, magnésio, zinco, manganês, cobre, e enxofre (SHEIKH et al., 2013) e apresenta baixo índice glicêmico, que confere melhor proteção contra obesidade e diabetes (NJUKENG et al., 2014).

Algumas espécies do gênero *Dioscorea* apresentam importância medicinal, pois contém saponinas esteroidais (diosgenina) precursoras de pílulas anticoncepcionais (com progesterona e estrógeno). Pode-se salientar, que o estrógeno destas espécies protege alguns tipos de câncer, osteoporose, artrite reumática, doença cardiovascular, asma e diabetes (SHEIKH et al., 2013). O inhame, também previne a malária, febre amarela, dengue, problemas estomacais, desnutrição, controle do colesterol, infecções fúngicas, bacterianas e viróticas (SIQUEIRA, 2011). Outras espécies regulam o sistema reprodutor feminino, durante o desconforto menstrual e na menopausa e são usadas no tratamento da infertilidade feminina (BHATTACHARJEE et al., 2011).

### **Recursos genéticos e melhoramento genético de Inhame**

Os recursos genéticos vegetais constituem a base da agricultura e da segurança alimentar (OGWU et al., 2014). Eles contemplam a diversidade do material genético contido nas variedades tradicionais, cultivares modernas e parentes selvagens.

Os programas de conservação dos recursos genéticos vegetais, para alimentação e agricultura iniciam o estabelecimento de bancos de germoplasma. As principais atividades desenvolvidas nestes bancos são: a coleta, multiplicação, conservação, manejo, caracterização, avaliação, documentação e seu uso em programas de melhoramento genético (RAO, 2004).

Dentre os vários bancos de germoplasma distribuídos pelo mundo, o do *International Institute of Tropical Agriculture* (IITA), sediado em Ibadan, na Nigéria, mantém 28 mil acessos das maiores culturas do continente Africano, incluindo o inhame (*Dioscorea* ssp). Esta coleção é mantida desde 1975 (GIRMA et al., 2012), e é composta por 3.222 acessos de 10 espécies: *D. rotundata*, *D. alata*, *D. bulbifera*, *D. cayennensis*, *D. dumetorum*, *D. esculenta*, *D. preussii*, *D. mangenotiana*, *D. bulkiliana* e *D. abyssinnica*, coletados em países da África



Ocidental. A *D. rotundata* e *D. alata* correspondem a 67% e 25%, do total da coleção, respectivamente. Todos os acessos são mantidos em campo e em condições *in vitro*, além de existir uma perspectiva em desenvolver protocolos para preservá-los por meio de congelamento a -196° C.. Os dados de passaporte e informações sobre a caracterização destes acessos são mantidos em bases de dados acessíveis, como no site URL <<http://genebank.iita.org/searc>> (BHATTACHARJEE et al., 2011) e são muito importantes para o melhoramento genético desta cultura.

Entretanto, o melhoramento genético do inhame é limitado por vários fatores, tais como: o ciclo de vida longo, a dioicia acompanhada pela assincronia no florescimento das flores masculinas com as femininas, a poliploidia e a alta heteroziguidade (SARTIE; ASIEDU, 2011).

O programa de melhoramento genético de *Dioscorea* spp no IITA, tem como objetivo a obtenção de novas cultivares com características agrônômicas e de qualidade organolépticas desejáveis, resistência a antracnose e doenças virais. Também são usadas técnicas de cultura de tecidos, para a eliminação de patógenos, principalmente, os vírus, para facilitar o intercâmbio do germoplasma à nível internacional.

No cenário brasileiro, as coleções de inhame são mantidas na Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ/USP), Universidade Federal de Viçosa (UFV) e Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) (NASCIMENTO, 2014), com acessos coletados em vários estados do país, principalmente, nos do Nordeste. Essas coleções são caracterizadas com base em marcadores fenotípicos, moleculares, também são identificadas fontes de resistências para doenças. Neste sentido, estes estudos têm revelado alta variabilidade genética, e fornecem subsídios para a conservação e uso dos acessos em programas de melhoramento genético da cultura do inhame no país.

### **Caracterização morfológica**

A caracterização é uma atividade essencial no manejo de coleções de germoplasma e consiste em obter dados para descrever, identificar e diferenciar acessos de uma mesma espécie. A caracterização morfológica é feita com base em descritores botânicos de alta herdabilidade, facilmente visíveis ou

mensuráveis e que se expressam consistentemente em todos os ambientes (BURLE; OLIVEIRA, 2010; VALLS, 2007).

Um descritor morfológico é um atributo ou característica mensurável que é observado em um acesso de um banco de germoplasma (BIOVERSITY INTERNATIONAL, 2007). Os descritores podem ser de natureza qualitativa ou quantitativa e são específicos para as culturas ou grupo de espécies semelhantes (BURLE; OLIVEIRA, 2010).

O uso dos descritores morfológicos na caracterização de acessos em bancos de germoplasma fornece subsídios para a conservação, manejo e uso dos recursos genéticos. No entanto, para que esta atividade seja efetiva, de modo a facilitar o intercâmbio de germoplasma, é necessário, que os descritores de cada cultura sejam padronizados (BARBIERI; CASTRO, 2015).

Neste sentido, os grupos *International Plant Genetic Resources Institute* e o *International Institute of Tropical Agriculture* (IPGRI/IITA, 1997) estabeleceram os descritores para o inhame (*Dioscorea* ssp), representados com suas respectivas classes fenotípicas. O uso destes descritores tem gerado informações relevantes para a conservação e melhoramento genético do inhame em várias partes do mundo.

Carneiro (2013) caracterizou 38 acessos de inhame, pertencentes ao banco de germoplasma da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, com base em 28 descritores morfológicos. Os resultados ilustraram a divisão dos acessos em quatro grupos distintos, conforme as espécies botânicas (*D. trifida*; *D. rotundata*; *D. alata* e *D. bulbifera*), o que revelou uma elevada variabilidade genética.

Mahalakshmi et al. (2007) desenvolveram uma coleção nuclear com os 3.017 acessos de inhame do banco do IITA, com 99 descritores morfológicos (86 qualitativos e 13 quantitativos). A coleção nuclear é composta por 391 acessos (13% da coleção inteira).

Contudo, o uso de descritores morfológicos apresenta uma limitação, devido a natureza quantitativa dos caracteres, que os tornam fortemente influenciados pelo ambiente. Assim, se faz necessário a utilização combinada dos descritores morfológicos com os marcadores moleculares nos estudos de diversidade genética, de modo a permitir a obtenção de informações mais consistentes dos diferentes acessos, que compõem os bancos de germoplasma.

## **Diversidade Genética utilizando técnicas de análise Multivariada**

O uso de técnicas de estatística multivariada impulsiona a realização de estudos sobre divergência genética, classificação de acessos e análises de relações genéticas em programas de melhoramento genético (MEKONNEN et al., 2014).

Dentre vários métodos multivariados disponíveis, os aglomerativos ou de agrupamento são os mais difundidos, entre os melhoristas. Os métodos de agrupamento, também denominados conglomerados ou *cluster* têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos (MINGOTI, 2005). Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, sendo estabelecido um dendrograma, com o número definido de grupos (CRUZ et al., 2011).

Entretanto, os métodos de agrupamento dependem do cálculo das medidas de dissimilaridade provenientes de variáveis quantitativas, qualitativas e moleculares. Neste sentido, diversas medidas de similaridade ou dissimilaridade são usadas para a quantificação das distâncias entre acessos de uma população, sendo, a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis as mais utilizadas.

Ademais, as medidas de dissimilaridade em variáveis qualitativas multicategóricas (características morfológicas e estruturais da planta), são comumente determinadas utilizando a distância de Cole-Rogers *et al.* (1997), onde as características, que normalmente não podem ser ordenadas, são classificadas em escalas, podendo então ser analisados como características quantitativas discretas. Em variáveis binárias (dados moleculares) pode-se utilizar o coeficiente de Jaccard; coeficiente de Nei e Li; coeficiente de Ochia; coeficiente de coincidência simples e outros. Por sua vez Gower (1971) propôs uma técnica, que permite a análise simultânea das distâncias entre características quantitativas e qualitativas. Esta análise conjunta de diferentes tipos de variáveis pode fornecer uma melhor indicação da potencialidade quanto à variabilidade existente em bancos de germoplasma (CRUZ et al., 2011).

Os métodos de agrupamentos baseiam-se nos seguintes algoritmos ou métodos: ligação simples (vizinho mais próximo), ligação completa (vizinho mais distante), UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) e

Ward. No método de ligação simples a similaridade ou dissimilaridade considera os dois elementos mais parecidos entre si, enquanto o método do vizinho mais próximo considera o menor valor entre dois elementos, o método UPGMA se baseia nas médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, e o método de Ward considera a menor soma de quadrados em cada etapa do processo de formação dos grupos (CRUZ et al., 2011; MINGOTI, 2005). O UPGMA é o que apresenta o coeficiente de correlação cofenético (CCC) máximo (SOKAL; ROHLF, 1962).

## REFERÊNCIAS

ALEXANDER, J.; COURSEY D. G. **The origin of yam cultivation in the domestication and exploration of plant and animals.** UCKO, P.J.; DIMBLEBY, G.W. Eds Duck worths, London, UK, pp. 405-425, 1969.

ALMEIDA, D. O. C. **Estrutura genética, patogenicidade e controle de *Curvularia eragrostidis* e *Phyllosticta* ssp. em inhame.** 2013. 81 f. Tese (Doutorado em Ciências Agrárias). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2013.

AYENSU, E. S.; COURSEY, D. G. Guinea yams. The botany, ethnobotany, use and possible future of yams in west Africa. **Economic Botanic**, v. 26, n. 4 p.301-318, 1972.

BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M. Descritores para Caracterização de Germoplasma. In: VEIGA, R. F. de A.; QUEIRÓZ, M. A. de (Eds). **Recursos Fitogenéticos: a base da agricultura sustentável no Brasil.** Viçosa, MG: Ed. UFV, 2015. cap. 22, p. 184-191.

BHATTACHARJEE, R.; GEDIL, M.; SARTIE, A.; OTOO, E.; DUMET, D.; KIKUNO, H.; KUMAR, P. L.; ASIEDU, R. *Dioscorea*. In: KOLE, C. **Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources.** Industrial Crops, Berlin, 2011, cap. 4, p. 71-96.

BIOVERSITY INTERNATIONAL. **Guidelines for the development of crop descriptor lists.** Roma, Bioversity Technical Bioversity International, 2007. 72 p.

BRESSAN, E. A.. **Diversidade Isoenzimática e morfológica de inhame (*Dioscorea* ssp.) coletados em roças de agricultura tradicional do vale do Ribeira-SP.** 2005. 186p. Dissertação (Mestrado em Ecologia de Agroecossistemas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2005.

BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. S. P. **Manual de curadores de germoplasma - vegetal: caracterização morfológica.** (Documentos/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 378). Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 15 p.

CARNEIRO, J. I. D. S. **Caracterização morfológica e molecular de germoplama de inhame**. 2013. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2013.

CARVALHO, P. C. L. de; CARVALHO R. L. de. **Coleção de genótipos silvestres e cultivados de *Dioscorea***. In: Embrapa Semi-árido / Embrapa Recursos Genéticos. (Org.). Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro. 1ª ed. Petrolina, 1999, v. 1, Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br:8080/catalogo/livrorg/dioscorea.pdf>>. Acesso em: 12 jan. 2016.

COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using *Capsicum* as an example. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 1000-1002. 1997.

COURSEY, D. G. **Yams An account on the nature, origins, cultivation and utilization of the useful members of discoreaceae**. Tropical Agricultural Series Longmans. Green and Co Ltd, London. 1967.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: MG, Suprema. 2011. 620 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012, 508 p.

DEMUYAKOR, D. B.; DUKROG, T. M., CHIKPAH, S. K. Yam Germplasm In Ghana – A Survey On Storage And Varietal Properties Of *Dioscorea rotundata-alata* in Northern Region Of Ghana. **International Journal of Scientific & Technology Research**, v. 2, n. 1, jan. 2013.

DUMONT, R.; ZOUNDJIHEKPON, J.; VERNIER, P. Origine et diversité des ignames *Dioscorea rotundata* Poir: Comment le savoir-faire des paysans africains leur permet d'utiliser la biodiversité sauvage dans l'agriculture. **Cah Agric**, v. 19, n. 4. 2010.

FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations**. 2016. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID>> Acesso em: 08 mar. 2016.

GIRMA, G.; KORIE, S.; DUMET, D.; FRANCO, J. Improvement of accession distinctiveness as an added value to the global worth of the yam (*Dioscorea* spp) genebank. **International Journal of Conservation Science**, v. 3, n. 3, p. 199-206, 2012.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. P. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7 n. 4, p.1289-1297, 2008.

GOWER, J. C. A. general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857 – 874, 1971.

IPGRI/IITA. **Descriptors for yam (*Dioscorea* spp)**. Rome, Italy: International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, Nigeria/International Plant Genetic Resources Institute, 1997. 61 p.

JESUS, O. N.; FREITAS, J. P. X.; DANTAS, J. L. L.; OLIVEIRA, E. J. Use of morpho-agronomic traits and DNA profiling for classification of genetic diversity in papaya. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 4, p. 6646-6663, 2013.

MAHALAKSHMI, V.; NG, Q.; ATALOBHO, J.; OGUNSOLA, D.; LAWSON, M.; ORTIZ, R. Development of a West African yam *Dioscorea* spp. core collection. **Genet Resour Crop Evol**, v. 54, n. 8, p. 1817–1825, dez. 2007.

MEKONNEN, F.; MEKBIB, F.; KUMAR, S.; SEID, A.; SHARMA, T. R. Phenotypic variability and characteristics of lentil (*Lens culinaris* Medik.) germplasm of Ethiopia by multivariate analysis. **Journal of Agricultural and Crop Research**, v. 2, n. 6, p. 104-116, jun. 2014.

MIGNOUNA, H. D.; ABANG, M. M.; ASIEDU, R. Advances in yam (*Dioscorea* spp.) genetics and genomics. **Proceedings of the 13<sup>th</sup> ISTRC Symposium**, Arusha, p. 72-81, 2007.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada**: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005. 297 p.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants. Salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, p. 1235-1248, 2003.

MUTHAMIA, Z. K.; NYENDE A. B.; MAMAT, I E. G.; FERGUSON, M. E.; WASILWA, J. Determination of ploidy among Yam (*Dioscorea* spp.) landraces in Kenya by flow cytometry. **Afr. J. Biotechnol.**, v. 13, n. 3, p. 394-402, jan. 2014.

NASCIMENTO, J. P. M. do. **Incidência e caracterização molecular de badnavirus em bancos de germoplasma de inhame (*Dioscorea* spp.) no Brasil**. 2014. 45 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Proteção de Plantas, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 2014. Disponível em: <file:///C:/Users/User/Downloads/JEAN PHELLIPE MARQUES DO NASCIMENTO (2).pdf>. Acesso em: 18 jan. 2016.

NJUKENG, A. P.; AZETEH, I. N.; MBONG, G. A. Survey of the incidence and distribution of two viruses infecting yam (*Dioscorea* spp.) in two agro-ecological zones of Cameroon. **Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci**, v. 3, n. 4, p.1153-1166, 2014.

OBIDIEGWU, J. E.; KOLESNIKOVA-ALLEN, M.; ENE-OBONG, E. E.; MUONEKE, C. O.; ASIEDU, R. SSR markers reveal diversity in Guinea yam (*Dioscorea cayenensis/D. rotundata*) core set. **Afr. J. of Biotechnol.**, v. 8, n. 12, p. 2730-2739, jun. 2009.

OGWU, M. C.; OSAWARU, M. E.; AHANA, C. M. Challenges in conserving and utilizing plant genetic resources (PGR). **International Journal of Genetics and Molecular Biology**, v. 6, n. 2, p. 16-22, mar. 2014.

RAO, N. K. Plant genetic resources: Advancing conservation and use through biotechnology. **Afr. J. of Biotechnol.**, v. 3, n. 2, p. 136-145, fev. 2004.

SANTOS, E. S. dos. **Inhame (*Dioscorea* spp.): aspectos básicos da cultura**. João Pessoa: EMEPA-SEBRAE-PB, 1996.158p

SARTIE, A.; ASIEDU, R. Development of mapping populations for genetic analysis in yams (*Dioscorea rotundata* Poir. And *Dioscorea alata* L.). **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n.16, p. 3040-3050, abr. 2011.

SARTIE A, ASIEDU, R., FRANCO, J. Genetic and phenotypic diversity in a germplasm working collection of cultivated tropical yams (*Dioscorea* spp.). **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 59, n. 8, p. 1753-1765, fev. 2012.

SCARCELLI, N.; DAINOU, O.; AGBANGLA, C.; TOSTAIN, S.; PHAM, J. L. Segregation patterns of isozyme loci and microsatellite markers show the diploidy of African yam *Dioscorea rotundata* (2n=40). **Theor. Appl. Genet.** v 111, p. 226-232, 2005.

SHEIKH, N.; KUMAR, Y.; MISRA, A.K.; PFOZE, L. Phytochemical screening to validate the ethnobotanical importance of root tubers of *Dioscorea* species of Meghalaya, North East India. **Journal of Medicinal Plants Studies**, v. 1, n. 6, p. 62-69, 2013.

SILVA, L. de R. G. da. **Desenvolvimento de marcadores microssatélites e caracterização de etnovariedades de inhame do complexo *Dioscorea cayenensis/D. rotundata***. 2012. 74 f. Tese (Doutorado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.

SILVA, S. O.; CARVALHO, P. C. L.; MOREIRA, R. F. C.; CARNEIRO, J. L., S. **Orientações Técnicas para o cultivo do Inhame**. 1ª ed. Cruz das Almas. 2012. 40 p.

SIQUEIRA, M. V. B. M.. **Caracterização da diversidade genética de inhame (*Dioscorea alata*) utilizando marcadores microssatélites**. 2011. 166p. Tese (Doutorado em Ecologia Aplicada). Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Universidade de São Paulo, Piracicaba. 2011.

SOKAL, R, R.; ROHLF, F, J, The comparison of dendrograms by objective methods, **Taxon**, v,11 p. 33-40, 1962.

VALLS, J. F. M. Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: NASS, L. L. (Ed.) **Recursos genéticos vegetais**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, v. 1, 2007, cap. 8, p. 283-305.

VELASCO-RAMÍREZ, A.; TORRES-MORÁN, M. I.; MOLINA-MORET, S.; SÁNCHEZ-GONZÁLEZ, J. de J.; SANTACRUZ-RUVALCABA, F. Efficiency of RAPD, ISSR, AFLP and ISTR markers for the detection of polymorphisms and genetic relationships in Camote de Cerro (*Dioscorea* spp.). **Electronic Journal of Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 65–71, mar. 2014.

ZANNOU, A.; STRUIK, P.; RICHARDS, P.; ZOUNDJIHÉKPON, J. Yam (*Dioscorea* spp.) responses to the environmental variability in the Guinea Sudan zone of Benin. **African Journal of Agricultural Research**, v. 10, n. 53, p. 4913-4925, dez. 2015.

ZOUNDJIHEKPOD, J.; HAMON, P.; NOIROT, M.; TIO-TOURE, B.; HAMON, S. Flowering synchronisation between male and female West African cultivated yams (*Dioscorea cayenensis-rotundata* complex). **Euphytica**, v. 95, p.371-375, 1997.



# CAPITULO I

## CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE INHAME NO RECÔNCAVO BAIANO<sup>1</sup>

---

<sup>1</sup> O artigo será submetido ao comitê editorial do periódico científico Pesquisa Agropecuária Brasileira.

## CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE INHAME NO RECÔNCAVO BAIANO

**Autor:** Virgílio Carménia Cossa

**Orientador:** Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

**Coorientadora:** Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira

**Resumo:** O inhame apresenta grande importância econômica, nas áreas de produção da agricultura familiar na Região do Recôncavo Baiano, entretanto esta cultura pode sofrer erosão genética em decorrência do baixo nível tecnológico dos produtores bem das doenças e pragas que afetam a cultura. A caracterização fenotípica constitui uma etapa preliminar para o conhecimento da variabilidade desta cultura, com vista a gerar subsídios, para ações de conservação, manejo e melhoramento genético das espécies do gênero *Dioscorea*. Este estudo teve como objetivo caracterizar 89 genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata*), coletados nos municípios de Cruz das Almas, São Felipe, São Félix e Maragogipe, mediante 25 descritores morfológicos: oito relacionados às folhas, seis ao caule e onze aos tubérculos. Com base nestes dados, foi estimado o nível de entropia de Renyi e os genótipos foram agrupados pelo método UPGMA. Os maiores valores de entropia de Renyi foram observados para: distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior, superior, diâmetro do caule, peso e largura do tubérculo. O critério pseudo- $t^2$  possibilitou a formação de oito grupos, revelando existência de variabilidade genética dessa cultura que poderá ser explorada em futuros programas de melhoramento genético.

**Palavras chave:** *Dioscorea rotundata*; Nível de Entropia de Renyi; Análise multivariada.

## PHENOTYPIC CHARACTERIZATION OF YAM IN RECÔNCAVO BAIANO

**Author:** Virgílio Carménia Cossa

**Advisor:** Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

**Co-Advisor:** Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira

**ABSTRACT:** Yam has great economic importance in the production areas of family farming in the Recôncavo Baiano Region, though the crop may suffer genetic erosion due to the low technological level of producers and of diseases and pests affecting the crop. Phenotypic characterization is a preliminary step to the knowledge of the variability of this culture in order to generate benefits for conservation actions, management and genetic improvement of species of the genus *Dioscorea*. This study aimed to characterize 89 yam genotypes (*Dioscorea rotundata*) collected in the municipalities of Cruz das Almas, São Felipe, São Félix and Maragogipe by 25 morphological descriptors: eight related to the leaves, six of stem and eleven to the tubers. Based on these data, it was estimated the Renyi entropy level and genotypes were grouped by UPGMA method. The highest Renyi entropy level values were observed for: distance of the insertion of the petiole on leaf, the lower end, top, diameter of stem, weight, and width of the tubers. The pseudo- $t^2$  criterion enabled the formation of eight groups, revealing great genetic variability that can be exploited in future breeding programs.

**Key words:** *Dioscorea rotundata*; Renyi entropy level, Multivariate analysis.

## INTRODUÇÃO

A cultura do inhame pertence ao gênero *Dioscorea* ssp, que engloba 600 espécies, cultivadas nas regiões tropicais e subtropicais, da África Ocidental, Sul da Ásia, América do Sul e nas Caraíbas (VELASCO-RAMÍREZ et al., 2014).

A *Dioscorea rotundata* Poir. é uma espécie diploide ( $2n=2x=40$ ), nativa do continente Africano, sendo a Nigéria o seu centro de diversidade (TAIGA, 2012). Esta espécie foi introduzida nas Américas pelos navegadores portugueses e espanhóis na época dos descobrimentos (COURSEY, 1967). É uma planta monocotiledônea, trepadeira, com direção de crescimento no sentido anti-horário, propagada vegetativamente, produz tubérculos com vários comprimentos e formas, cujo peso varia de 1,3 a 3,6 kg, podendo atingir 27,2 kg (IITA, 2007). *D. rotundata*, *D. cayenensis* e *D. alata*, são as espécies de inhame, que apresentam grande importância econômica a nível mundial.

Neste cenário, estima-se que, no Brasil, em 2014, foram produzidas, aproximadamente, 247 mil toneladas de inhame, em 25 mil hectares (FAO, 2016), sendo que a maior produção concentra-se na Região Nordeste, nos estados da Paraíba, Pernambuco, Bahia, Alagoas e Piauí.

Na Bahia, a região do Recôncavo representa a maior área cultivada, destacando-se os municípios de Maragogipe, São Felipe, São Felix e Cruz das Almas, cuja produção alcança cerca de 20 mil toneladas (SILVA, S., et al., 2012). *D. rotundata* (Inhame da Costa) e *D. cayenensis* (Boca Funda) ocupam uma área cultivada de cerca de 90%, ao contrário da *D. alata* (Cará São Tomé ou Inhame Jibóia), *D. trifida* (Inhambu ou Cará Mimoso) e a *D. bulbifera* (Inhame Fígado) (SILVA, S., et al., 2012).

Apesar da sua grande importância econômica, para a agricultura familiar na Região do Recôncavo Baiano, o inhame pode sofrer erosão genética, em decorrência do baixo nível tecnológico empregado no manejo da cultura, das doenças e pragas, que afetam a cultura. Assim, uma medida necessária, para solucionar estes problemas, consiste na coleta e caracterização genética de genótipos de inhame, com base em dados fenotípicos de modo a selecionar acessos com características superiores e adaptadas às condições da região.

A caracterização é uma atividade essencial, pois constitui a primeira etapa, que visa identificar, descrever e distinguir genótipos, com base em descritores adequados (BURLE; OLIVEIRA, 2010). Para o inhame (*Dioscorea* ssp), o grupo

*International Plant Genetic Resources Institute* e o *International Institute of Tropical Agriculture* (IPGRI/IITA) estabeleceram os descritores para melhor caracterizar suas espécies (IPGRI/IITA, 1997).

Métodos multivariados têm sido usados com sucesso em estudos de caracterização da diversidade genética de várias espécies. Dentre estes, o método aglomerativo, que visa reunir os genótipos em grupos, de modo que haja homogeneidade dentro destes e heterogeneidade entre os mesmos, é o mais empregado pelos melhoristas (CRUZ et al., 2011).

Assim, a caracterização da diversidade genética das espécies do gênero *Dioscorea*, mediante a dados fenotípicos com auxílio de técnicas multivariadas tem sido conduzida por vários autores na África Ocidental e Central (ADEIGBE, et al. 2015; ANOKYE et al. 2014; MIGNOUNA et al. 2002; NORMAN et al. 2011; OTOO et al., 2009; SARTIE et al. 2012; TIAMA et al., 2016). No entanto, no cenário brasileiro estes estudos são incipientes, destacando-se os de (BRESSAN, 2011, 2014; CARNEIRO, 2013; SIQUEIRA et al.; 2014; SILVA, L. et al., 2016).

Diante do exposto, este estudo teve como objetivo caracterizar 89 genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata*), coletados em quatro municípios da região do Recôncavo Baiano, mediante marcadores fenotípicos, com vista a gerar subsídios, para ações de conservação, manejo e melhoramento genético desta cultura nas condições edafoclimáticas do Recôncavo Baiano.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Um total de 89 genótipos de inhame foram coletados em 18 propriedades rurais de povoados pertencentes aos municípios de Cruz das Almas, São Félix, São Felipe e Maragogipe, que se localizam na região do Recôncavo baiano. Os pontos de coleta foram georreferenciados através do sistema de posicionamento Global (GPS) (Figura 1, Tabela 1). Nesses municípios predominam latossolos, o clima é úmido e subúmido, com temperatura média anual de 23,4 °C, exceto, para São Felipe, que apresenta 24,4 °C e a precipitação média anual variando de 1117,9 a 1119,0 mm (SEI, 2010).

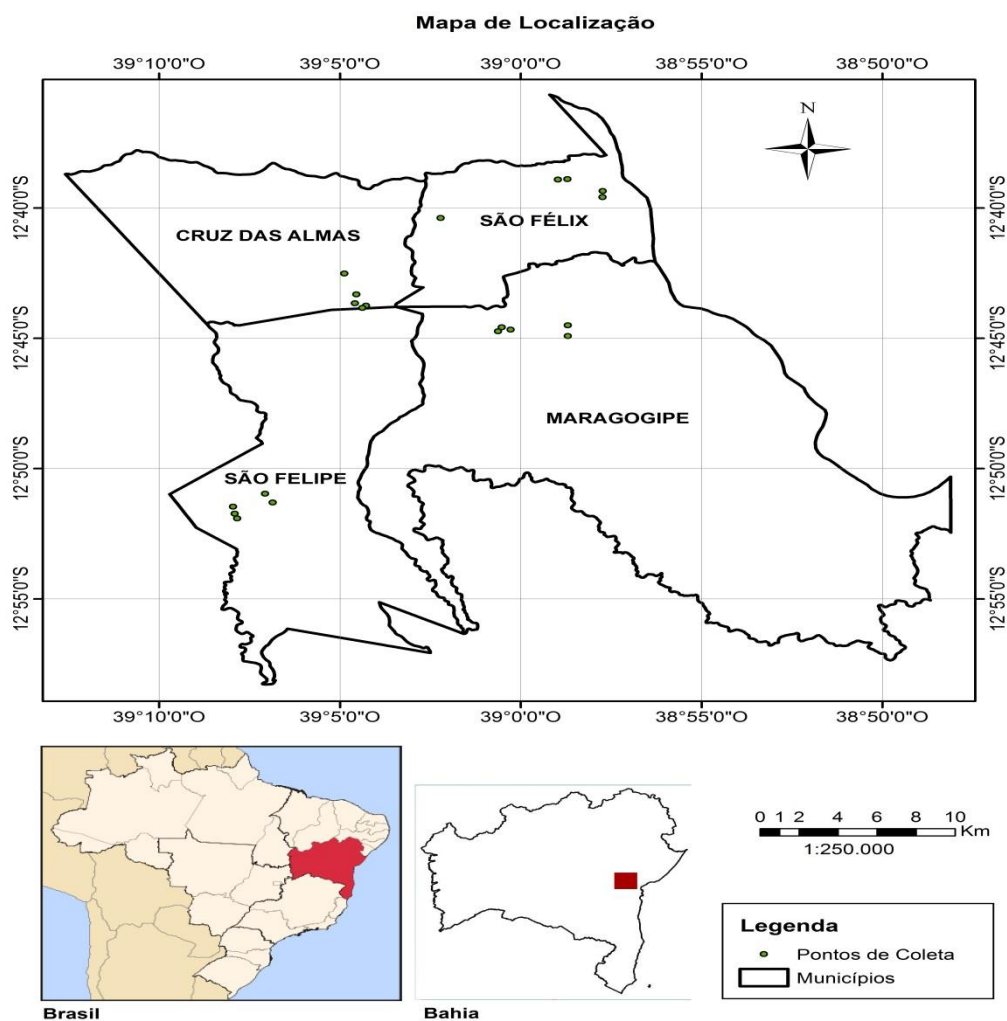


Figura 1. Localização dos pontos de coleta de inhame (*Dioscorea rotundata*) em quatro municípios da Região do Recôncavo Baiano. (Cruz das Almas, BA, 2016).

Os genótipos de inhame foram identificados por siglas com três letras, sendo que a primeira identifica a cultura (I - inhame) e as outras, o município no qual o genótipo foi localizado (CA - Cruz das Almas; FL - São Felipe; FX - São Félix e MA - Maragogipe), seguido pelo número do genótipo (Tabela 1).

**Tabela 1.** Código, série, número, povoado e municípios de procedência de 89 genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata*), caracterizados na Região do Recôncavo Baiano. Cruz das Almas, BA. 2016.

Códigos dos Genótipos	Série dos genótipos	Procedência		Número de Genótipos
		Povoado	Município	
ICA	1	Tua	Cruz das Almas	1
ICA	2	Cadete	Cruz das Almas	1
ICA	3	Três Boca	Cruz das Almas	1
IFL	1 a 6	Camargo	São Felipe	6
IFL	7 a 12	Jaracandá	São Felipe	6
IFL	13 a 18	Bom Gosto	São Felipe	6
IFL	19 a 24	Boa Esperança	São Felipe	6
IFL	25 a 30	Campo das Flores	São Felipe	6
IFX	1 a 6	São Bento	São Félix	6
IFX	7 a 12	Engenho de São João	São Félix	6
IFX	13 a 18	Monte Alegre	São Félix	6
IFX	19 a 24	Boa Vista	São Félix	6
IFX	25 a 30	Matatauba	São Félix	6
IMA	1 a 2	Serraria	Maragogipe	2
IMA	3 a 8	Campinas	Maragogipe	6
IMA	9 a 14	Encruzilhada	Maragogipe	6
IMA	15 a 26	Batatans	Maragogipe	12
<b>Total</b>	-	-	-	<b>89</b>

I- Inhame; CA - Cruz das Almas; FL – São Felipe; FX – São Félix e MA – Maragogipe.

A caracterização dos genótipos foi realizada em duas etapas. A primeira etapa decorreu nos meses de maio e junho de 2015, em que foram realizadas quatro visitas nos povoados dos municípios mencionados anteriormente (Tabela 2). Em cada propriedade rural, foram selecionados, aleatoriamente, seis genótipos, exceto nas propriedades de Tua, Cadete e Três Boca em que foi selecionado apenas um genótipo e no povoado de Serraria dois genótipos. Os genótipos foram marcados com uma fita, que representava a respectiva identificação (1 a 6), sendo caracterizada a parte aérea (folhas e caules), com o auxílio de uma régua e paquímetro.

A segunda etapa foi realizada no mês de dezembro de 2015, em que foram efetuadas duas visitas nas quais foram coletados tubérculos dos genótipos, previamente marcados, que foram ensacados e transportados, para o laboratório de Tecnologia de Alimentos da UFRB, onde foram caracterizados com o auxílio de uma fita métrica e uma balança.

Estes genótipos foram caracterizados com base em 25 descritores morfológicos recomendados pelo IPGRI/IITA (1997), dois quais, oito relacionados às folhas, seis ao caule e onze aos tubérculos (Tabela 2).

**Tabela 2.** Descritores utilizados para a caracterização morfológica do Germoplasma de Inhame. Cruz das Almas – BA. 2016.

Nº	Descritor	Classes (códigos)
<b>Caule</b>		
1	Cor	1. Verde; 2. Verde com faixas roxas; 3. Verde com faixas marrons; 4. Roxo
2	Asas	1. Presente; 2. Ausente.
3	Acúleos	1. Presente; 2. Ausente.
4	Direção de crescimento	1. Horário; 2. Anti-horário.
5	Diâmetro (15 cm da base da planta)	1. < 0,4 cm; 2. 0,4 - 0,6 cm; 3. >0,6 cm
6	Formato (corte transversal)	1. Poligonal; 2. Redondo
<b>Folhas</b>		
7	Posição	1. Alternada; 2. Oposta
8	Forma	1. Cordata; 2. Sagitata
9	Comprimento do pecíolo	1. <5 cm; 2. 5 - 10 cm; 3. >10 cm.
10	Cor do pecíolo	1. Verde; 2. Verde com marrom; 3. Roxo
11	Distância entre a inserção do pecíolo na folha à extremidade superior da folha (folhas adultas)	1. <2 cm; 2. 2 - 4 cm; 3. >4 cm
12	Distância entre a inserção do pecíolo na folha à extremidade inferior da folha (folhas adultas)	1. <10 cm; 2. 10 - 15 cm; 3. >15 cm
13	Largura da folha na maior porção (folhas adultas)	1. <10 cm, 2. 10 - 15 cm; 3. >15 cm
14	Florescimento	1. Presente; 2. Ausente
<b>Tubérculos</b>		
15	Subterrâneos	1. Presente; 2. Ausente
16	Presença de tubérculos aéreos	1. Presente; 2. Ausente
17	Presença de raízes nos tubérculos	1. Presente; 2. Ausente
18	Número	1. Um; 2. Alguns; 3. Muitos
19	Forma	1. Alongado; 2. Irregular; 3. Oval
20	Posição de junção entre os tubérculos	1. Todo; 2. Superior
21	Comprimento	1. <20 cm; 2. 20 - 40 cm; 3. >40 cm
22	Largura (eixo maior)	1. <7 cm; 2. 7 - 12 cm; 3. >12 cm
23	Peso	1. <0,70 kg; 2. 0,70-1,50 kg; 3. 1,60-2,0 kg; 4. 2,10-3,0 kg; 5. >3,0 kg
24	Cor da casca	1. Marrom; 2. Amarela
25	Cor da polpa	1. Branca; 2. Amarela; 3. Roxa; 4. Roxo com branco



Por se tratarem descritores qualitativos, foram calculadas as frequências percentuais de cada categoria e o nível de entropia dos caracteres por meio do coeficiente de entropia de Renyi (RENYI, 1961), de acordo com a fórmula:

$$H' = - \sum_{i=1}^n p_i \ln(p_i)$$

Em que: a entropia é uma medida da frequência da distribuição de (n) acessos  $P = (p_1, p_2... p_s)$ , sendo:  $p_1 = f_1/n$  e  $(p_1 + p_2 + ... + p_s = 1)$  desde que  $(n = f_1 + f_2 + ... + f_s)$ , em que  $f_1, f_2, ... f_n$ , são as contagens de cada uma das classes (s) no descritor considerado.. Os valores do nível de entropia ( $H'$ ) foram classificados como baixo ( $H' < 0,50$ ), moderado ( $H' = 0,50-0,75$ ) e alto ( $H' \geq 0,75$ ) (JAMANGO, 2003).

O nível de entropia Renyi de um determinado descritor será tão maior quanto maior for o número de classes fenotípicas desse e quanto mais homogêneo for o balanço entre a frequência dos acessos nas diferentes classes fenotípicas. Ou seja, para um descritor morfológico com duas classes fenotípicas, a maior entropia ocorrerá quando ambas as classes apresentarem 50 % dos acessos avaliados (VIEIRA, 2007).

A matriz de distância foi gerada considerando a distância de Cole-Rogers (COLE-ROGERS et al., 1997). Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distância foram obtidos pelo método UPGMA – *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH; SOKAL, 1973). A validação dos agrupamentos foi determinada por meio do coeficiente de correlação cofenético (SOKAL; ROHLF, 1962) e sua significância foi calculada pelo teste de Mantel (1967) com 1000 permutações. O critério para definição do número de grupos baseou-se no índice Pseudo- $t^2$  do pacote “NbClust” do programa R (CHARRAD et al., 2014).

As análises foram realizadas com auxílio dos programas estatísticos Genes (CRUZ, 2014) e R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2014).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 3 apresenta os descritores qualitativos, as classes fenotípicas, a frequência percentual dos genótipos em cada uma das classes e o nível de entropia de Renyi ( $H'$ ). Dos 25 descritores analisados, foram observados 14 monomórficos, ou seja, não permitiram a distinção entre os genótipos, apresentando nível de entropia igual à zero. Neste sentido, todos os genótipos apresentaram caule verde e redondo, ausência de asas, presença de acúleos, direção do crescimento anti-horário, folhas sagitadas e opostas, pecíolo verde, um tubérculo subterrâneo, ausência de tubérculos aéreos, posição superficial de junção entre tubérculos, casca marrom e polpa branca.

Silva et al. (2016) caracterizando 47 acessos (entre *D. cayenensis* e *D. rotundata*) com 18 descritores, concluíram que sete foram monomórficos (caule verde, ausência de asas, presença de acúleos, direção do crescimento anti-horário, pecíolo verde e tubérculo subterrâneo). Resultados semelhantes foram observados em *D. bulbifera* (MULUALEM; MICHAEL (2013) e em *D. alata* (BRESSAN et al., 2011). Estes resultados revelam que estes descritores não contribuem para a divergência genética, quando se estudam genótipos de uma única espécie conforme indicam Carvalho et al. (2015).

Os descritores que apresentaram baixo nível de entropia foram: largura da folha e presença de raízes nos tubérculos, com ( $H'$ ) igual a 0,06 e 0,25, respectivamente. Este resultado justifica-se, pelo fato, destes descritores apresentarem apenas duas classes fenotípicas, e ao maior desequilíbrio na proporção entre a frequência dos genótipos entre ambas (VIEIRA et al., 2007; LEDO et al., 2011).

Os descritores que apresentaram nível de entropia moderado foram: comprimento dos tubérculos (0,60), florescimento (0,65), comprimento do pecíolo (0,65) e forma do tubérculo (0,68), revelando variabilidade entre os genótipos. Mahalakshmi et al. (2007) ao desenvolverem uma coleção nuclear com 3.017 acessos de inhame do banco do IITA, também encontraram níveis de entropia de Renyi moderados para o florescimento (0,50), comprimento do pecíolo (0,68) e comprimento de tubérculos (0,69).

**Tabela 3.** Descritores qualitativos avaliados, categorias fenotípicas, frequência percentual e nível de entropia em genótipos de *D. rotundata* coletados em quatro municípios do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas, BA. 2016.

Descritores	Classes	Frequência percentual	Nível de entropia H'
<b>Monomórficos</b>			
Cor do caule	Verde	100,00	0,00
Asas	Ausente	100,00	0,00
Acúleos	Presente	100,00	0,00
Formato caule	Redondo	100,00	0,00
Direção do crescimento	Anti-horário	100,00	0,00
Forma das folhas	Sagitada	100,00	0,00
Cor do pecíolo	Verde	100,00	0,00
Posição das folhas	Oposta	100,00	0,00
Número de tubérculos	Um	100,00	0,00
Tubérculos subterrâneos	Presente	100,00	0,00
Presença de rizóforos aéreos	Ausente	100,00	0,00
Posição de junção entre tubérculos	Superior	100,00	0,00
Cor da casca	Marrom	100,00	0,00
Cor da polpa	Branca	100,00	0,00
<b>Diversidade baixa</b>			
Largura da folha	<10cm	98,88	0,06
	10-15cm	1,12	
Presença de raízes nos tubérculos	Presente	93,26	0,25
	Ausente	6,74	
<b>Diversidade moderada</b>			
Comprimento do tubérculos	<20cm	29,21	0,60
	20-40cm	70,79	
Florescimento	Presente	65,17	0,65
	Ausente	34,83	
Comprimento do pecíolo	<5cm	34,83	0,65
	5-10cm	65,17	
Forma do tubérculo	Alongado	41,57	0,68
	Irregular	58,43	
Distância entre a inserção do pecíolo na folha a extremidade superior da folha	<2cm	1,12	0,70
	2-4cm	33,71	
	>4cm	65,17	
<b>Diversidade alta</b>			
Diâmetro do caule	<0.4cm	22,47	0,76
	0.4-0.6cm	70,79	
	>0.6cm	6,74	

Tabela 3. Cont...

Descritores	Classes	Frequência percentual	Nível de entropia H'
Diâmetro do caule	<0.4cm	22,47	0,76
	0.4-0.6cm	70,79	
	>0.6cm	6,74	
Peso do tubérculo	<0.70kg	59,55	0,81
	0.70-1.50kg	68,54	
	1.6-2.0kg	4,49	
	2.1-3kg	1,12	
	>3kg	1,12	
Largura do tubérculo	<7cm	38,20	0,83
	7-12cm	61,80	
	>12cm	5,62	
Distância entre a inserção do pecíolo na folha à extremidade inferior da folha	<10cm	34,83	1,07
	10-15cm	41,57	
	>15cm	23,60	

Os maiores valores de entropia de Renyi foram observados para: distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior (1,07), superior (0,70), diâmetro do caule (0,76), peso e largura do tubérculo, com (0,81) e (0,83), respectivamente, visto que apresentaram elevado número de categorias e um maior equilíbrio na proporção entre a frequência dos genótipos nas diferentes categorias fenotípicas (LEDO et al., 2011).

A Tabela 4 apresenta o agrupamento dos 89 genótipos analisados, com base em 11 descritores morfológicos. Os descritores cor e forma do caule, asas, acúleos, direção de crescimento, forma e posição folhas, cor do pecíolo, número de tubérculos, tubérculos subterrâneos, presença de tubérculos aéreos e posição entre tubérculos foram excluídos da análise, porque não permitiram a distinção entre os genótipos estudados.

O valor do coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi de 0,63\*\*, valor adequado de acordo com Vaz Patto et al. (2004).

O critério do pseudo-t<sup>2</sup> possibilitou a formação de oito grupos (Tabela 4). As características de cada grupo estão representadas na Tabela 5. O grupo 1 reuniu 32 genótipos, sendo que 47% são provenientes de São Félix, 34% de Maragogipe e 19% de Cruz das Almas e São Felipe. Este grupo caracterizou-se

por apresentar tubérculos com forma irregular, largura entre 7 a 12 cm e peso entre 0,7 a 1,5 kg.

**Tabela 4.** Agrupamento de 89 genótipos de inhame (*D. rotundata*) coletados em quatro municípios do Recôncavo Baiano, de acordo com o método UPGMA, baseado em 11 descritores morfológicos, Cruz das Almas, BA. 2016.

Grupo	Nº de genótipos	Genótipos
1	32	ICA1, ICA2, ICA3, IFL1, IFL22, IFL30, IFX8, IFX9, IFX10, IFX11, IFX17, IFX18, IFX20, IFX21, IFX22, IFX23, IFX24, IFX26, IFX27, IFX28, IFX29, IMA9, IMA16, IMA17, IMA18, IMA19, IMA20, IMA21, IMA22, IMA24, IMA25, IMA26
2	26	IFL2, IFL3, IFL4, IFL5, IFL6, IFL7, IFL8, IFL9, IFLA10, IFL11, IFL12, IFL13, IFL14, IFL15, IFL16, IFL17, IFL25, IFX13, IFX14, IFX15, IFX16, IMA3, IMA4, IMA6, IMA14, IMA15
3	9	IFX25, IFX30, IMA1, IMA5, IMA7, IMA8, IMA10, IMA13, IMA23
4	6	IFL18, IFL20, IFL24, IFL27, IFL28, IFL29
5	6	IFX1, IFX2, IFX3, IFX4, IFX5, IFX7
6	5	IFL19, IFL21, IFL23, IFL26, IFX19
7	3	IFX6, IMA11, IMA12
8	2	IFX12, IMA2

No grupo 2 foram alocados 26 genótipos, assim distribuídos: São Felipe (65%), Maragogipe (19%), e São Félix (16%). Este grupo distinguiu-se dos demais, pela presença do florescimento em todos os genótipos e tubérculos com forma alongada.

O grupo 3 contemplou 9 genótipos, dos quais 78% são oriundos de São Felipe e o restante de Maragogipe. As principais características deste grupo são: diâmetro de caule, que varia de 0,4 a 0,6 cm, tubérculos com largura e peso menores que 0,7 cm e 0,7 kg, respectivamente.

O grupo 4 (São Felipe) e 5 (São Félix) foram constituídos por 6 genótipos, respectivamente. No grupo 4 observaram-se raízes nos tubérculos e estes apresentaram forma irregular. Por sua vez, o grupo 5 caracterizou-se pela ausência de florescimento.

No grupo 6 foram alocados 5 genótipos, 80% provenientes de São Felipe e o restante de São Félix. Este grupo apresentou tubérculos com forma irregular, com comprimento menor que 20 cm e o peso variou de 0,7 a 3,0 kg.

O grupo 7 englobou 3 genótipos, 67% de Maragogipe e o restante de São Félix, apresentou tubérculos com comprimento entre 20 a 40 cm e com largura entre 7 a 12 cm. O grupo 8 com apenas 2 genótipos, destacou-se dos demais por apresentar a distância entre a inserção do pecíolo na folha à extremidade inferior da folha, maior que 0,4 cm e diâmetro do caule menor que 0,4 cm.

Onyilagha (1986) analisando a variação entre 14 acessos de *Dioscorea rotundata*, com base na análise de componentes principais e a de agrupamento, obteve três grupos. Muluaem e Michael (2013) ao avaliarem 47 acessos de *D. bulbifera*, com base em 17 descritores qualitativos, identificaram a formação de seis grupos.

A distância genética entre os genótipos variou de 0 a 0,82, indicando ampla variabilidade entre os genótipos analisados. Tal variabilidade deve-se, provavelmente, a reprodução sexuada, visto que 65% genótipos apresentaram florescimento, bem como, as mutações somáticas, conforme apontam (BRESSAN et al., 2011; NORMAN et al. 2011). Neste contexto, Carvalho e Teixeira (2009) apontam que a variabilidade genética inhome existente na região do Recôncavo, atualmente, se deve a seleção de mutantes somáticos, visto que, com a propagação vegetativa, houve a redução da fertilidade sexual.

A maior distância genética foi observada entre sete pares de genótipos oriundos dos municípios avaliados. Por sua vez, a menor distância foi observada entre 23 pares de genótipos. Sendo que 13 pares foram observados dentro do mesmo município, podendo-se tratar de clones, pois os produtores usam porções segmentadas do mesmo tubérculo em novos plantios. Os outros 10 pares de genótipos similares ocorreram entre municípios diferentes, provavelmente, porque esta planta é propagada vegetativamente e os produtores trocam materiais entre si. Bressan et al. (2011) e Siqueira et al. (2014) caracterizando acessos de *D. alata* oriundos do Vale do Ribeira e de diferentes regiões do Brasil, respectivamente, também observaram a existência de troca de materiais genéticos entre agricultores.

**Tabela 5.** Frequência relativa das variáveis qualitativas dentro dos grupos formados pelo método UPGMA, de 89 genótipos de inhame, Cruz das Almas, BA, 2016.

Variáveis	Grupos							
	G1 (32)	G2 (26)	G3 (9)	G4 (6)	G5 (6)	G6 (5)	G7 (3)	G8 (2)
Largura da folha								
<10 cm	100,0	100,0	89,9	100,0	100,0	100,0	100,0	100,0
10-15 cm	-	-	11,1	-	-	-	-	-
Comprimento do pecíolo								
<5 cm	25,0	42,0	11,0	67,0	33,0	100,0	-	-
5-10 cm	75,0	58,0	88,0	33,0	67,0		100,0	100,0
DIPFES								
<2 cm	3,0	-	-	-	-	-	-	-
2-4 cm	66,0	4,0	67,0	-	-	20,0	33,0	-
>4 cm	31,0	96,0	33,0	100,0	100,0	80,0	67,0	100,0
DIPFEI								
<10 cm	9,0	65,0	-	100,0		100,0	-	-
10-15 cm	53,0	35,0	22,0	-	83,0	-	67,0	100,0
>15 cm	38,0	-	78,0	-	17,0	-	33,0	-
Florescimento								
Presente	53,0	100,0	67,0	67,0	-	30,0	67,0	50,0
Ausente	47,0	-	33,0	33,0	100,0	60,0	33,0	50,0
Diâmetro do caule								
<0,4 cm	9,0	38,0	-	17,0	50,0	20,0	-	100,0
0,4-0,6 cm	75,0	58,0	100,0	83,0	50,0	80,0	100,0	-
>0,6 cm	16,0	4,0	-	-	-	-	-	-
Presença de raízes nos tubérculos								
Presente	3,0	-	22,0	50,0	-	-	-	-
Ausente	97,0	100,0	78,0	50,0	100,0	100,0	100,0	100,0
Comprimento do tubérculo								
<20 cm	25,0	42,0	11,0	67,0	33,0	100,0	-	-
20-40 cm	75,0	58,0	88,0	33,0	67,0	-	100,0	100,0
Forma do tubérculo								
Alongado	13,0	92,0	44,0	-	67,0	-	-	50,0
Irregular	88,0	8,0	56,0	100,0	33,0	100,0	100,0	50,0
Largura do tubérculo								
<7 cm	3,0	65,0	100,0	33,0	50,0	-	-	100,0
7-12 cm	97,0	35,0		67,0	50,0	100,0	100,0	-
Peso do tubérculo								
<0,70kg	6,0	69,0	100,0	100,0	50,0	20,0	100,0	100,0
0,70-1,50kg	94,0	27,0	-	-	50,0	40,0	-	-
1,6-2,0kg	-	4,0	-	-	-	20,0	-	-
2,1-3,0kg	-	-	-	-	-	20,0	-	-

DIPFES e DIPFEI - distância entre a inserção do pecíolo na folha a extremidade superior e inferior.

Este estudo revelou que os produtores de inhame da região do Recôncavo da Bahia, mantém variabilidade genética desta cultura. Assim, se faz necessário o estabelecimento de estratégias, para a conservação *ex situ* e *in situ* dos recursos genéticos de inhame, com vista a subsidiar programas melhoramento genético da mesma, para as condições do Recôncavo Baiano, selecionando genótipos com características superiores e adaptados a presente região.

## **CONCLUSÕES**

Existe variabilidade genética em *Dioscorea rotundata* na Região do Recôncavo Baiano, que pode ser explorada em futuros programas de melhoramento genético.

As características que apresentaram alta diversidade genética entre os genótipos foram distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade superior e inferior, diâmetro do caule, largura e peso do tubérculo.



## REFERÊNCIAS

- ADEIGBE, O. O.; ILORI, C. O.; ADEWALE, B. D. Phenotypic Diversity and Ploidy Level of Some *Dioscorea*. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science**, v. 8, n. 3, p. 47-52, Mar. 2015.
- ANOKYE, M.; TETTEH, J. P.; OTOO, E. Morphological Characterization of Some Water Yam (*Dioscorea alata* L.) Germplasm in Ghana. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 4, p. 518-532, 2014.
- BRESSAN, E. A.; BRINER NETO, T.; ZUCCHI, M. I.; RABELLO, R. J.; VEASEY, E. A. Genetic structure and diversity in the *Dioscorea cayenensis/D. rotundata* complex revealed by morphological and isozyme markers. **Genet. Mol. Res.**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 1, p. 425-437, 2014.
- BRESSAN, E. de A.; BRINER NETO, T.; ZUCCHI, M. I.; RABELLO, R. J.; VEASEY, E. A. Morphological variation and isozyme diversity in *Dioscorea alata* L. landraces from Vale do Ribeira, Brazil. **Sci. Agric.**, Piracicaba, v. 68, n. 4, p.494-502, 2011.
- BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. S. P. **Manual de curadores de germoplasma - vegetal: caracterização morfológica**. (Documentos/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 378). Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 15 p.
- CARNEIRO, J. I. D. S. **Caracterização morfológica e molecular de germoplasma de inhame**. 2013. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2013.
- CARVALHO, P. C. L.; TEIXEIRA, C. A. Diversidade genética em *Dioscorea* ssp. no Recôncavo da Bahia. **Rev. Bras. De Agroecologia**, v. 4, n. 2, p. 4104-4106, 2009.
- CARVALHO, M.G.; REGO, E.R.; SANTOS, C.A.P.; PESSOA, A.M.S.; FERREIRA, K.T.C.; RÊGO, M.M. Descritores qualitativos na estimativa da variabilidade fenotípica em geração segregante de pimenteiras ornamentais. In: II Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste, 2015, Fortaleza. **Anais do II Simpósio da RGV Nordeste**. Fortaleza, Embrapa Agroindústria Tropical, 2015 (R 96).
- CHARRAD, N.; GHAZZALI N.; BOITEAU, V.; NIKNAFS, A. NbClust: NbClust package for determining the best number of clusters. R package version 2.0.3. 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=NbClust>>. Acesso: 12 out. 2014.
- COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using *Capsicum* as an example. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 1000-1002, 1997.

COURSEY, D. G. Yams An account on the nature, origins, cultivation and utilization of the useful members of discoreaceae. Tropical Agricultural Series Longmans. Green and Co Ltd, London. 1967. 229 p.

CRUZ, C.D. Programa Genes - **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Disponível em: <[www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm](http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm)>. Acesso: 10 out. 2014.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: MG, Suprema. 2011. 620 p.

FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations**. 2016. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID>> Acesso em: 08 mar. 2016.

IPGRI/IITA. **Descriptors for yam (*Dioscorea ssp*)**. Rome, Italy: International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, Nigeria/International Plant Genetic Resources Institute, 1997. 61 p.

IITA. International Institute of Tropical Agriculture. **Yam research for development**. IITA publication 1. p. 1-10, 2007.

JAMAGO, J. M. Morpho-agronomic and molecular diversity of the Philippine mungbean (*Vigna radiata* L.) germplasm, **Philippine Journal of Crop Science** University of the Philippines Los Banos, The Philippines, p.174, 2003.

LEDO, C. A. da S.; ALVES, A., A., C.; SILVEIRA, T. C.; OLIVEIRA, M. M., SANTOS, A. S.; TAVARES FILHO, L. F. Q. **Caracterização morfológica da coleção de espécies silvestres de Manihot (Euphorbiaceae – Magnoliophyta) da Embrapa Mandioca e Fruticultura**. [recurso eletrônico] - Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2011 – (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Mandioca e Fruticultura, ISSN 1809-5003; 53).

MAHALAKSHMI, V.; NG, Q.; ATALOBHO, J.; OGUNSOLA, D.; LAWSON, M.; ORTIZ, R. Development of a West African yam *Dioscorea* spp. core collection. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 54, n. 8, p. 1817-1825, dez. 2007.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, Birmingham, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

MIGNOUNA, H. D.; DANSI, A.; ZOK, S. Morphological and isozymic diversity of the cultivated yams (*Dioscorea cayenensis/Dioscorea rotundata* complex) of Cameroon. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 49, n. 1, p. 21-29, fev. 2002.

MULUALEM, T.; MICHAEL, G. W. Agronomical Evaluation of Aerial Yam/ *Dioscorea bulbifera*/ Accessions collected from South and Southwest Ethiopia. **Greener Journal of Agricultural Sciences**, Lagos, v. 3, n. 9, p. 693-704, set. 2013.

NORMAN P. E.; TONGOONA, P. SHANAHAN, P. E.. Diversity of the morphological traits of yam (*Dioscorea* spp.) genotypes from Sierra Leone. **J. Appl. Biosci**, Limuru, n. 45, p. 3045-3058, set. 2011.

ONYILAGHA, J. C. Numerical analysis of variation among Nigerian *Dioscorea rotundata rotundata* accessions. **Euphytica**, Wageningen, v. 35, n. 2, p. 413-419, jun. 1986.

OTOO. E.; AKROMAH, R.; KOLESNIKOVA-ALLEN, M.; ASIEDU, R. Ethno-botany and morphological characterization of the yam pona complex in Ghana. **African Crop Science Conference Proceedings**, El-Minia, v. 9, p. 407-414, 2009.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso: 10 out. 2014

RENYI, A. **On measures of entropy and information**. Fourth Berkeley Symposium, Berkley, p. 547-561.1961.

SARTIE A, ASIEDU, R., FRANCO, J. Genetic and phenotypic diversity in a germplasm working collection of cultivated tropical yams (*Dioscorea* spp.). **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 59, n. 8, p. 1753-1765, fev. 2012.

SEI - Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia. **Estatística dos municípios baianos**. Salvador: SEI, v. 13, 2010. 382 p.

SILVA, L. R. G.; MEZETTE, T. F.; NASCIMENTO, W. F.; SILVA, E. F.; VEASEY, E. A. Spatially structured morphological and molecular diversity among *Dioscorea cayenensis* and *D. rotundata* yam accessions. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, Cambridge, p. 1-14, jan. 2016.

SILVA, S. O.; CARVALHO, P. C. L.; MOREIRA, R. F. C.; CARNEIRO, J. L., S. **Orientações Técnicas para o cultivo do Inhame**. 1ª ed. Cruz das Almas. 2012. 40 p.

SIQUEIRA, M. V. B. M.; BONATELLI, M. L.; GÜNTHER, T.; GAWENDA, I.; SCHMID, K. J.; PAVINATO, V. A. C.; VEASEY, E. A. Water yam (*Dioscorea alata* L.) diversity pattern in Brazil: an analysis with SSR and morphological markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 61, n. 3, p. 611-624, dez. 2014.

SNEATH, P, H,; SOKAL, R, R, **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**, San Francisco: W,H, Freeman, 1973, 573 p.

SOKAL, R, R,; ROHLF, F, J, The comparison of dendrograms by objective methods, **Taxon**, Utrecht, v. 11, p. 33-40, 1962.

TAIGA, A. Differential rate of dry rot in *Dioscorea rotundata* (white yam) along the tuber length due to roto causing Fungi. **Advances in Microbiology**, v. 2, n. 4, p. 452-455, 2012.

TIAMA, D.; ZOUNDJIHEKPON, J.; SAWADOGO, N.; NEBIE, B.; BATIONO/KANDO, P.; SAWADOGO, M.; ZONGO, J. D. Agro-morphological characterization of yams (*Dioscorea sp*) of Passoré in Burkina Faso. **J. Appl. Environ. Biol. Sci.**, Cairo, v. 6, n. 1, p. 6-16, 2016.

VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 137, n. 1, p. 63-67, 2004.

VELASCO-RAMÍREZ, A.; TORRES-MORÁN, M. I.; MOLINA-MORET, S.; SÁNCHEZ-GONZÁLEZ, J. de J.; SANTACRUZ-RUVALCABA, F. Efficiency of RAPD, ISSR, AFLP and ISTR markers for the detection of polymorphisms and genetic relationships in Camote de Cerro (*Dioscorea spp.*). **Electronic Journal of Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 65–71, mar. 2014.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. de F.; SILVA, M. S.; FALEIRO, F. G. **Variabilidade genética do banco ativo de germoplasma de mandioca do cerrado acessada por meio de descritores morfológicos**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007. 15p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 129).

## **CAPITULO II**

### **VARIABILIDADE GENÉTICA DE INHAME COM BASE EM DESCRITORES QUANTITATIVOS<sup>2</sup>**

---

<sup>2</sup> O artigo será submetido ao comitê editorial do periódico científico Ciência Agrônômica.

## VARIABILIDADE GENÉTICA DE INHAME COM BASE EM DESCRITORES QUANTITATIVOS

**Autor:** Virgílio Carménia Cossa

**Orientador:** Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

**Coorientadora:** Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira

**Resumo:** O inhame constitui uma fonte de renda promissora para os pequenos produtores na região do Recôncavo Baiano, entretanto poucos estudos genéticos têm sido realizados com esta cultura. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética entre genótipos de inhame (*D. rotundata*), com base em descritores quantitativos, através de métodos multivariados. Para tal, foram coletados 89 genótipos nos municípios de Cruz das Almas, São Felipe, São Félix e Maragogipe. Estes foram avaliados com base em oito descritores quantitativos, através dos quais foram determinadas as estatísticas descritivas, a correlação de Spearman, e a contribuição relativa dos caracteres para a divergência pelo método de Singh. Os genótipos foram submetidos a análise de agrupamento pelo método UPGMA, análise de componentes principais e a dispersão gráfica. Os resultados indicaram que o peso do tubérculo apresentou maior coeficiente de variação e correlacionou-se de forma positiva e significativa com a largura e o comprimento do tubérculo. O comprimento do tubérculo foi a característica que mais contribuiu para a divergência genética. O critério do pseudo- $t^2$  dividiu os 89 genótipos em sete grupos, sendo que o 4, 5 e 7 apresentaram maiores médias para as características de produção. Os três primeiros componentes principais explicaram 69,49% variação e o gráfico da dispersão apresentou-se parcialmente concordante com o método UPGMA. Este estudo revelou existência de variabilidade genética do inhame, que poderá ser explorada em futuros programas de melhoramento genético.

**Palavras chave:** *Dioscorea rotundata* Poir., Métodos multivariados, Recursos genéticos.

## GENETIC VARIABILITY OF YAM BASED ON QUANTATIVE DESCRIPTORS

**Author:** Virgílio Carménia Cossa

**Advisor:** Prof. Dr. Ricardo Franco Cunha Moreira

**Co-Advisor:** Dra. Elaine Costa Cerqueira-Pereira

**ABSTRACT:** Yam is a source of promising income for small producers in the Recôncavo Baiano region, however few genetic studies have been performed with this culture. The aim of this work was to evaluate the genetic variability among yam genotypes (*D. rotundata*), based on quantitative descriptors, through multivariate methods. To this end, 89 genotypes were collected in the municipalities of Cruz das Almas, São Felipe, São Félix and Maragogipe. These were evaluated based on eight characteristics, through which were determined descriptive statistics, Spearman correlation, and the relative contribution of characters by the Singh method. Genotypes were subjected to cluster analysis by UPGMA method, principal component analysis and graphic dispersion. The results indicate that tuber weight showed higher coefficient of variation and was positive and significantly correlated with the tuber width and tuber length. The tuber length was the feature that has contributed most to the genetic divergence. The criterion of the pseudo  $-t^2$  divided the 89 genotypes into seven groups, with the 4, 5 and 7 had higher averages for production characteristics. The first three principal components explained 69.49 % of variation and dispersion graph presented in part consistent with the UPGMA. This study revealed the existence of genetic variability of yam, which can be exploited in breeding programs.

**.Key words:** *Dioscorea rotundata* Poir.; Multivariate methods, Genetic resources.

## INTRODUÇÃO

O inhame *Dioscorea rotundata* Poir. é uma das 600 espécies da família *Dioscoreaceae*, originária da África e distribuída pelas regiões tropicais e subtropicais de todo o mundo (LEBOT, 2009). É uma planta diploide  $2n=2x=40$  (SCARCELLI et al., 2005), monocotiledônea, perene, dioica e propagada vegetativamente, que produz rizóforos ricos em carboidratos (LEBOT, 2009), que a conferem grande importância econômica.

A produção de inhame, no Brasil, em 2014, foi de aproximadamente, 247 mil toneladas cultivadas em 25 mil hectares (FAO, 2016). A maior produção concentra-se na Região Nordeste, onde a *D. rotundata* e *D. cayenensis* ocupam 90% da produção (SILVA et al., 2016). O estado da Bahia é o terceiro maior produtor, sendo que a região do Recôncavo representa a maior área cultivada, destacando-se os municípios de Maragogipe, São Felipe, São Felix e Cruz das Almas, cuja produção alcança cerca de 20 mil toneladas (SILVA et al., 2012).

Apesar da sua importância para a agricultura familiar, o inhame tem sofrido estresses bióticos e abióticos, causados por doenças fúngicas, falta de material propagativo de boa qualidade que, que ameaçam a variabilidade genética destes recursos genéticos e o conseqüente abandono da cultura. Neste sentido, torna-se necessário a realização de estudos, visando caracterizar a variabilidade genética, existente nas espécies do gênero *Dioscorea* ssp com base, em dados morfológicos e agronômicos, de forma a identificar genótipos superiores, para desenvolver variedades melhoradas, que combinem resistência a doenças e pragas, alta produtividade com atributos apreciados pelo consumidor, conforme apontam Mignouna et al. (2007) e Obidiegwu et al. (2009), de modo, a contribuir na manutenção da sustentabilidade do agronegócio desta cultura.

Entretanto, o conhecimento da variabilidade genética do inhame na região do Recôncavo Baiano é incipiente, existindo apenas o estudo desenvolvido por Carneiro (2013), que caracterizou 38 acessos, pertencentes ao banco de germoplasma da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, com base em 28 descritores morfológicos. Esta situação limita a manutenção, utilização, conservação e o melhoramento deste recurso genético.

A caracterização e avaliação da variabilidade genética são atividades fundamentais em programas de melhoramento genético de várias espécies de interesse agrônômico. No entanto, estas dependem do uso de métodos de



estatística multivariada. A análise de componentes principais, análise de variáveis canônicas e análise de agrupamento são as técnicas mais difundidas entre os melhoristas (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003; SUDRÉ et al., 2007). A escolha do método depende dos objetivos da pesquisa e das hipóteses a serem testadas (MINGOTI, 2005), bem como da precisão desejada pelo pesquisador, da facilidade da análise e do modo como os dados foram obtidos (CRUZ et al., 2012).

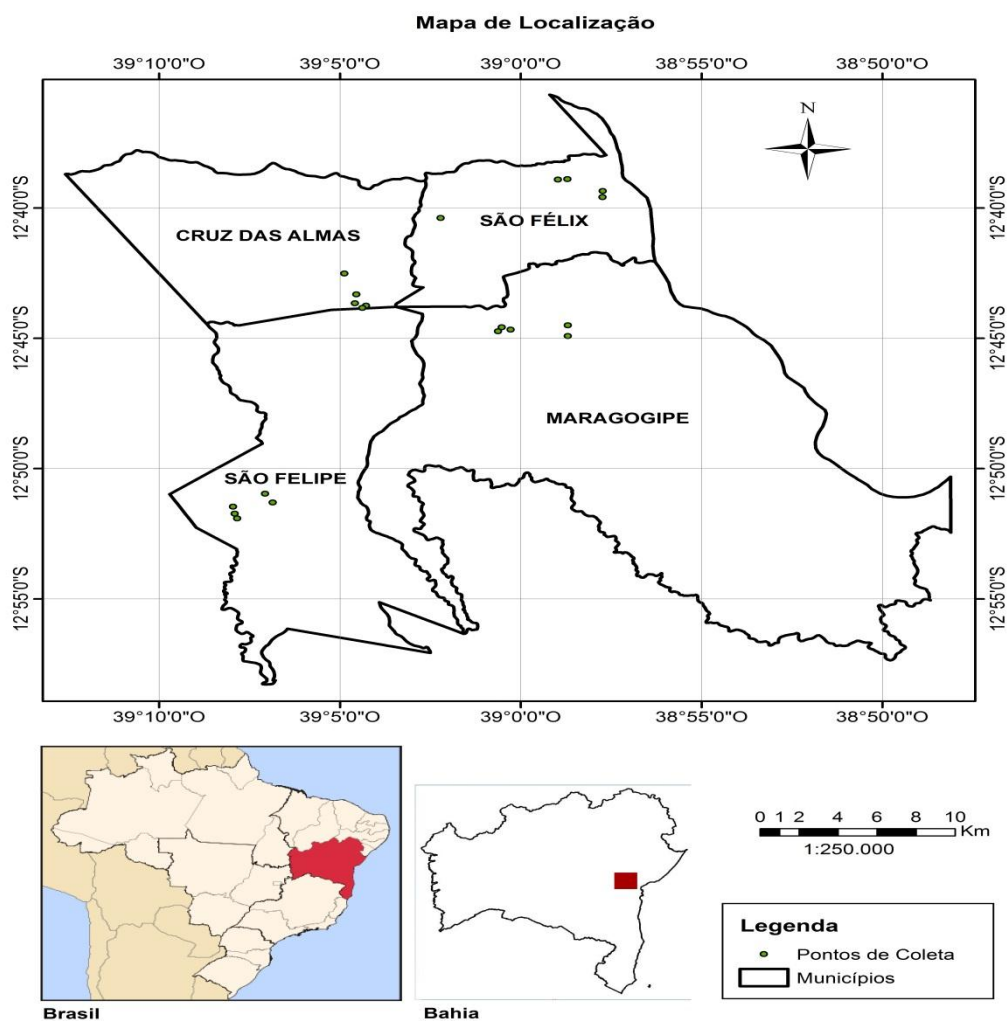
Dentre os vários métodos de agrupamento disponíveis, o método *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA) tem sido mais usado, em virtude de apresentar maiores valores de coeficientes de correlação cofenética, que medem a associação entre a matriz de distância e a de agrupamento (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). Por essa razão, este método tem sido empregado de vários estudos que visam caracterizar e avaliar a variabilidade genética de inhame, tais como, os de Bressan et al. (2014) e Efisue (2015).

Entretanto, em outros estudos de caracterização da variabilidade genética de inhame o método UPGMA tem sido usado, simultaneamente, com o de componentes principais e ambos são complementados pela análise de dispersão gráfica (MWIRIGI et al., 2009; NORMAN et al., 2011; MULUALEM; MICHAEL, 2013; SIADJEU et al., 2015).

Desta forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética entre genótipos de inhame (*D. rotundata*), coletados em quatro municípios de região do Recôncavo Baiano, com base em descritores quantitativos, através de métodos multivariados.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

Foram caracterizados 89 genótipos de inhame coletados em 18 propriedades rurais de povoados pertencentes aos municípios de Cruz das Almas, São Félix, São Felipe e Maragogipe, que se localizam na região do Recôncavo baiano. Os pontos de coleta foram georreferenciados através do sistema de posicionamento Global (GPS) (Figura 1, Tabela 1). Nesses municípios predominam latossolos, o clima é úmido e subúmido, com temperatura média anual de 23,4 °C, exceto, para São Felipe, que apresenta 24,4 °C e a precipitação média anual variando de 1117,9 a 1119,0 mm (SEI, 2010).



**Figura 1.** Localização dos pontos de coleta de inhame em quatro municípios da Região do Recôncavo Baiano. (Cruz das Almas, BA, 2016).

Os genótipos de inhame foram identificados por siglas com três letras, sendo que a primeira identifica a cultura (I - inhame) e as outras, o município no qual o genótipo foi localizado (CA - Cruz das Almas; FL - São Felipe; FX - São Félix e MA - Maragogipe), seguido pelo número do genótipo (Tabela 1).

**Tabela 1.** Código, série, número, povoado e municípios de procedência de 89 genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata*), caracterizados na Região do Recôncavo Baiano. Cruz das Almas, BA. 2016.

Códigos dos Genótipos	Série dos genótipos	Procedência		Número de Genótipos
		Povoado	Município	
ICA	1	Tua	Cruz das Almas	1
ICA	2	Cadete	Cruz das Almas	1
ICA	3	Três Boca	Cruz das Almas	1
IFL	1 a 6	Camargo	São Felipe	6
IFL	7 a 12	Jaracandá	São Felipe	6
IFL	13 a 18	Bom Gosto	São Felipe	6
IFL	19 a 24	Boa Esperança	São Felipe	6
IFL	25 a 30	Campo das Flores	São Felipe	6
IFX	1 a 6	São Bento	São Félix	6
IFX	7 a 12	Engenho de São João	São Félix	6
IFX	13 a 18	Monte Alegre	São Félix	6
IFX	19 a 24	Boa Vista	São Félix	6
IFX	25 a 30	Matatauba	São Félix	6
IMA	1 a 2	Serraria	Maragogipe	2
IMA	3 a 8	Campinas	Maragogipe	6
IMA	9 a 14	Encruzilhada	Maragogipe	6
IMA	15 a 26	Batatans	Maragogipe	12
<b>Total</b>	-	-	-	<b>89</b>

I- Inhame; CA - Cruz das Almas; FL – São Felipe; FX – São Félix e MA – Maragogipe.

A caracterização dos genótipos foi realizada em duas etapas. A primeira etapa decorreu nos meses de maio e junho de 2015, em que foram realizadas quatro expedições aos povoados dos municípios mencionados anteriormente (Tabela 2). Em cada propriedade rural, foram selecionados, aleatoriamente, seis genótipos, exceto nas propriedades de Tua, Cadete e Três Boca em que foi selecionado apenas um genótipo e no povoado de Serraria dois genótipos (Tabela 2). Os genótipos foram marcados com uma fita, que representava a respectiva identificação (1 a 6), sendo caracterizada a parte aérea (folhas e caules), com o auxílio de fita métrica e paquímetro.

A segunda etapa foi realizada no mês de dezembro de 2015, em que foram efetuadas duas expedições, nas quais foram coletados túberas dos genótipos, previamente marcados, que foram ensacados e transportados, para o laboratório de Tecnologia de Alimentos da UFRB, onde foram caracterizados com o auxílio de uma fita métrica e uma balança.

Estes genótipos foram caracterizados com base em oito descritores quantitativos estabelecidos pelo IPGRI/IITA (1997): diâmetro do caule, em mm (DC) medido a 15 cm do solo, comprimento do pecíolo, em cm (CP), largura da folha na maior porção, em cm (F1), distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade superior (P3) e inferior da folha (P2) em cm, comprimento tubérculo, em cm (CT), largura do tubérculo, em cm (LT) e peso do tubérculo, em kg (PT).

Para os dados obtidos foram calculadas as estatísticas descritivas: valores mínimo e máximo, média, desvio padrão e coeficiente de variação. Foi realizado o teste de normalidade de Shapiro-Wilks.

Foram realizadas análises multivariadas por meio de técnicas de análise de agrupamento e análise de componentes principais. Para análise de agrupamento foi utilizada a distância euclidiana média como medida de dissimilaridade a partir dos dados padronizados. A contribuição relativa dos caracteres foi determinada pelo método de Singh (1981).

Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distância foram obtidos pelo método UPGMA – *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH; SOKAL, 1973). A validação dos agrupamentos foi determinada por meio do coeficiente de correlação cofenético (SOKAL; ROHLF, 1962). A significância do coeficiente de correlação cofenético foi calculada pelo teste de Mantel (1967) com 1000 permutações.

O critério para definição do número de grupos baseou-se no índice Pseudo- $t^2$  do pacote “NbClust” do programa R (CHARRAD et al., 2014). As análises foram realizadas com auxílio dos programas estatísticos Genes (CRUZ, 2014), R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2014) e STATISTICA (STATSOFT INC., 2005).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estatísticas descritivas estão apresentadas na Tabela 2. As variáveis com maiores coeficientes de variação foram peso do tubérculo e distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade superior com 51,56% e 31,56%, respectivamente.

De modo geral, observa-se que as variáveis de produção (peso, largura e comprimento do tubérculo) apresentaram variabilidade, expressa pelos seus coeficientes de variação. Esta variabilidade pode ser explorada em programas de melhoramento, visto que estas características constituem o principal objetivo na exploração comercial do inhame (AFONSO et al., 2014).

O teste de normalidade revelou que seis variáveis foram significativas pelo teste de Shapiro-Wilks a 5% significância, indicando assim, que essas variáveis não seguem distribuição normal, por isso, determinou-se a correlação de Spearman entre as variáveis.

**Tabela 2.** Estatística descritiva e teste de normalidade das variáveis analisadas em 89 genótipos de inhame. Cruz das Almas, BA. 2016.

Variáveis	Mínimo	Máximo	Média	Desvio padrão	CV (%)	Teste de Normalidade
CP	3,00	7,60	4,92	1,03	20,92	0,97 <sup>ns</sup>
CT	14,10	39,30	25,19	5,74	22,80	0,97*
DC	0,20	0,60	0,43	0,10	23,62	0,91**
F1	4,00	11,30	6,41	1,60	24,98	0,95**
LT	4,40	12,00	7,06	1,54	21,84	0,97*
P2	9,30	19,80	14,34	1,93	13,46	0,99 <sup>ns</sup>
P3	1,90	8,00	3,93	1,24	31,56	0,96**
PT	0,32	3,16	0,81	0,42	51,56	0,77**

\*\* e \* significativo a 1% e 5% de probabilidade, <sup>ns</sup> não significativo a 5% de probabilidade pelo teste de Shapiro-Wilks. CP - Comprimento do pecíolo, CT - comprimento do tubérculo, DC - diâmetro do caule, F1 - largura da folha na maior porção, LT - largura do tubérculo, P2 e P3 - distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior e superior da folha e PT - peso do tubérculo.

Na Tabela 3 estão apresentados os coeficientes de correlação de Spearman entre as variáveis. O comprimento do pecíolo apresentou correlação altamente significativa e positiva com a largura da folha ( $r_s = 0,64^{**}$ ), com a distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior ( $r_s = 0,51^{**}$ ) e superior ( $r_s = 0,30^{**}$ ). Observou-se também, que o peso do tubérculo teve

correlação altamente significativa com a largura ( $r_s = 0,70^{**}$ ) e o comprimento do tubérculo ( $r_s = 0,45^{**}$ ). A correlação altamente significativa entre caracteres indica a possibilidade de melhoramento genético simultâneo entre estes (OUSAGWU et al., 2014).

**Tabela 3.** Coeficiente de correlação de Spearman, com as respectivas significâncias das variáveis analisadas. Cruz das Almas, BA. 2016.

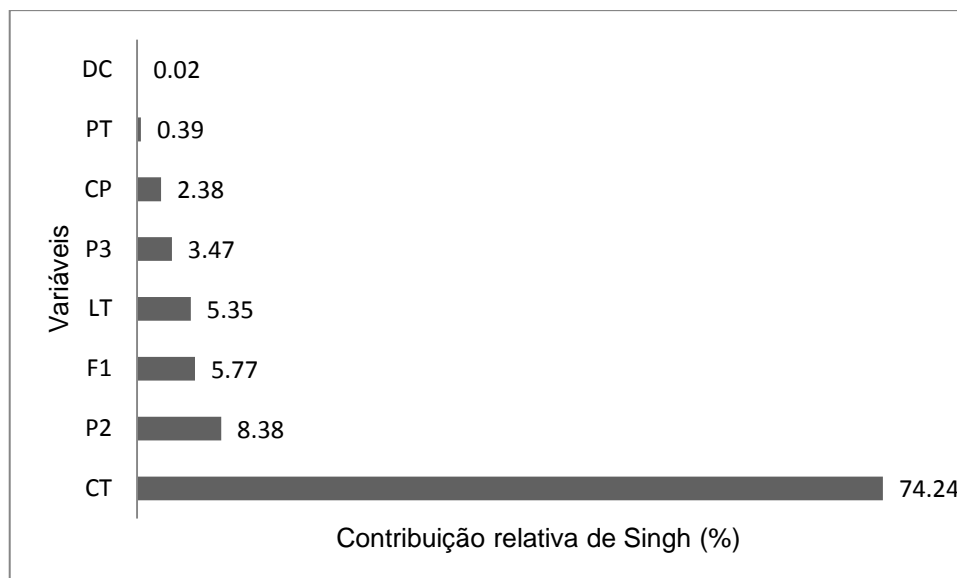
Variáveis	CT	DC	F1	LT	P2	P3	PT
CP	-0.24*	0.14 <sup>ns</sup>	0.64 <sup>**</sup>	0.02 <sup>ns</sup>	0.51 <sup>**</sup>	0.30 <sup>**</sup>	-0.06 <sup>ns</sup>
CT		0.02 <sup>ns</sup>	-0.20 <sup>ns</sup>	-0.02 <sup>ns</sup>	-0.21 <sup>ns</sup>	-0.03 <sup>ns</sup>	0.45 <sup>**</sup>
DC			0.05 <sup>ns</sup>	0.17 <sup>ns</sup>	0.10 <sup>ns</sup>	-0.20 <sup>ns</sup>	0.06 <sup>ns</sup>
F1				-0.16 <sup>ns</sup>	0.48 <sup>**</sup>	0.37 <sup>**</sup>	-0.20 <sup>ns</sup>
LT					-0.09 <sup>ns</sup>	-0.19 <sup>ns</sup>	0.70 <sup>**</sup>
P2						0.21*	-0.25*
P3							-0.18 <sup>ns</sup>

\*\* e \* significativo a 1% e 5% de probabilidade, <sup>ns</sup> não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t. CP - Comprimento do pecíolo, CT - comprimento do tubérculo, DC - diâmetro do caule, F1 - largura da folha na maior porção, LT - largura do tubérculo, P2 e P3 - distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior e superior da folha e PT - peso do tubérculo.

De acordo com o método de Singh (1981), o comprimento do tubérculo, com 74,24%, foi a variável que apresentou maior contribuição para a dissimilaridade genética entre os genótipos analisados (Figura 2). Neste sentido, esta variável deve ser priorizada, para escolha eficiente de materiais promissores. Entretanto Afonso et al. (2014) avaliando 209 genótipos de inhame, verificaram que o comprimento do tubérculo teve menor contribuição, divergindo com o resultado obtido neste estudo. Esta diferença deve-se, provavelmente, as condições de manejo praticadas pelos produtores.

O valor do coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi de 0,72<sup>\*\*</sup>, valor adequado de acordo com Vaz Patto et al. (2004), que consideram ( $r \geq 0,56$ ) ideal, refletindo uma boa concordância entre a matriz de distancia e a de agrupamento.

Para alguns autores, os valores de coeficientes de correlação cofenética compreendidos entre 0,60 e 0,80 resultam do pequeno número de variáveis utilizadas (BUSSAB et al., 1990), fato que corrobora com o observado no presente estudo, em que foram avaliadas apenas oito variáveis quantitativas.



**Figura 2.** Contribuição relativa dos caracteres para diversidade segundo Singh (1981). Cruz das Almas, BA. 2016. CP - Comprimento do pecíolo, CT - comprimento do tubérculo, DC - diâmetro do caule, F1 - largura da folha na maior porção, LT - largura do tubérculo, P2 e P3 - distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior e superior da folha e PT - peso do tubérculo.

Baseado no critério do pseudo- $t^2$ , os 89 genótipos de inhame foram distribuídos em sete grupos, pelo método UPGMA (Tabela 4). O número de grupos obtido neste estudo foi superior aos encontrados por Beyene (2013), Bressan et al. (2014) e Siadjeu et al. (2015), revelando assim, existência de variabilidade genética da *D. rotundata* na região do Recôncavo Baiano. No entanto, o elevado número de grupos pode estar associado a fatores não genéticos, visto que, as variáveis quantitativas são muito influenciadas pelo ambiente.

O grupo 3 reuniu o maior número de genótipos, totalizando 39, sendo que 16 são oriundos de São Félix, 14 de São Felipe e nove de Maragogipe. No grupo 2 foram alocados 26 genótipos, 14 originários de Maragogipe, sete de São Félix, três de São Felipe e dois de Cruz das Almas. Por sua vez, o grupo 1 foi constituído por 12 genótipos, oito provenientes de São Felipe, três de São Félix e um de Cruz das Almas.

O grupo 6 englobou quatro genótipos, três coletados em Maragogipe e o outro em São Felipe. Os grupos 4 e 5 foram compostos por três genótipos, respectivamente. Sendo que, o grupo 4 contemplou genótipos oriundos de São Felipe, enquanto que o grupo 5, foi formado por dois originários de São Félix e o outro de São Felipe. O grupo 7 foi constituído por apenas dois genótipos originários de São Félix.

Estes resultados indicam que não houve relação entre a origem geográfica com a diversidade genética, visto que genótipos de diferentes municípios foram reunidos dentro do mesmo grupo. Este fato deve-se, provavelmente, da existência do fluxo gênico, resultante de trocas de materiais propagativos entre produtores das diferentes comunidades pertencentes à área de estudo. Resultados similares foram verificados por Afonso et al. (2014), Bressan et al. (2014) e Moreira et al. (2007).

**Tabela 4.** Agrupamento de 89 genótipos de inhame (*Dioscorea rotundata* Poir.) coletados em quatro municípios do Recôncavo Baiano, de acordo com o método UPGMA, baseado em oito descritores quantitativos, Cruz das Almas-BA., 2016.

Grupo	Nº de genótipos	Genótipos
1	12	ICA1, IFL1, IFL2, IFL6, IFL7, IFL9, IFL12, IFL13, IFL14, IFX4, IFX7, IFX14
2	26	ICA2, ICA3, IFL22, IFL24, IFL30, IFX2, IFX9, IFX11, IFX12, IFX18, IFX24, IFX29, IMA2, IMA4, IMA5, IMA6, IMA8, IMA11, IMA14, IMA15, IMA16, IMA19, IMA20, IMA22, IMA23, IMA25
3	39	IFL3, IFL4, IFL5, IFL15, IFL16, IFL17, IFL18, IFL19, IFL20, IFL21, IFL25, IFL26, IFL27, IFL29, IFX1, IFX3, IFX5, IFX6, IFX8, IFX13, IFX15, IFX16, IFX17, IFX22, IFX23, IFX25, IFX26, IFX27, IFX28, IFX30, IMA1, IMA3, IMA9, IMA10, IMA12, IMA13, IMA18, IMA21, IMA24
4	3	IFL8, IFL10, IFL11
5	3	IFL23, IFX20, IFX21
6	4	IFL28, IMA7, IMA17, IMA26
7	2	IFX10, IFX19

Os genótipos mais dissimilares, com distância genética de 0,68 foram IFX19 e IFL28, sendo o primeiro oriundo de São Félix e o segundo de São Felipe. Sob o ponto de vista agrônomo, ambos os genótipos apresentaram os maiores valores, para o comprimento do tubérculo (35,10 e 39,20 cm), assim como, para o peso (2,01 e 3,16 kg). Por sua vez, os genótipos mais similares, com distância genética de 0,06 foram IFL27 e IFL29, ambos pertencentes ao povoado de Campo das Flores, no município de São Felipe. Estes genótipos podem-se tratar de clones, visto que, apresentaram valores semelhantes em todas variáveis analisadas.



As médias das variáveis dos sete grupos estão apresentadas na Tabela 5. Observa-se que os grupos 4, 5 e 7, são mais promissores, em virtude de apresentarem maiores médias para as características de produção.

Conforme preconiza Santos (1996), os grupos 1, 2, 3, 4 e 5 possuem tubérculos com potencial de exportação para o mercado dos Estados Unidos, enquanto, os do grupo 7 podem ser exportados para a França. Deste modo, estas informações mostram-se úteis na seleção de genótipos em potencial para serem usados em futuros programas de melhoramento genético do inhame, com vista, a desenvolver cultivares com características superiores e que atendam a exigência do mercado, além de propiciar melhores rendas aos produtores na região do Recôncavo Baiano, comercializando tubérculos de qualidade.

**Tabela 5.** Médias das oito variáveis quantitativas dos sete grupos formados por 89 genótipos de inhame. Cruz das Almas, BA. 2016.

Variáveis	Grupos						
	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7
DC mm	0,34	0,48	0,42	0,33	0,47	0,38	0,55
CP cm	3,93	5,80	4,51	5,37	3,67	6,85	4,50
P3 cm	4,53	4,20	3,33	7,00	2,53	5,90	2,80
P2 cm	13,62	15,39	14,11	10,97	11,80	18,33	10,90
F1 cm	5,72	7,74	5,73	5,30	4,23	9,20	5,60
CT cm	31,73	22,86	24,34	35,30	19,80	20,20	37,15
LT cm	6,53	7,05	6,89	6,50	9,53	7,05	10,85
PT kg	0,74	0,74	0,73	1,26	1,16	0,69	2,58

CP - Comprimento do pecíolo, CT - comprimento do tubérculo, DC - diâmetro do caule, F1 - largura da folha na maior porção, LT - largura do tubérculo, P2 e P3 - distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior e superior da folha e PT - peso do tubérculo.

A Tabela 6 apresenta as estimativas dos autovalores associados a cada variável e suas variâncias total e acumulada. Observa-se que os três primeiros componentes principais conseguiram explicar apenas 69,49% da variação total acumulada. O primeiro componente principal explicou 33,32% da variação total e associou-se com o comprimento do pecíolo (CP), a distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior da folha (P2) e com a largura da folha (F1).

O segundo e o terceiro componentes principais, com explicação de 20,42 e 15,75% da variação total, associaram-se com a largura da folha (F1) e a distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade superior da folha (P3),

respectivamente. Estes resultados corroboram com os obtidos por Norman et al. (2011) e Muluaem; Michael (2013), em que os três primeiros componentes principais explicaram 57,56% e 64,50% da variação total, respectivamente.

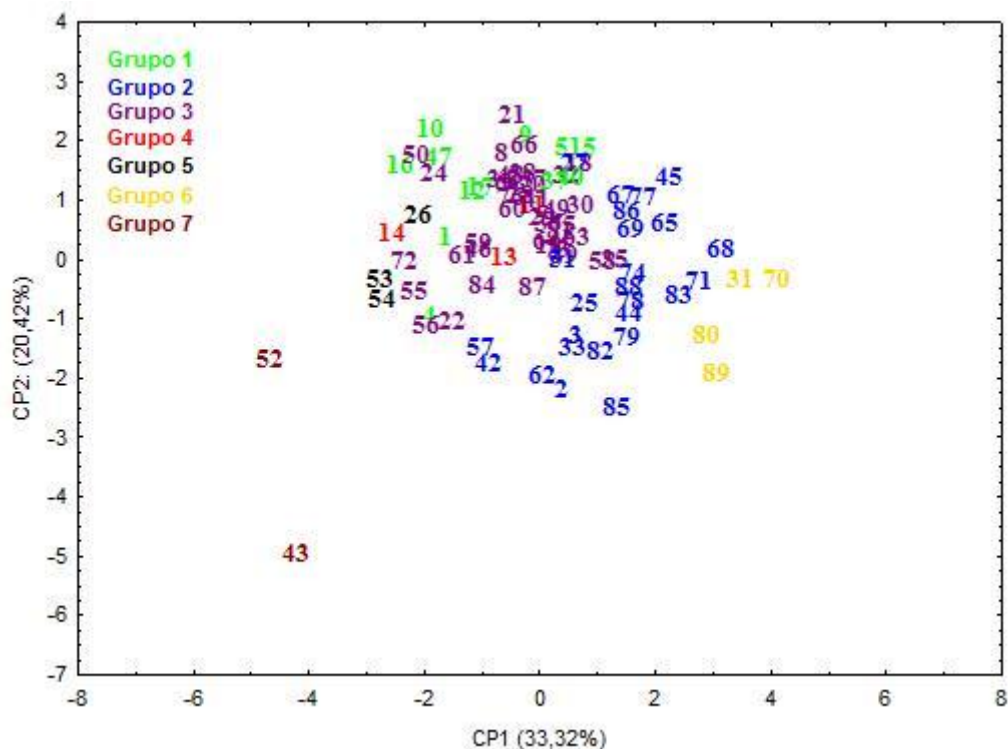
**Tabela 6.** Estimativas dos autovalores associados a cada variável e suas variâncias total e acumulada, obtidas na análise de componentes principais de 89 genótipos de inhame. Cruz das Almas, BA. 2016.

Variáveis	Componentes principais							
	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8
DC	-0,066	-0,483	0,548	-0,587	-0,338	0,047	-0,030	0,020
CP	<b>0,704</b>	-0,508	-0,114	0,016	0,019	-0,130	0,455	-0,093
P3	0,449	-0,004	<b>-0,711</b>	-0,006	-0,498	0,193	-0,080	0,029
P2	<b>0,749</b>	-0,257	0,137	-0,014	0,331	0,481	-0,083	0,078
F1	<b>0,753</b>	-0,326	-0,142	-0,109	0,143	-0,391	-0,348	-0,010
CT	-0,527	-0,090	-0,560	-0,533	0,287	0,091	0,004	-0,163
LT	-0,438	<b>-0,724</b>	0,070	0,429	-0,083	0,112	-0,155	-0,227
PT	-0,605	-0,662	-0,292	0,078	0,088	-0,065	0,046	0,301
Variância total (%)	33,321	20,418	15,753	10,398	7,372	5,828	4,602	2,309
Variância acumulada (%)	33,321	53,739	69,491	79,890	87,261	93,089	97,691	100,000

CP - Comprimento do pecíolo, CT - comprimento do tubérculo, DC - diâmetro do caule, F1 - largura da folha na maior porção, LT - largura do tubérculo, P2 e P3 - distância entre a inserção do pecíolo na folha, a extremidade inferior e superior da folha e PT - peso do tubérculo.

De acordo com Cruz et al. (2012) a dispersão gráfica fornece resultados satisfatórios, quando as duas primeiras componentes principais explicam 80% da variação total. Por esta razão, a representação da dispersão gráfica dos 89 genótipos de inhame não explicou de forma satisfatória a variabilidade, visto que, os dois primeiros componentes principais explicaram apenas 53,74% da variação total (Figura 3).

Os grupos formados pela dispersão gráfica foram, parcialmente, concordantes com os formados pelo método UPGMA. A Figura 3 mostra que não houve uma separação clara dos grupos. No entanto, é evidente que o grupo 7, com apenas dois genótipos, foi o mais distante dos demais, corroborando com resultados obtidos na análise de agrupamento.



**Figura 3.** Dispersão gráfica de 89 genótipos de inhame com base nas duas primeiras componentes principais (CP1 e CP2), de acordo com os grupos formados pelo método UPGMA.

As informações obtidas neste estudo poderão contribuir para a conservação e o melhoramento genético do inhame nas condições edafoclimáticas do Recôncavo Baiano. No entanto, torna-se necessária a caracterização molecular destes genótipos, de forma a complementar as informações geradas pelos descritores morfoagronômicos.

## CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética de inhame passível de ser explorada em programas de conservação e melhoramento genético.

O comprimento do tubérculo foi a variável com maior contribuição para a divergência genética.

## REFERÊNCIAS

- AFONSO, S. D. J.; MOREIRA, R. F. C.; CONCEIÇÃO, L. S.; SILVA, S. A. Agronomic characterization of yam genotypes production. **IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science**, v. 7, n. 12, p. 22-30, dez. 2014.
- BEYENE, T. M. Genetic Diversity of Aerial Yam /*Dioscorea Bulbifera* (L.)/ Accessions in Ethiopia based on Agronomic Traits. **Agriculture, Forestry and Fisheries**, v. 2, n. 2, p. 67-72, 2013.
- BRESSAN, E. A.; BRINER NETO, T.; ZUCCHI, M. I.; RABELLO, R. J.; VEASEY, E. A. Genetic structure and diversity in the *Dioscorea cayenensis/D. rotundata* complex revealed by morphological and isozyme markers. **Genet. Mol. Res.**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 1, p. 425-437, 2014.
- BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. **Introdução à Análise de Agrupamentos**. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p. 1990.
- CARNEIRO, J. I. D. S. **Caracterização morfológica e molecular de germoplasma de inhame**. 2013. 115 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, 2013.
- CHARRAD, N.; GHAZZALI N.; BOITEAU, V.; NIKNAFS, A. NbClust: NbClust package for determining the best number of clusters. R package version 2.0.3. 2014. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=NbClust>>. Acesso: 12 out. 2014.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012, 508 p.
- CRUZ, C.D. Programa Genes - **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Disponível em: <[www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm](http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm)>. Acesso: 10 out. 2014.
- EFISUE, A. A. Genetic diversity study of *Dioscoreas* using morphological traits and isozyme markers analysis. **Nigerian Journal of Biotechnology**, v. 30, p. 7-17, 2015.
- FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations**. 2016. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID>> Acesso em: 08 mar. 2016.
- IPGRI/IITA. **Descriptors for yam (*Dioscorea ssp*)**. Rome, Italy: International Institute of Tropical Agriculture, Ibadan, Nigeria/International Plant Genetic Resources Institute, 1997. 61 p.
- LEBOT, V. **Tropical Root and Tuber Crops: Cassava, Sweet Potato, Yams and Aroids**. CABI Publishers, Wallingford, 2009. 414p.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, Birmingham, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.

MIGNOUNA, H. D.; ABANG, M. M.; ASIEDU, R. Advances in yam (*Dioscorea* spp.) genetics and genomics. **Proceedings of the 13<sup>th</sup> ISTRC Symposium**, Arusha, p. 72-81, 2007.

MINGOTI, S. A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada**: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: Editora UFMG, 2005. 297 p.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants. Salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, p. 1235-1248, 2003.

MOREIRA, R. F. C.; SILVA, S. A.; SILVA, A. N. da; SILVA, M. S. da; CERQUEIRA, L. S.; SOUSA, C. da S.; SAMPAIO FILHO, O. M. **Descritores práticos para caracterização botânica de genótipos de inhame no Recôncavo baiano**. In: **I Simpósio Baiano de Educação Ambiental**, UFRB, Cruz das Almas, 2007.

MULUALEM, T.; MICHAEL, G. W. Agronomical Evaluation of Aerial Yam/*Dioscorea bulbifera*/ Accessions collected from South and Southwest Ethiopia. **Greener Journal of Agricultural Sciences**, Lagos, v. 3, n. 9, p. 693-704, set. 2013.

MWIRIGI, P. N.; KAHANGI, E. M.; NYENDE, A. B.; MAMATI, E. G. Morphological variability within the Kenyan yam (*Dioscorea* spp.). **Journal of Applied Biosciences**, Limuru, v. 16, p. 894-901, 2009.

NORMAN P. E.; TONGOONA, P. SHANAHAN, P. E.. Diversity of the morphological traits of yam (*Dioscorea* spp.) genotypes from Sierra Leone. **Journal of Applied Biosciences**, Limuru, n. 45, p. 3045-3058, set. 2011.

OBIEDIEGWU, J. E.; KOLESNIKOVA-ALLEN, M.; ENE-OBONG, E. E.; MUONEKEE, C. O.; ASIEDU, R. SSR markers reveal diversity in Guinea yam (*Dioscorea cayenensis*/*D. rotundata*) core set. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, n. 12, p. 2730-2739, jun. 2009.

OSUAGWU, A. N.; CHUKWURAH, P. N.; EKPO, I. A.; AKPAKPAN, E. E.; AGBOR, R. B. Variation, correlation and path coefficient analyses in seed yield and related characters in local accessions of African Yam Bean (*Sphenostylis stenocarpa*) from Southern Nigeria. **African journal of Agricultural Research**, v. 9, n. 2, p. 211-215, jan. 2014.

R CORE TEAM. R: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2014. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso: 10 out. 2014.

SANTOS, E. S. Inhame (*Dioscorea* sp.). Aspectos Básicos da Cultura. João Pessoa: EMEPA-PB, SEBRAE, 1996, 158 p.

SCARCELLI, N.; DAÏNOU, O.; AGHANGLA, C.; TOSTAIN, S.; PHAM, J-L. Segregation patterns of isozyme loci and microsatellite markers show the diploidy of African yam *Dioscorea rotundata* ( $2n = 40$ ). **Theor. Appl. Genet.**, v. 111, p. 226-232, 2005.

SEI - Superintendência de Estudos Econômicos e Sociais da Bahia. **Estatística dos municípios baianos. Salvador**: SEI, v. 13, 2010. 382 p.

SIADJEU, C.; TOUKAM, G. M.; BELL, J. B.; NKWATE, S. Genetic diversity of sweet yam "*Dioscorea dumetorum*" (Kunth) Pax revealed by morphological traits in two agro-ecological zones of Cameroon. **African Journal of Biotechnology**, v. 14, n. 9, p. 781-793, mar. 2015.

SILVA, L. R. G.; MEZETTE, T. F.; NASCIMENTO, W. F.; SILVA, E. F.; VEASEY, E. A. Spatially structured morphological and molecular diversity among *Dioscorea cayenensis* and *D. rotundata* yam accessions. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, Cambridge, p. 1-14, jan. 2016.

SILVA, S. O.; CARVALHO, P. C. L.; MOREIRA, R. F. C.; CARNEIRO, J. L., S. **Orientações Técnicas para o cultivo do Inhame**. 1ª ed. Cruz das Almas. 2012. 40 p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 1, p. 237-247, 1981,

SNEATH, P, H.; SOKAL, R, R, **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**, San Francisco: W,H, Freeman, 1973, 573 p.

SOKAL, R, R.; ROHLF, F, J, The comparison of dendrograms by objective methods, **Taxon**, Utrecht, v. 11, p. 33-40, 1962.

STATSOFT, Inc. **Statistica for Windows (data analysis software system)**, version 7.1. Statsoft, Tulsa, Oklahoma (USA), 2005.

SUDRÉ, C. P.; LEONARDECZ, E.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; MOURA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germoplasma collections pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 1, p. 496-503, 2007.

VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, Wageningen, v. 137, n. 1, p. 63-67, 2004.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

O inhame (*D. rotundata*) é uma cultura com expressiva importância socioeconômica na região do Recôncavo Baiano, onde constitui uma fonte de renda para os pequenos agricultores. No entanto, a falta de conhecimento da variabilidade genética desta cultura, limita o desenvolvimento de novas cultivares, que associem resistência a estresses bióticos e abióticos com atributos apreciados pelos consumidores.

A caracterização fenotípica dos genótipos de inhame, com auxílio de métodos de estatística multivariada revelou a existência de ampla variabilidade genética da cultura, que pode ser explorada em futuros programas de conservação e melhoramento genético, com vista a desenvolver cultivares superiores e adaptadas às condições locais do Recôncavo da Bahia contribuindo na sustentabilidade do agronegócio do inhame e mantendo a fixação dos produtores na zona rural.

Os descritores: cor e forma do caule, asas, acúleos, direção de crescimento, forma e posição folhas, cor do pecíolo, número de tubérculos, presença de tubérculos subterrâneos, presença de tubérculos aéreos e posição entre tubérculos, não permitiram a distinção entre os genótipos estudados, podendo ser descartados, para minimizar os custos financeiros e de mão de obra no manejo dos recursos genéticos de *D. rotundata*.

Para estudos posteriores, recomenda-se a utilização combinada dos descritores fenotípicos com os marcadores moleculares, com vista, ampliar a obtenção de informações sobre a caracterização dos diferentes acessos, que compõem o banco de germoplasma de inhame, de forma a acurar na seleção de genótipos com características superiores.