

# ETNOBOTÂNICA E ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE VARIEDADES DE MANDIOCA CULTIVADAS EM POCONÉ, MATO GROSSO

Data de submissão: 09/03/2023

Data de aceite: 02/05/2023

### **Juliana Larrosa Rodrigues Oler**

Instituto de Desenvolvimento Sustentável  
Mamirauá  
Tefé – Amazonas  
<https://orcid.org/0000-0003-3910-4256>  
<http://lattes.cnpq.br/3514475634759966>

### **Eulalia Soler Sobreira Hoogerheide**

Embrapa Agrossilvipastoril  
Sinop - Mato Grosso  
<https://orcid.org/0000-0003-0944-3898>  
<http://lattes.cnpq.br/8497096021170936>

### **Auana Vicente Tiago**

Embrapa Agrossilvipastoril  
Sinop - Mato Grosso  
<https://orcid.org/0000-0001-9556-9491>  
<http://lattes.cnpq.br/3112795576497501>

### **Joyce Mendes Andrade Pinto**

Embrapa Agrossilvipastoril  
Sinop - Mato Grosso  
<https://orcid.org/0000-0002-9484-1868>  
<http://lattes.cnpq.br/1074850228482483>

**RESUMO:** A região denominada Baixada Cuiabana é uma das poucas regiões do Mato Grosso que preserva as antigas características de comunidades de agricultores de subsistência que mantêm

expressiva diversidade de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). O objetivo deste estudo foi caracterizar a diversidade genética de mandiocas mediante o conhecimento etnobotânico e marcadores microsatélites para compreender a dinâmica de conservação e manejo do acervo usado pelos agricultores da Comunidade São Benedito, Poconé, Mato Grosso. Para o inventário etnobotânico foram aplicadas entrevistas semiestruturadas em 10 unidades domésticas para obter informações sobre as mandiocas cultivadas, e das 11 variedades locais cultivadas foi realizada análise por marcadores microsatélites. Apesar da baixa diversidade etnobotânica ( $H' = 2,05$ ), foi encontrada alta heterozigidade observada ( $H_o = 0,92$ ) e diversidade gênica ( $H_e = 0,75$ ). Os agricultores que sobrevivem basicamente do cultivo da mandioca e produção de farinha para comercialização, direcionam suas escolhas de variedades para as mais produtivas e menos suscetíveis ao ataque de pragas. A variedade *Brava* foi a mais frequente (80% das roças) e é apontada como a mais rentável para a produção de farinha, sendo uma importante fonte de recurso genético para programas de melhoramento. Através da análise

de rede pode-se observar que a rede de circulação de propágulos e informações ocorre entre os moradores e também com outras comunidades da região. Dois agricultores foram identificados como os mais atuantes nas trocas. De acordo com o agrupamento e análise de coordenadas principais feitos utilizando os dados genéticos, as variedades introduzidas mais recentemente separam-se das introduzidas há mais tempo. Os resultados apontam que as variedades possuem uma alta diversidade genética entre si, porém os agricultores da comunidade apresentam baixa diversidade etnobotânica quando comparada a outras comunidades.

**PALAVRAS-CHAVE:** Microsatélites; conservação *on farm*; conhecimento tradicional.

## ETHNOBOTANY AND GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF CASSAVA VARIETIES CULTIVATED IN POCONÉ, MATO GROSSO

**ABSTRACT:** The region called Baixada Cuiabana is one of the few regions of Mato Grosso that preserves the ancient characteristics of subsistence farming communities that maintain a significant diversity of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). The objective of this study was to characterize the genetic diversity of cassava through ethnobotanical knowledge and microsatellite markers to understand the dynamics of conservation and management of the collection used by farmers in the São Benedito Community, Poconé, Mato Grosso. For the ethnobotanical inventory, semi-structured interviews were applied in 10 household units to obtain information about the cassava grown, and of the 11 local varieties grown, analysis was performed by microsatellite markers. Despite the low ethnobotanical diversity ( $H' = 2.05$ ), high observed heterozygosity ( $H_o = 0.92$ ) and gene diversity ( $H_e = 0.75$ ) were found. Farmers who survive basically on the cultivation of cassava and production of flour for commercialization, direct their choices of varieties to the most productive and less susceptible to pest attack. The variety Brava was the most frequent (80% of the farms) and is pointed out as the most profitable for flour production, being an important source of genetic resource for improvement programs. Through the network analysis it can be observed that the network of circulation of propagules and information occurs among the residents and also with other communities in the region. Two farmers were identified as the most active in the exchanges. According to the clustering and principal coordinates analysis done using the genetic data, the most recently introduced varieties are separated from those introduced longer ago. The results indicate that the varieties have a high genetic diversity among themselves, but the farmers in the community have low ethnobotanical diversity when compared to other communities.

**KEYWORDS:** Microsatellites; on-farm conservation; traditional knowledge.

## 1 | INTRODUÇÃO

Os agricultores tradicionais são apontados por muitos autores como os principais mantenedores da agrobiodiversidade, inclusive de mandioca (AMOROZO, 2013). Em geral, os agricultores tradicionais têm laços de parentesco e um alto grau de conhecimento, transmitido de geração para geração, do ambiente onde vivem. As plantas manejadas na agricultura tradicional são essenciais à continuidade das comunidades, pois fornecem a base alimentar do grupo (AMOROZO, *et al.*, 2002).

Considerada como espécie-chave, a mandioca desenvolve importante função na segurança alimentar e autonomia de populações que praticam agricultura de subsistência e com pouca capacidade de aquisição de insumos externos, devido a uma série de vantagens em relação a outros cultivos, como tolerância a estiagem, fácil propagação, rendimento satisfatório mesmo em solos pouco férteis e alta diversidade intraespecífica (CAGNON *et al.*, 2002; PERONI e HANAZAKI, 2002).

Muitos estudos destacam a elevada diversidade de variedades locais de mandioca cultivada por agricultores tradicionais em diferentes locais do Brasil (AMOROZO, 2010; EMPERAIRE e PERONI 2007; MARCHETTI *et al.*, 2013) sendo também comprovada a alta diversidade genética manejada nas comunidades tradicionais (ALVES-PEREIRA *et al.*, 2012; SALICK *et al.*, 1997; SIQUEIRA *et al.*, 2010).

A região denominada Baixada Cuiabana fica ao norte do Pantanal Mato-Grossense, sendo uma das poucas regiões em Mato Grosso que ainda preserva as antigas características de comunidades de agricultores de subsistência, e ocupa secularmente área de sesmarias e apresenta comunidades tradicionais de pequenos agricultores que mantêm expressiva diversidade de mandioca e outros cultivos (AMOROZO, 2010).

Assim, para este trabalho foram aplicadas ferramentas etnobotânicas e técnicas moleculares para entender as relações dos agricultores com o acervo de mandioca por eles manejada e conservada. Considerando o panorama apresentado, o presente estudo teve por objetivo caracterizar a diversidade genética da mandioca mediante o conhecimento etnobotânico/tradicional do acervo e marcadores microsatélites para compreender a dinâmica de conservação e manejo do acervo usado pelos agricultores da Comunidade São Benedito, Poconé, Mato Grosso.

## 2 | MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Área de estudo

O estudo foi realizado do município de Poconé, Mato Grosso, Brasil, localizado a 100 quilômetros da capital do Estado, Cuiabá, pertencente ao território da cidadania da Baixada Cuiabana.

A comunidade São Benedito (S16 00 54.6 W56 59 11.2) foi estabelecida na atual área na década de 50, e reconhecida como remanescentes de quilombo em 2010. Atualmente encontra-se na terceira geração que mantém a atividade agrícola. Nela vivem 81 moradores distribuídos em 23 unidades familiares. A renda familiar é basicamente da agricultura de subsistência e produção de farinha de mandioca (DUARTE *et al.*, 2016).

#### 2.1.1 Coleta de dados

A pesquisa foi realizada entre setembro a dezembro de 2015. Foram aplicadas

entrevistas semiestruturadas etnobotânicas (VIERTLER, 2002) aos 10 agricultores (AGRA; AGRB; AGRC; AGRD; AGRE; AGRF; AGRG; AGRH; AGRI; AGRJ) que cultivam mandioca. Vale ressaltar que se entende como variedade local o conjunto de clones agrupados pelos agricultores como uma única variedade devido as semelhanças fenotípicas que apresentam (ELIAS *et al.*, 2004).

O presente trabalho foi autorizado pelo Conselho de Gestão do Patrimônio Genético (CGEN-MMA. Processo nº 02000.003025/2013-13 – MMA deliberada em 28 de abril de 2015 e publicada no D.O.U de 13 de julho de 2015), e está cadastrada no Sisgen com a numeração A3DF14E.

### 2.1.2 Caracterização molecular

As roças foram visitadas e coletadas as folhas recém expandidas. Para tal, duas folhas de cada variedade local (11) foram obtidas e transportadas em microtubos de polipropileno de 1.5 mL, contendo 1 mL de solução saturada de NaCl-CTAB (6 M NaCl, 40 mM CTAB) para o Laboratório de Fitoquímica da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, Mato Grosso, e mantido durante sete dias a temperatura de -4°C. A diversidade genética foi determinada com os marcadores moleculares do tipo microssatélites (SSR).

O DNA das 11 amostras foi extraído de acordo com a metodologia proposta por Doyle e Doyle (1990), com as alterações descritas por Siqueira *et al.* (2009). Através de eletroforese em gel de agarose 0.8% foram obtidas as concentrações de DNA das soluções estoque de cada indivíduo. As bandas foram visualizadas utilizando o corante SYBR Green e para a quantificação das amostras de DNA foram utilizadas soluções padrões de DNA (20, 40, 80 ng) (CARRASCO *et al.*, 2016). Para quantificação utilizou-se leituras em espectrofotômetro Thermo Scientific Nanodrop 2000, e a qualidade do material genético foi verificada em gel de agarose 0.8%. Foram utilizados doze locos de marcadores microssatélites escolhidos com base em Chavarriaga-Aguirre *et al.* (1998) e Mba *et al.* (2001).

As amplificações foram realizadas seguindo o protocolo de Schuelke, (2000) com a adição de uma cauda de M13 na extremidade 5' no forward primer, e a fluorescência escolhida foi acoplada a esse primer (HEX ou FAM). As reações continham 10-50ng de DNA genômico, 0,6 ou 0,7 mM MgCl<sub>2</sub>, 1x tampão, 0,2 mM de cada dNTP 0,25 uL primer forward e 0,5 uL para o primer reverse; 0,25pmol cauda universal M13 (0,25 pmol) e 1,25 U Taq DNA polimerase (Invitrogen, Carlsbad, California). O programa de amplificação consistiu em desnaturação a 94°C por 5 minutos, seguido por 30 ciclos de 30 s a 94° C, 45 s a 45°C, 45 s a 72°C e 8 ciclos de 30 s a 94° C, 45 s a 53°C, 45 s a 72°C.

As reações foram enviadas para São Paulo e genotipadas em sequenciador automático modelo ABI3730 no Setor de Sequenciamento de DNA, do Centro de Pesquisas sobre o Genoma Humano e Células-Tronco do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo (USP). A leitura no sequenciador automático gerou arquivos contendo os

picos de eletroferogramas, que foram analisados com auxílio do programa computacional GeneMarker® v. 1.95 (Softgenetics).

### 2.1.3 Análise de dados

As análises do conhecimento etnobotânico foram realizadas através de estatística descritiva e técnicas qualitativas (HUBERMAN e MILES 1994; GODOY, 1995), calculando a riqueza ( $S$ = número de variedades locais cultivadas) e o índice de diversidade de Shannon-Wiener ( $H'$ ) (PIELOU, 1975; ZAR, 2010), adaptado para etnobotânica (BEGOSSI, 1996). Para tais análises foi utilizado o programa PAST version 2.17c (2013) (HAMMER et al., 2001).

A representação gráfica das redes de circulação foi construída com o auxílio do programa Pajek (Program for Large Network Analysis) (BATAGELJ e MRVAR, 2006) utilizando o Layout Kamada-Kawai.

A organização da diversidade genética foi avaliada por meio da análise de coordenadas principais (PCoA) em nível de indivíduo por meio do programa GenAlEx 6.5 (PEAKALL e SMOUSE, 2006). Para o agrupamento pelo método UPGMA utilizou-se do programa Power Marker (LIU e MUSE 2005).

## 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

A riqueza manejada pela comunidade São Benedito ( $S = 11$  variedades locais) está abaixo da encontrada por outros estudos em comunidades tradicionais do Brasil (CHERNELA, 1986  $S= 137$ ; EMPERAIRE, 2002  $S= 69$ ; PERONI e HANAZAKI, 2002  $S= 62$ ; AMOROZO, 2010  $S=60$ ). Observa-se que a diversidade ( $H'$ ) encontrada foi de 2.05, abaixo também do encontrado por Marchetti *et al.* 2013 ( $H'=1.52$ ) em seus estudos com comunidades tradicionais da Baixada Cuiabana. Apesar da baixa diversidade etnobotânica ( $H'=2,05$ ), foi encontrada alta heterozigosidade observada ( $H_o = 0,92$ ) e diversidade gênica ( $H_e = 0,75$ ). Essa menor diversidade manejada pelos agricultores pode estar diretamente relacionada com a necessidade de cultivo de variedades locais mais rentáveis para a produção de farinha, principal fonte de renda dos agricultores.

Observou-se na Comunidade São Benedito um número médio de de  $2,3 \pm 1,2$  (desvio padrão) variedades por agricultor. Um número reduzido, o que pode ser resultado do grande interesse e procura apenas por conservar variedades mais rentáveis para a produção de farinha. A denominada *Brava* é tida como a mais plantada nas roças. Das 11 variedades identificadas no total, duas variedades possuem aptidão apenas para mandioca de mesa, e nove com dupla função, ou seja, consumo de mesa e produção de farinha, o que indica que os agricultores preferem conservar variedades que atendam as características consideradas necessárias para a produção da farinha. A diminuição da diversidade normalmente é impulsionada por fatores que simplificam o sistema (neste caso,

especialização em variedades para produção de farinha), resultando na gestão de apenas algumas variedades por cultura, geralmente uma (PERONI e HANAZAKI, 2002).

Para compreender a dinâmica de circulação das variedades cultivadas pelos agricultores da comunidade São Benedito, e elucidar as questões mencionadas até o momento, construiu-se a rede de troca de material propagativo que conecta os moradores da comunidade (Figura 1).

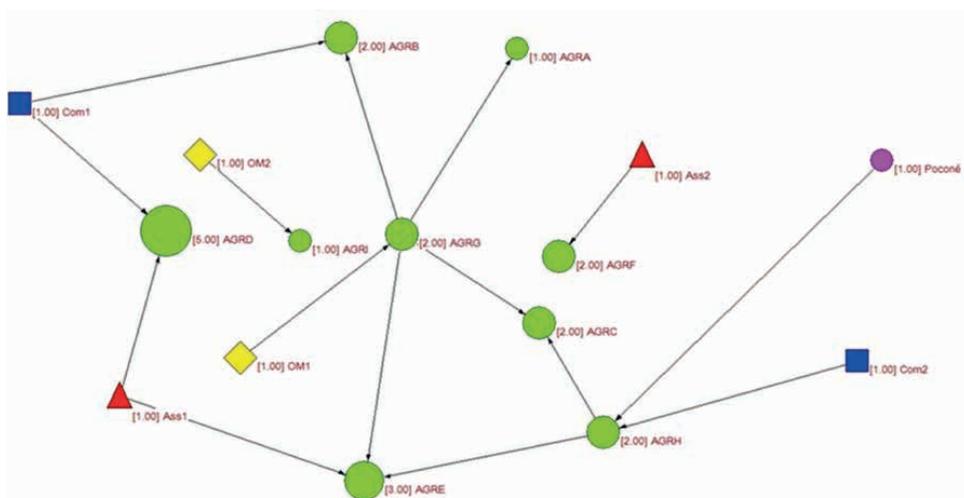


Figura 1. Representação gráfica da rede de circulação de ramas da comunidade estudada. Safr 2015/2016. Layout: Kamada-Kawai. Círculos verdes – AGRA, AGRB, AGRC, AGRD, AGRE, AGRF, AGRG, AGRH, AGRI, AGRJ – Agricultores. Círculo rosa – Cidade de Poconé. Quadrados – Com1 e Com 2 – Comunidades vizinhas. Triângulos – Ass1 e Ass2 – Assentamentos rurais próximos. Losangos – OM1 e OM2 – outros moradores da comunidade não pertencentes ao estudo. A ponta da seta indica o local que recebeu as etnovariedades. O tamanho dos círculos verdes representa o número de etnovariedades que o agricultor cultiva (amplitude 1-5).

Através da análise de rede pode-se observar que a rede de circulação de propágulos e informações ocorre entre os moradores e também com outras comunidades da região, importantes fontes de novas variedades. Dois agricultores (AGRG e AGRH) se destacaram na rede de trocas devido ao maior número de interações (cinco e quatro), respectivamente. Ambos trocam ramas com membros da própria comunidade, e com agricultores das comunidades, podendo ser considerados como elementos-chave na dinâmica da circulação de propágulos. Identificar agentes agricultores mais ativos na rede de circulação de propágulos dentro das comunidades são importantes para programas de melhoramento participativo ou políticas públicas de conservação *on farm* da agrobiodiversidade (MONTESANO *et al.*, 2012).

Na comunidade São Benedito não foram detectadas interações com outros municípios da região, o que pode ser justificado pelo isolamento da comunidade estudada. No entanto, a conexão com as comunidades vizinhas pode representar um elo entre a

comunidade e outras regiões. O agricultor AGRD destaca-se por ser o que maneja maior riqueza (cinco variedades locais), no entanto, não teve grande participação ativa na rede. Tal situação pode ter ocorrido principalmente pela limitação do método utilizado que depende da memória dos agricultores sobre as trocas.

Quanto ao agrupamento das variedades através das análises moleculares pelo método UPGMA, demonstrado na Figura 2, nota-se que as mandiocas foram separadas em dois grupos e a variedade *Baixinha* ficou isolada e mais distante das demais. Segundo o agricultor (AGRD), que a detém, a mesma é proveniente de um Assentamento Rural da região e foi introduzida há apenas cinco anos. O primeiro grupo foi formado pelas variedades *Liberata*, *Brava*, *Cacau* e *Talinho Vermelho* é marcado por estarem sendo cultivadas há mais de dez anos e por unir as variedades mais frequentes. No segundo grupo estão as variedades *Liberatona*, *Broto Roxo*, *Mansa*, *Ramo Branco*, *Carneiro*, *Cuiabana*, introduzidas mais recentemente e menos frequentes entre os agricultores.

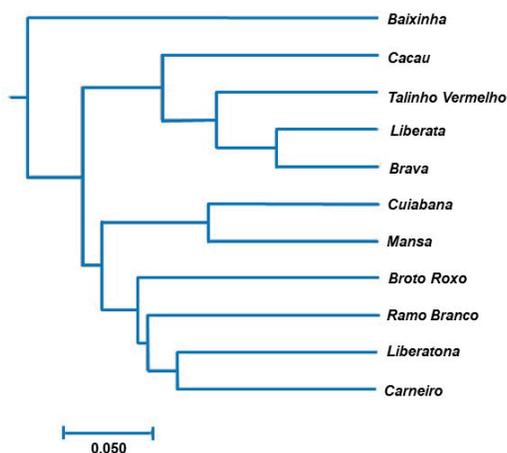


Figura 2. Agrupamento utilizando o método UPGMA para as 11 variedades locais encontradas.

Corroborando à análise do UPGMA, a de componentes principais (PCoA) obteve uma divisão semelhante. Observa-se que a análise indicou que as amostras estão separadas em dois grupos principais e com algumas variedades dispersas, principalmente em função da PCoA 2. Com a primeira coordenada foi possível explicar 23,54% da variação genética, e juntamente o com a segunda coordenada explicam 40,68% da variação total (Figura 3).

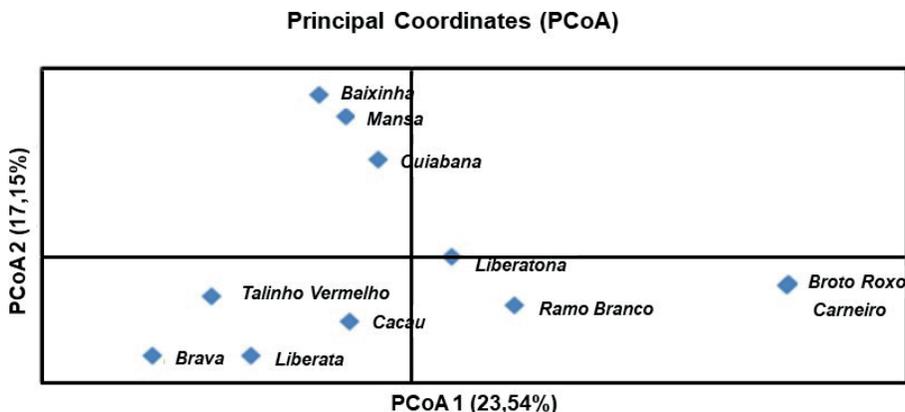


Figura 3. Análise de coordenadas principais (PCoA) realizada com base na variação dos marcadores microsatélites para as variedades cultivadas.

## 4 | CONCLUSÃO

A baixa riqueza encontrada nas roças (número de variedades cultivadas por agricultor) e na comunidade (total de variedades locais encontradas) pode ser indicativo da necessidade de ações que evidenciem a importância da conservação das variedades locais, mantendo amostras nos próprios quintais em áreas menores, para que cada unidade familiar funcione como uma pequena reserva de germoplasma.

As variedades possuem uma alta diversidade genética entre si, mas os agricultores da comunidade apresentam baixa diversidade etnobotânica. . Nesse caso é interessante que os agricultores manejem diferentes variedades locais para que possam garantir a continuidade do processo de manutenção e amplificação da diversidade.

## REFERÊNCIAS

- ALVES-PEREIRA, A.; PERONI, N.; ABREU, A. G.; GRIBEL, R.; CLEMENT, C. R. **Genetic structure of traditional varieties of bitter manioc in three soils in Central Amazonia**. *Genetica*, v. 139, p. 1259-1271, 2011.
- AMOROZO M. C. M. Diversidade agrícola em um cenário de transformação: será que vai ficar alguém para cuidar da roça? In: MING, L. C.; AMOROZO, M. C. M.; KFFURI, C. W. (eds.). **Agrobiodiversidade no Brasil: experiências e caminhos da pesquisa**. Recife: NUPEEA, 2010. p. 378-394.
- AMOROZO, M. C. M.; MING, L. C.; SILVA, S. P. **Métodos de coleta e análise de dados em etnobiologia, etnoecologia e disciplinas correlatas**. Rio Claro: UNESP/SBEE/CNPq, 2002.
- AMOROZO, M.C.M. **Sistemas agrícolas de pequena escala e a manutenção da agrobiodiversidade: Uma revisão e contribuições**. Botucatu: FCA – UNESP, 2013.
- BATAGELJ, V. MRVAR, A. **Pajek-program for large Network analysis**. *Connections*, v. 21, n. 2, p. 47-57, 1998.

BEGOSSI, A. **Use of ecological methods in ethnobotany**: diversity indices. *Economic botany*, 50: 280-289, 1996.

CAGNON, J. R.; CEREDA, M. P.; PANTAROTTO, S. Glicosídeos cianogênicos da mandioca: biossíntese, distribuição, detoxificação e métodos de dosagem. *In*: CEREDA, M.P. (ed.) **Agricultura: tuberosas amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargill, 2002. p.83-99.

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

CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P. P.; MAYA, M. M.; BONIERBALE, M. W.; KRESOVICH, S.; FREGENE, M. A.; TOHME, J.; KOCHERT, G. **Microsatellites in cassava (*Manihot esculenta* Crantz)**: discovery, inheritance and variability. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 97, p. 493-501, 1998.

CHERNELA, J. M. Os cultivares de mandioca na área do uaupés (tukâno). *In*: RIBEIRO, B (ed.). **Suma Etnológica Brasileira**. Petrópolis: Etnobiologia, 1986. p. 151-158.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. **Isolation of plant DNA from fresh tissue**. *Focus*. v. 12, 13-15, 1990.

DUARTE, G. S. D. **Os saberes tradicionais da comunidade são Benedito, Poconé, Mato Grosso**: revelando múltiplos olhares. 2016. Dissertação (Mestrado em Ciências Florestais e Ambientais) - Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá, 2016.

ELIAS, M.; MÜHLEN, G. S.; MCKEY, D.; ROA, C.; TOHME, J. **Genetic diversity of traditional South American landraces of cassava (*Manihot esculenta* Crantz)**: an analysis using microsatellites. *Economic Botany*, v. 58, n. 2, p. 242-256, 2004.

EMPERAIRE, L. **Agrobiodiversidade em risco – O exemplo das mandiocas na Amazonia**. *Ciência Hoje*, n. 187, p. 29-33, 2002.

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

GODOY, A. S. **Introdução à pesquisa qualitativa e suas possibilidades**. *Revista de administração de Empresas*, v. 35, n. 2, p. 57-63, 1995.

HAMMER, O.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. **PAST**: Paleontological Statistics Software Package for education and data analysis. *Paleontologia Electronica*, v. 4, n. 1. p. 1-9, 2001.

HUBERMAN, A. M.; MILES, M. Data management and analysis methods. *In*: Denzin, N. K.; Lincoln, Y. S. **Handbook of qualitative research**. Thousand Oaks: Sage Publications, 1994. p. 428-444.

LIU, K.; MUSE, S. V. **PowerMarker**: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*. v. 21, n. 9, p. 2128-2129, 2005.

MARCHETTI, F. F.; MASSARO, L. R.; AMOROZO, M. C. D. M.; BUTTURI-GOMES, D. **Maintenance of manioc diversity by traditional farmers in the state of Mato Grosso, Brazil**: a 20-year comparison. *Economic botany*, v. 67, p. 313-323, 2013.

MBA, R. E. C.; STEPHENSON, P.; EDWARDS, K.; MELZER, S.; NKUMBIRA, J.; GULLBERG, U.; FREGENE, M. **Simple sequence repeat (SSR) markers survey of the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) genome: towards an SSR based molecular genetic map of cassava.** Theoretical and Applied Genetics, v. 102, p. 21-31, 2001.

MONTESANO, V.; NEGRO, D.; SARLI, G.; LOGOZZO, G.; SPAGNOLETTI ZEULI, P. **Landraces in inland areas of the Basilicata region, Italy: monitoring and perspectives for on farm conservation.** Genetic Resources and Crop Evolution, v. 59, p. 701-716, 2012.

PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. **GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research.** Molecular ecology notes, v. 6, n. 1, p. 288-295, 2006.

PERONI, N.; HANAZAKI, N. **Current and lost diversity of cultivated varieties, especially cassava, under swidden cultivation systems in the Brazilian Atlantic Forest.** Agriculture, Ecosystems & Environment, v. 92, n. 2-3, p. 171-183, 2002.

PIELOU, E. C. **Ecological diversity.** New York: John Wiley, 1975.

SALICK, J.; CELLINESE, N.; KNAPP, S. **Indigenous diversity of cassava: generation, maintenance, use and loss among the Amuesha, Peruvian Upper Amazon.** Economic Botany, v.51, n.1, p. 6-19, 1997.

SCHUELKE, M. **An economic method for the fluorescent labelling of PCR fragments.** Nature biotechnology, v. 18, n. 2, p. 233-234, 2000.

SIQUEIRA, M. V. B. M.; PINHEIRO, T. T.; BORGES, A.; VALLE, T. L.; ZATARIM, M.; VEASEY, E. A. **Microsatellite polymorphisms in cassava landraces from the Cerrado biome, Mato Grosso do Sul, Brazil.** Biochemical Genetics, v. 48, p. 879-895, 2010.

SIQUEIRA, M. V. B. M.; QUEIROZ-SILVA, J. R.; BRESSAN, E. A.; BORGES, A.; PEREIRA, K. J.; PINTO, J. G.; VEASEY, E. A. **Genetic characterization of cassava (*Manihot esculenta*) landraces in Brazil assessed with simple sequence repeats.** Genetics and Molecular Biology, v. 32, p. 104-110, 2009.

VIERTLER, R. B. Métodos antropológicos como ferramenta para estudos em etnobiologia e etnoecologia. In: Amorozo, M. C. M.; Ming, L. C.; Silva, S. P. **Métodos de coleta e análise de dados em etnobiologia, etnoecologia e disciplinas correlatas.** In: SEMINÁRIO DE ETNOBIOLOGIA E ETNOECOLOGIA DO SUDESTE, 1., 2002, Rio Claro. Anais [...]. Rio Claro: UNESP/CNPq, 2002. p. 12-18.

ZAR, J. H. **Biostatistical analysis.** New Jersey: Prentice-Hall, 1999.