

**UNIVERSIDADE DO ESTADO DE MINAS GERAIS
UNIDADE FRUTAL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO *STRICTO SENSU* EM
CIÊNCIAS AMBIENTAIS**

**ESTUDOS GENÉTICOS EM MANDIOCA (*Manihot
esculenta* Crantz) - ESTADO DA ARTE POR MEIO DE UMA
ABORDAGEM CIENCIOMÉTRICA**

Vinícius Campos Silva
Engenheiro Agrônomo

Vinícius Campos Silva

**ESTUDOS GENÉTICOS EM MANDIOCA (*Manihot esculenta*
Crantz) - ESTADO DA ARTE POR MEIO DE UMA
ABORDAGEM CIENCIOMÉTRICA**

Dissertação apresentada à Universidade do
Estado de Minas Gerais, Unidade Acadêmica
de Frutal, como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em Ciências
Ambientais, para obtenção do título de Mestre

Orientador:

Prof. Dr. Marcos Vinicius Bohrer Monteiro Siqueira

Coorientador:

Prof. Dr. Gustavo Reis de Brito

Frutal-MG
2024

FICHA CATALOGRÁFICA

Silva, Vinícius Campos.

Estudos genéticos em mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) - estado da arte por meio de uma abordagem cienciométrica. / Vinícius Campos Silva. - Frutal, MG, 2024.

107 f.: il.

Orientador: Marcos Vinicius Bohrer Monteiro Siqueira, Dr.

Co-orientador: Gustavo Reis de Brito, Dr.

Dissertação (Mestrado em Ciências Ambientais) - Universidade do Estado de Minas Gerais, Frutal, MG, 2024.

1. Genômica. 2. Marcadores moleculares. 3. Mapeamento científico. 4. Raízes e tubérculos. I. Siqueira, Marcos Vinicius Bohrer Monteiro, orient. II. Brito, Gustavo Reis de, co-orient. III. Título.

CDU 633

Catálogo na fonte



GOVERNO DO ESTADO DE MINAS GERAIS

Ata

VINÍCIUS CAMPOS SILVA

ESTUDOS GENÉTICOS EM MANDIOCA (*MANIHOT ESCULENTA* CRANTZ) - ESTADO DA ARTE POR MEIO DE UMA ABORDAGEM CIENCIOMÉTRICA

Dissertação apresentada a Universidade do Estado de Minas Gerais, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais, na área de concentração Ciências Ambientais, Linha de Pesquisa Diagnóstico e Ecologia Ambiental, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADO em 19 de dezembro 2024

Prof. Dr. Eduardo Alano Vieira - EMBRAPA- Brasília - DF

Prof. Dr. Jhansley Ferreira da Mata - UEMG - Frutal - MG

PROF. DR. MARCOS VINÍCIUS BOHRER MONTEIRO SIQUEIRA

ORIENTADOR



Documento assinado eletronicamente por **Marcos Vinícius Bohrer Monteiro Siqueira, Professor de Educação Superior**, em 19/12/2024, às 15:09, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 47.222, de 26 de julho de 2017](#).



Documento assinado eletronicamente por **Jhansley Ferreira da Mata, Servidor**, em 05/01/2025, às 21:29, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 47.222, de 26 de julho de 2017](#).



Documento assinado eletronicamente por **Eduardo Alano Vieira, Usuário Externo**, em 06/02/2025, às 12:53, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 47.222, de 26 de julho de 2017](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site http://sei.mg.gov.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **104228434** e o código CRC **E0DDB983**.

Referência: Processo nº 2350.01.0007712/2024-40

SEI nº 104228434

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, minha eterna gratidão a Deus, por sua sabedoria e misericórdia, que me deram a força, coragem e perseverança necessárias para chegar até aqui. Sua presença constante foi meu guia em todos os momentos dessa jornada, e sem Ele nada disso seria possível.

Ao professor Marcos Siqueira, meu orientador, mentor e amigo, expresso meu profundo agradecimento. Suas palavras de incentivo, paciência incansável e dedicação exemplar foram essenciais para a realização deste trabalho. Sua orientação não apenas me guiou academicamente, mas também moldou minha trajetória pessoal e profissional, deixando um impacto duradouro. Ao professor Gustavo Reis, meu coorientador, sou igualmente grato por sua paciência, contribuição e apoio ao nosso projeto, sempre disposto a colaborar e a esclarecer dúvidas.

À minha esposa, Leide Silva, minha companheira fiel e maior apoiadora, deixo todo meu amor e gratidão. Leide, sua compreensão, paciência e carinho foram fundamentais nos momentos mais desafiadores. Obrigado por suportar as ausências e entender as dificuldades ao longo desse percurso. O seu apoio foi essencial, especialmente quando enfrentamos juntos o diagnóstico de Autismo nível 3 de nossa filha. Sua força e resiliência foram e continuam sendo uma inspiração diária para mim. À minha amada filha, Leda Silva Campos, que é minha luz e fonte de motivação, seu sorriso, sua pureza e seu jeito único me lembram diariamente do verdadeiro significado de perseverança e amor incondicional. Você me ensinou mais sobre a vida do que qualquer livro ou pesquisa, e sua presença é um lembrete constante do que realmente importa.

Aos professores e amigos da UEMG, unidade Frutal MG, minha sincera gratidão pelo apoio, incentivo e críticas construtivas que contribuíram para meu crescimento acadêmico e pessoal. Agradeço especialmente à Vitória Abjar, por sua paciência e amizade. Também registro meu agradecimento ao professor Jhansley Ferreira da Mata e ao pesquisador Eduardo Alano, da EMBRAPA, por suas valiosas contribuições para a conclusão deste trabalho.

RESUMO

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é essencial para a segurança alimentar global, especialmente em regiões tropicais, e sua genética desempenha um papel significativo no aprimoramento da cultura, permitindo o desenvolvimento de variedades mais produtivas e resistentes a pragas e doenças. A cienciometria, que analisa quantitativamente a produção e o impacto da pesquisa científica, é crucial para entender as tendências na genética da mandioca. Este estudo teve como objetivo aplicar métodos cienciométricos e realizar uma análise de mapeamento científico para investigar e descrever a aplicação da genética na espécie entre 1960 e 2022. Dos dados quantitativos analisados, foram selecionados 3.246 artigos na plataforma *Web of Science*, dos quais 654 atenderam aos critérios de inclusão. Observou-se um crescimento significativo na produção científica a partir de 1993, com pico em 2018. O primeiro artigo focado em genética foi publicado em 1969. Entre os periódicos mais relevantes, *Euphytica* destacou-se com 36 artigos, seguido por *Genetic Molecular Research* (30) e *Frontiers in Plant Science* (25). A China lidera em número de instituições publicando sobre genética de mandioca, mas o Brasil se destaca com o maior número de pesquisadores (63). Quanto aos dados qualitativos, a análise das principais metodologias revela um panorama diversificado. O uso de descritores morfoagronômicos se manteve de 1978 a 2022, e a PCR foi empregada de 1986 a 2023. Os SSR foram os mais utilizados, com 60 registros. Esta pesquisa avaliou a produção científica sobre a genética da mandioca, identificou periódicos e países relevantes e caracterizou as abordagens metodológicas aplicadas, proporcionando uma compreensão mais clara do cenário atual e ressaltando a importância desses estudos para o avanço da pesquisa na área.

Palavras chave: Genômica. Marcadores moleculares. Mapeamento científico. Raízes e tubérculos.

GENETIC STUDIES IN CASSAVA (*Manihot esculenta* CRANTZ) - STATE OF THE ART THROUGH A SCIENTOMETRIC APPROACH

ABSTRACT

Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) is essential for global food security, especially in tropical regions, and its genetics plays a significant role in the improvement of the crop, enabling the development of more productive varieties that are resistant to pests and diseases. Scientometrics, which quantitatively analyzes the production and impact of scientific research, is crucial for understanding trends in cassava genetics. This study aimed to apply scientometric methods and conduct a scientific mapping analysis to investigate and describe the application of genetics in the species from 1960 to 2022. From the quantitative data analyzed, 3,246 articles were selected from the Web of Science platform, of which 654 met the inclusion criteria. A significant growth in scientific production was observed starting in 1993, with a peak in 2018. The first article focused on genetics was published in 1969. Among the most relevant journals, *Euphytica* stood out with 36 articles, followed by *Genetic Molecular Research* (30) and *Frontiers in Plant Science* (25). China leads in the number of institutions publishing on cassava genetics, but Brazil stands out with the highest number of researchers (63). Regarding qualitative data, the analysis of the main methodologies reveals a diverse landscape. The use of morphoagronomic descriptors was maintained from 1978 to 2022, and PCR was employed from 1986 to 2023. SSR markers were the most used, with 60 records. This research evaluated the scientific production on cassava genetics, identified relevant journals and countries, and characterized the applied methodological approaches, providing a clearer understanding of the current landscape and highlighting the importance of these studies for advancing research in the field.

Keywords: Genomics. Molecular markers. Roots and tubers. Scientific mapping.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Os dez principais países produtores de mandioca no mundo.	21
Figura 2 – Produção de mandioca (em milhões de toneladas) referente aos estados brasileiros em 2022.....	22
Figura 3 – Etapas para construção de indicadores e mapeamento científico.	35
Figura 4 – Classificação qualitativa aplicada para a análise cienciométrica em artigos com de genética em mandioca.....	39
Figura 5 – Produção científica em genética de mandioca em número de documentos publicados extraídos da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	41
Figura 6 – Principais periódicos com artigos de genética em mandioca extraídos da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.....	43
Figura 7 – Análise do Fator de Impacto dos principais periódicos relacionadas com estudos com genética em mandioca de 1960 a 2022, extraídos da <i>Web of Science</i>	44
Figura 8 – Principais autores com artigos em genética de mandioca extraídos da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	45
Figura 9 – Ranking dos dez países que mais publicaram artigos de genética em mandioca, análises baseadas na <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.....	46
Figura 10 – Número de autores por país calculados a partir do levantamento bibliográfico na <i>Web of Science</i> para o período de 1960 a 2022. Países em cinza não apresentaram pesquisadores envolvidos em pesquisas genéticas com mandioca.....	48
Figura 11 – Ranking das 10 instituições que mais publicaram estudos sobre genética em mandioca extraídos da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	49
Figura 12 – Nuvem de palavras das palavras-chave, selecionados dos artigos sobre genética da mandioca extraídos da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	50
Figura 13 –Tendência temporal das 10 principais ferramentas moleculares.	51
Figura 14 – Quantidade de aplicações das 10 principais ferramentas moleculares em artigos sobre genética da mandioca da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	52
Figura 15 – Representação da distribuição dos artigos no grupo biologia vegetal, destacando a quantidade de publicações em cada subgrupo classificado, dos artigos sobre genética da mandioca da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	53
Figura 16 – Distribuição dos artigos no grupo de melhoramento de plantas, mostrando a quantidade de publicações em cada subcategoria classificada em artigos sobre genética da mandioca da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	54
Figura 17 – Proporção de artigos no grupo de melhoramento de plantas, mostrando a quantidade de publicações em cada subcategoria classificada em artigos sobre genética da mandioca da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	55
Figura 18 – Proporção de artigos nos grupos de Biologia Vegetal e Genética da Conservação, mostrando a quantidade de publicações em cada subcategoria classificada em artigos sobre genética da mandioca da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	56
Figura 19 – Proporção de artigos utilizando técnicas omics, mostrando a quantidade de publicações para cada técnica, como Genômica, Transcriptômica, Proteômica e Metabolômica, bem como suas combinações em artigos sobre genética da mandioca da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	57

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Indicadores bibliométricos e cienciométricos.	34
Tabela 2 – Artigos mais citados sobre genética de mandioca extraídos da <i>Web of Science</i> para o período de 1960 a 2022.....	42
Tabela 3 – Lista da quantidade de autores por países com artigos de genética de mandioca, extraídos da <i>Web of Science</i> de 1960 a 2022.	47

LISTA DE ABREVIações E SIGLAS

AFLP - Amplified Fragment Length Polymorphism

CIAT - Centro Internacional de Agricultura Tropical

CGIAR - Consultative Group on International Agricultural Research

CGH - Híbridaç o gen mica comparativa

DFID - Departamento para o Desenvolvimento Internacional

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecu ria

FAO - Food and Agriculture Organization

FISH - Híbridaç o in situ por fluoresc ncia

FI – Fator de Impacto

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estat stica

IRD - Institut de Recherche pour le D veloppement

ISSR - Inter-Simple Sequence Repeat

ISO - Isoenzimas

IITA - International Institute of Tropical Agriculture

JCR - Journal Citation Reports

MAD – Descritores morfoagron micos

MB - Molecular Biosciences

PCR - Polymerase chain reaction

RAPD - Random Amplified Polymorphic DNA

SKY - Cariotipagem espectral

SNP - Single Nucleotide Polymorphism

SSR - Simple Sequence Repeats

WOS – Web of Science

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO.....	12
2. OBJETIVOS.....	15
2.1 Objetivo geral	15
2.2 Objetivos específicos.....	15
3. REFERENCIAL TEÓRICO.....	16
3.1 Origem, filogeografia e distribuição.....	16
3.2 Botânica.....	19
3.3. Importância econômica da mandioca	20
3.4 Diversidade Genética e Melhoramento de Mandioca	23
3.5 Aspectos agronômicos.....	28
3.6 A mandioca no contexto das ciências ambientais	29
3.7 Cienciometria	31
3.8 Indicadores bibliométricos e cienciométricos	33
3.9 Construção de indicadores e o mapeamento científico dos dados.....	34
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	38
4.1 Obtenção e filtragem de dados	38
4.3 Análise do fator de impacto.....	40
5. RESULTADOS	40
5.1 Dados quantitativos	40
5.1.1 Tendências temporais	40
5.1.2 Histórico direto de citações	41
5.1.3 Periódicos	42
5.1.4 Autores e co-autores	44
5.1.5 Países e Instituições.....	45
5.1.6 Ocorrências de palavras-chave	49
6. DISCUSSÃO.....	57
6.1.1 Tendências temporais	57
6.1.6 Ocorrências de palavras-chave	66
7. CONCLUSÃO.....	71

1. INTRODUÇÃO

A mandioca é uma cultura tradicional e está presente em mais de 100 países. Sua importância social e econômica está relacionada à renda gerada e ao consumo humano e animal. Trata-se quase unanimemente de uma cultura voltada à agricultura familiar. Entretanto, em grandes áreas de cultivo, já se observa o uso de mecanização agrícola em determinadas fases do manejo. Dos produtos obtidos a partir das raízes tuberosas da mandioca, podemos destacar a farinha e a fécula (Vidigal Filho *et al.*, 2022).

Por ser amplamente cultivada e apresentar grande número de variedades e cultivares, a mandioca é um excelente modelo de análise e estudos sobre a correlação entre sociedade, recursos fitogenéticos e condições ecológicas. A conexão do produtor com a cultura fortalece o vínculo entre o ser humano e a natureza, sendo fundamental para a conservação de variedades locais e a recuperação de germoplasmas promissores para o futuro. (Ceballos *et al.*, 2012).

O gênero *Manihot* apresenta alta variabilidade genética, possibilitando avanços rápidos em programas de melhoramento genético. Assim, a busca por genótipos cada vez mais produtivos, resistentes a pragas e doenças, adaptados a diferentes ambientes e com características qualitativas superiores são os principais objetivos dos programas de melhoramento de mandioca (Zago *et al.*, 2017; Barros *et al.*, 2020).

Deste modo, é de suma importância a caracterização da diversidade disponível, preservando os recursos genéticos e prevenindo a erosão genética, que pode levar a perda de genes de interesse (Vieira *et al.*, 2010; Aguilera *et al.*, 2019). O principal meio de conservação da espécie é a realizada em campo, de forma *ex situ*, onde os genótipos são mantidos *in vivo* para disponibilização futura ou imediata (Tiago *et al.*, 2020).

Na década de 70, observou-se um grande impulso nos estudos da genética de populações, com o início das técnicas de biologia molecular, especificamente os marcadores isoenzimáticos. Entretanto, com a criação dos marcadores moleculares baseados em polimorfismos ao nível das sequências de DNA, estes estudos receberam uma importante ferramenta para caracterizar e avaliar recursos genéticos, principalmente para compreender a estrutura e a organização da diversidade genética das populações e seu monitoramento ao longo do tempo (Figueira; Cascardo, 2001; Torres-Florez, 2018).

Sendo assim, ao longo das últimas décadas, uma elevada quantidade de estudos de melhoramento genético foram realizados com o intuito de selecionar genótipos, e nesse sentido

observou-se uma revolução no melhoramento de planta, e na cultura da mandioca não foi diferente. Assim, acompanhando a evolução dos trabalhos de melhoramento e conservação da mandioca surgem diversos questionamentos: Quais pesquisadores e institutos realizaram estudos genéticos em mandioca? Para quais finalidades a espécie tem sido estudada? Qual a frequência de artigos publicados por ano, dentro dos grupos dos pesquisadores mais proeminentes? Quais benefícios o melhoramento da mandioca trouxe ao produtor? Quais revistas apresentaram maior índice de publicação nos últimos anos relacionando as pesquisas com genética em mandioca? Enfim, inúmeros outros questionamentos poderiam ser aqui destacados e que poderiam ser respondidos para nos ajudar a entender o estado da arte dos estudos da espécie no contexto genético-molecular.

Assim, quantificar as produções científicas e classificar as tendências de estudo nessa área da genética com culturas de elevada importância, se faz necessário para avaliar o estado atual das pesquisas e orientar políticas públicas futuras. Nesse sentido, a cienciometria, uma área da ciência que estuda os aspectos quantitativos/qualitativos das produções científicas, possibilita mensurar a quantidade de publicações ao longo do tempo, além de verificar os temas ou assuntos mais relevantes em um determinado período de tempo (Santos; Kobashi, 2009).

A mandioca apresenta ampla diversidade genética devido à seleção natural e artificial ao longo de sua evolução, tanto na pré quanto na pós-domesticação. Avanços no melhoramento e conservação utilizando abordagens genéticas e genômicas, resultaram em inúmeros manuscritos publicados e aplicados em programas de melhoramento da espécie. No entanto, não existem trabalhos que apresentem o estado da arte da genética aplicada à mandioca. Este estudo visa preencher essa lacuna, fornecendo dados científicos sobre publicações por país/ano, grupos de pesquisa mais atuantes, revistas com maior número de artigos sobre o tema, e as abordagens genéticas mais utilizadas.

Com base em um mapeamento científico usando uma abordagem cienciométrica, nossa pesquisa permitirá que pesquisadores direcionem de forma mais otimizada seus esforços de pesquisa e tecnologia no avanço da conservação e melhoramento da mandioca. Os resultados apoiarão a formulação de políticas públicas para curadoria em bancos de germoplasma e programas de melhoramento genético. Além de avaliar o atual estado da ciência, poderá auxiliar grupos de pesquisadores na tomada de decisões sobre futuros estudos e programas de melhoramento genético da espécie. Em suma, caracterizamos o estado atual do conhecimento científico sobre a mandioca, utilizando uma revisão sistemática e análise de mapeamento

científico, bem como delineamos indicadores bibliográficos da produção de conhecimento científico da espécie.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Aplicar métodos cienciométricos e realizar análise por mapeamento científico para descrever estudos que realizaram a aplicação da genética em mandioca em escala global no período de 1960 e 2022.

2.2 Objetivos específicos

- 1) Avaliar a produção científica referente a genética da mandioca entre 1960 e 2022;
- 2) Identificar os periódicos relevantes, países dos autores correspondentes, países envolvidos, número de acessos, entre outros que analisaram a mandioca com ferramentas genéticas.
- 3) Caracterizar as principais abordagens metodológicas do ponto de vista genético aplicadas à mandioca.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Origem, filogeografia e distribuição

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) foi classificada pela primeira vez em 1691, na *História Plantarum Universallis*, de Johannes Bauhin, que estudou material doado por André Thevet no Brasil, nomeando a raiz de “Manihottheveti” em sua homenagem. Entretanto, em 1766, Heinrich Johann Crantz citou a euforbiácea e divulgou o primeiro nome válido para a cultura de *M. esculenta* (Embrapa, 2005).

A planta é uma descendente evolutiva da espécie *M. flabellifolia*, que tem por centro de origem a América do Sul, mais precisamente no sul da Bacia Amazônica, onde atualmente predomina o estado do Mato Grosso, estendendo-se até ao Paraguai (Farias *et al.*, 2006; CIAT, 2022). É uma planta que já existia antes da chegada dos europeus à América, sendo amplamente cultivada como alimento em regiões que incluem a Guatemala e o México (Silva *et al.*, 2020).

Existem indícios arqueológicos que o cultivo da mandioca data mais de 5.000 anos na América Latina, sendo o Brasil um dos possíveis centros de origem, domesticação e dispersão. O país abriga aproximadamente 76 espécies, das quais 66 são endêmicas, representando a maior diversidade biológica do gênero, com 80% das espécies silvestres de *Manihot* (Carvalho, 2006; Allem, 2001; Cordeiro *et al.*, 2015). Porém, outros registros arqueológicos sugerem que as populações indígenas do sudoeste da Amazônia tenham iniciado o processo de domesticação da mandioca a 9.000 anos (Vieira *et al.*, 2021).

Portanto, estudos da divergência genética, origens evolutivas e geográficas da mandioca e a estrutura populacional dos parentes silvestres, apontam que o sudoeste da Amazônia é o local de origem e domesticação da mandioca cultivada (Olsen; Schaal, 1999; Emperaire *et al.*, 2003; Siviero *et al.*, 2020).

O pressuposto do modelo de dinâmica evolutiva da mandioca é que a roça é a unidade básica evolutiva, onde ocorrem os processos de criação, ampliação e manutenção da variabilidade genética. Isso indica que a variabilidade genética está concentrada dentro da roça. Nesse contexto, é relevante enfatizar a importância das populações tradicionais, indígenas e do sistema de agricultura tradicional como agentes fundamentais para a conservação e aumento da variabilidade genética na cultura da mandioca (Martins, 2005).

Em relação à dispersão da mandioca pelo mundo, acredita-se que ocorreu por meio dos

portugueses na África, e por mercadores espanhóis na Ásia, após o descobrimento da América do Sul. Desta forma, no início do século XIX, a cultura da mandioca chegou até a Índia, desempenhando um papel fundamental na alimentação daqueles povos (Albuquerque, 2008).

Considera-se que o que cooperou para a distribuição da mandioca pelo mundo foi o valor do índice calórico presente na raiz, além da resiliência da cultura a diversos aspectos ambientais relacionados à sua rusticidade (Conceição, 1987; Lorenzi, 1994). Segundo Lorenzi (2012), a planta é extensivamente cultivada em várias regiões tropicais e subtropicais da África, América Latina e Ásia onde tem uma grande importância na segurança alimentar, por se tratar de uma cultura de destaque na agricultura de subsistência, principalmente nos países africanos (Guimarães, 2016).

Contudo, devido seu fácil manejo e baixo custo de produção a espécie tem grande importância econômica e cultural, sendo cultivada por agricultores familiares (Oliveira Campos *et al.*, 2021; Nina *et al.*, 2021). A etnobotânica, como campo de estudo que se dedica à análise da relação entre os seres humanos e as plantas, investigando seus usos tradicionais (Peroni *et al.*, 2002; Pujol *et al.*, 2005; Kombo *et al.*, 2012; Oler *et al.*, 2019; Wooding; Payahua, 2022) tem permitido o desdobramento também para pesquisas genéticas envolvendo a cultura da mandioca

A filogenia, que explora a história evolutiva das plantas por meio de análises moleculares e morfológicas, esclarece as relações entre espécies. Um estudo é o dos transportadores de nitrato 2 (NRT2), que identificou seis genes MeNRT2 na mandioca e os classificou em quatro subgrupos filogenéticos distintos. A análise filogenética revelou padrões de duplicação e expressão diferencial dos genes em resposta à deficiência de nitrato, destacando o papel do gene MeNRT2.2 na adaptação a condições de baixa disponibilidade de nitrogênio (Boonrueng *et al.*, 2016; Zou *et al.*, 2019; Simon *et al.*, 2022; You *et al.*, 2022).

Além disso, a filogeografia investiga como as linhagens genealógicas são distribuídas geograficamente dentro de uma espécie ou entre espécies intimamente relacionadas (Olsen; Schaal, 2001; Duputié *et al.*, 2011). Um estudo sobre a mandioca selvagem, *Manihot* spp., mostrou que suas populações estão diminuindo e chegando à extinção, destacando a necessidade urgente de conservação *in situ* para preservar essas características úteis (Nassar, 2006).

Neste contexto, no Brasil, abre-se espaço para melhorias na conservação, diminuição dos impactos ambientais e desenvolvimento de novos produtos. Entretanto, é necessário aumentar

investimentos e assistência técnica, fatores de extrema importância para a modernização da cadeia brasileira de produção da mandioca. A produção ainda é ineficiente no país, visto que grande parte dos cultivos ainda é feita de forma rudimentar (baixa tecnologia), com a utilização de variedades com pouca resistência a pragas e doenças, o que reflete em baixas produtividades de raízes (Guimarães *et al.*, 2022).

A genética de populações contribui para um avanço significativo no melhoramento genético da mandioca em comparação com outras culturas pouco exploradas (Kawano, 2003; Okechukwu; Dixon, 2008; Johnson *et al.*, 2009; Kittipadakul *et al.*, 2017; Eriksson *et al.*, 2018), embora ainda não esteja no seu potencial máximo (Ceballos *et al.*, 2004). Diversos obstáculos surgem no caminho, incluindo o uso de plantas com alta variabilidade genética, longos ciclos de melhoramento, propagação clonal e a não recuperação do genoma original após a introdução de novas características (Campos; Caligari, 2017; Kuon *et al.*, 2019). Apesar de sua propagação primariamente clonal, a mandioca é capaz de cruzar-se com plantas ainda sexualmente reprodutivas, o que aumenta a diversidade alélica (McKey *et al.*, 2010).

No Brasil, a diversidade genética da mandioca é preservada em coleções de trabalho e bancos de germoplasma, sendo representada principalmente por variedades locais e/ou selecionadas pelos agricultores (Ribeiro *et al.*, 2011). Uma outra opção é a conservação *in situ*, realizada em pequenas propriedades, onde os agricultores escolhem variedades locais de mandioca de acordo com suas necessidades, priorizando o rendimento e a praticidade (Oler, 2017). Nesse sentido, a atuação dos agricultores, que inclui a introdução e troca de material vegetal, tem um papel fundamental na conservação dos recursos genéticos e na preservação da diversidade local (Elias *et al.*, 2004; Martins; Oliveira, 2009; Santonieri *et al.*, 2016; Tiago *et al.*, 2016).

Diversas variedades crioulas de mandioca cultivadas pela agricultura familiar representam uma fonte genética que deve ser preservada e pode ser aproveitada em programas de melhoramento genético por conta de seus genes de resistência e fácil adaptação (Faraldo *et al.*, 2000; Fukuda *et al.*, 2005). Atualmente, diferentes métodos são empregados para a caracterização de recursos genéticos, por exemplo, a caracterização morfológica, agrônômica e molecular (Kamanda *et al.*, 2020; Monteros-Altamirano *et al.*, 2021). Uma vez que a variabilidade entre e dentro das espécies é detectada na caracterização molecular por meio de marcadores (Alves-Pereira *et al.*, 2019; Ocampo *et al.*, 2021), este é um método eficaz no estudo de genomas, uma vez que o polimorfismo pode ser identificado diretamente a nível de DNA

sem interferências ambientais (Ferreira; Grattapaglia, 1998).

3.2 Botânica

Taxonomicamente, a mandioca pertence à classe das eudicotiledôneas, à divisão *Spermatophyta*, classe *Magnoliatae*, ordem *Euphorbiales*, família *Euphorbiaceae*, tribo *Manihoteae*; gênero *Manihot*, espécie *Manihot esculenta* Crantz e subespécie *esculenta*. O gênero *Manihot* possui 98 espécies, com hábitos subartivos, arbustivos ou arbóreos, no entanto, apenas a *Manihot esculenta* Crantz é cultivada comercialmente para alimentação humana, animal e na indústria (Rogers; Appan, 1973; Fukuda; Silva, 2002; Fukuda *et al.*, 2006; Fialho; Vieira, 2011).

No aspecto da morfofisiologia, a altura da planta em estágio reprodutivo pode variar entre um a dois metros, entretanto, algumas variedades podem chegar a quatro metros. O ângulo entre a haste principal e as secundárias varia entre horizontal e ereto. Todavia, as plantas podem ser diferenciadas em cinco tipos principais, destacadas por características de ausência ou presença de ramificações, ângulo da ramificação, altura da primeira ramificação e número de nódulos a partir do qual ocorre a primeira ramificação (Tomich *et al.*, 2008).

O sistema radicular da mandioca é classificado como pseudo-fasciculado, superficial e pivotante, com raízes de diferentes formatos, podendo ser cônicas, cilíndricas, fusiformes, estranguladas e/ou tortuosas. As folhas da mandioca, são ricas em proteína, carboidratos, minerais e vitaminas, e podem apresentar aspecto simples, formadas por lâminas e pecíolos. O pecíolo da folha tem variação de 5 cm a 30 cm de comprimento, contudo, pode chegar até 40 cm, com a coloração podendo variar do verde ao roxo (Conceição, 1987; Tomich *et al.*, 2008).

Dentro de um perfil da biologia reprodutiva, a mandioca se destaca como uma planta monóica, que apresenta flores unissexuadas na mesma planta. A inflorescência é do tipo panícula, sem corola com cálice petalóide de cinco sépalas, estando as masculinas localizadas na parte superior, em maior número, e flores femininas, na parte basal em número inferior, localizadas nas bifurcações dos galhos (Ekanayake *et al.*, 1998).

A reprodução sexual da mandioca é de grande importância para a classificação botânica das espécies do gênero *Manihot*, como o estudo da inflorescência, forma e função da inflorescência, eventos de polinização, biologia floral e a produção de sementes. Os descritores morfológicos da mandioca são fundamentais nos trabalhos de descrição botânica e da genética

da espécie (Ceballos, 2002).

Diversos estudos genéticos abrangendo a biologia da mandioca já foram realizados ao longo dos anos, com destaque para a análise citogenética clássica, que permitiu identificar os cromossomos por meio de técnicas de coloração (Feng *et al.*, 2019). A citogenética molecular, a qual compreende as técnicas de hibridação *in situ* por fluorescência (FISH), hibridação genômica comparativa (CGH) e cariotipagem espectral (SKY), dentre outras, trouxeram inúmeras contribuições para o conhecimento da espécie (Chen *et al.*, 2018; Kayondo *et al.*, 2018). A biologia molecular abrange diversas técnicas que utilizam ácidos nucleicos, como o DNA e o RNA, extraídos de amostras biológicas como matéria-prima para a realização de uma ampla variedade de procedimentos (Wilson *et al.*, 2017; Houngue *et al.*, 2019; Mansfeld *et al.*, 2021).

3.3. Importância econômica da mandioca

Segundo a literatura, a mandioca é cultivada há mais de 500 anos na América tropical, sendo o Brasil um dos grandes produtores e consumidores da raiz, bem como de seus derivados e coprodutos (Rosales Soto *et al.*, 2016). De acordo com a Embrapa (2016), a mandioca, macaxeira ou aipim, como é conhecida em diferentes partes do Brasil, é cultivada em todo o território nacional e encontra-se entre os oito produtos agrícolas com maior área cultivada, mantendo-se como a sexta posição em produtividade. Para Albuquerque *et al.* (1993), as raízes da mandioca são basicamente uma fonte energética, apresentando elevados teores de carboidratos e especialmente polissacarídeos. Além disso, apresentam uma composição média de 68,2% de umidade, 30% de amido, 2% de cinzas, 1,3% de proteínas, 0,2% de lipídeos e 0,3% fibras. É um dos alimentos mais consumidos no mundo, permanecendo atrás do arroz (*Oryza sativa* L.) e do milho (*Zea mays* L.) (Ajayi; Olutumise, 2018). Acredita-se que a mandioca é responsável por alimentar aproximadamente 700 milhões de pessoas em todo o mundo (FAO, 2020).

O cultivo da mandioca tem sido relatado em mais de 100 países, sendo atualmente a Nigéria o maior produtor mundial com produção estimada em 61 milhões/t⁻¹, seguido por Tailândia (34,0 milhões/t⁻¹), Gana (25,5 milhões/t⁻¹), Camboja (17,6 milhões/t⁻¹), Brasil (17,6 milhões/t⁻¹), Indonésia (13,5 milhões/t⁻¹), Angola (10,5 milhões/t⁻¹), Moçambique (6,4 milhões/t⁻¹), Costa do Marfim (6,3 milhões/t⁻¹) e Camarões (6,2 milhões/t⁻¹). A produção

mundial está estimada em 246 milhões de toneladas/ano (FAO, 2022) (Figura 1).

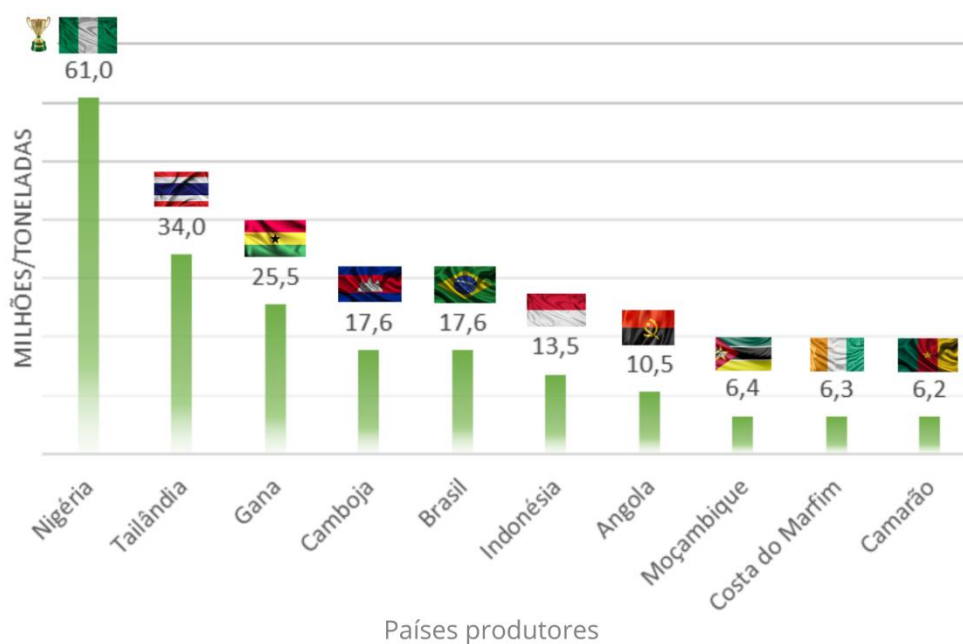


Figura 1 – Os dez principais países produtores de mandioca no mundo. Fonte: FAOSTAT, 2022.

Um dos fatores contribuintes para a expansão do cultivo de mandioca na Ásia foi a exploração industrial por amido e etanol, desencadeando o desenvolvimento bem-sucedido de novos híbridos (Ocampo, 2021).

Segundo dados do IBGE (2022), corroborando com os dados da FAOSTAT (2023), o Brasil apresentou em 2022 produção estimada de 17,6 milhões de toneladas de mandioca, sendo o Estado do Pará o campeão nacional em produtividade (4,06 milhões de toneladas), seguido pelo Paraná (3,2 milhões de toneladas) e por São Paulo (1,4 milhões de toneladas) (Figura 2).

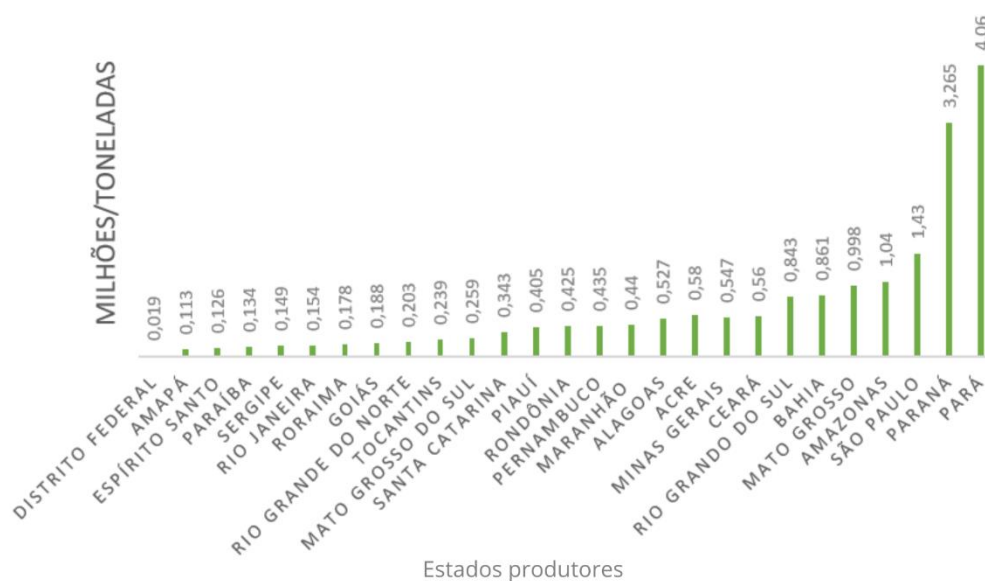


Figura 2 – Produção de mandioca (em milhões de toneladas) referente aos estados brasileiros em 2022. Fonte: IBGE, 2022.

A fécula de mandioca é utilizada na composição de diversos produtos, como as indústrias de papel e papelão, frigoríficos, indústria química e têxtil. No setor da indústria alimentícia, a fécula é muito usada devido ao aumento do consumo de seus derivados, como a tapioca, biscoitos e pão de queijo, sempre presentes na culinária brasileira (De Macedo Ribeiro, 2021).

A mandioca vai muito além da culinária, estudos mostram que a fécula produzida é um biopolímero promissor muito usado na fabricação de embalagens biodegradáveis, agregando boa homogeneidade, flexibilidade, transparência e degradação rápida (Luchese *et al.*, 2018). Estudos têm sido realizados com intuito de demonstrar a eficiência da mandioca na produção de etanol (Pacheco *et al.*, 2011; Hoppe *et al.*, 2017), onde investir em rendimento produtivo e reduzir custos da matéria-prima, pode tornar o etanol da mandioca competitivo ou até mais barato que o da cana-de-açúcar (Sousa *et al.*, 2021).

Nesse sentido, os programas de melhoramento genético de mandioca têm por objetivo selecionar genótipos com alta produtividade, precocidade da colheita, alto teor de amido, baixo nível de cianeto, maior tempo de prateleira, resistências fitopatológicas e entomológicas, tolerância ao estresse hídrico e maior adaptabilidade a ambientes diversos (Fukuda; Silva, 2002).

3.4 Diversidade Genética e Melhoramento de Mandioca

A cultura da mandioca ao longo dos anos vem sendo constantemente propagada vegetativamente pela intervenção humana, proporcionando o aumento da variabilidade genética e facilitando aos melhoristas selecionar genótipos de maior importância agrônômica (Martins, 1994; Oliveira *et al.*, 2014). Ao longo de milênios, a mandioca sofreu uma seleção natural de germoplasmas, garantindo essa diversidade genética (Campos; Caligari, 2017).

No mundo, importantes programas de melhoramento convencional de mandioca vêm sendo realizados, como no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) na Colômbia, onde a instituição possui 6.155 acessos de 28 países, sendo esse o maior banco de germoplasma do mundo. Em seguida, encontra-se a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e o Instituto Internacional para Agricultura Tropical (IITA) na Nigéria (Manyong *et al.*, 2000; FAO, 2017; CIAT, 2022).

Os estudos genéticos de mandioca, começaram com a utilização de marcadores morfológicos; estes foram os primeiros a serem empregados na quantificação das diferenças entre e dentro da espécie. Por outro lado, desde os primórdios da genética, esses marcadores de simples identificação visual foram considerados de fácil percepção e naturalmente determinados por um único gene, tal como variegação, nanismo, formato e cor de pétalas, dentre outros (Nassar; Freitas, 1997; Del Rosario-Arellano *et al.*, 2020; Souza *et al.*, 2020).

Todavia, vale ressaltar que os marcadores morfológicos constantemente são afetados por variações ambientais, pela ação gênica de dominância, pleiotropia e epistasia. Além do mais, seu número reduzido e a insuficiência de marcar alelos de interesse fizeram com que fossem substituídos por marcadores isoenzimáticos (proteínas) e seguidamente pelos marcadores com base no DNA, permitindo assim uma ampliação sem precedentes no melhoramento genético de plantas (Ferreira; Grattapaglia, 1998; Ramalho *et al.*, 2004; Lim *et al.*, 2022).

Como salientado ao seguir a linha do tempo, os marcadores isoenzimáticos foram amplamente utilizados em décadas passadas. Esta técnica, além de ser rápida, confiável e de custo relativamente baixo, teve várias aplicações significativas na genética vegetal, especialmente na identificação e quantificação da variabilidade genética. O que permitiu a caracterização de genótipos promissores para serem empregados em programas de melhoramento (Matiello *et al.*, 1998). No entanto, com o avanço das tecnologias de análise

genética, surgiram métodos mais sofisticados que oferecem maior resolução e eficiência, levando à substituição gradual dos marcadores isoenzimáticos por técnicas mais modernas. (Matiello *et al.*, 1998; Toppa *et al.*, 2013). Nesse sentido, foi realizado um estudo por Zaldivar *et al.* (2004) com diversas variedades de mandioca coletadas em vários pontos em duas reservas indígenas na Costa Rica, onde por meio de marcadores isoenzimáticos foram encontradas variações genéticas nas variedades estudadas.

Marcadores moleculares, são caracteres visíveis ou fenótipos moleculares derivados de segmentos específicos do DNA, podendo ser expresso ou não (Mansfeld, 2021). Eles são fundamentais na detecção de diferenças genéticas entre indivíduos, populações e espécies relacionadas, permitindo uma análise detalhada da diversidade genética (Amelework; Bairu, 2022). Diversos estudos baseados nesses marcadores têm evidenciado a importância da diversidade genética do gênero *Manihot*, buscando entender como essa diversidade está estruturada espacialmente (Carmo *et al.*, 2015; Li *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2018).

Os primeiros marcadores moleculares aplicados em estudos com mandioca foram os RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) que foram utilizados para detecção de poliformismo em uma coleção de germoplasma de *Manihot* em África. A coleção consistiu principalmente de cultivares africanas de *M. esculenta* Crantz, alguns acessos de *M. glaziovii* Mueller von Argau e *M. caerulescens* Pohl, além de híbridos interespecífico entre *M. esculenta* e *M. glaziovii*, onde foram encontrados níveis significativos de poliformismo, tanto dentro como entre as espécies, revelando uma considerável diversidade genética na coleção (Beeching *et al.*, 1993).

Vários outros marcadores sucederam aos RFLP. Os marcadores de AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), além de marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), foram usados para detecção de alelos em espécies selvagens no Brasil, na tentativa de elucidar a história evolutiva da mandioca e duas espécies selvagens, a *M. flabellifolia* e a *M. peruvianas*, provenientes das regiões central e norte. A avaliação quantitativa da diversidade genética demonstrou maior homogeneidade entre os acessos de mandioca do que entre seus parentes silvestres mais próximos (Roa *et al.*, 1997). Os resultados deste estudo confirmaram a similaridade botânica entre as espécies selvagens e a mandioca cultivada.

Por outro lado, Elias *et al.* (2000), no intuito de documentar e desenvolver estratégias de conservação da mandioca, e devido aos impactos causados pelas práticas agrícolas convencionais, avaliaram 31 variedades de acessos cultivadas tradicionalmente por ameríndios

Makushi da Guiana, além de 14 acessos silvestres. Os resultados demonstraram a importância das variedades locais para com a diversidade genética, além da interação humana e ecológicas na dinâmica dessa diversidade.

A partir de marcadores RAPD, Colombo *et al.* (2000) utilizaram 31 clones de mandioca para analisar a correlação entre dados genéticos e descritores morfológicos, comprovando a importância da combinação dos marcadores de RAPD com os descritores botânicos no estudo da diversidade genética, na identificação de duplicatas, bem como na validação ou aprimoramento de uma coleção básica. Com o mesmo marcador, Herzberg *et al.* (2004) investigaram 24 variedades de mandioca das coleções de germoplasma das estações de pesquisa Kibaha e Ukiriguru da Tanzânia. Os autores observaram que a maioria das variedades provenientes de regiões costeiras formaram grupos distintos das demais, sendo que dois genótipos semelhantes foram descobertos pelos dois métodos, indicando a possibilidade de um acesso duplo, com alta variação genética no germoplasma. Entretanto, a variabilidade genética não foi homogênea, porém, representou variedades da mesma origem geográfica agrupadas.

Em relação aos marcadores microssatélites (SSR – Simple Sequence Repeats), um estudo foi realizado para investigar as origens evolutivas e geográficas da mandioca, além de estrutura populacional de parentes silvestres. Os autores observaram que a diferenciação genética entre as populações selvagens foi moderadamente alta (Olsen; Schaal, 2001). Entretanto, Elias *et al.* (2004) utilizaram marcadores SSR para estudar a extensão e a estrutura da variabilidade genética das variedades tradicionais de mandioca, confirmando grande diversidade da cultura nos ecossistemas tradicionais analisados.

Ainda, Montero-Rojas *et al.* (2011), empregaram os SSR para analisar a diversidade de germoplasma de mandioca em Porto Rico. Os autores concluíram que as práticas tradicionais de cultivo preservaram um *pool* expressivo de material genético, fazendo com que a mandioca porto-riquenha local seja uma fonte útil de genes para programas de melhoramento genético.

Turyagyenda *et al.* (2012) realizaram um estudo com mandioca na Uganda, utilizando marcadores SSR, no qual foi possível demonstrar a diferenciação genética entre acessos de diferentes regiões, proporcionando uma oportunidade para o estabelecimento de um fundo genético heterótico dentro de um programa de melhoramento. Kawuki *et al.* (2013), desenvolveram estudos aplicando marcadores SSR em germoplasma localizadas em sete países da África, sendo eles, Tanzânia, Uganda, Quênia, Ruanda, República Democrática do Congo, Madagáscar e Moçambique. As informações geradas a partir da pesquisa foram essenciais para

justificar e orientar uma estratégia regional de conservação dos recursos genéticos da mandioca, identificando lacunas na diversidade regional e orientando estratégias de melhoramento.

Em Gana, Adjebeng-Danquah *et al.* (2020) analisaram 89 acessos de mandiocas coletadas de fontes exóticas e de Gana e observaram variabilidade genética significativa no germoplasma. Os autores apresentaram uma separação da coleção em sete subgrupos de origens geográficas diferentes. O resultado mostrou um possível compartilhamento de regiões genômicas comuns ocorrendo entre os acessos.

Siqueira *et al.* (2010), investigaram a estrutura e diversidade genética em 83 acessos brasileiros de mandioca, incluindo várias variedades crioulas, no Cerrado de Mato Grosso do Sul, utilizando nove locos SSR. Os autores concluíram que existe uma alta diversidade de mandioca da região, além de estrutura genética espacial, derivada de uma rota migratória existente no Cerrado, no qual cria interações entre os agricultores tradicionais e a dinâmica evolutiva da espécie. Outro estudo foi realizado com o objetivo de avaliar a diversidade genética de 20 genótipos de mandioca com alto desempenho fenotípico, usando marcadores SSR, os autores observaram que as variedades para consumo doméstico atingiram maior variabilidade genética, possivelmente devido à alta prioridade dada à seleção de diferentes traços sensoriais (Siqueira *et al.*, 2011).

Na Amazônia brasileira, importante centro de domesticação da mandioca, Alves-Pereira *et al.* (2018) analisaram a diversidade e estrutura genética da mandioca brava e mansa e concluíram que estas apresentaram histórias de dispersão distintas. Os autores ainda enfatizam a importância de se conhecer como os povos pré-históricos e contemporâneos da Amazônia manejaram cultivos, para a manutenção e conservação da diversidade de suas lavouras nativas.

Nesse contexto, os marcadores SSR (microssatélites) foram utilizados para identificar variedades de mandioca que contêm altos níveis de provitamina A. Este esforço visa enfrentar a desnutrição em regiões onde a mandioca é um alimento fundamental para a dieta local. Ao selecionar variedades com maior conteúdo de provitamina A, busca-se melhorar a qualidade nutricional da mandioca, contribuindo significativamente para a segurança alimentar e a saúde das populações que dependem deste tubérculo como uma das principais fontes de alimento (Pequeno *et al.*, 2012)

O ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) é um outro marcador de DNA que demonstra eficácia para análises moleculares. Tiago *et al.* (2016) utilizaram esse marcador para avaliar a diversidade genética de 17 variedades crioulas de mandioca cultivadas por produtores do norte

de Mato Grosso, Brasil. Esse trabalho demonstrou a eficiência dos marcadores de ISSR em revelar a diversidade genética entre as variedades crioulas estudadas, além de demonstrar que as variedades possuem uma grande variabilidade genética.

Outro marcador de grande importância são os SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Esses marcadores são caracterizados pela presença de um único par de base nitrogenada diferente em um fragmento de DNA homólogo entre os indivíduos (Ganal *et al.*, 2009). Estes podem ser identificados de um formas distintas, tais como a hibridização, o sequenciamento direto com comparação de fragmentos das moléculas de DNA, ou via PCR (Polymerase Chain Reaction) (Barros; Souza, 2012).

Estudos de diversidade genética também foram utilizados por Ferguson *et al.* (2019), que avaliaram acessos dos bancos do International Institute of Tropical Agriculture (IITA) e acessos do International Center for Tropical Agriculture (CIAT). Nesta pesquisa foi usado marcadores SNP avaliando-se variedades elite e variedades nativas das zonas leste, sul e central da África, com intuito de realizar uma avaliação da diversidade da espécie na região. Esse trabalho destacou oportunidades para aproveitamento da heterose, eliminação de duplicatas nos bancos de germoplasma e a necessidade de conservação de variedades nativas das três regiões africanas.

Os SNPs, juntamente com marcadores morfo-agronômicos, também foram utilizados por Karim *et al.* (2020) para avaliar a diversidade e a relação genética entre 102 genótipos de mandioca de Serra Leoa, África. Os autores observaram correlações significativas e positivas entre produtividade média por planta e índice de colheita, número de raízes de armazenamento por planta e índice de colheita, além da altura na primeira ramificação e índice de colheita, número de raízes de armazenamento por planta e produtividade média por planta. Os resultados desse trabalho demonstraram a importância desses estudos para a conservação, manejo e melhoramento genético da cultura.

A compreensão da diversidade genética é fundamental para o melhoramento genético da mandioca, pois permite a identificação e seleção de genótipos e/ou genitores com características desejáveis. Todavia, o melhoramento genético requer a geração de uma população fonte com altas frequências de alelos associados aos caracteres de interesse. A(s) população(es) pode(m) ser formada(s) tanto por acessos) introduzidos quanto por população(es) gerada(os) por meio da hibridização entre genitores previamente selecionados (Ceballos *et al.*, 2004). A partir da seleção de clones superiores provenientes de populações isoladas, é possível desenvolver novas

cultivares melhoradas que respondam às necessidades agronômicas e nutricionais específicas (Kawano, 2003). Assim, a integração da diversidade genética com estratégias de melhoramento direcionado é essencial para avançar na qualidade e na produtividade da mandioca.

3.5 Aspectos agronômicos

A mandioca se destaca pela rusticidade e elevada plásticidade genética, e por esse motivo é tão cultivada nos países tropicais, desenvolvendo-se tanto em solos inférteis quanto em solos férteis (Herrera *et al.*, 2007). É uma espécie alógama, monóica, perene diplóide ($2n=36$ cromossomos), resistente às condições adversas de clima e solo, tolerante a estresses bióticos e abióticos, podendo apresentar elevada produtividade até mesmo em solos inapropriados para outras culturas (ICGMC, 2015). Normalmente sua propagação é realizada por estaquia, chamadas de “manivas-sementes” (Fregene *et al.*, 2001; Farias *et al.*, 2006; Narina; Odeny, 2012).

As condições de plantio não coincidem para todas as regiões, porém, o ciclo da cultura é de 12 à 14 meses sendo mais recomendado o plantio no início do verão, antecedendo as chuvas. A cultura tem um melhor desenvolvimento na chegada da primavera/verão e colheita no outono/inverno onde a planta entra em senescência e apresentam maior acúmulo de carboidratos nas raízes que é objetivo comercial do cultivo. Existem distintas técnicas de cultivo de mandioca, que variam de acordo com as características do solo, tamanho da plantação, propósito do cultivo, a disponibilidade de equipamentos, a mão de obra e os recursos financeiros. O método mais aconselhado envolve realizar o plantio em sulcos com cerca de dez centímetros de profundidade, em um solo preparado com aração e gradeamento, colocando as manivas na horizontal, com as gemas voltados para a mesma direção. Em plantios menores, a mandioca pode ser plantada em covas rasas, feitas com o auxílio de uma enxada, ou em montículos de solo solto. Para solos excessivamente úmidos ou propensos a encharcamentos, é recomendado fazer o plantio em covas elevadas, camalhões ou leirões (Ferreira Filho *et al.*, 2013; Borges *et al.*, 2021).

A imprevisibilidade do clima e o aumento da população têm impacto nos sistemas agrícolas em todo o mundo. O desafio principal que enfrentamos como espécie é garantir comida para sustentar uma população em constante crescimento diante das mudanças climáticas. Diante desse cenário desafiador, a aplicação do melhoramento genético e uma

abordagem estratégica para aumentar a resiliência das culturas agrícolas frente às variações climáticas (Borém *et al.*, 2021).

O melhoramento genético não só aprimora características desejáveis das plantas, como resistência a estresses ambientais e maior produtividade, mas também as adapta de forma mais eficiente às condições climáticas imprevisíveis, reduzindo os riscos relacionados à falta de segurança alimentar (Jennings; Iglesias, 2002; Inyang *et al.*, 2021; Brito *et al.*, 2021).

No campo, os agricultores distinguem as variedades de mandioca pelas características das raízes, parte vegetativa e seu emprego. Um método frequentemente usado entre as variedades é a separação entre mandioca *brava* e mandioca *mansa*, de acordo com a concentração de ácido cianídrico (Fukuda *et al.*, 2006), onde as *bravas* apresentam concentrações de glicosídeos cianogênicos (GC) acima de 100 ppm, e são consumidas somente após processamento necessário para neutralizar a toxicidade causada pela alta concentração de glicosídeos, como por exemplo a produção de farinha; já as *mansas*, que apresentam uma concentração de GC menores que 100 ppm, são consumidas após processamento comum, como descascar e cozinhar (McKey; Beckerman, 1993; Chisté *et al.*, 2010).

Entender a natureza e a importância da variação genética presente entre indivíduos e populações é fundamental para a gestão eficaz dos recursos genéticos (Rao; Hodgkin, 2002). Neste sentido, os bancos e as coleções de germoplasma desempenham um papel fundamental para o desenvolvimento de estudos de diversidade genética de espécies importantes economicamente (Martins, 2024).

3.6 A mandioca no contexto das ciências ambientais

A mandioca desempenha um papel crucial na segurança alimentar e na sustentabilidade ambiental, evidenciando-se como uma cultura de extrema relevância nas ciências ambientais (Oliveira *et al.*, 2023). Sua diversidade genética é um dos principais atributos da mandioca, proporcionando resiliência a doenças, pragas e mudanças climáticas, e permitindo a adaptação a diferentes condições ambientais. Isso não só garante a continuidade da produção, mas também contribui para a segurança alimentar em regiões tropicais e subtropicais (Yetik *et al.*, 2023). Além disso, a conservação do patrimônio genético da mandioca, por meio de bancos de germoplasma e iniciativas de conservação *in situ*, é essencial para preservar essa diversidade e assegurar a disponibilidade de cultivares adaptáveis a futuras mudanças ambientais (Álvarez *et*

al., 2012).

A mandioca é notável por sua capacidade de crescer em solos pobres e sob condições adversas, como seca prolongada, o que a torna crucial para a agricultura em regiões afetadas por degradação ambiental e mudanças climáticas. Sua resiliência reduz a necessidade de desmatamento e o uso intensivo de fertilizantes químicos, minimizando a pressão sobre os ecossistemas naturais. Em áreas de solos arenosos ou pouco férteis, a mandioca se estabelece e fornece alimento e sustento, promovendo a conservação da biodiversidade (Otaiku *et al.*, 2019).

Além disso, a mandioca desempenha um papel significativo na mitigação das mudanças climáticas devido ao seu sistema radicular profundo, que facilita a captura e o armazenamento de carbono no solo (Itoba-Tombo *et al.*, 2017). Sua capacidade de crescer em solos marginais e com baixa disponibilidade hídrica contribui para a conservação da biodiversidade e reduz a necessidade de expansão agrícola. O ciclo curto de cultivo da mandioca permite múltiplas colheitas anuais e maximiza o uso da terra, tornando-a uma cultura ambientalmente eficiente (Aguilar *et al.*, 2011).

No âmbito das práticas agrícolas sustentáveis, a mandioca se destaca por seu baixo requerimento de insumos químicos e sua integração em sistemas agroflorestais e de policultura, o que melhora a saúde do solo e aumenta a sustentabilidade dos sistemas agrícolas. A simplicidade do manejo da mandioca facilita sua adoção por pequenos agricultores, promovendo a inclusão social e econômica e fortalecendo a resiliência das comunidades rurais (Umesha *et al.*, 2018; Farooq *et al.*, 2019).

No entanto, é importante reconhecer que a produção de mandioca pode ter impactos negativos quando realizada de forma incorreta. A expansão das áreas de cultivo pode levar ao desmatamento, especialmente em regiões tropicais, e o uso intensivo de agroquímicos pode comprometer a qualidade do solo e dos recursos hídricos. Portanto, práticas agrícolas sustentáveis, como o manejo agroecológico e o uso de variedades adaptadas, são fundamentais para minimizar esses impactos e maximizar os benefícios ambientais da mandioca. Pesquisas em ciências ambientais podem ajudar a desenvolver técnicas que otimizem a produção de mandioca sem comprometer os ecossistemas (Shackelford *et al.*, 2018; Immanuel *et al.*, 2024).

Assim, a mandioca emerge como uma cultura de importância estratégica nas ciências ambientais, devido à sua diversidade genética, capacidade de mitigação das mudanças climáticas e potencial para práticas agrícolas sustentáveis. A preservação e promoção de sua diversidade genética, aliada a práticas de cultivo sustentáveis, são essenciais para maximizar os

benefícios ambientais e sociais dessa cultura indispensável (de Pedri *et al.*, 2021).

3.7 Cienciometria

A cienciometria é definida como a mensuração e quantificação da evolução científica, possibilitando entender a importância das pesquisas e as tendências nas inúmeras áreas do conhecimento. Deste modo, por meio do estudo métrico é capaz de obter informações sobre os domínios de interesse, região e instituições onde estes temas estão concentrados (Vanti, 2002; Parra *et al.*, 2019).

A diferença entre as expressões “bibliometria” e “cienciometria” reside em seus focos e métodos distintos., sendo que a primeira focaliza a produção geral de artigos, livros, resumos, anais e demais trabalhos. Em contrapartida, a cienciometria centraliza nas atividades que geram, propagam e utilizam apenas artigos completos publicados. Isto é, a bibliometria fornece uma visão da produtividade e da qualidade das pesquisas, e a cienciometria, possibilita a noção das temáticas e caminhos que se encontram na pauta da exploração científica (de Camargo; Barbosa, 2018)

Segundo Vanti (2002), o termo cienciometria, se originou na antiga União Soviética e Europa Ocidental, mais especificamente na Hungria, e os primeiros pesquisadores a utilizá-lo foram Dobrov e Karennoi (1969), em um trabalho publicado na All-Union Institute for Scientific and Technical Information (VINITI). Entretanto, Correia *et al.* (2018) destacaram que a cienciometria foi inserida por Nalimov e Mulchenko (1969) para descrever o estudo da ciência em termos de estrutura, crescimento, correlação e produtividade. Nas décadas de 1960 e 1970, esta área foi bastante utilizada por historiadores, filósofos da ciência e cientistas sociais como Derek J. De Solla Price, que publicou vários materiais a respeito dos fundamentos da ciência quantitativa, tornando a cienciometria um completo campo de pesquisa (Price, 1976; Mingers; Leydesdorff, 2015).

A avaliação dos conhecimentos acumulados é uma exigência imediata para qualquer campo de pesquisa, uma vez que deste conhecimento gerado, é possível alcançar novas áreas de estudo (Teixeira; Megid Neto, 2006). Segundo Kraus (2023), a percepção do estado de conhecimento sobre um determinado tema, em um período estabelecido, é de grande relevância para o processo de compreensão do avanço da ciência, colaborando para que se estabeleça regularmente o agrupamento de informações e resultados já alcançados.

Vários pesquisadores já citaram o poder da análise quantitativa para compreender a característica de um campo do conhecimento e sua evolução ao longo do tempo. Segundo Jacovi (2006), as diretrizes da cienciometria são capazes de estudar os acontecimentos sociológicos associados à comunidade científica, classificar o impacto da pesquisa, mapear redes científicas e monitorar a evolução dos campos científicos.

A cienciometria não apenas contribui com os pesquisadores como também, cria um entendimento de como as comunidades de pesquisa estão evoluindo em todo o mundo, ponderando-se sobre os dados de publicação de conferências e periódicos específicos (Gupta, 2015; Barbosa *et al.*, 2016; Mubin *et al.*, 2017).

A cienciometria aborda a pesquisa quantitativa e é centralizada em objetividade. Portanto, é influenciada pelo positivismo, consideram-se que a realidade só pode ser compreendida a partir da análise de dados brutos, alcançados com auxílio de instrumentos padronizados e neutros, como indica Fonseca (2002).

Parra (2019) menciona que a cienciometria cria uma avaliação total e não apenas de resultados isolados de cada trabalho, não entrando nesse mérito. No contexto cienciométrico se faz indispensável uma sistematização dos métodos, abordagens, áreas e demais fatores, partindo da quantificação do avanço científico. Para tal propósito, são estabelecidos previamente elementos e quesitos que orientarão no processo de busca e mensuração. Tais elementos são intitulados de indicadores cienciométricos. O mesmo autor ainda pondera alguns exemplos desses indicadores como: número de trabalhos, coautorias, publicações do autor, instituição do país, número de citações obtidas, número de patentes, número de artigos publicados, número médio de citações por artigo, fator de impacto, número de citações, nível de revista/periódico, limitações da área investigada, entre outros.

São inúmeros os indicadores passíveis de serem construídos com base nos resultados e produtos provenientes das atividades acadêmicas e científicas. Consequentemente, conhecê-los e identificar suas finalidades é fundamental para se conseguir selecionar e combinar aqueles que são propícios aos objetivos, aspectos e aplicações que se deseja alcançar (Bornmann, 2013).

Diante do crescimento das publicações científicas sobre a mandioca, a análise cienciométrica se torna fundamental para entender os avanços no melhoramento e conservação da cultura. Essa abordagem ajuda a identificar tendências emergentes, lacunas no conhecimento e áreas promissoras, guiando futuras pesquisas e políticas públicas. Além disso, permite avaliar a produtividade científica e as colaborações entre pesquisadores, oferecendo uma visão clara

do estado da arte. Assim, a cienciometria é crucial para promover avanços científicos, otimizar recursos e apoiar o desenvolvimento sustentável da cadeia produtiva da mandioca, reforçando sua importância para a segurança alimentar e ambiental global.

3.8 Indicadores bibliométricos e cienciométricos

As atividades de produção de indicadores quantitativos em ciência, tecnologia e inovação estão se fortalecendo no país na última década, com a identificação da necessidade, por parte dos governos federal e estaduais e da comunidade científica nacional, de utilizar de instrumentos para estabelecer diretrizes, alocação de investimentos e recursos, formulação de programas e avaliação de atividades relacionadas ao desenvolvimento científico e tecnológico no país (Mugnaini *et al.*, 2004).

A bibliometria e a cienciometria são áreas relacionadas, mas com focos distintos. A bibliometria foca na análise quantitativa de uma variedade de publicações, incluindo artigos de revistas, livros, anais de eventos e outras fontes, utilizando indicadores como citações e índice *h* para medir o impacto. Já a cienciometria tem um escopo mais amplo, concentrando-se principalmente nos artigos científicos publicados. Ela estuda as dinâmicas da ciência, como a colaboração entre pesquisadores, redes de conhecimento e o impacto das inovações. Ambas as áreas visam mensurar a produtividade científica, avaliar a qualidade dos documentos, identificar colaborações e analisar relações temáticas (Maricato; Noronha, 2013; Camargo; Barbosa, 2018).

Para Cobo *et al.* (2011), os indicadores bibliométricos e cienciométricos se dividem em duas categorias, sendo eles os indicadores de análise de desempenho e indicadores de mapeamento da ciência. Entretanto, para Callon *et al.* (1995), esses mesmos grupos podem ser intitulados como indicadores de atividade e indicadores de relação, sendo que esse último subdivide em indicadores de primeira e segunda geração. Os de primeira geração, são indicadores mais comuns e demonstram a produtividade dos elementos bibliográficos, eles, todavia, são relevantes, pois ocasionam uma visão macro da evolução da área. Já os de segunda geração, têm como objetivo exibir os aspectos estruturais e as dinâmicas da pesquisa científica.

Consequentemente, enquanto os indicadores de primeira geração atuam sobre as informações mais gerais e superficiais das publicações, os indicadores de segunda geração se fundamentam no conteúdo dos documentos (Callon *et al.*, 1995; Cobo *et al.*, 2011) (Tabela 1).

Tabela 1 – Indicadores bibliométricos e cienciométricos

Tipo	Exemplo de Indicadores	Objetivo
Indicadores de atividade	Contagem e distribuição do nº. de publicações, citações, autores, instituições, países, revistas, empresas, temas, data de publicação.	Apresentam a produtividade bibliográfica, demonstrando, por exemplo, uma visão macro da evolução da área, o nível de colaboração de países e instituições na produção científica.
Indicadores de primeira geração	Análise de colaboração científica/coautoria; Análise de cocitação	Analisa parte das múltiplas interações decorrentes das investigações científicas.
Indicadores de segunda geração	Análise de coocorrência de palavras; Análise de centralidade e densidade dos temas; Análise de sobreposição de palavras.	Analisa o conteúdo do documento, a fim de gerar uma imagem mais aproximada das temáticas científicas, além de possibilitar o entendimento de como o conhecimento se organiza na área. Utilizam, basicamente, da coocorrência de palavras para verificar a estrutura conceitual e as tendências de um campo.

Fonte: Adaptação de Callon *et al.* (1995). Adaptada: pelo autor.

Sobre a construção desses indicadores, ao observar estudos como o Bem Oliveira *et al.* (2019) e Nunes *et al.* (2020), é possível observar a presença de duas características importantes que estão intimamente relacionadas e precisam ser levadas em consideração, a qualidade e a relevância. A questão da qualidade está relacionada ao grau de confiabilidade e validade dos indicadores gerados. Por outro lado, a relevância representa a efetividade e relevância daquele indicador para a conquista do objetivo desejado. Indicadores pertinentes e sem qualidade são tão inadequados para a construção do conhecimento quanto os indicadores irrelevantes e de qualidade elevada. Assim, com o intuito de garantir que a análise ocorra conforme planejado e de forma adequada, é imprescindível que, além de um objetivo pertinente, haja também uma metodologia apropriada a ser seguida.

3.9 Construção de indicadores e o mapeamento científico dos dados

No desenvolvimento de indicadores, segundo mencionado por Maricato e Noronha (2013), “não é apenas gerar gráficos e estruturar tabelas por si só. É preciso, antes de tudo, ter algo que se pretende investigar, algo a descobrir”. Nesse sentido, quando se trata de pesquisas

direcionadas à análise da evolução e organização de áreas do conhecimento, como exemplificado pelos estudos de Costa *et al.* (2018), Correia *et al.* (2018), Costa *et al.* (2019) e Silva *et al.* (2020), o mapeamento científico apresenta uma oportunidade para avançar a investigação e moldar o desenvolvimento, processamento e entrega de informações.

O objetivo dos mapas científicos, inspirados na geografia, é representar graficamente a organização, os limites, o conhecimento e as relações de uma área de pesquisa, bem como muitos outros fenômenos que ilustram os aspectos estruturais e dinâmicos da pesquisa científica (Garfield, 1994; Cobo *et al.*, 2012).

Estes indicadores e mapas podem ser criados em diferentes níveis de detalhe e com diferentes unidades de análise. No entanto, esta configuração normalmente inclui as seguintes etapas: recuperação de dados, pré-processamento, definição das unidades de análise e métodos de processamento com base em métricas apropriadas, tipos de análise e apresentação do resultados, conclusões e considerações para cenários descobertos (Rostaing, 2003). Cada uma dessas etapas pode ser uma ou mais tarefas, dependendo do tipo de objeto e indicador que você deseja criar. A Figura 3 apresenta as etapas para a criação de um indicador de mapeamento científico.

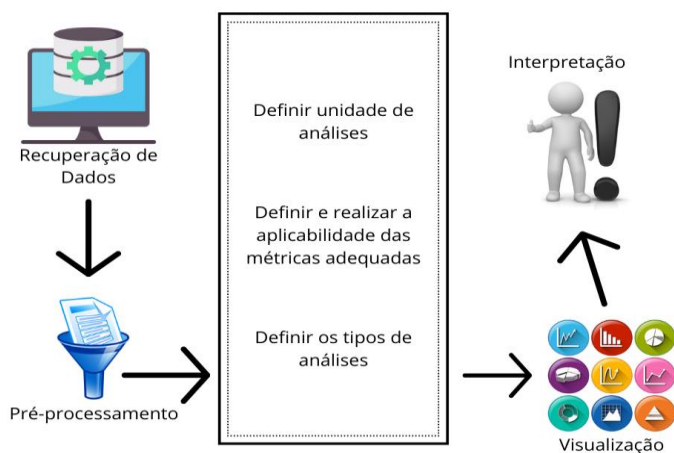


Figura 3 – Etapas para construção de indicadores e mapeamento científico. Fonte: autoria própria.

O fluxo de trabalho geral em uma análise de mapeamento científico possui diferentes etapas: recuperação de dados, pré-processamento, extração de rede, normalização, mapeamento, análise e visualização. A fase de pré-processamento é, sem dúvida, uma das fases mais cruciais. A qualidade do desfecho final será, em grande parte, determinada pela qualidade dos dados. Diversas técnicas de pré-processamento podem ser empregadas, como, por exemplo,

a identificação de elementos duplicados e com erros ortográficos (Cobo *et al.*, 2011).

Este procedimento inicial deve ser desenvolvido independentemente do tipo de análise a ser realizada. Para as demais etapas – definindo as unidades de análise, métricas utilizadas, tipo de análise e visualização dos resultados – o caminho dependerá do indicador que está sendo construído. Em geral, para indicadores de desempenho que utilizam estatística univariada, são selecionados a unidade de análise (artigo, autor, periódico, etc.), indicador (contagem, média, frequência, etc.) e tipo de análise (por ano), área de conhecimento, país, etc.) geralmente ocorre em uma única etapa onde é criada uma representação visual na forma de diferentes gráficos ou tabelas (Callon *et al.*, 1995; Cobo *et al.*, 2011).

Porém, os indicadores de primeira e de segunda geração requerem estatísticas mais avançadas, sendo assim, algumas de suas etapas de construção se repartem em mais de uma atividade. O principal quesito desses indicadores está na definição das medidas de similaridade a serem aplicadas sobre as unidades de análise (palavras, autores, referências, etc.) para realizar a normalização das redes, que podem ser de agrupamento ou simultaneidade, por exemplo (Cobo *et al.*, 2012).

Tais medidas de similaridade que estão relacionadas à etapa da definição das métricas, determinam o nível de proximidade/associação entre as variáveis que compõem a unidade de análise, de maneira que, quanto maior o resultado do cálculo aplicado, maior semelhança e relação os elementos têm entre si. Algumas das medidas mais populares incluem o índice de Jaccard, o cosseno de Salton e o cosseno de Pearson, também conhecido como R de Pearson (Leydesdorff; Vaught, 2006).

Uma vez aplicada a medida de similaridade, será apresentada a próxima etapa, denominada planejamento, que envolve o início da construção do mapa, incluindo inicialmente o uso de algoritmos específicos para colocar objetos que sejam semelhantes em dimensões próximos uns dos outros e colocar diferentes objetos distantes uns dos outros (Börner *et al.*, 2003). Dentre os algoritmos mais famosos aplicados para esse fim, destaca-se o índice k-means, que utiliza os resultados de uma matriz que reúne elementos semelhantes em grupos não hierárquicos, aproximando ou distanciando esses grupos dependendo das relações que mantêm (Amaral, 2016).

Dessa forma, o algoritmo garante que os resultados numéricos possam ser convertidos em imagens que facilitam a assimilação e compreensão das relações existentes (Aguilar *et al.*, 2017). Essas imagens podem ser estruturadas a partir de diferentes análises e também podem

ser baseadas em técnicas e designs específicos, como filtragem, zoom, foco e contraste, que, além de facilitarem a visualização, também permitem a interação com os resultados (Börner *et al.*, 2003). Cobo *et al.* (2011) mostram como alguns desses métodos analíticos se apresentam

- **Análise de rede:** apresenta o comportamento e a composição de um cluster e como os relacionamentos entre vários objetos são formados com base no número de componentes fortemente ou francamente conectados;
- **Análise temporal:** O objetivo é identificar desenvolvimentos no campo ao longo de diferentes períodos de tempo com base numa estrutura longitudinal;
- **Detecção de explosão:** Um tipo de análise temporal que visa encontrar fontes de surtos de alta intensidade num período de tempo limitado;
- **Análise geoespacial:** mostra o que está acontecendo com base na sua localização geográfica e no impacto que isso causa nas áreas próximas.

No término do processo de coleta e tabulação dos dados, são gerados indicadores de atividade e indicadores relacionais de primeira e segunda geração, onde podemos denominar mapas da ciência (Garfield, 1994; Börner *et al.*, 2003).

Com essas informações levantadas, os pesquisadores podem utilizar a experiência e o conhecimento existentes para interpretar os resultados, por exemplo, vendo os contornos e limites de um campo, bem como medir a contribuição de áreas específicas para o quadro geral do conhecimento, identificar a relação entre temas, relacionar organizações, autores e trabalhos chave e recomendar tendências de produtividade e impacto (Börner *et al.*, 2003; Cobo *et al.*, 2011).

Além de que, ao exibir os panoramas históricos, estruturais e dinâmicos da pesquisa científica, a criação de indicadores e mapas de visualização dos domínios do conhecimento, favorece o pesquisador com a descoberta de novas interações entre áreas que possam impulsionar o desenvolvimento e crescimento científico (Cobo *et al.*, 2012).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Obtenção e filtragem de dados

Os dados da pesquisa foram obtidos por meio de busca automática na base de dados *Web of Science* (<https://www.webofknowledge.com>). A escolha pela plataforma foi motivada por sua base multidisciplinar (Soares *et al.*, 2016) e pelo fato de ser a mais utilizada em pesquisas que investigam produções científicas.

A busca realizada compreendeu o período de 1960 até 2022 por meio das palavras-chave “*Manihot esculenta*” e “genetics”, combinadas por meio do operador *booleano* “AND”. Para selecionar os artigos utilizados na análise cienciométrica, foram definidos alguns critérios de seleção, tais como artigos completos em língua inglesa e com ênfase em pesquisas genéticas ligadas à mandioca, sendo excluídos da seleção aqueles que se encontravam duplicados, fora do escopo da pesquisa e em outros idiomas. Devido a abordagem adotada na pesquisa ser cienciométrica e não bibliométrica, foram incluídos na análise apenas artigos completos publicados em revistas revisadas por pares, sendo descartados qualquer outro tipo de pesquisa publicada em outras mídias, como livros, resumos e anais de congresso, e demais publicações não classificadas como artigo completo.

A busca automatizada na base de dados foi realizada em março de 2023, sendo os resultados armazenados em planilha eletrônica, de formato *xlsx*, por meio do software Microsoft Excel; o *dataset* compreendeu os dados gerais “brutos” (i.e. dados quantitativos) de onde foram extraídos os seguintes parâmetros: IDs dos artigos, nome do primeiro autor, título da publicação, palavras-chave definidas pelos autores, *abstract*, ano de publicação, idioma, periódicos de publicação, áreas de pesquisa, categorias de classificação definidas pela *Web of Science*, endereço dos autores da pesquisa e DOI.

4.2 Classificação qualitativa e quantitativa

Na análise quantitativa, levantamos as tendências temporais de publicação, identificando variações na produção científica ao longo dos anos. Também mapeamos os principais autores e suas contribuições, destacando aqueles com maior número de publicações e citações. Além disso, investigamos as instituições mais relevantes na pesquisa sobre genética

da mandioca, reconhecendo suas colaborações e impacto.

Posterior à análise descritiva, foram acessados os títulos, resumos e palavras-chave dos artigos para verificar se os estudos focavam especificamente em pesquisas sobre mandioca no contexto da genética, com o objetivo de gerar uma classificação qualitativa (Figura 4). Os artigos cujos resumos, títulos ou palavras-chave não forneciam dados suficientes para classificação foram acessados diretamente no periódico de publicação e analisados.

Os artigos selecionados foram classificados em três grandes áreas e respectivas subáreas, de modo a agrupar e classificar o maior número possível de trabalhos dentro do tema da genética em mandioca, delimitando o estado da arte de publicações sobre o tema dentro do período especificado. Também foram coletadas informações sobre as ferramentas metodológicas utilizadas nas pesquisas. Os artigos que apresentaram uma abordagem ômica na pesquisa foram avaliados para classificação em uma das quatro abordagens propostas para esta pesquisa: Genômica, Transcriptômica, Proteômica e Metabolômica.

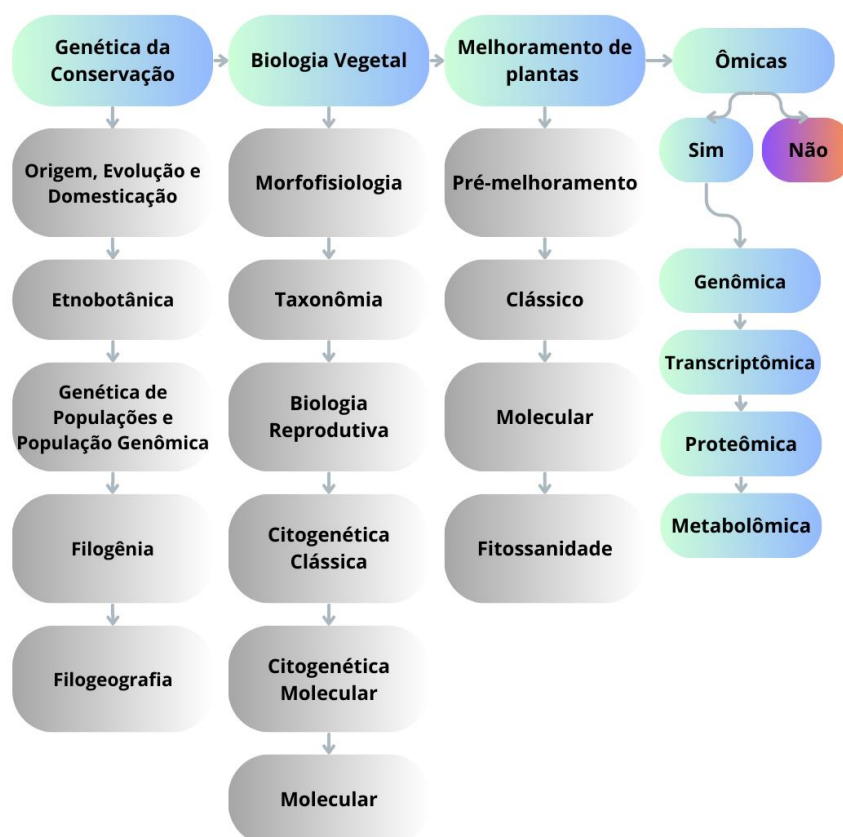


Figura 4 – Classificação qualitativa aplicada para a análise cienciométrica em artigos de genética em mandioca. Fonte: autoria própria.

4.3 Análise do fator de impacto

A ferramenta InCites Journal Citation Reports (JCR), publicada em 2023, foi utilizada para calcular o Fator de Impacto (FI) das revistas científicas recuperadas na busca realizada. O JCR é um índice bibliométrico que objetiva avaliar a produção científica dos autores, a qualidade das publicações e classificar os periódicos científicos (Garfield, 2006). De modo a analisar o fator de impacto e a qualidade das pesquisas recuperadas na busca automatizada, foram extraídos os títulos dos periódicos de publicação e efetuada uma busca na ferramenta JCR, obtendo o fator de impacto para o ano de 2022, anterior ao último ano dentro do período de busca. Com a análise do fator de impacto objetivou-se ilustrar pesquisas de maior relevância no cenário mundial dentro do tema de genética em mandioca, bem como obter dados descritivos como países com maior número de publicações de alto impacto, autores presentes em revistas de maior impacto, entre outros.

4.4 Análise estatística

Os dados foram analisados por meio de técnicas de estatística descritivas, como sumarização e contagens de frequência, complementadas por métodos de visualização para delinear o panorama das publicações em pesquisa genética de mandioca para o período analisado. Todas as análises foram realizadas em ambiente R 4.4.1 (R Core Team 2024), por meio da suite de pacotes *tidyverse* (Wickham, 2019).

5. RESULTADOS

5.1 Dados quantitativos

5.1.1 Tendências temporais

A partir do levantamento de dados na plataforma *Web of Science*, foram selecionados 3.246 trabalhos, dos quais apenas 654 atenderam aos critérios de inclusão da pesquisa para análise cienciométrica. O primeiro artigo com viés em genética foi publicado em 1969 por Magoon *et al.* (1969), porém, a análise temporal inclui o período entre 1960 e 2023 (Figura 5).

A partir de 1993, houve aumento nos números de artigos publicados, entretanto, observou-se crescimento expressivo a partir do ano de 2000, mantendo-se estável até 2010, com novo avanço em 2011, atingindo pico de produtividade no ano de 2018, tendo decréscimo de 2019 a 2022 (Figura 5).

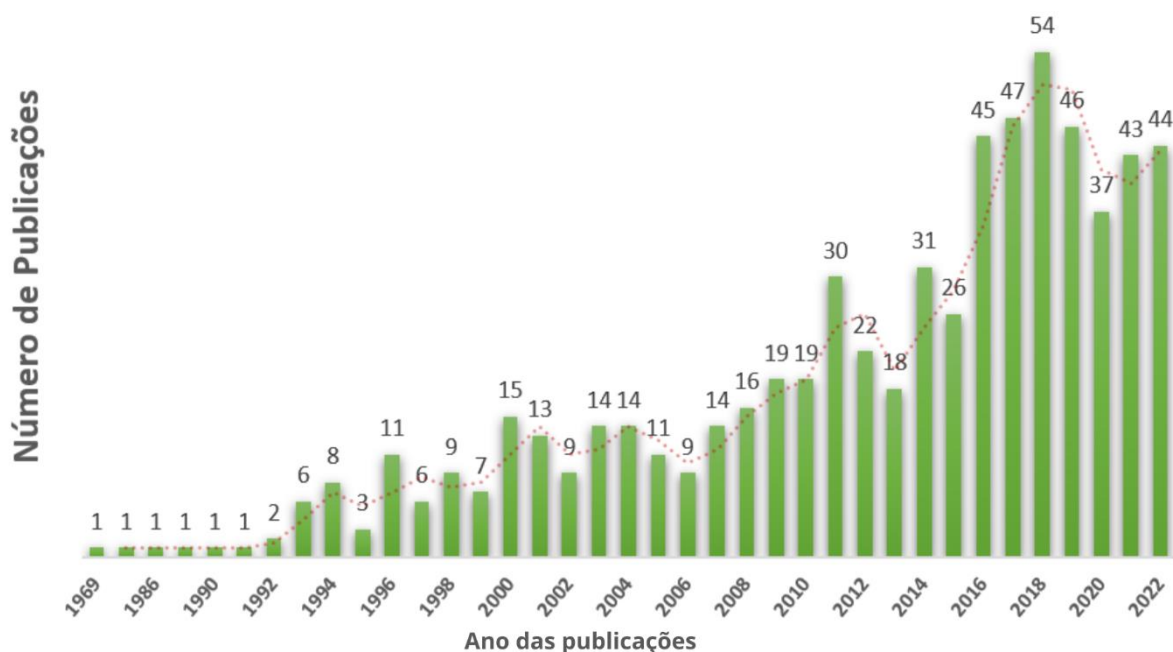


Figura 5 – Produção científica em genética de mandioca em número de documentos publicados extraídos da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

5.1.2 Histórico direto de citações

Ao todo, os 645 artigos foram citados 15.505 vezes, média de $23,7 \pm 34,4$ citações por documento. Os 10 artigos mais relevantes, segundo o critério do número de citações são apresentados na Tabela 2. Esses artigos foram publicados entre 1997 e 2016, com o número total de citações variando de 149 - “Fregene *et al.* (1997)” à 338 - “Olsen *et al.* (1999)”. Vale ressaltar que Martin Fregene é o autor com maior número de publicações associadas, entretanto, em grande parte das publicações (28 artigos) ele se encontra como co-autor.

Tabela 2 – Artigos mais citados sobre genética de mandioca extraídos da *Web of Science* para o período de 1960 a 2022

Primeiro Autor	DOI	Periódicos	Citações	Ano
Olsen, KM	10.1073/pnas.96.10.5586	Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America	338	1999
de Vetten, N	10.1038/nbt801	Nature Biotechnology	190	2003
Xu, J	10.1104/pp.112.212803	Plant Physiology	178	2013
Jorgensen, K	10.1104/pp.105.065904	Plant Physiology	172	2005
Mba, REC	10.1007/s001220051614	Theoretical and Applied Genetics	167	2001
Olsen, KM	10.2307/2657133	American Journal of Botany	161	2001
Zeng, CY	10.1093/nar/gkp1035	Nucleic Acids Research	157	2010
Verdaguer, B	10.1007/BF00040830	Plant Molecular Biology	150	1996
Fregene, M	10.1007/s001220050580	Theoretical and Applied Genetics	149	1997
Patanun, O	10.1007/s12033-012-9521-z	Molecular Genetics and Genomics	71	2016

5.1.3 Periódicos

Os 654 artigos analisados foram publicados em 212 periódicos diferentes, dos quais 200 publicaram menos de 10 artigos (94,3%), com os 12 restantes (5,7%) publicando entre 10 e 36 publicações no período. Dos 10 periódicos que apresentaram maiores número de publicações, *Euphytica* lidera com (36, FI=1,9), seguido por *Genetic Molecular Research* (30, FI =0,4), *Frontiers in Plant Science* (25, FI=5,6), *Theoretical and Applied Genetics* (24, FI=5,4), *Plant Molecular Biology* (22, FI=5,1), *Plos One* (21, FI=3,7), *Scientific Reports* (19, FI=4,6), *Crop Science* (12, FI=2,3), *Genetic Resources and Crop Evolution* (12, FI=2), *BMC Genomics* (11, FI=4,4).

Os dez periódicos observados na Figura 6 contribuíram com 32,56% de todas as publicações envolvendo genética de mandioca, destacando-se como as principais fontes de referência na área.

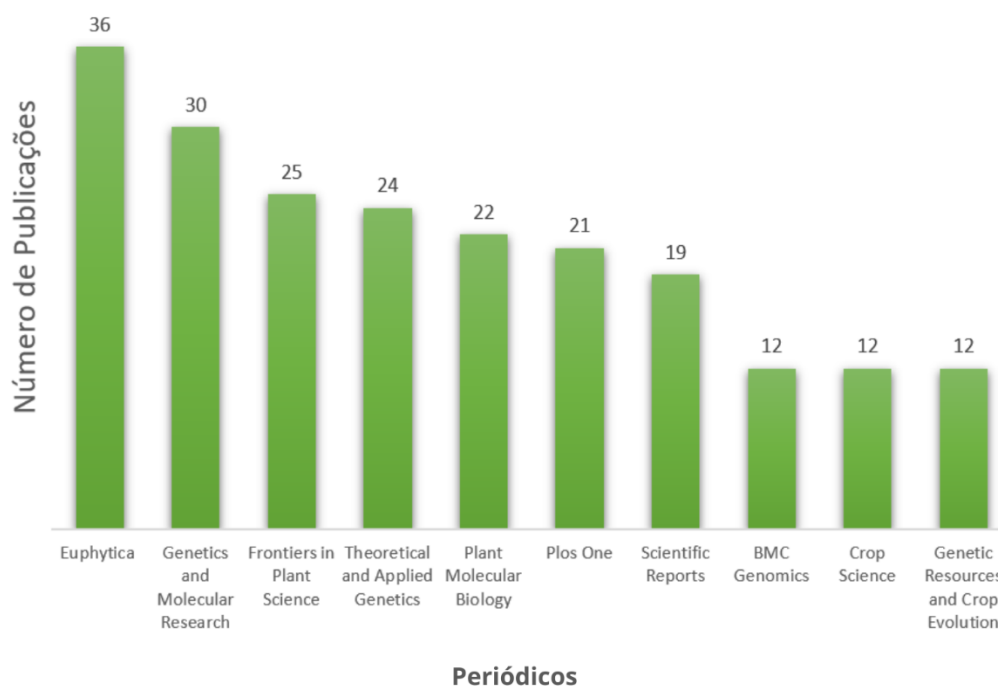


Figura 6 – Principais periódicos com artigos de genética de mandioca extraídos da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

Os fatores de impacto foram obtidos a partir das bases de dados científicas *Web of Science*, refletindo a qualidade e a influência desses periódicos na comunidade científica. Os resultados referentes ao fator de impacto (FI) dos dez principais periódicos associados à pesquisa são apresentados a seguir na Figura 7.

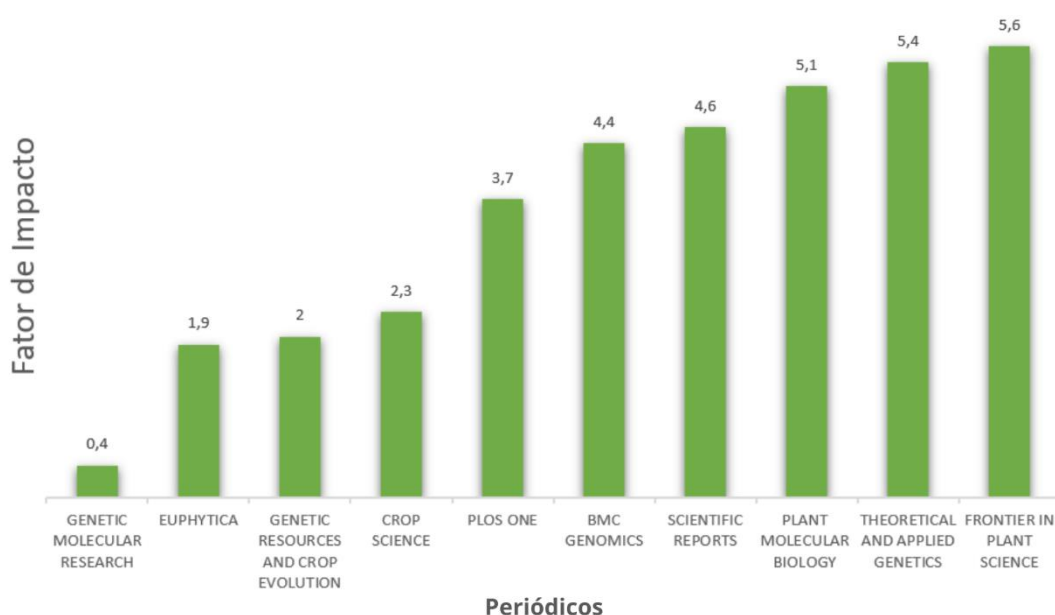


Figura 7 – Análise do Fator de Impacto dos principais periódicos relacionadas com estudos com genética da mandioca de 1960 a 2022, extraídos da *Web of Science*. Fonte: Autoria própria.

Os resultados dos FI dos dez principais periódicos relacionados à pesquisa são apresentados a seguir. O periódico *Frontiers in Plant Science* possui o FI mais alto, com 5,6 seguido por *Theoretical and Applied Genetics*, com um FI de 5,4 e *Plant Molecular Biology*, com 5,1. *Scientific Reports* apresenta um FI de 4,6 enquanto *BMC Genomics* registra 4,4. *Plos One* tem um FI de 3,7; seguido por *Crop Science*, com 2,3; e *Genetic Resources and Crop Evolution*, com 2,0. *Euphytica* possui um FI de 1,9 e *Genetic Molecular Research* apresenta um FI de 0,4. A média dos FI desses periódicos é aproximadamente 3,54 indicando elevada frequência de publicações na área em periódicos de alta qualidade e relevância na comunidade científica. Este FI médio evidencia a visibilidade e o reconhecimento das contribuições científicas das pesquisas em genética de mandioca, confirmando a importância e a influência dos estudos realizados.

5.1.4 Autores e co-autores

A análise cienciométrica identificou um total de 2.629 entre autores e co-autores envolvidos nos 654 artigos analisados. Destes, 24 autores publicaram mais de dez artigos, sendo

Martin Fregene e Ming Peng os autores com maior número de publicações (Figura 8). Apesar de Martin Fregene ser o autor com maior número de publicações, ele é apenas o décimo autor mais citado, tendo Ming Peng apenas cinco citações.

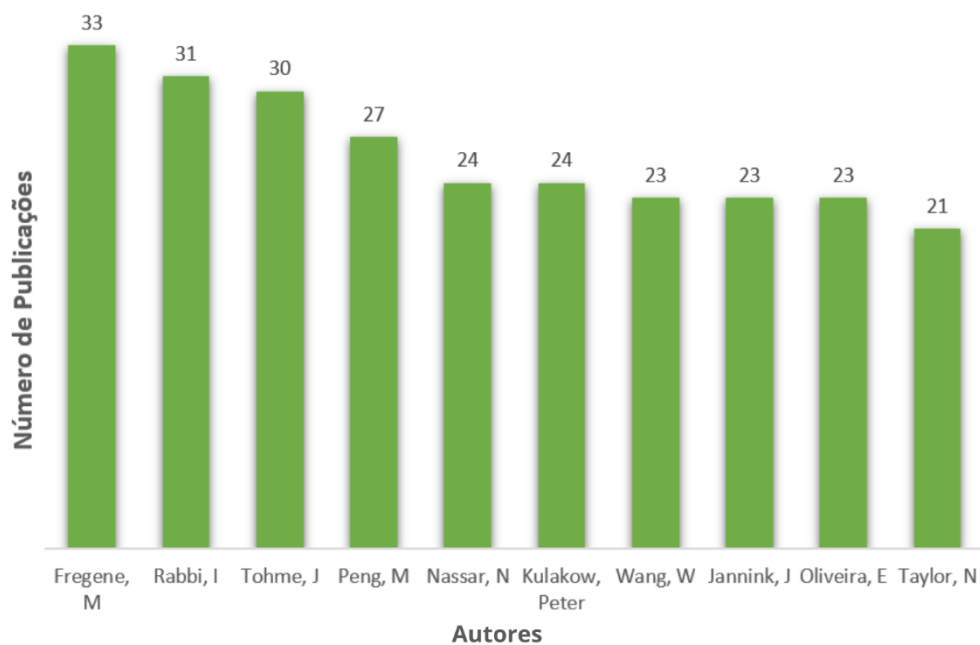


Figura 8 – Principais autores com artigos de genética de mandioca extraídos da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

5.1.5 Países e Instituições

Os 654 artigos foram publicados por autores de 51 países diferentes, com uma média de três instituições envolvidas por artigo. Os países que tiveram o maior número de instituições envolvidas em publicações no tema foram China, Brasil, França, Itália, Colômbia, Nigéria e Tailândia, com um total de 739 ocorrências. A China apresentou o maior número de produtividade, com 151 artigos relacionados, correspondendo a 20% de toda a produção entre os sete países mais produtivos (Figura 9).

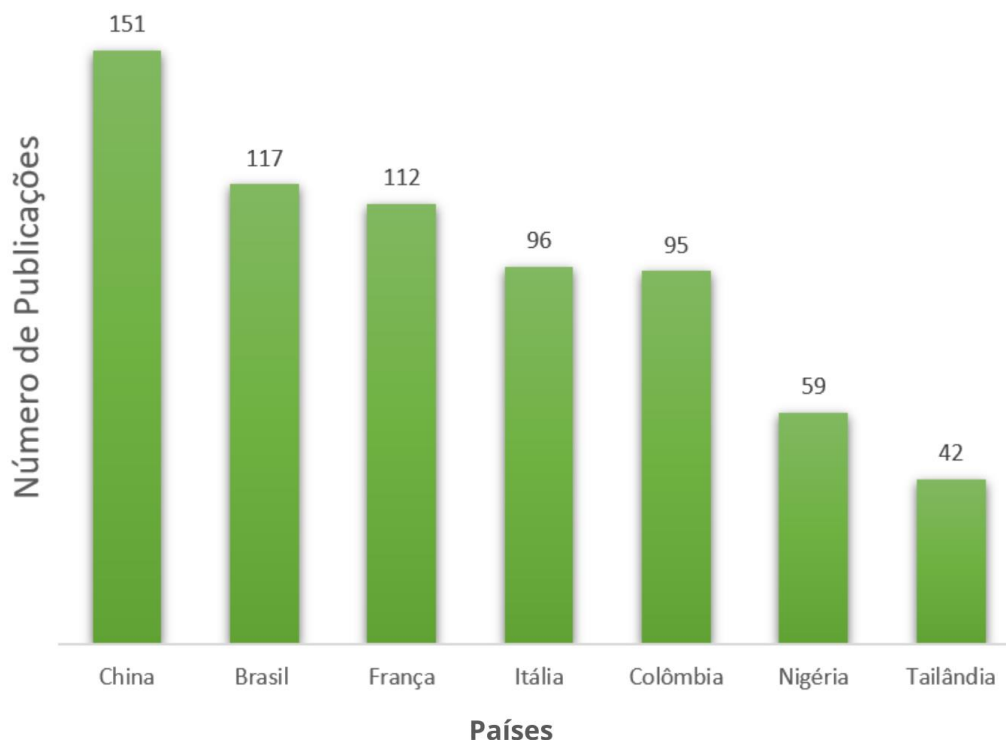


Figura 9 – Ranking dos sete países que mais publicaram artigos de genética de mandioca, análises baseadas na *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

Apesar da liderança chinesa como o país que possui o maior número de instituições que publicaram trabalhos com genética em mandioca, o Brasil se destaca por apresentar o maior número de pesquisadores (Figura 10), seguido pela China e pelos Estados Unidos da América. No total, 51 países são listados como endereço pelos autores principais envolvidos nas publicações (Tabela 3).

Tabela 3 – Lista da quantidade de autores por países com artigos de genética de mandioca, extraídos da *Web of Science* de 1960 a 2022

Países	Número de Autores
Brasil	63
China	50
USA	45
Colômbia	32
Nigéria	16
Tailândia	13
Inglaterra	12
França	11
África do Sul	10
Gana, Japão	9
Suíça	8
Kênia	6
Alemanha, Benin, Países Baixos, Venezuela	5
Índia, Singapura	4
Bélgica, Filipinas, Suécia, Tanzânia, Uganda	3
Argentina, Austrália, Dinamarca, México, Paquistão	2
Austria, Burundi, Camarões, Canadá, Coreia do Sul, Costa Rica, Cuba, Equador, Espanha, Fiji, Filândia, Indonésia, Israel, Itália, Moçambique, Serra Leoa, Sri Lanka, Trinidad Tobago, Turquia, Vanuatu, Vietnã e Zambia	1

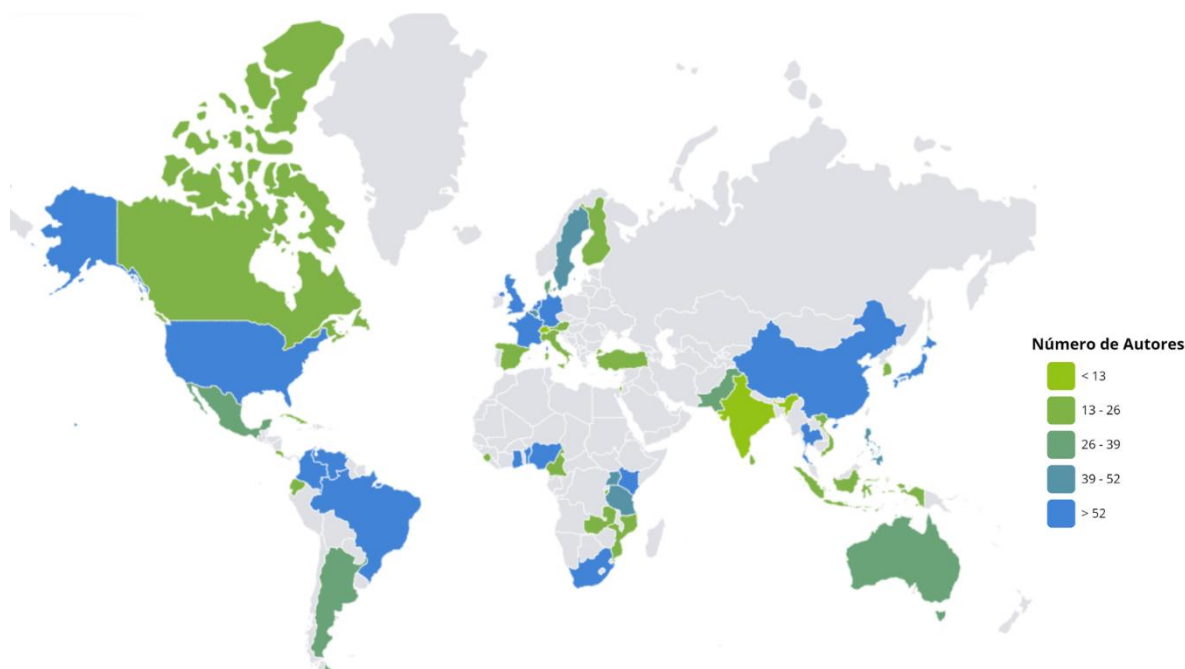


Figura 10 – Número de autores por país calculados a partir do levantamento bibliográfico na *Web of Science* para o período de 1960 a 2022. Países em cinza não apresentaram pesquisadores envolvidos em pesquisas genéticas com mandioca. Fonte: autoria própria.

A análise das instituições envolvidas na produção científica revela que, entre as 368 instituições identificadas, a *Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária* (EMBRAPA) lidera com 117 publicações, conforme destacado na Figura 11. Outras instituições de destaque incluem a *Alliance of Bioversity International - CIAT* (96 publicações), a *Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences* (95), e o *International Center for Tropical Agriculture - CIAT* (95), refletindo a colaboração internacional em pesquisas relacionadas à genética da mandioca. Instituições como a *Consultative Group on International Agricultural Research - CGIAR* (75) e a *Cornell University* (67) também têm papel relevante na produção científica. Na sequência, o *International Institute of Tropical Agriculture - IITA* (59), *Hainan University* (56), *Mahidol University* (42), e o *Institut de Recherche pour le Développement - IRD* (37) completam a lista das 10 instituições mais produtivas no período analisado.

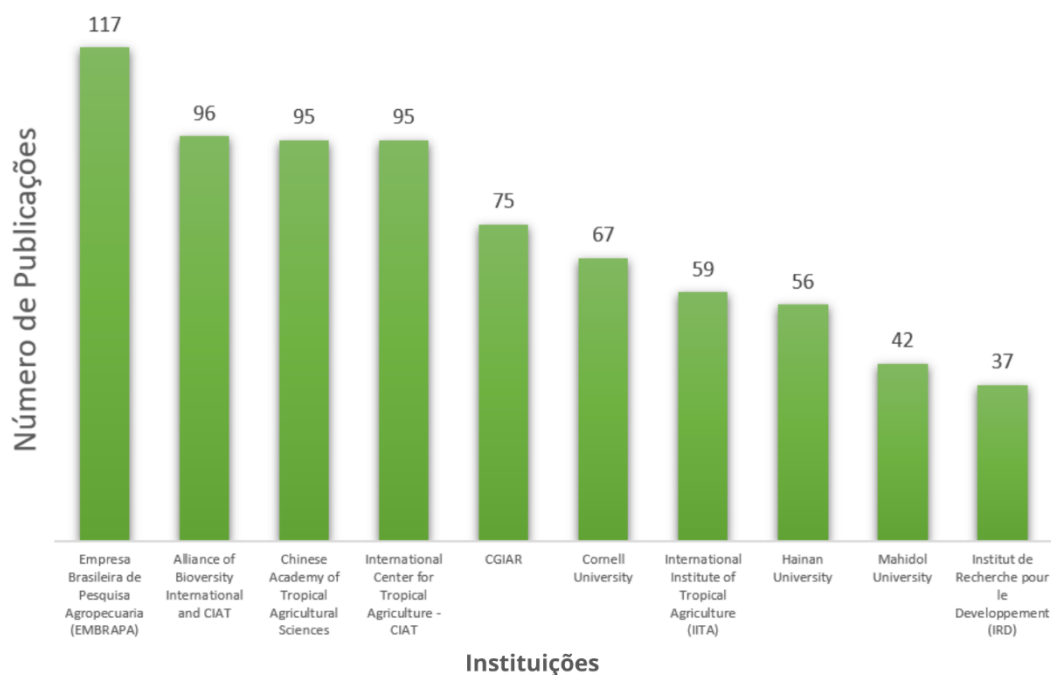


Figura 11 – Ranking das 10 instituições que mais publicaram estudos sobre genética da mandioca extraídos da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

5.1.6 Ocorrências de palavras-chave

A análise das palavras-chave definidas pelos autores revela conceitos e tópicos frequentemente discutidos dentro do campo de pesquisa relacionado à genética da mandioca. Para os 654 artigos analisados, 1661 termos foram utilizados como palavras-chave, totalizando 2604 palavras.

De modo a visualizar a relação entre termos e a frequência das palavras-chave, foi empregada a técnica de nuvem de palavras. Nessa representação visual, cada termo é demonstrado com tamanhos e cores de fonte diferentes. Quanto maior a palavra aparece, mais frequentemente ela foi usada. Os termos “Cassava”, “*Manihot esculenta*” e “*genetic*” são claramente as mais utilizadas, porém, vários outros termos comumente usados foram encontrados (Figura 12).

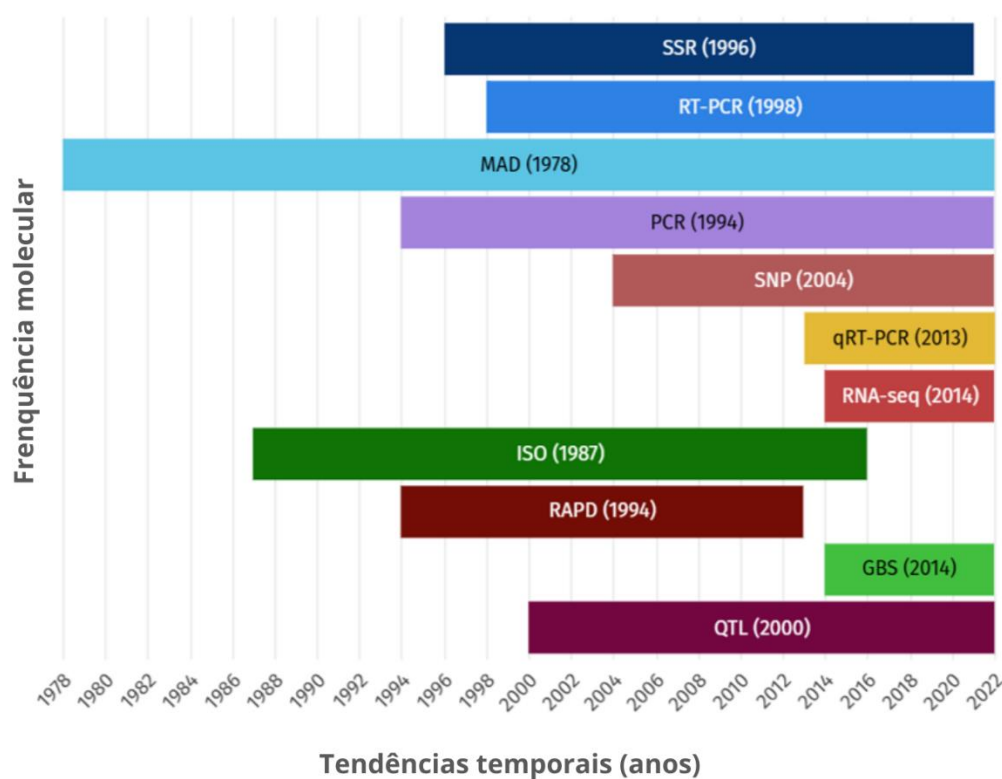


Figura 13 – Tendência temporal das 10 principais ferramentas moleculares em artigos sobre genética da mandioca da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

O uso de descritores morfoagronômicos (MAD) começou em 1978 e teve registros até 2022 (Figura 13), mostrando sua relevância ao longo do tempo. A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR), desde sua introdução em 1994, também foi utilizada até 2022, permanecendo uma ferramenta central na pesquisa genética. Isoenzimas (ISO), aplicadas entre 1987 e 2016, tiveram seu papel em estudos genéticos, enquanto o Polimorfismo de DNA Amplificado Aleatoriamente (RAPD), utilizado de 1994 a 2013, teve um período específico de uso intensivo.

Os marcadores de Microssatélites (SSR), por sua vez, foram amplamente empregados de 1996 a 2021. técnica de Reação em Cadeia da Polimerase por Transcriptase Reversa (RT-PCR) foi registrada entre 1998 e 2022, com QTL sendo aplicados em estudos de loci de características quantitativas de 2000 a 2022. Os marcadores de Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNP) e a Reação em Cadeia da Polimerase Quantitativa em Tempo Real (qRT-PCR) também tiveram registros até 2022, desde seu início em 2004 e 2013, respectivamente. As tecnologias mais recentes, como o Sequenciamento de RNA (RNA-seq) e a Genotipagem por Sequenciamento (GBS), começaram a ser utilizadas em 2014, com registros de GBS até 2022.

(Figura 13). Vale ressaltar que a continuidade do uso de algumas dessas técnicas pode se dar conforme a demanda por suas aplicações específicas nas pesquisas.

A quantidade de aplicações das 10 principais ferramentas moleculares variou ao longo dos anos, refletindo diferentes demandas e avanços tecnológicos. Essas variações podem ser observadas na frequência de uso de cada técnica, que se alterou em distintos períodos, como demonstrado na Figura 14. Esse gráfico destaca como essas ferramentas foram empregadas em diferentes momentos, evidenciando os picos e declínios em sua utilização nos estudos ao longo do tempo.

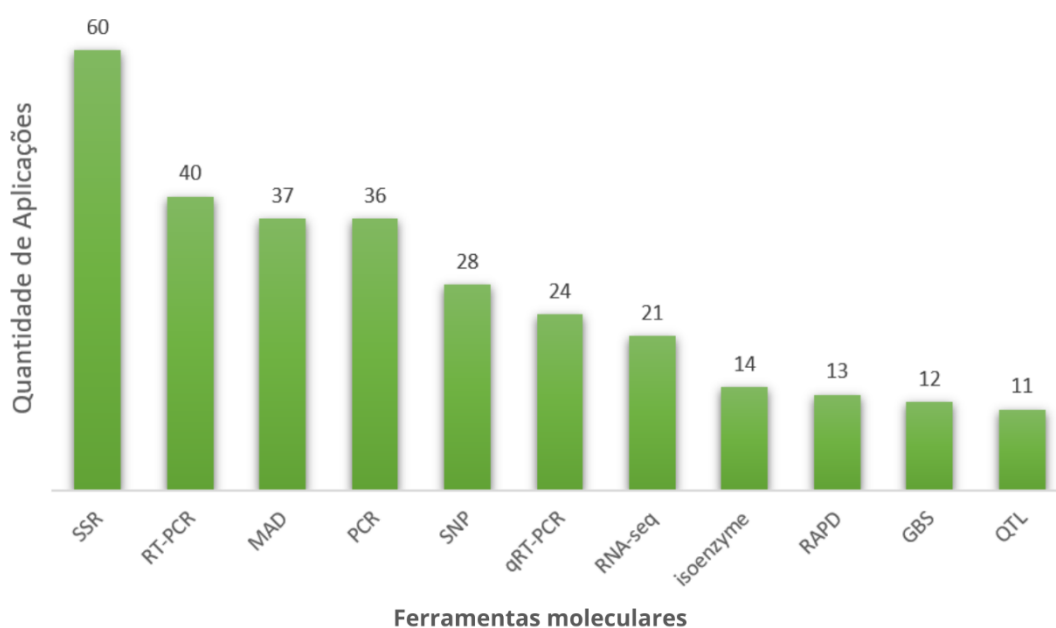


Figura 14 – Quantidade de aplicações das 10 principais ferramentas moleculares em artigos sobre genética da mandioca da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

A análise das aplicações das 10 principais ferramentas moleculares na pesquisa genética revela que os marcadores SSR lideraram em número de utilizações, com 60 registros. O RT-PCR também teve uma presença significativa, sendo aplicada em 40 estudos. Outras técnicas amplamente utilizadas incluem os MAD (37) e a PCR (36).

Embora os marcadores de SNP tenham sido registrados 28 vezes e a qRT-PCR, 24 vezes, essas e outras técnicas, como o RNA-seq, utilizado em 21 ocasiões, continuam sendo relevantes e podem ser adaptadas para novas necessidades. ISO, RAPD, e a GBS tiveram menor frequência de aplicação, com 14, 13, e 12 registros, respectivamente, assim como a QTL, com 11 aplicações. Esses números refletem o panorama atual, mas é importante destacar que as

ferramentas podem ser retomadas em novos contextos conforme as exigências da pesquisa evoluírem.

5.2.2 Análise qualitativa da distribuição de artigos por temática

A análise temática dos artigos sobre genética de mandioca demonstra uma ampla e diversificada distribuição entre os principais grupos de pesquisa e suas respectivas subcategorias (Figura 15). Esta abordagem fornece uma visão abrangente das áreas de interesse e das metodologias predominantes no campo.

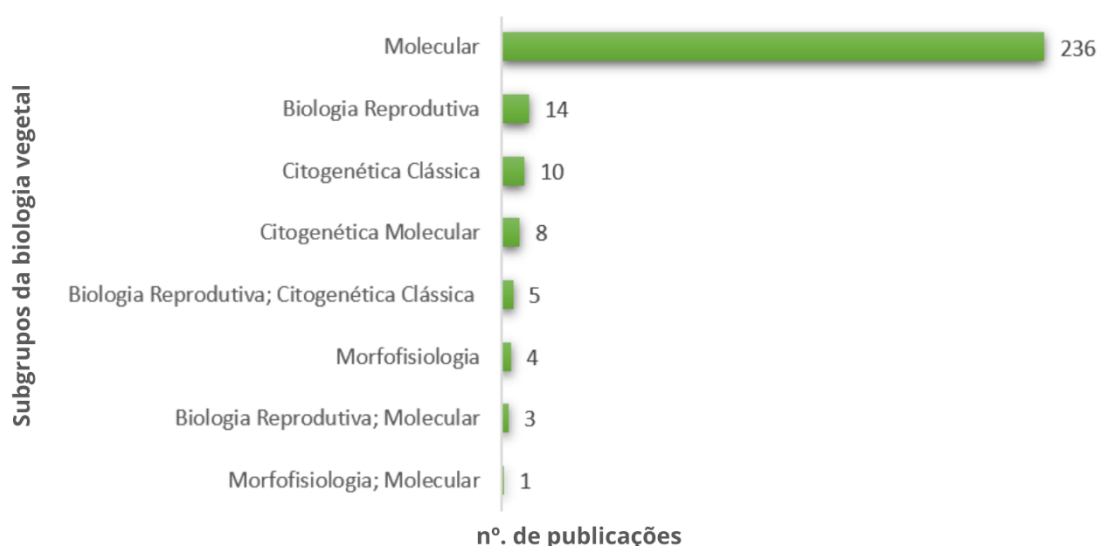


Figura 15 – Representação da distribuição dos artigos no grupo biologia vegetal, destacando a quantidade de publicações em cada subgrupo classificado, dos artigos sobre genética da mandioca da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

O grupo de biologia vegetal é o mais representativo, contabilizando 279 artigos. Dentro desse grupo, a subcategoria molecular se destaca com 236 publicações, demonstrando sua relevância contínua no campo. Outras áreas, como biologia reprodutiva, aparecem com 14 artigos, citogenética clássica com 10 e citogenética molecular com oito publicações, refletindo sua importância em nichos específicos de pesquisa. Também foram registrados estudos combinando abordagens, como biologia reprodutiva com citogenética clássica, totalizando cinco artigos. Morfofisiologia contribuiu com quatro estudos, enquanto as combinações entre biologia reprodutiva e molecular, e entre morfofisiologia e molecular, resultaram em três e um

artigo(s), respectivamente. Apesar de algumas áreas terem menor representatividade, elas continuam sendo relevantes e podem ser retomadas conforme novas demandas de pesquisa surjam.

A distribuição dos artigos no campo de melhoramento de plantas revela as principais subcategorias e suas respectivas quantidades de publicações, proporcionando uma visão geral das áreas de foco e das abordagens integradas na pesquisa, conforme ilustrado na figura 16.

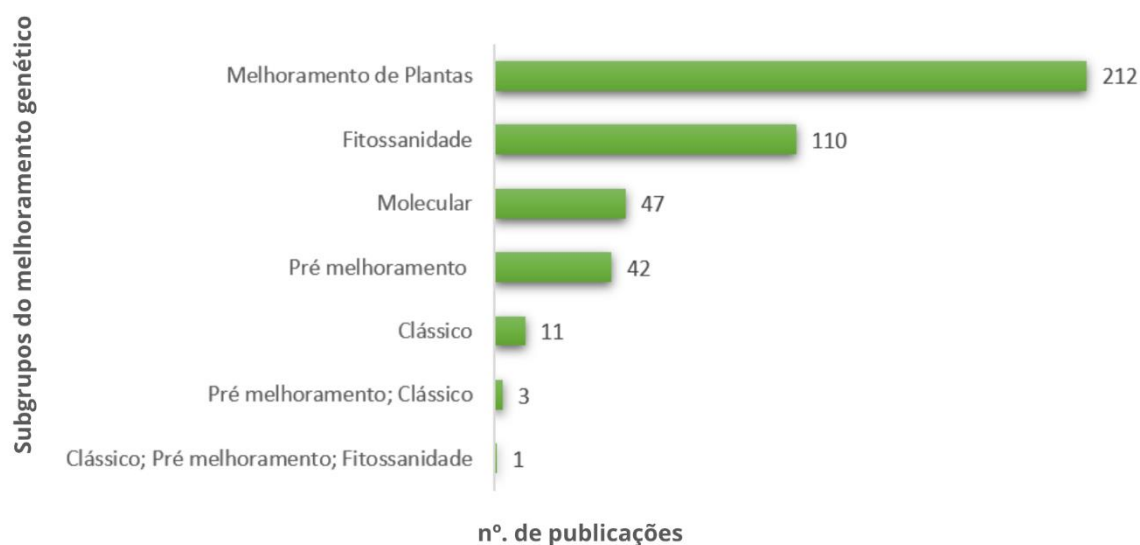


Figura 16 – Distribuição dos artigos no grupo de melhoramento de plantas, mostrando a quantidade de publicações em cada subcategoria classificada em artigos sobre genética da mandioca da *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

O campo de melhoramento de plantas abrange diversas subcategorias e combinações de temas. A área de fitossanidade se destaca com 110 artigos, sendo a mais representada. Molecular aparece em seguida, com 47 publicações, e pré-melhoramento conta com 42 estudos. A subcategoria clássica registrou 11 artigos, enquanto as combinações de pré-melhoramento com clássica, pré-melhoramento e fitossanidade resultaram em três e uma publicação, respectivamente. Embora algumas subcategorias apresentem menor número de estudos, elas permanecem relevantes e podem ser revisitadas conforme novas demandas e inovações no campo surgirem.

A distribuição dos artigos no campo de genética da conservação revela as principais subcategorias e suas respectivas quantidades de publicações, além de mostrar como essas áreas se conectam com outras linhas de pesquisa. Essa análise oferece uma visão abrangente das principais áreas de estudo e suas interrelações, conforme ilustrado na figura 17.



Figura 17 – Distribuição das publicações no grupo de melhoramento de plantas, com a quantidade de artigos em cada subcategoria classificada, referente à genética da mandioca, indexados na *Web of Science* no período de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

A distribuição dos artigos no campo de genética da conservação revelou diversas subcategorias, com a genética de populações/população genômica destacando-se com 103 publicações. Filogenia seguiu em segundo lugar, com 17 artigos, enquanto a subcategoria origem, evolução e domesticação contabilizou seis publicações. A etnobotânica com cinco artigos, e combinações, como filogeografia com origem, evolução e domesticação e etnobotânica com genética de populações/população genômica, totalizaram cinco e quatro artigos, respectivamente. Além disso, foram observadas combinações menores, incluindo filogeografia com dois artigos, e interações específicas entre subcategorias, como filogeografia com filogenia, genética de populações/população genômica com filogenia e origem, evolução e domesticação com filogenia, cada uma com um artigo. A análise das associações entre subcategorias nos campos de biologia vegetal e genética da conservação revelou várias combinações de interesse. As principais interações e agrupamentos são destacadas na figura 18, oferecendo uma visão das áreas e técnicas predominantes na pesquisa.

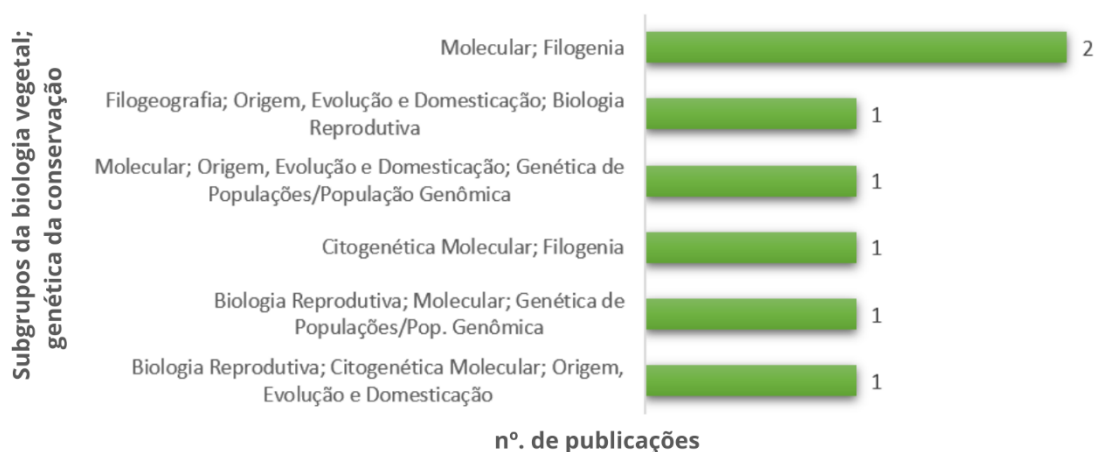


Figura 18 – Quantidade de artigos nos grupos de Biologia Vegetal e Genética da Conservação, mostrando as publicações em cada subcategoria de estudos sobre genética da mandioca, indexados na *Web of Science* entre 1960 e 2022. Fonte: autoria própria.

A análise das combinações entre subcategorias em biologia vegetal e genética da conservação revela uma diversidade de temas na pesquisa. A combinação de molecular e filogenia é representada por dois artigos. Outras combinações incluem biologia reprodutiva com citogenética molecular e origem, evolução e domesticação, cada uma com um artigo, além de biologia reprodutiva com molecular e Genética de populações/genômica de populações, também com um artigo. Interações adicionais, como citogenética molecular com filogenia, bem como molecular com origem, evolução e domesticação e Genética de populações/genômica de populações, são representadas por um artigo cada. A combinação de filogeografia com origem, evolução e domesticação e biologia reprodutiva também conta com um artigo. Essas combinações ilustram a amplitude e as diversas áreas de foco na pesquisa, sugerindo que, embora algumas subcategorias tenham menos publicações, há espaço para que novas investigações sejam realizadas à medida que surgem demandas emergentes.

A análise das técnicas ômicas evidenciou padrões distintos de utilização nas publicações científicas, destacando a frequência de aplicação de cada técnica e suas respectivas combinações. As tendências observadas e a distribuição dessas abordagens entre os artigos são ilustradas na Figura 19, que oferece uma visão clara das práticas de pesquisa em andamento neste campo.

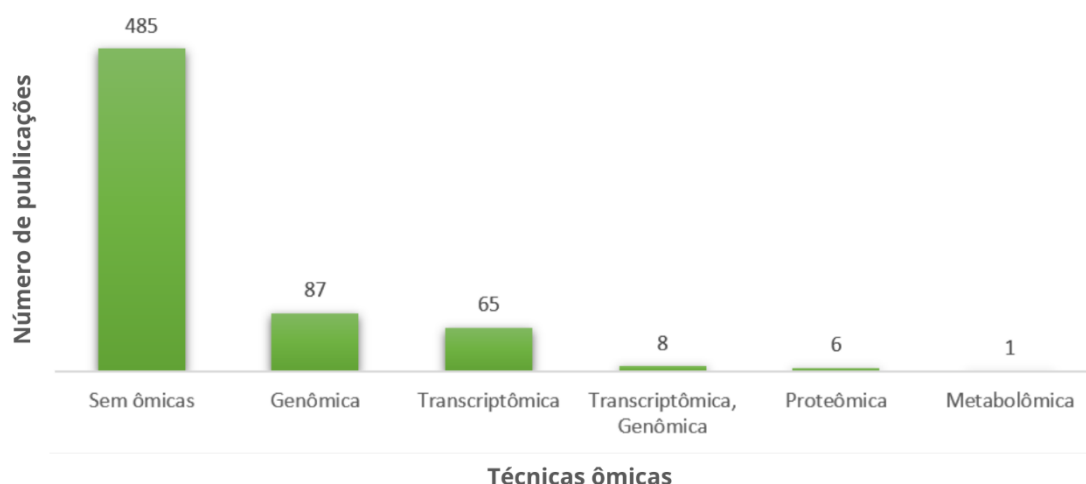


Figura 19 – Artigos que utilizam técnicas omicas, mostrando a quantidade de publicações para cada técnica como genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica, bem como suas combinações, em estudos sobre genética da mandioca, indexados na *Web of Science* de 1960 a 2022. Fonte: autoria própria.

Quanto às técnicas ômicas, 485 artigos não se enquadram em nenhuma das categorias específicas. genômica foi abordada em 87 artigos e a transcriptômica em 65 artigos. Combinações de genômica e transcriptômica apareceram em oito artigos, enquanto a proteômica foi mencionada em seis artigos e a metabolômica em apenas um artigo. A presença de combinações de genômica e transcriptômica sugere um interesse crescente em abordagens integradas, embora essas técnicas sejam menos frequentes em comparação com a genômica isolada.

6. DISCUSSÃO

6.1 Dados quantitativos

6.1.1 Tendências temporais

O número de publicações envolvendo abordagens metodológicas com genética em mandioca aumentou significativamente após 1993 (Figura 5). Uma das explicações plausíveis é o desenvolvimento de novas tecnologias, como, por exemplo, o surgimento da PCR (Mullis; Faloona, 1987), e de novas classes de marcadores moleculares (May, 1992; Alfenas, 1998), RAPD (Corrêa *et al.*, 2000), RFLP (Ferreira; Grattapaglia, 1998), SSR (Faleiro *et al.*, 2003),

AFLP (Faleiro *et al.*, 2001), ISSR (Godwin *et al.*, 1997) e SNP (Melotto; Kelly, 2001), sendo utilizadas para uma ampla gama de pesquisas, seja na conservação, no melhoramento, ou em pesquisas básicas (Upadhyaya; Ortiz, 2001; Li *et al.*, 2004).

Após um declínio na quantidade de publicações envolvendo estudos genéticos com mandioca em 1995, houve um aumento notável de três publicações em 1995 para 11 em 1996. Entre 1978 e 1995, o Brasil havia contribuído com apenas três artigos de autoria e co-autoria de Nagib Nassar (Nassar, 1978; Nassar, 1992; Nassar *et al.*, 1995). Foi após 1997 que houve um aumento nas publicações brasileiras envolvendo genética de mandioca, muito provavelmente impulsionada por dois fatores: a evolução dos investimentos em nível de bolsas e fomento à pesquisa, orientados pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq e a disseminação do acesso à internet no Brasil a partir de 1996 (Carvalho, 2006; Lima, 2011).

De 1997 a 1999, a quantidade de publicações manteve-se estável, dando um salto após 2000 e apresentando crescimento ascendente a partir de 2006, devido às novas tecnologias de sequenciamento, conhecidas como tecnologias de nova geração, lançadas no mercado e comercializadas a partir de 2005 (Pop; Salzberg, 2008; Metzker, 2010).

Em 2010, observou-se aumento significativo nas publicações científicas provenientes da China, o que contribuiu substancialmente para o crescimento geral das pesquisas ao longo dos anos. Em 2018, esse crescimento atingiu seu ápice, com total de 54 publicações. Neste ano, a China liderou em número de publicações, com 17 artigos, seguida pelo Brasil, com 10, e pelos Estados Unidos da América com sete.

Outro ponto relevante é a disparidade significativa na quantidade de publicações conforme o idioma utilizado. Dos artigos analisados no estudo, 654 foram escritos em inglês, evidenciando a predominância do idioma na comunicação científica sobre a genética da mandioca. De acordo com Di Bitetti (2016), um estudo científico tem mais chances de ser citado se for publicado em inglês. Robinson-García e Ràfols (2020) utilizaram três indicadores tradicionais para medir a globalização da pesquisa científica: (a) Parcerias internacionais, que influenciam diretamente a visibilidade dos estudos; (b) escrita em inglês (especialmente para nações com diferentes idiomas); e (c) a circulação de pesquisadores.

A discussão que se aproxima de um consenso dentro da comunidade científica diz respeito ao uso predominante do idioma inglês. Apesar de críticas relacionadas ao colonialismo científico e aos custos de tradução e revisão para autores não nativos, o inglês permanece como

o idioma principal de publicação para a maioria dos cientistas, sendo também o segundo idioma mais utilizado pela maioria dos outros profissionais (Baskaran, 2016).

6.1.2 Histórico direto de citações

Em contraste com o aumento na produção científica em estudos sobre genética da mandioca, é perceptível uma redução nas citações ao longo do período analisado na Tabela 1. O número de citações de uma publicação revela o impacto que teve na comunidade científica (Silveira *et al.*, 2020). Os pesquisadores citam a literatura relevante, destacando trabalhos previamente publicados que se mostraram fundamentais para a fundamentação teórica, metodológica ou empírica de suas investigações em andamento (Silvello, 2018).

Assim, publicações frequentemente citadas tendem a oferecer informações relevantes a longo prazo, como descrições de novas espécies (Grattapaglia *et al.*, 1986), registros inéditos em determinadas regiões ou aplicações com relevância socioeconômica (Oler, 2017). Por outro lado, aquelas com dados mais específicos são menos citadas (Aksnes *et al.*, 2019).

Sendo de suma importância destacar a relação inversa entre o tempo de publicação e a frequência de citações em trabalhos científicos. É comum que estudos publicados há mais tempo e amplamente reconhecidos recebam maior número de citações, enquanto pesquisas mais recentes geralmente são citadas de forma mais pontual. Essa observação, destacada por Moed (2005) em seu livro "*Citation Analysis in Research Evaluation*", ressalta a dinâmica comum no cenário acadêmico, onde a relevância e o reconhecimento de estudos ao longo do tempo se refletem na quantidade de citações recebidas.

Esta tendência é notável ao analisar o grupo dos 10 autores mais citados, onde se destaca o considerável número de citações atribuídas aos pesquisadores dos Estados Unidos da América. Em particular, Kenneth Olsen emerge como um destaque nesse contexto, conforme ilustrado na Figura 8. Olsen é autor de dois estudos amplamente citados: "Evidence on the origin of cassava: Phylogeography of *Manihot esculenta*" (1999), com 338 citações, e "Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, Euphorbiaceae) and its wild relatives: further evidence for a southern Amazonian origin of domestication" (161 citações). Por meio da aplicação de técnicas de genética molecular, Olsen desempenhou papel pioneiro na elucidação da evolução, domesticação e centro de origem do gênero *Manihot*, contribuindo significativamente para uma série de estudos moleculares relacionados à espécie (de Oliveira

et al., 2014; Albuquerque *et al.*, 2019; Ocampo *et al.*, 2021).

A importância das pesquisas em filogeografia é indiscutível, visto que evidenciam como os eventos históricos influenciaram a configuração das atuais distribuições genéticas e de espécies (Hickerson *et al.*, 2010). Esses estudos ressaltam a necessidade de integrar considerações históricas aos princípios fundamentais da ecologia molecular, ampliando a compreensão sobre a evolução biológica (Papadopoulos; Knowles, 2016). Além disso, ao abordar a estabilidade genética, variações dentro das populações e a dinâmica das frequências alélicas, essas pesquisas destacam elementos cruciais para a compreensão da diversidade biológica (Freeland, 2020).

Paralelamente, às disciplinas macroevolutivas oferecem perspectivas valiosas sobre processos como isolamento geográfico, registros fósseis e construção de árvores filogenéticas (Martins, 2021). A integração entre filogeografia, ecologia molecular e macroevolução é fortalecida pela genética molecular, especialmente com avanços em técnicas como a reação em cadeia da polimerase. Essa sinergia impulsiona descobertas cruciais sobre os padrões evolutivos e a diversidade biológica (Hickerson *et al.*, 2010).

Outro autor muito citado foi o norte americano Bertrand Verdaguer com 150 citações, com o trabalho “Isolation and expression in transgenic tobacco and rice plants, of the cassava vein mosaic virus (CVMV) promoter”, publicado em 1996 no periódico *Plant Molecular Biology*. Tal interesse da comunidade científica, pode ser explicado pelo fato do estudo ter contribuído para o entendimento da ação do vírus no sistema vascular da mandioca (Sullivan *et al.*, 2021; Khan *et al.*, 2023) e pelo fato da propagação vegetativa propiciar a disseminação de doenças sistêmicas ao longo das gerações sucessivas das plantas (Patil; Fauquet, 2009; Legg *et al.*, 2015).

A compreensão da informação genética em organismos vivos é crucial. Além do DNA, em anos recentes houve um foco crescente nos RNAs, especialmente o RNA não codificante, que antes era subestimado. Nos vegetais, os microRNAs (miRNAs) desempenham um papel importante na regulação gênica em resposta ao estresse. Esse campo de pesquisa promissor sugere possibilidades para desenvolver variedades vegetais mais resistentes a diferentes condições adversas (Sanz-Carbonell *et al.*, 2019). O estudo do autor tailandês Onsay Patanun (71 citações), publicado em 2016 na revista *Molecular Genetics and Genomics*, com tema “Computational Identification of MicroRNAs and Their Targets in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz)”, desvendou 169 potenciais miRNAs de mandioca pertencentes a 34 famílias de

miRNA usando identificação por abordagem computacional. O estudo colaborou para diversas outras pesquisas (Djami-Tchatchou *et al.*, 2017; Salim *et al.*, 2022; Orek *et al.*, 2023).

Ao longo dos anos, consumidores e ambientalistas expressam preocupações sobre o uso de genes de resistência a antibióticos e herbicidas, tanto em termos ecológicos quanto de segurança alimentar (Souza *et al.*, 2020; Da Silva *et al.*, 2022). Embora não haja base científica definitiva para essas preocupações, a produção de plantas transgênicas sem marcadores genéticos pode aumentar a aceitação pública dessas culturas (Saini *et al.*, 2019).

Vários métodos têm sido desenvolvidos para criar plantas transgênicas sem genes marcadores, como cotransformação, elementos transponíveis e recombinação intracromossômica (Gilles *et al.*, 2015; Hilbeck *et al.*, 2015; Medina-Pastor *et al.*, 2020). Nesse contexto, destaca-se o pesquisador dos Países Baixos, Nick de Vetten, como evidenciado na Figura 8, com total de 190 citações. Em 2003, De Vetten publicou um método inovador no periódico *Nature Biotechnology*, o qual permite a identificação de plantas transgênicas sem a necessidade de marcadores selecionáveis. Esse processo envolve a transformação de tecidos ou células vegetais por meio da infecção com uma estirpe virulenta de *Agrobacterium tumefaciens*, seguida pela seleção de células ou brotos geneticamente modificados através de análises moleculares, como a PCR. Esta metodologia, estabelecida e validada, tem sido amplamente adotada como protocolo padrão em estudos de biotecnologia vegetal, não apenas limitados à cultura da mandioca, mas também aplicados em diversas outras culturas agrícolas, destacando-se como uma ferramenta essencial para a engenharia genética de plantas (Haverkort *et al.*, 2009; Parmar *et al.*, 2017; Bapela *et al.*, 2022; Shi *et al.*, 2023).

A produção científica da China tem demonstrado notável desempenho na publicação em periódicos indexados na *Web of Science*, uma das principais bases indexadoras reconhecidas internacionalmente. Esse destaque foi observado e documentado pela UNESCO, refletindo o compromisso e o investimento significativos do país em pesquisa e desenvolvimento científico (Lewis *et al.*, 2021).

Entre os dez autores mais citados, podemos destacar dois pesquisadores chineses, Jia Xu (178 citações) e Yun Zeng (157 citações). Xu, publicou em 2013, na revista *Plant Physiology*, o estudo titulado como “Enhanced Reactive Oxygen Species Scavenging by Overproduction of Superoxide Dismutase and Catalase Delays Postharvest Physiological Deterioration of Cassava Storage Roots”, O estudo não apenas esclarece o mecanismo do processo de deterioração fisiológica pós-colheita (PPD), mas também desenvolve uma

abordagem eficaz para retardar a ocorrência do PPD na mandioca e abre norte, por exemplo, para novas pesquisas relacionadas com frutas e vegetais (Santos *et al.*, 2018; Meitha *et al.*, 2020). Por outro lado, Zeng publicou em 2010, no periódico *Nucleic Acids Research*, pesquisa nomeada como “Conservation and divergence of microRNAs and their functions in *Euphorbiaceous* plants”, o estudo, cujo propósito era investigar as funções dos miRNAs em *Euphorbiaceae*, conduziu à conclusão de que os resultados revelaram ampla conservação de muitos miRNAs e diversas funções em plantas dessa família durante o crescimento de mudas e em resposta a estresses abióticos. Esses achados estimularam a comunidade científica a empreender diversos trabalhos com mandioca em outras áreas (Sunkar *et al.*, 2012; Wang *et al.*, 2014; Li *et al.*, 2017; Fang *et al.*, 2021).

A mandioca, uma espécie amplamente cultivada, contém dois glicosídeos cianogênicos principais: linamarina e lotaustralina, com a linamarina predominando e representando mais de 80% dos glicosídeos cianogênicos. A linamarina está distribuída em toda a planta, com maior concentração na raiz e nas folhas. Apesar de todas as espécies de mandioca conterem cianeto, a presença da enzima que metaboliza a linamarina ajuda na desintoxicação (Cereda; Mattos, 1996; Sivan *et al.*, 2023). Um estudo significativo de Kirsten Jørgensen, publicado em 2005 na *Plant Physiology*, demonstrou a redução dos níveis de linamarina e lotaustralina nos tubérculos ao bloquear a síntese desses glicosídeos em folhas e pecíolos, orientando pesquisas subsequentes (Ramu *et al.*, 2017; Steinwand *et al.*, 2020; Shen *et al.*, 2023).

Entre os 10 cientistas mais citados, a figura 8 revela que Robert Mba e Martín Fregene, ambos colombianos, são proeminentes, com 167 e 149 citações, respectivamente. Esses números não apenas evidenciam a relevância e o impacto de suas contribuições na pesquisa sobre mandioca, mas também ressaltam o reconhecimento global de seus trabalhos na comunidade científica. Mba, em 2001, publicou no *Theoretical and Applied Genetics* um estudo sobre a criação de um mapa genético da mandioca baseado em marcadores SSR. Quatro anos antes, Fregene havia publicado no mesmo periódico um estudo inicial sobre o mapeamento molecular da mandioca. Ambos os estudos desempenharam um papel crucial na evolução das técnicas de mapeamento genético e na aplicação de marcadores moleculares para o melhoramento da mandioca.

Nos últimos anos, a utilização de marcadores moleculares, particularmente os SSR, tem se expandido significativamente. Estes marcadores, conhecidos por sua alta distribuição no genoma e por serem codominantes e multialélicos, têm se mostrado extremamente valiosos para

a caracterização de germoplasma e para o estudo da variabilidade genética em mandioca (Elias *et al.*, 2001; Campos; Caligari, 2017; Amelework *et al.*, 2022; Sivan *et al.*, 2023). A aplicabilidade dos SSR na criação de mapas genéticos e na análise de variabilidade genética reflete a importância dessas técnicas para o desenvolvimento de métodos eficientes e de baixo custo no melhoramento da mandioca, evidenciando o avanço contínuo e o impacto das pesquisas de Mba e Fregene nesta área.

6.1.3 Periódicos

Dentro do âmbito da diversidade de revistas, pode-se destacar as dez revistas que receberam o maior número de publicações. A avaliação da qualidade e relevância das revistas científicas é comumente realizada por meio do fator de impacto, fornecido pelo Journal Citation Reports (JCR), disponível na base de dados *Web of Science* (Pendlebury, 2009).

De acordo com Bar-Ilan (2008), este aspecto tem sido objeto de considerável debate e ampla discussão na literatura. Ele destaca que alguns pesquisadores defendem suas características positivas, da mesma forma, Masic *et al.* (2016) afirmam que a questão tem sido objeto de amplo debate, com muitos pesquisadores reconhecendo suas vantagens. Consequentemente, uma tendência observada é que artigos publicados em revistas científicas de alto fator de impacto têm uma probabilidade maior de serem lidos e, posteriormente, citados (Balaban, 2012; Torres-Salinas *et al.*, 2022). Essa afirmação é corroborada ao analisarmos o artigo mais citado, conforme evidenciado na tabela 1, onde o autor Kenneth Olsen publicou um estudo na revista *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, a qual possui um FI = 11,1.

Contudo, dentre as dez revistas com o maior número de publicações, conforme evidenciado na figura 6, apenas a *Plant Molecular Biology* (FI = 5,1) e a *Theoretical and Applied Genetics* (FI = 5,4) estão entre aquelas que possuem artigos mais citados. Por outro lado, o periódico *Genetic Molecular Research*, classificado em segundo lugar com o maior número de publicações, apresenta o menor FI entre as dez principais revistas (FI = 0,4). É relevante destacar que tais métricas são elaboradas pela Clarivate Analytics, entidade responsável por avaliar periódicos indexados na *Web of Science*, fornecendo uma perspectiva internacional sobre o impacto das revistas científicas (Kimura *et al.*, 2008). Essas métricas incluem o FI e outras análises relacionadas às citações de artigos publicados em periódicos específicos

(Domingues *et al.*, 2020).

6.1.4 Autores e co-autores

A produtividade dos autores não está necessariamente correlacionada com a quantidade de citações recebidas, uma vez que um autor pode publicar um grande número de artigos e obter poucas citações, enquanto outro pode receber um elevado número de citações em um menor número de artigos (Garfield, 2006). Dentre os dez autores e coautores que se destacaram pela quantidade de artigos produzidos, conforme evidenciado na Figura 8, podemos destacar o Martin Fregene, Diretor de Agricultura e Agroindústria do *African Development Bank*.

Martín Fregene se destaca como o pesquisador mais prolífico em genética da mandioca, com seu primeiro estudo publicado em 1994 na *Theoretical and Applied Genetics*. Sua posição de destaque é evidenciada pelo fato de ele ser o autor do décimo estudo mais citado, conforme a Tabela 1. Fregene é o único entre os pesquisadores mais produtivos a figurar entre os mais citados, reflexo de sua carreira prolongada e colaboração extensa com instituições e pesquisadores. Entre os outros autores com publicações significativas estão Ming Peng (27 publicações), Wenquan Wang (23) e Wei Hu (16) ambos de instituições chinesas que emergiram após 2014. Esse crescimento é impulsionado pelo investimento substancial da China em pesquisa, contrastando com o Brasil, que enfrenta desafios devido a cortes no financiamento desde 2016 (de Negri, 2021; Zhao *et al.*, 2021).

Apesar das dificuldades na inclusão de periódicos chineses e periféricos em bases de dados internacionais (Hasan; Singh, 2015), o investimento em pesquisa da China tem promovido um aumento significativo na produção científica internacional, como indicam estudos recentes (Jin *et al.*, 2023; Lewis *et al.*, 2021; Zhao *et al.*, 2021). No Brasil, Oliveira e Nassar são os únicos pesquisadores entre os mais prolíficos; Oliveira trabalha na Embrapa Mandioca e Fruticultura, com foco em genética molecular e melhoramento de plantas, com notáveis colaborações internacionais. Por outro lado, Nassar é professor da Universidade de Brasília, com um longo histórico de pesquisa relacionado à conservação de germoplasma e, também, à identificação de novas variedades e espécies de *Manihot*.

Nos Estados Unidos da América, Jean Luc Jannink do *United States Department of Agriculture - Agricultural Research Service - USDA-ARS* e Peter Kulakow da *Kansas State University* são destacados por suas contribuições ao melhoramento genético e fitorremediação.

Joe Tohme, do *CIAT*, e Ismael Y. Rabbi, do *IITA*, também são notáveis, com contribuições significativas para a genética de mandioca e o desenvolvimento de variedades para a África Ocidental, respectivamente.

6.1.5 Países e Instituições

Em relação aos países e instituições líderes em pesquisa sobre genética de mandioca, a China destaca-se como o país com maior produção científica. Instituições como a *Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences* e a *Hainan University* são proeminentes nesse contexto. A China tem investido substancialmente na formação de pesquisadores, o que, segundo Menelau *et al.* (2019), contribui para seu avanço na pesquisa agrícola e na inovação.

O Brasil é o segundo país com maior produção científica, com a Embrapa sendo a principal instituição nacional. A Embrapa tem desempenhado um papel crucial na pesquisa sobre genética de mandioca, como evidenciado por Vanz *et al.* (2022) e Alves (2023). Essa colaboração entre a Embrapa e outras instituições brasileiras tem impulsionado o desenvolvimento de novas variedades e aplicado metodologias modernas adaptadas às necessidades locais.

França e Itália também se destacam, com instituições como o *CGIAR* e o *IRD* na França, e a *Alliance* na Itália, contribuindo significativamente para a pesquisa. O *CGIAR*, criado em 1972, continua a abordar desafios globais relacionados à segurança alimentar, enquanto a *Alliance Bioversity International* e o *IRD* focam em soluções para a pobreza e mudanças climáticas (Hardin, 2008; Hunter *et al.*, 2020; Vernooy *et al.*, 2023; Rumpel *et al.*, 2020).

A Colômbia, com o *CIAT*, e a Tailândia, com a *Mahidol University*, também têm se destacado. O *CIAT*, agora parte da *Alliance*, e o Instituto de Biosciências Moleculares da *Mahidol University* são exemplos de instituições comprometidas com a pesquisa e inovação em genética de mandioca e outras áreas (Srimaserm, 2015).

A colaboração internacional, exemplificada pelo Projeto *NextGen Cassava*, uma iniciativa envolvendo a *Fundação Bill e Melinda Gates* e o *DFID*, demonstra como a cooperação entre instituições e países pode acelerar o avanço na pesquisa genética da mandioca. Esse projeto não só contribui para a segurança alimentar, mas também promove o desenvolvimento sustentável (Ogunyinka; Oguntuase, 2020; Abah, 2023). A integração de recursos e conhecimentos técnicos por meio dessa rede colaborativa é crucial para transformar

descobertas científicas em soluções práticas, impactando positivamente as comunidades que dependem da mandioca.

6.1.6 Ocorrências de palavras-chave

Examinando a nuvem de palavras-chave apresentadas na figura 13, observa-se que "*Cassava*" emerge como o termo mais frequente. Isso denota uma concentração do estudo em temas associados à mandioca, abrangendo sua biologia, cultivo, genética ou aplicações. Em seguida, "*Manihot esculenta*" também se evidencia, indicando um enfoque específico na espécie botânica da mandioca. A inclusão do termo "*Genetic*" sugere uma possível exploração de questões genéticas pertinentes à mandioca, tais como variação genética, melhoramento genético ou genômica.

A escolha cuidadosa das palavras-chave é fundamental em qualquer análise de dados científicos, pois desempenham papel crucial na indexação e descoberta dos trabalhos acadêmicos (Booth *et al.*, 2021). Estratégias sistemáticas para identificar as palavras-chave mais relevantes são essenciais, como discutido por Chandler *et al.* (2019). A transparência e o rigor na escolha e relato das palavras-chave são essenciais para garantir a replicabilidade e a confiabilidade dos resultados (Moher *et al.*, 2009).

As palavras-chave são a base da análise de dados, permitindo identificar padrões, tendências e lacunas no conhecimento acadêmico (Moraes; Kafure, 2020). Elas também facilitam a comunicação e colaboração entre os pesquisadores, fornecendo linguagem comum para descrever e categorizar os temas de pesquisa (Jette *et al.*, 2010). A compreensão do papel central das palavras-chave na análise de dados é essencial para uma pesquisa rigorosa e significativa em qualquer área de estudo (Tricco *et al.*, 2018).

6.2 Dados qualitativos

6.2.1 Tendências temporais das principais ferramentas moleculares

A evolução das técnicas moleculares na pesquisa genética da mandioca reflete o progresso substancial da tecnologia científica ao longo das últimas décadas. Desde a introdução dos MAD em 1978, estes se destacam por sua capacidade de fornecer dados sobre

características físicas e agronômicas das plantas, houve uma clara transição para métodos moleculares mais sofisticados, acompanhando a crescente complexidade dos estudos genéticos (Nassar, 1978; Adjebeng-Danquah *et al.*, 2020; Balogun *et al.*, 2022).

A partir de 1996, os SSR emergiram como uma ferramenta crucial para a análise da variabilidade genética, permitindo uma resolução detalhada das diferenças genéticas entre indivíduos e populações. Os SSRs, caracterizados por seu elevado polimorfismo e distribuição genômica ampla, proporcionam uma compreensão refinada da diversidade genética e das relações evolutivas dentro de populações de mandioca (Ou *et al.*, 2018; Vinarao *et al.*, 2019; Dissanayake *et al.*, 2020). A ampla aplicação dos SSRs, com 60 registros, demonstra sua eficácia na análise de diversidade e no mapeamento genético, destacando sua importância contínua na pesquisa (Dougnon *et al.*, 2021).

Em contraste, as ISO, introduzidas em 1987, representaram um avanço na diferenciação genética com base na variação das atividades enzimáticas. No entanto, devido às suas limitações na resolução de variantes genéticas e à evolução das técnicas, foram gradualmente substituídas por métodos mais avançados (Resende *et al.*, 2004; Boonrueng *et al.*, 2016; Qi *et al.*, 2022). Com o surgimento do RAPD a partir de 1994, foi possível oferecer uma abordagem inovadora para detectar variações genéticas sem a necessidade de sequências de DNA conhecidas (Marmey *et al.*, 1993). Embora o RAPD tenha desempenhado um papel importante no desenvolvimento inicial da genética molecular em mandioca, ela acabou sendo gradualmente substituída por técnicas mais precisas, como SNPs e qRT-PCR (Vieira *et al.*, 2011; Vieira *et al.*, 2013; Ogbonna *et al.*, 2021; Huang *et al.*, 2021).

A PCR, introduzida em 1994, revolucionou a amplificação de DNA, proporcionando uma ferramenta essencial para a pesquisa genética com alta especificidade e sensibilidade. A aplicação contínua da PCR, refletida em 36 registros, demonstra sua importância na amplificação e análise de sequências de DNA, sendo fundamental para uma variedade de estudos moleculares (Houngue *et al.*, 2019; Freitas *et al.*, 2020; Xavier *et al.*, 2021).

Os SNPs em 2004 representaram uma mudança significativa na capacidade de detecção de variações genéticas. Os SNPs oferecem uma resolução extremamente alta, permitindo a análise detalhada de variantes genéticas com implicações importantes para a genotipagem e estudos de associação genômica. A alta frequência de uso dos SNPs, com 28 registros, evidencia sua relevância na pesquisa genética moderna (Albuquerque *et al.*, 2019; Alves-Pereira *et al.*, 2020; Uchendu *et al.*, 2021).

A partir de 2013, a qRT-PCR proporcionou uma nova perspectiva na quantificação da expressão gênica. Esta técnica permite a medição precisa dos níveis de expressão de RNA, fornecendo uma visão detalhada dos processos regulatórios e das respostas moleculares em diferentes condições. A aplicação crescente do qRT-PCR, com 24 registros, reflete seu papel crucial na análise da expressão gênica e na investigação de mecanismos regulatórios (Behnam *et al.*, 2019; Huang *et al.*, 2020; Zhu *et al.*, 2021).

O RNA-seq, introduzido em 2014, trouxe uma revolução na análise da transcriptômica, permitindo a quantificação abrangente e a identificação de novos transcritos. A aplicação do RNA-seq, com 21 registros, tem possibilitado uma compreensão detalhada da expressão gênica em diferentes condições fisiológicas e etapas de desenvolvimento, proporcionando descobertas valiosas sobre a regulação gênica (Yang *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2021).

Simultaneamente, a técnica GBS, também introduzida em 2014, integrou o sequenciamento de nova geração com métodos de genotipagem, permitindo uma análise eficiente e econômica de grandes conjuntos de dados genéticos. A presença contínua da GBS até 2022, com 12 registros, demonstra sua importância na análise genômica de alta densidade e na identificação de variantes genéticas associadas a características fenotípicas (Wolfe *et al.*, 2019; Morales *et al.*, 2020; Rabbi *et al.*, 2022).

O QTL, utilizado desde 2000, continua a ser um componente crucial para identificar regiões genômicas associadas a características quantitativas, como produtividade e resistência a doenças. A aplicação persistente da QTL, refletida em 11 registros, destaca sua relevância na compreensão dos fatores genéticos que influenciam características complexas e na seleção de variedades com atributos desejáveis (Barrera *et al.*, 2020; Srisawad *et al.*, 2023).

A evolução das ferramentas moleculares ilustra uma progressão contínua na capacidade de análise genética, com uma substituição gradual de técnicas mais antigas por metodologias modernas que oferecem maior precisão e resolução. Cada técnica tem contribuído para o avanço do conhecimento genético da mandioca, adaptando-se às novas tecnologias e necessidades científicas (Aráujo, 2017).

6.2.2 Análise qualitativa da distribuição de artigos por temática

A análise da distribuição temática dos artigos sobre genética da mandioca revela uma ampla e diversificada gama de interesses e abordagens no campo da pesquisa. O grupo de

biologia vegetal domina a produção científica, com um total de 279 artigos, refletindo a robusta investigação nas áreas relacionadas ao funcionamento e às interações biológicas das plantas (Feng *et al.*, 2019; Huang *et al.*, 2020). Dentro desse grupo, a subcategoria molecular se destaca com 236 publicações, demonstrando uma clara ênfase em técnicas e metodologias moleculares para explorar aspectos genéticos e bioquímicos das plantas. A preponderância de estudos moleculares indica uma crescente valorização das abordagens de alta resolução na elucidação de processos biológicos complexos (dos Santos-Silva *et al.*, 2021; Yin *et al.*, 2022).

No contexto do melhoramento de plantas, que abrange 212 artigos, observa-se uma significativa concentração na subcategoria de fitossanidade, com 108 publicações, ressaltando a importância da saúde das plantas e da demanda por variedades resistentes a doenças e estresses ambientais (Yang *et al.*, 2019; Freitas *et al.*, 2020; Ige *et al.*, 2021). A combinação de pré-melhoramento e abordagens moleculares, que somam 42 e 47 artigos, respectivamente, demonstra uma abordagem integrada que combina práticas tradicionais de melhoramento com novas metodologias para a otimização genética (Adu *et al.*, 2018; Phosaengsri *et al.*, 2019; Chiewchankaset *et al.*, 2022).

O grupo de genética da conservação registra 147 artigos, com a subcategoria de Genética de populações/genômica de populações liderando com 103 publicações (Kamanda *et al.*, 2020; Ogbonna *et al.*, 2021). Esse destaque reflete a importância da conservação da diversidade genética e a complexidade dos estudos voltados para a preservação dos recursos genéticos. As interseções com temas como Filogenia, Origem, Evolução e Domesticação e Etnobotânica sublinham a integração de diferentes áreas da genética da conservação, enfatizando a necessidade de abordagens multifacetadas para a compreensão e preservação da biodiversidade (Alves-Pereira *et al.*, 2020; You *et al.*, 2022; Wooding *et al.*, 2022).

A análise das técnicas omics revela uma forte ênfase em genômica e transcriptômica, com 88 e 66 artigos, respectivamente. A menor frequência de estudos em proteômica e metabolômica sugere que essas áreas ainda estão em desenvolvimento e não alcançaram o mesmo nível de maturidade e aplicação que as abordagens genômicas e transcriptômicas (Rauwane *et al.*, 2018; Drapal *et al.*, 2019; Esuma *et al.*, 2021; Sreekumar *et al.*, 2022). O aumento do interesse por abordagens integradas, como a combinação de genômica e transcriptômica, indica uma tendência crescente em utilizar metodologias complementares para obter uma visão mais detalhada e abrangente dos mecanismos genéticos e funcionais da mandioca (Yang *et al.*, 2019; Lozano *et al.*, 2021; Fu *et al.*, 2022). Esta integração de técnicas

reflete a busca por uma compreensão mais completa das interações genéticas e dos processos biológicos, destacando a importância da combinação de diferentes abordagens para aprofundar o conhecimento na área.

7. CONCLUSÃO

Neste estudo, aplicamos métodos cienciométricos e mapeamento científico para investigar a aplicação da genética na pesquisa sobre mandioca no período de 1960 a 2022.

A análise revelou um crescimento significativo na produção científica a partir de 1993, atingindo um ápice de publicações em 2018, refletindo um aumento no interesse e avanço da pesquisa.

Kenneth Olsen destacou-se como o autor mais citado e a revista *Euphytica* como o principal periódico na área. A China lidera a produção científica sobre genética de mandioca, seguida pelo Brasil, com a Embrapa sendo a instituição com o maior número de publicações. Esses achados evidenciam a importância da colaboração internacional e do intercâmbio de conhecimento para o progresso na pesquisa.

Observou-se uma evolução nas técnicas moleculares: os SSR, introduzidos em 1996, e os SNP, surgidos em 2004, têm sido fundamentais para a análise genética. PCR, com 37 registros, e o RAPD, surgido em 1994, foram essenciais nas fases iniciais, enquanto técnicas mais recentes como qRT-PCR, RNA-seq e GBS têm proporcionado avanços significativos em quantificação e análise genética.

A análise temática dos artigos mostrou um foco em biologia molecular e genética de populações, refletindo uma forte tendência para abordagens de alta resolução e técnicas integradas. A crescente aplicação de métodos genômicos e transcriptômicos, em comparação com as áreas de proteômica e metabolômica, indica uma busca por uma compreensão mais abrangente dos mecanismos genéticos e funcionais da mandioca.

Essa evolução nas técnicas e a diversidade de abordagens metodológicas evidenciam a adaptação contínua da pesquisa genética à medida que novas tecnologias e conhecimentos emergem, ressaltando a importância das metodologias modernas para o avanço da genética da mandioca.

REFERÊNCIAS

- ABAH, S. P. Smart genomic agriculture using high throughput screening technologies in cassava. **Centennial**, Umudike-Nigeria, v. 1, p. 191-203, 2023. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Okoye-Bc/publication/375519744_NRCRI-CENTENNIAL-BOOK-OF-READINGS/links/654d3cfbb1398a779d747171/NRCRI-CENTENNIAL-BOOK-OF-READINGS.pdf#page=191. Acesso em: 12 mai. 2022.
- ADJEBENG-DANQUAH, J.; MANU-ADUENING, J.; ASANTE, I. K.; AGYARE, R. Y.; GRACEN, V.; OFFEI, S. K. Genetic diversity and population structure analysis of Ghanaian and exotic cassava accessions using simple sequence repeat (SSR) markers. **Heliyon**, [S.l.] v. 6, n. 1, 2020. Disponível em: [https://www.cell.com/heliyon/fulltext/S2405-8440\(19\)36813-6](https://www.cell.com/heliyon/fulltext/S2405-8440(19)36813-6). Acesso em: 20 mai. 2022.
- ADU, M. O.; ASARE, P. A.; YAWSON, D. O.; NYARKO, M. A.; ABDUL RAZAK, A.; KUSI, A. K.; AMENORPE, G. The search for yield predictors for mature field-grown plants from juvenile pot-grown cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Plos one**, [S.l.] v. 15, n. 5, p. e0232595, 2020. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0232595>. Acesso em: 19 jun. 2022.
- AGUIAR, E. B.; BICUDO, Silvio J.; CURCELLI, F.; FIGUEIREDO, P. G.; CRUZ, S. C. S. Épocas de poda e produtividade da mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 46, n. 11, p.1463-1470, nov. 2011. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/HnJtfvVVv4x8mvrNHPwGM8F/?format=html&lang=pt>. Acesso em: 02 set. 2022.
- AGUILAR, A. G.; PINTO, A.; SEMELER, A.; SOARES, A. P. **Visualização de dados, informação e conhecimento**. Florianópolis: Editora UFSC, 2017. Disponível em: <https://editora.ufsc.br/2019/05/31/visualizacao-de-dados-informacao-e-conhecimento/>. Acesso em: 17 set. 2022.
- AGUILERA, J. G.; MARIM, B. G.; SETOTAW, T. A.; ZUFFO, A. M.; NICK, C.; DA SILVA, D. J. Practices for the improvement of the agricultural resilience of the forage production in semiarid environment: a review. **Amazonian Journal of Plant Research**, [S.l.], v. 3, n. 4, p. 417-430, 2019. Amazonian Journal of Plant Research. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/335253273_The_combination_of_data_as_a_strategy_to_determine_the_diversity_of_tomato_subsamples. Acesso em: 27 fev. 2023.
- AJAYI, C. O.; OLUTUMISE, A. I. Determinants of food security and technical efficiency of cassava farmers in Ondo State, Nigeria. **International Food and Agribusiness Management Review**, [S.l.], v. 21, n. 7, p. 915-928, 2018. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/327320349_Determinants_of_food_security_and_technical_efficiency_of_cassava_farmers_in_Ondo_State_Nigeria. Acesso em: 15 mai. 2023.
- AKSNES, D. W.; LANGFELDT, L.; WOUTERS, P. Citations, Citation Indicators, and Research Quality: an overview of basic concepts and theories. **Sage Open**, [S.l.], v. 9, n. 1, p.

215824401982957, jan. 2019. Disponível em:
<https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/2158244019829575>. Acesso em: 10 mai. 2023.

ALBUQUERQUE, A. S. **Mandioca para farinha: Aspectos históricos, etimológicos e morfoanatômicos**. A Embrapa Amazônia Oriental e o Agronegócio do Dendê no Pará. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2006. 16 p. Disponível em
<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/387992>. Acesso em: 14 abr. 2023.

ALBUQUERQUE, H. Y. G. D.; OLIVEIRA, E. J. D.; BRITO, A. C.; ANDRADE, L. R. B. D.; CARMO, C. D. D.; MORGANTE, C. V.; FALEIRO, F. G. Identification of duplicates in cassava germplasm banks based on single-nucleotide polymorphisms (SNPs). **Scientia Agricola**, [S.l.], v. 76, n. 1, p. 63-71, fev. 2019. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/sa/a/Tccpnt33vWxNB6PjxhFWsqD/?lang=en>. Acesso em: 17 abr. 2023.

ALBUQUERQUE, T. T. O.; MIRANDA, L. C. G.; SALIM, J.; TELES, F. F. F.; QUIRINO, J. G.; Composição centesimal da raiz de 10 variedades de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) cultivadas em Minas Gerais. **Revista Brasileira da Mandioca**, v.12, n.1, p.7-12, 1993. Disponível em: <https://biblat.unam.mx/pt/revista/revista-brasileira-de-mandioca/articulo/composicao-centesimal-da-raiz-de-10-variedades-de-mandioca-manihot-esculenta-crantz-cultivadas-em-minas-gerais>. Acesso em: 29 jun. 2023.

ALFENAS, A. C. **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa: Ufs, 1998. 574 p. Disponível em:
<https://www.scienceopen.com/book?vid=69a7b3fb-31ed-41c2-8eba-57d8b2f3a8b8>. Acesso em: 23 jun. 2023.

ALLEM, A. C. The origins and taxonomy of cassava. **Cassava: biology, production and utilization**, [S.l.], p. 1-16, jan. 2001. CABI Publishing. Disponível em: http://ciat-library.ciat.cgiar.org/Articulos_CIAT/cabi_04ch1.pdf. Acesso em: 29 mar. 2023.

ÁLVAREZ, E.; BELLOTTI, A. C.; CALVERT, L. A.; ARIAS V, B.; CADAVID LÓPEZ, L. F.; PINEDA LÓPEZ, B.; CEBALLOS, H. **Cassava in the third millennium: modern production, processing, use, and marketing systems**. Cali, 2012; p. 309-318. Disponível em: http://ciat-library.ciat.cgiar.org/Articulos_ciat/cassava_in_third_millennium_1.pdf#page=316. Acesso em: 11 abr. 2023.

ALVES-PEREIRA, A.; CLEMENT, C.R.; PICANÇO-RODRIGUES, D.; VEASEY, E.A.; DEQUIGIOVANNI, G.; RAMOS, S. L. F.; PINHEIRO, J. B.; ZUCCHI, M. I. Patterns of nuclear and chloroplast genetic diversity and structure of manioc along major Brazilian Amazonian rivers, **Annals of Botany**, [S.l.], v. 121, p. 625-639, 17 mar. 2018. Oxford University Press (OUP). Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29309531/>. Acesso em: 02 ago. 2023.

ALVES-PEREIRA, A.; CLEMENT, C. R.; PICANÇO-RODRIGUES, D.; VEASEY, E. A.; DEQUIGIOVANNI, G.; RAMOS, S. L. F.; ZUCCHI, M. I. A population genomics appraisal

suggests independent dispersals for bitter and sweet manioc in Brazilian Amazonia. **Evolutionary Applications**, [S.l.], v. 13, n. 2, p. 342-361, 19 out. 2019. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/eva.12873>. Acesso em 11 ago. 2023.

ALVES-PEREIRA, A.; NOVELLO, M.; DEQUIGIOVANNI, G.; PINHEIRO, J. B.; BRANCALION, P. H.; VEASEY, E. A.; BZUCCHI, M. I. Genomic diversity of three Brazilian native food crops based on double-digest restriction site-associated DNA sequencing. **Tropical Plant Biology**, [S.l.], v. 12, p. 268-281, jan. 2019. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/333704207_Genomic_Diversity_of_Three_Brazilian_Native_Food_Crops_Based_on_Double-Digest_Restriction_Site_Associated_DNA_Sequencing. Acesso em: 21 ago. 2023.

ALVES, E. Embrapa: um caso bem-sucedido de inovação institucional. **Revista de política agrícola**, [S.l.], v. 19, n. 5, p. 65-73, jul. 2023. Disponível em: <https://seer.sede.embrapa.br/index.php/RPA/article/view/1115>. Acesso em: 06 jun. 2023.

AMARAL, F. **Introdução à ciência de dados: mineração de dados e big data**. 1. Ed. [S.l.], p. 320, Alta Books, 2016.

AMELEWORK, A. B.; BAIRU M. W. Advances in Genetic Analysis and Breeding of Cassava (*Manihot esculenta* Crantz): a review. **Plants**, [S.l.], v. 11, n. 12, p. 1617, 20 jun. 2022. MDPI AG. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/12/1617>. Acesso em 05 abr. 2023.

ARÁUJO, L. A. L. **Evolução Biológica: da pesquisa ao ensino**. Porto Alegre, RS: Editora Fi, 2017. 520 p. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Gilberto-Vieira-5/publication/322885478_Admiravel_Mundo_Novo_Epigenetica/links/5a73cb67458515512077e147/Admiravel-Mundo-Novo-Epigenetica.pdf. Acesso em: 25 jun. 2023.

BALABAN, A. T. Positive and negative aspects of citation indices and journal impact factors. **Scientometrics**, [S.l.], v. 92, n. 2, p. 241-247, 26 jan. 2012. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://ideas.repec.org/a/spr/scient/v92y2012i2d10.1007_s11192-012-0637-5.html. Acesso em: 12 ago. 2023.

BAR-ILAN, J. Informetrics at the beginning of the 21st century—A review. **Journal of Informetrics**, [S.l.], v. 2, n. 1, p. 1-52, jan. 2008. Elsevier BV. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1751157707000740>. Acesso em: 25 ago. 2023.

BAPELA, T.; SHIMELIS, H.; TSILO, T. J.; MATHEW, I. Genetic Improvement of Wheat for Drought Tolerance: progress, challenges and opportunities. **Plants**, [S.l.], v. 11, n. 10, p. 1331, 18 maio 2022. MDPI AG. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/10/1331>. Acesso em: 10 set. 2023.

BARBOSA, S. D. J.; SILVEIRA, M. S.; GASPARINI, I. What publications metadata tell us

about the evolution of a scientific community: the case of the brazilian human-computer interaction conference series. **Scientometrics**, [S.l.], v. 110, n. 1, p. 275-300, 22 out. 2016. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://ideas.repec.org/a/spr/scient/v110y2017i1d10.1007_s11192-016-2162-4.html. Acesso em: 01 abr. 2023.

BARRERA, A. D. P.; SOTO-SEDANO, J.; LOPEZ CARRASCAL, C. E. Identificación de polimorfismos en el gen RXAM1 de yuca y su asociación con la resistencia a la bacteriosis vascular. **Acta Biológica Colombiana**, [S.l.], v. 25, n. 2, p. 185-193, 1 maio 2020. Universidad Nacional de Colombia. Disponível em: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0120-548X2020000200185. Acesso em: 12 jun. 2023.

BARROS, P. P. V.; AGUILERA, J. G.; REZENDE, J. R. M.; TAVEIRA, A. C.; MARTINS, W. C.; ABREU, M. S.; ZUFFO, A. M. MARTÍNEZ, L. A. Diversidade Genética Entre Acessos de Mandioca Por Meio de Caracteres Agronômicos. **Ensaio e Ciência: Ciências Biológicas, Agrárias e da Saúde**, [S.l.], v. 24, n. 1, p. 29-35, 27 maio 2020. Editora e Distribuidora Educacional. Disponível em: <https://ensaioseciencia.pgsscogna.com.br/ensaiociencia/article/view/7481>. Acesso em: 10 jul. 2023.

BARROS, E. G.; SOUZA, T. L. P. O. Biotecnologia aplicada à cultura do feijoeiro. In: Cançado, G. M. A.; Londe, L.N. Biotecnologia aplicada à agropecuária. **Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais**, [S.l.], p. 648, 2012. Disponível em: <https://livrariaepamig.com.br/wp-content/uploads/2022/07/Livro-Biotecnologia-aplicada-pgs-iniciais.pdf>. Acesso em: 07 ago. 2023.

BASKARAN, A. UNESCO science report: towards 2030. **Institutions and Economies**, [S.l.], p. 125-127, 2016. Disponível: <https://uis.unesco.org/sites/default/files/documents/unesco-science-report-towards-2030-part1.pdf>. Acesso em: 19 mai. 2023.

BEECHING, J. An Assessment of Genetic Diversity Within a Collection of Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) Germplasm Using Molecular Markers. **Annals of Botany**, [S.l.], v. 72, n. 6, p. 515-520, dez. 1993. Oxford University Press (OUP). Disponível em: <https://researchportal.bath.ac.uk/en/publications/an-assessment-of-genetic-diversity-within-a-collection-of-cassava>. Acesso em: 27 mar 2023.

BEHNAM, B.; BOHORQUEZ-CHAUX, A.; CASTANEDA-MENDEZ, O. F.; TSUJI, H.; ISHITANI, M.; BECERRA LOPEZ-LAVALLE, L. A. An optimized isolation protocol yields high-quality RNA from cassava tissues (*Manihot esculenta* Crantz). **Febs Open Bio**, [S.l.], v. 9, n. 4, p. 814-825, 20 fev. 2019. Wiley. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30984554/>. Acesso em: 11 nov 2023.

BALOGUN, I.; GARNER, E.; AMER, P.; FENNESSY, P.; TEEKEN, B.; OLAOSEBIKAN, O.; ABOLORE, B.; MADU, T.; OKOYE, B.; SANTOS, B.. From traits to typologies: piloting new approaches to profiling trait preferences along the cassava value chain in nigeria. **Crop Science**, [S.l.], v. 62, n. 1, p. 259-274, jan. 2022. Wiley. Disponível em:

<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/csc2.20680>. Acesso em: 18 nov 2023.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora da UFV, 2021. Disponível em: <https://repositorio.usp.br/item/003074253>. Acesso em: 01 nov. 2023.

BORNMAN, Lutz. What is societal impact of research and how can it be assessed? a literature survey. **Journal of the American Society for Information Science and Technology**, [S.l.], v. 64, n. 2, p. 217-233, 17 dez. 2012. Wiley. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/asi.22803>. Acesso em: 12 set. 2023.

BOONRUENG, C.; TANGPRANOMKORN, S.; YAZHISAI, U.; SIRIKANTARAMAS, S. Molecular cloning, subcellular localization and characterization of two adenylate kinases from cassava, *Manihot esculenta* Crantz cv. KU50. **Journal of Plant Physiology**, [S.l.], v. 204, p. 66-73, out. 2016. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27518222/>. Acesso em: 15 mai. 2023.

BORGES, A. L. **Recomendações de calagem e adubação para abacaxi, acerola, banana, citros, mamão, mandioca, manga e maracujá**. Embrapa, [S.l.], p. 13-303, 2021. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1134518>. Acesso em: 12 jun. 2023.

BÖRNER, K.; CHEN, C.; BOYACK, K. W. Visualizing knowledge domains. **Annual Review of Information Science and Technology**, [S.l.], v. 37, n. 1, p. 179-255, jan. 2003. Wiley. Disponível em: <https://cns.iu.edu/images/pub/2003-borner-arist.pdf> Acesso em: 23 jun. 2023.

BOOTH, A.; JAMES, M. S.; CLOWES, M.; SUTTON, A. **Systematic approaches to a successful literature review**. [S.l.], SAGE Publications Ltd, ed.3, p. 1-100, 2021. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/235930866_Systematic_Approaches_to_a_Successful_Literature_Review. Acesso em: 30 set. 2023.

BRITO, L. F.; BEDERE, N.; DOUHARD, F.; OLIVEIRA, H. R.; ARNAL, M.; PEÑAGARICANO, F.; SCHINCKEL, A. P.; BAES, C. F.; MIGLIOR, F. Review: genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. **Animal**, [S.l.], v. 15, p. 100292, dez. 2021. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34294547/>. Acesso em: 11 jun. 2023.

CALLON, H. M.; COURTIAL, J. P.; PENAN, H. **Cienciometría: la medición de la actividad científica: de la bibliometría a la vigilancia tecnológica**: Trea, [S.l.], v. 6, p. 1-110, 1995. Disponível em: https://books.google.com.br/books/about/Cienciometr%C3%ADa.html?hl=pt-BR&id=nTdONAAACAAJ&redir_esc=y. Acesso em: 11 nov. 2023.

CARMO, C. D. D.; SILVA, M. S. D.; OLIVEIRA, G. A. F.; OLIVEIRA, E. J. D. Molecular-assisted selection for resistance to cassava mosaic disease in *Manihot esculenta* Crantz. **Scientia Agricola**, [S.l.], v. 72, n. 6, p. 520-527, dez. 2015. FapUNIFESP (SciELO).

Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sa/a/qFQGMFHyHRWwMw78fwNzM4F/>. Acesso em: 05 mai. 2023.

CARVALHO, P. C. L. Classificação botânica. **Mandioca: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Embrapa Informação Tecnológica**, Brasília, p. 18-21, 2006. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/120506>. Acesso em: 25 set. 2023.

CARVALHO, M. S. R. M. A trajetória da Internet no Brasil: do surgimento das redes de computadores à instituição dos mecanismos de governança. **Unpublished Estudos de Ciência e Tecnologia no Brasil**, [S.l.], UFRJ, 2006. Disponível: <https://www.cos.ufrj.br/uploadfile/1430748034.pdf>. Acesso em: 12 jul. 2023.

CEBALLOS, H. Taxonomia e morfologia de la Yuca. In: OSPINA, I.A.; CEBALLOS, H. La Yuca en el tercer milenio. **CIAT, Publicacion**, p. 17-327, 2002. Disponível: <https://cgspace.cgiar.org/items/43e08b34-427a-41c9-b685-f2c94550ea73>. Acesso em 18 jun. 2023.

CAMPOS, H.; CALIGARI, P. **Genetic improvement of tropical crops**. Springer, p. 129-180, 2017. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-319-59819-2>. Acesso em: 19 jul. 2023.

CEBALLOS, H.; IGLESIAS, C. A.; PÉREZ, J. C.; DIXON, A. G. O. Cassava breeding: opportunities and challenges. **Plant Molecular Biology**, [S.l.], v. 56, n. 4, p. 503-516, nov. 2004. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11103-004-5010-5>. Acesso em: 18 abr. 2023.

CEBALLOS, H.; KULAKOW, P.; HERSHEY, C. Cassava Breeding: current status, bottlenecks and the potential of biotechnology tools. **Tropical Plant Biology**, [S.l.], v. 5, n. 1, p. 73-87, 22 jan. 2012. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://cgspace.cgiar.org/items/914812bf-caa9-4579-a6f9-7214ad5d9fdf>. Acesso em: 19 jul. 2023.

CEREDA, M. P.; MATTOS, M. C. Y. Linamarin: the toxic compound of cassava. **Journal of Venomous Animals and Toxins**, [S.l.], v. 2, n. 1, p. 06-12, 1996. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/jvat/a/RQmm69V9kWGw3g5qfLHBFqF/>. Acesso em: 27 fev. 2023.

CHANDLER, J.; CUMPSTON, M.; LI, T.; PAGE, M. J.; WELCH, V. J. H. W. **Cochrane handbook for systematic reviews of interventions**. Hoboken: Wiley, 2019.

CHEN, L.; CHEN, L.; ZUO, L.; GAO, Z.; SHI, Y.; YUAN, P.; HAN, S.; YIN, J.; PENG, B.; HE, X. Short Communication: long noncoding rna gas5 inhibits hiv-1 replication through interaction with mir-873. **Aids Research and Human Retroviruses**, [S.l.], v. 34, n. 6, p. 544-549, jun. 2018. Mary Ann Liebert Inc. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29620929/>. Acesso em: 12 mai 2023.

CHIEWCHANKASET, P.; THAI PRASIT, J.; KALAPANULAK, S.; WOJCIECHOWSKI,

T.; BOONJING, P.; SAITHONG, T. Effective Metabolic Carbon Utilization and Shoot-to-Root Partitioning Modulate Distinctive Yield in High Yielding Cassava Variety. **Frontiers in Plant Science**, [S.l.], v. 13, p. 832304, 16 fev. 2022. Anual. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2022.832304/full>./. Acesso em: 30 out. 2023.

CHISTÉ, R. C.; COHEN, K. O.; MATHIAS, E. A.; OLIVEIRA, S. S. Quantificação de cianeto total nas etapas de processamento das farinhas de mandioca dos grupos seca e d'água. **Acta Amazonica**, [S.l.], v. 40, n. 1, p. 221-226, mar. 2010. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/aa/a/LkLRVRKhgfRCJ6FRnsm3CC/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 05 nov. 2023.

CIAT, International Center for Tropical Agriculture. Disponível em: <https://ciat.cgiar.org/what-we-do/breeding-better-crops/rooting-for-cassava/>, 2022.

COBO, M. J.; LÓPEZ-HERRERA, A. G.; HERRERA-VIDEIRA, E.; HERRERA, F. Science mapping software tools: review, analysis, and cooperative study among tools. **Journal of The American Society for Information Science and Technology**, [S.l.], v. 62, n. 7, p. 1382-1402, 2 maio 2011. Wiley. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/asi.21525>. Acesso em: 11 jul. 2023.

COBO, M. J.; LÓPEZ-HERRERA, A. G.; HERRERA-VIDEIRA, E.; HERRERA, F. SciMAT: a new science mapping analysis software tool. **Journal of The American Society for Information Science and Technology**, [S.l.], v. 63, n. 8, p. 1609-1630, 2 jul. 2012. Wiley. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/230760570_SciMAT_A_new_science_mapping_analysis_software_tool. Acesso em: 09 fev. 2023.

COLOMBO, C.; SECOND, G.; CHARRIER, A. Genetic relatedness between cassava (*Manihot esculenta* Crantz) and *M. flabellifolia* and *M. Peruviana* based on both RAPD and AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, [S.l.], v. 23, n. 2, p. 417-423, jun. 2000. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/gmb/a/N3YB4rjzj7YzP8dfNKbW6Dt/?lang=en>. Acesso em: 01 mar. 2023.

CONCEIÇÃO, A. J. DA. **A mandioca**. 3. ed., Nobel, São Paulo, p. 382, 1987. Disponível em: [https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta/busca?b=ad&biblioteca=vazio&busca=\(autoria:%22CONCEI%C3%87%C3%83O,%20A.%20J.%20da.%22\)](https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta/busca?b=ad&biblioteca=vazio&busca=(autoria:%22CONCEI%C3%87%C3%83O,%20A.%20J.%20da.%22)). Acesso em: 07 abr. 2023.

CORDEIRO, I.; SECCO, R.; SILVA, M. J. DA; SODRÉ, R. C.; MARTINS, M. L. L. **Manihot na lista de espécies da flora do Brasil**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro, v. 14, 2015.

CORRÊA, R. X.; COSTA, M. R.; GOOD-GOD, P. I.; RAGAGNIN, V. A.; FALEIRO, F. G.; MOREIRA, M. A.; DE BARROS, E. G. Sequence Characterized Amplified Regions Linked to Rust Resistance Genes in the Common Bean. **Crop Science**, [S.l.], v. 40, n. 3, p. 804-807,

maio 2000. Wiley. Disponível em:

https://oasisbr.ibict.br/vufind/Record/UFV_44b232e48ca2f56cc7563b2be2243a25. Acesso em: 23 de ago. 2023.

CORREIA, A.; PAREDES, H.; FONSECA, B. Scientometric analysis of scientific publications in CSCW. **Scientometrics**, [S.l.], v. 114, n. 1, p. 31-89, 4 nov. 2017. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/320861763_Scientometric_analysis_of_scientific_publications_in_CSCW. Acesso em: 08 abr. 2023.

COSTA, J. A. D.; SOUZA, J. P. D.; TEIXEIRA, A. P.; NABOUT, J. C.; CARNEIRO, F. M. Eutrophication in aquatic ecosystems: a scientometric study. **Acta Limnologica Brasiliensia**, [S.l.], v. 30, p. 2, 12 mar. 2018. Disponível em: FapUNIFESP (SciELO). <https://www.scielo.br/j/alb/a/S3rGPcYCNPTDb3gfMszykSv/?lang=en>. Acesso em: 14 mai. 2023.

COSTA, C.; SCHURR, U.; LORETO, F.; MENESATTI, P.; CARPENTIER, S. Plant Phenotyping Research Trends, a Science Mapping Approach. **Frontiers in Plant Science**, [S.l.], v. 9, p. 1933, 7 jan. 2019. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2018.01933/full>. Acesso em: 18 set. 2023.

CAMARGO, L. S. de; BARBOSA, R. R. Bibliometria, cienciometria e um possível caminho para a construção de indicadores e mapas da produção científica. **Ponto de acesso**, [S.l.], v. 12, n. 3, p. 109, 11 jul. 2019. Universidade Federal da Bahia. Disponível em: <https://periodicos.ufba.br/index.php/revistaici/article/view/28408>. Acesso em: 11 abr. 2023.

DE MACEDO RIBEIRO, J. O **Sistema Produtivo da Mandioca e seu Aproveitamento Industrial no Estado da Bahia: mandioca: a raiz necessária ao consumo**. Editora Dialética, v. 1, p. 1-256, 2021. Disponível em: <https://loja.editoradialetica.com/humanidades/o-sistema-produtivo-da-mandioca-e-seu-aproveitamento-industrial-no-estado-da-bahia-mandioca-a-raiz-necessaria-ao-consumo>. Acesso em: 09 mai. 2023.

DE OLIVEIRA, E. J.; FERREIRA, C. F.; DA SILVA SANTOS, V.; DE JESUS, O. N.; OLIVEIRA, G. A. F.; DA SILVA, M. S. Potential of SNP markers for the characterization of Brazilian cassava germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, [S.l.], v. 127, n. 6, p. 1423-1440, 16 abr. 2014. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24737135/>. Acesso em: 17 jun. 2023.

DE PEDRI, E. C. M.; DOS SANTOS, L. L.; WOLF, M. S.; TIAGO, A. V.; DOS SANTOS CARDOSO, E.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; ROSSI, A. A. B. Diversidade genética entre etnovariedades de mandioca cultivadas no estado de Mato Grosso, Brasil. **Revista Principia - Divulgação Científica e Tecnológica do IFPB**, [S.l.], v. 60, n. 2, p. 581, 30 jun. 2023. Instituto Federal de Educacao, Ciencia e Tecnologia da Paraiba. Disponível em: <https://periodicos.ifpb.edu.br/index.php/principia/article/viewFile/6276/1935>. Acesso em: 20 out. 2023.

DEL ROSARIO-ARELLANO, J. L.; MENESES-MÁRQUEZ, I.; LEYVA-OVALLE, O. R.; AGUILAR-RIVERA, N.; BOLIO-LÓPEZ, G. I.; ANDRÉS-MEZA, P. Morphoagronomic and industrial performance of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm for the production of starch and solid byproducts. **Aims Agriculture and Food**, [S.l.], v. 5, n. 4, p. 617-634, 2020. American Institute of Mathematical Sciences (AIMS). Disponível em: <https://www.aimspress.com/article/10.3934/agrfood.2020.4.617>. Acesso em: 11 mai. 2023.

DI BITETTI, M. S.; FERRERAS, J.A. Publish (in English) or perish: the effect on citation rate of using languages other than english in scientific publications. **Ambio**, [S.l.], v. 46, n. 1, p. 121-127, 29 set. 2016. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27686730/>. Acesso em: 18 jul. 2023.

DJAMI-TCHATCHOU, A. T.; SANAN-MISHRA, N.; NTUSHELO, K.; DUBERY, I. A. Functional Roles of microRNAs in Agronomically Important Plants—Potential as Targets for Crop Improvement and Protection. **Frontiers in Plant Science**, [S.l.], v. 8, p. 242053, 22 mar. 2017. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2017.00378/full>. Acesso em: 10 abr. 2023.

DOBROV, G. M.; KARENNOI, A. A. The informational basis of scientometrics. In: MIKHAILOV, A. I. (Ed.). **On theoretical problems of informatics**. Moscou: All-Union Institute for Scientific and Technical Information, p. 165-191, 1969. Disponível em: https://books.google.com.br/books/about/On_Theoretical_Problems_of_Informatics.html?id=HmbyvwEACAAJ&redir_esc=y. Acesso em: 24 jun. 2023

DOMINGUES, R. S.; CASSARO, C. V.; SANTOS, L. D.; NUNES, H. R. C.; SIMIONATO, J. S.; SHINTAKU, M.; BARRAVIERA, B. Evolução histórica do Fator de Impacto (FI) na base Web of Science (WoS) dos periódicos do Brasil entre 2008 e 2018. **Ciência da Informação em Revista**, [S.l.], v. 7, p. 01-09, 30 mar. 2020. Universidade Federal de Alogas. Disponível em: <https://www.seer.ufal.br/index.php/cir/article/view/9374/7254>. Acesso em: 02 ago. 2023.

DOUGNON, T. V.; HOUNSA, E.; AGBODJENTO, E.; KOUDOKPON, H.; LEGBA, B.; FABIYI, K.; DOUGNON, T. J. Toxicological Characterization of Ten Medicinal Plants of the Beninese Flora Used in the Traditional Treatment of Diarrheal Diseases. **Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine**, [S.l.], v. 2021, p. 1-13, 28 abr. 2021. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34007296/>. Acesso em: 14 set. 2023.

DOS SANTOS SILVA, P. P.; SOUSA, M. B. E.; DE OLIVEIRA, E. J.; MORGANTE, C. V.; DE OLIVEIRA, C. R. S.; VIEIRA, S. L.; BOREL, J. C. Genome-wide association study of drought tolerance in cassava. **Euphytica**, [S.l.], v. 217, n. 4, p. 1-26, 16 mar. 2021. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/350101165_Genome-wide_association_study_of_drought_tolerance_in_cassava. Acesso em: 20 set. 2023.

DRAPAL, M.; BARROS DE CARVALHO, E.; OVALLE RIVERA, T. M.; BECERRA LOPEZ-LAVALLE, L. A.; FRASER, P. D. Capturing Biochemical Diversity in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) through the Application of Metabolite Profiling. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, [S.l.], v. 67, n. 3, p. 986-993, 17 dez. 2018. American

Chemical Society (ACS). Disponível em:
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6346375/>. Acesso em: 03 ago. 2023.

DUPUTIÉ, A.; SALICK, J.; MCKEY, D. Evolutionary biogeography of *Manihot* (Euphorbiaceae), a rapidly radiating Neotropical genus restricted to dry environments. **Journal of Biogeography**, [S.L.], v. 38, n. 6, p. 1033-1043, 15 fev. 2011. Wiley. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/227631023_Evolutionary_biogeography_of_Manihot_Euphorbiaceae_a_rapidly_radiating_Neotropical_genus_restricted_to_dry_environments. Acesso em: 19 jul. 2023.

EKANAYAKE, I. J.; OSIRU, D. S. O.; PORTO, M. C. M. **Physiology of cassava. IITA Research Guide 55**. Training Program, IITA, Ibadan, Nigeria, 22 p., 1998. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/295903345_Physiology_of_Cassava_IITA_Research_Guide_55. Acesso em: 22 abr. 2023.

ELIAS, M.; PENET, L.; VINDRY, P.; MCKEY D.; PANAUD, O.; ROBERT, T. Unmanaged sexual reproduction and the dynamics of genetic diversity of a vegetatively propagated crop plant, cassava (*Manihot esculenta* Crantz), in a traditional farming system. **Molecular Ecology**, [S.l.], v. 10, n. 8, p. 1895-1907, ago. 2001. Wiley. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11555234/>. Acesso em: 29 mai. 2023.

ELIAS, M.; MÜHLEN, G. S.; MCKEY, D.; ROA, A. C.; TOHME, J. Genetic Diversity of Traditional South American Landraces of Cassava (*Manihot Esculenta* Crantz): an analysis using microsatellites. **Economic Botany**, [S.l.], v. 58, n. 2, p. 242-256, abr. 2004. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/225414477_Genetic_Diversity_of_Traditional_South_American_Landraces_of_Cassava_Manihot_Esculenta_Crantz_An_Analysis_Using_Microsatellites. Acesso em: 16 jul. 2023.

ELIAS, M.; PANAUDÀ, O.; ROBERT, T. Assessment of genetic variability in a traditional cassava (*Manihot esculenta* Crantz) farming system, using AFLP markers. **Heredity**, [S.l.], v. 85, n. 3, p. 219-230, 2000. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11012725/>. Acesso em: 30 mai. 2023.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Mandioca**. Brasília, 2016. Disponível: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1056630>. Acesso em: 17 set. 2023.

EMBRAPA. **Mandioca o pão do Brasil**. Brasília: Embrapa, 2005. Disponível em:
<http://livimagens.sct.embrapa.br/amostras/00076800.pdf>. Acesso em: 09 out. 2023.

EMPERAIRE, L.; MÜHLEN, G. S.; FLEURY, M.; ROBERT, T.; MCKEY, D.; PUJOL, B.; ELIAS, M. Approche comparative de la diversité génétique et de la diversité morphologique des maniocs en Amazonie (Brésil et Guyanes). **Les Actes du BRG**, v. 4, n. 2003, p. 247-267, 2003. Disponível em: https://horizon.documentation.ird.fr/exl-doc/pleins_textes/divers12-08/010033263.pdf. Acesso em: 17 ago. 2023.

ERIKSSON, D.; AKORODA, M.; AZMACH, G.; LABUSCHAGNE, M.; MAHUNGU, N.; ORTIZ, R. Measuring the impact of plant breeding on sub-Saharan African staple crops. **Outlook on Agriculture**, [S.l.], v. 47, n. 3, p. 163-180, set. 2018. SAGE Publications. Disponível em: <https://journals.sagepub.com/doi/10.1177/0030727018800723>. Acesso em: 23 fev. 2023.

ESUMA, W.; OZIMATI, A.; KULAKOW, P.; GORE, M. A.; WOLFE, M. D.; NUWAMANYA, E.; KAWUKI, R. S. Effectiveness of genomic selection for improving provitamin A carotenoid content and associated traits in cassava. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, [S.l.], v. 11, n. 9, p. 0-10, 8 maio 2021. Oxford University Press (OUP). Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8496257/>. Acesso em: 05 set. 2023.

FAO. Food And Agriculture Organization of the United Nations. Dados da produção mundial da mandioca, 2022.

FAO. Food And Agriculture Organization of the United Nations. Dados da produção mundial da mandioca, 2020.

FAO. Food And Agriculture Organization of the United Nations. The fifth educational module in a series of training materials for the implementation of the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Roma: FAO, 2017.

FAOSTAT – Statistics Database. Disponível em: <<http://www.faostat.fao.org/faostat>>, 2023.

FALEIRO, F. G.; LOPES, U. V.; YAMADA, M. M.; PIRES, J. L.; BAHIA, R. C. S.; SANTOS, R. S.; GOMES, L. M. C.; ARAÚJO, I. S.; FALEIRO, A. S. G.; GRAMACHO, K. P.; MELO, G. R. P.; MONTEIRO, W. R.; VALLE, R. R. Caracterização agrônômica de acessos de cacau. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 44, n. 4, p. 368-373, abr. 2009. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/XsVFJGtdG9cCrzyVWx9gwSF/>. Acesso em: 03 jul. 2023.

FALEIRO, F. G.; PIRES, J. L.; LOPES, U. V. Uso de marcadores moleculares RAPD e microsatélites visando a confirmação da fecundação cruzada entre *Theobroma cacao* e *Theobroma grandiflorum*. **Agrotrópica**, v. 15, p. 41-46, 2003. Disponível em: <https://repositorio-dspace.agricultura.gov.br/handle/1/1619>. Acesso em: 10 ago. 2023.

FANG, Y.; ZHENG, Y.; LU, W.; LI, J.; DUAN, Y.; ZHANG, S.; WANG, Y. Roles of miR319-regulated TCPs in plant development and response to abiotic stress. **The Crop Journal**, [S.l.], v. 9, n. 1, p. 17-28, fev. 2021. Elsevier BV. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214514120301197>. Acesso em: 29 fev. 2023

FARALDO, M. I. F.; SILVA, R. M. D.; ANDO, A.; MARTINS, P. S. Genetic variability of landraces of cassava in geographical regions of Brazil. **Scientia Agricola**, [S.l.], v. 57, p. 499-505, 2000. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/262497475_Genetic_variability_of_landraces_of_cassava_in_geographical_regions_of_Brazil. Acesso em: 12 mai. 2023.

FARIAS, A. R. N.; SOUZA, L. S.; MATTOS, P. L. P.; FUKUDA, W. M. G. **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. 1 ed. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 2006. Disponível em: <https://livimagens.sct.embrapa.br/amostras/00078600.pdf>. Acesso em: 18 jul. 2023.

FAROOQ, M.; REHMAN, A.; PISANTE, M. Sustainable Agriculture and Food Security. **Innovations in Sustainable Agriculture**, [S.l.], p. 3-24, 2019. Springer International Publishing. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/336908657_Sustainable_Agriculture_and_Food_Security. Acesso 14 ago. 2023.

FENG, R. J.; REN, M. Y.; LU, L. F.; PENG, M.; GUAN, X.; ZHOU, D. B.; XIE, J. H. Involvement of abscisic acid-responsive element-binding factors in cassava (*Manihot esculenta*) dehydration stress response. **Scientific Reports**, [S.l.], v. 9, n. 1, p. 126661, 2 set. 2019. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31477771/>. Acesso em: 20 nov. 2023.

FERGUSON, M. E.; SHAH, T.; KULAKOW, P.; CEBALLOS, H. A global overview of cassava genetic diversity. **Plos One**, [S.l.], v. 14, n. 11, p. 0224763, 6 nov. 2019. Public Library of Science (PLOS). Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0224763>. Acesso em: 10 jan. 2023.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA D. Introdução ao uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética. **Embrapa**. 3ªed. Brasília: 220 p., 1998.

FREITAS, E. L.; BRITO, A. C.; DE OLIVEIRA, S. A. S.; DE OLIVEIRA, E. J. Early diagnosis of cassava frog skin disease in powdered tissue samples using near-infrared spectroscopy. **European Journal of Plant Pathology**, [S.l.], v. 156, n. 2, p. 547-558, 25 nov. 2019. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/337535035_Early_diagnosis_of_cassava_frog_skin_disease_in_powdered_tissue_samples_using_near-infrared_spectroscopy. Acesso em: 5 mar. 2023.

FU, L.; DING, Z.; TIE, W.; YANG, J.; YAN, Y.; HU, W. Integrated Metabolomic and Transcriptomic Analyses Reveal Novel Insights of Anthocyanin Biosynthesis on Color Formation in Cassava Tuberous Roots. **Frontiers in Nutrition**, [S.L.], v. 9, p. 842693, 5 abr. 2022. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/nutrition/articles/10.3389/fnut.2022.842693/full>. Acesso em: 9 abr. 2023.

GILLES, F., MELGAREJO, L., FERNANDES, G. B., FERRAZ, J. M. Lavouras transgênicas - riscos e incertezas: Mais de 750 estudos desprezados pelos órgãos reguladores de OGMs. **Brasil: Ministério do Desenvolvimento Agrário**, 450 p., 2015. Disponível em: <https://jbb.ibict.br/handle/1/686>. Acesso em: 12 fev. 2023.

GODWIN, I. D.; AITKEN, E. A. B.; SMITH, L. W. Application of inter simple sequence

repeat (ISSR) markers to plant genetics. **Electrophoresis**, [S.l.], v. 18, n. 9, p. 1524-1528, jan. 1997. Wiley. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9378115/>. Acesso em: 2 maio 2023.

FERREIRA FILHO, J. R.; SILVEIRA, H. F.; MACEDO, J. J. G.; LIMA, M. B.; CARDOSO, C. E. L. **Cultivo, processamento e uso da mandioca: instruções práticas**, 34 p., 2013. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/974126>. Acesso em: 4 jun. 2023.

FIALHO, J. DE F.; VIEIRA, E. A. Mandioca no cerrado: orientações técnicas. Planaltina, DF: **Embrapa Cerrados**, 208 p., 2011. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/981357/mandioca-no-cerrado-orientacoes-tecnicas>. Acesso em: 11 out. 2023.

FONSECA, J. J. S. **Apostila de metodologia da pesquisa científica**. João José Saraiva da Fonseca. UEC, 123 p., 2002.

FIGUEIRA, A. V. D. O.; CASCARDO, J. D. M. **Marcadores moleculares no melhoramento. Melhoramento genético do cacaueiro**. Goiânia: UFG, 2001. Disponível em: <https://repositorio.usp.br/item/001193977>. Acesso em: 1 jul. 2023.

FREGENE, M.; OKOGBENIN, E.; MBA, C.; ANGEL, F.; SUARE, M. C.; GUTIERREZ, J.; CHAVARRIAGA, P.; ROCA, W.; BONIERBALE, M.; TOHME, J. Genome mapping in cassava improvement: Challenges, achievements and opportunities. **Euphytica**, [S.l.], v. 120, n. 1, p. 159-165, 2001. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/226435629_Genome_mapping_in_cassava_improvement_Challenges_achievements_and_opportunities. Acesso em: 11 out. 2023.

FREELAND, J. R. **Philogeography in: Molecular Ecology**. John Wiley e Sons, Ltd. p. 155-199, 2020 Disponível em: https://books.google.com.br/books/about/Molecular_Ecology.html?id=eiC3DwAAQBAJ&redir_esc=y. Acesso em: 10 set. 2023

FUKUDA, W. M. G.; MATTOS, P. L. P.; FARIAS, A. R. N.; SOUZA, L. S. **Aspectos socioeconômicos e agrônômicos da mandioca**. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, v. 13, p. 324-363, 2006. Disponível em: <https://livimagens.sct.embrapa.br/amostras/00078600.pdf>. Acesso em: 22 nov. 2023.

FUKUDA, W. M. G.; SILVA, S. O. E. Melhoramento de mandioca no Brasil. In: Cereda, M. P. (Ed.). Cultura de tuberosas amiláceas Latino Americanas. São Paulo: **Fundação Cargill**, p. 242-257, 2002.

FUKUDA W. M. G.; DE OLIVEIRA, R. P.; FIALHO, J. D. F.; CAVALCANTI, J.; CARDOSO, E.; BARRETO, F.; COSTA, I. **Germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) no Brasil**, v. 18, n. 1, p. 7-12, 2005. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/122091/1/Josias-2005.pdf>. Acesso em: 15 dez. 2023.

GANAL, M. W.; ALTMANN, T.; RÖDER, M. S. SNP identification in crop plants. **Current Opinion in Plant Biology**, [S.l.], v. 12, n. 2, p. 211-217, abr. 2009. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19186095/>. Acesso em: 17 jan. 2024

GARFIELD, E. Scientography: Mapping the tracks of science. **Current contents: social & behavioural sciences**, v. 7, n. 45, p. 5-10, 1994. Disponível em: <https://clarivate.com/academia-government/essays/scientography-mapping-the-tracks-of-science/>. Acesso em: 3 nov. 2023

GARFIELD, E. The History and Meaning of the Journal Impact Factor. **Jama**, [S.l.], v. 295, n. 1, p. 90, 4 jan. 2006. American Medical Association (AMA). Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16391221/>. Acesso em: 8 mar. 2023.

GUIMARÃES, F. A. M. A cultura da mandioca no Brasil e no mundo: **um caso de roubo da história dos povos indígenas**. VII Encontro Estadual de História. Bahia: Anpuh-BA, p. 1-11, 2016. Disponível em: https://www.encontro2016.bahia.anpuh.org/resources/anais/49/1477769638_ARQUIVO_artigoFranciscoGuimaraes.pdf. Acesso em: 14 mar. 2023.

GUIMARÃES, D. L. F.; SILVA, R. N. DA.; ANDRADE, H. M. L. DA SILVA.; ANDRADE, L. P. Adeia produtiva da mandioca no território brasileiro inovações e tecnologias uma revisão sistemática da literatura: uma revisão sistemática da literatura. **Diversitas Journal**, [S.l.], v. 7, n. 1, p. 0017-0025, 2022. Universidade Estadual de Alagoas. Disponível em: https://diversitasjournal.com.br/diversitas_journal/article/view/2009. Acesso em: 9 ago. 2023.

GUPTA, A. Five years of IndiaHCI. **Proceedings of the 7Th International Conference on Hci, Indiahci 2015**, [S.l.], p. 56-61, 17 dez. 2015. ACM. Disponível em: <https://dl.acm.org/doi/abs/10.1145/2835966.2835973>. Acesso em: 26 maio 2024

GRATTAPAGLIA, D. E.; NASSAR, N. M.; DIANESE, J. C. Biossistemática de espécies brasileiras do gênero *Manihot* baseada em padrões de proteína da semente. **Ciência e Cultura**, [S.l.], v. 19, p. 294-300, 1986. Disponível em: <http://www.geneconserve.pro.br/siteantigo/reprints013.pdf>. Acesso em: 4 abr. 2024.

HARDIN, L.L S. Meetings that changed the world: Bellagio 1969: the green revolution. **Nature**, [S.l.], v. 455, n. 7212, p. 470-471, set. 2008. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18818641/>. Acesso em: 12 set. 2023.

HAVERKORT, A. J.; STRUIK, P. C.; VISSER, R. G. F.; JACOBSEN, E. J. P. R. Applied Biotechnology to Combat Late Blight in Potato Caused by *Phytophthora Infestans*. **Potato Research**, [S.l.], v. 52, n. 3, p. 249-264, ago. 2009. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/227301347_Applied_Biotechnology_to_Combat_Late_Blight_in_Potato_Caused_by_Phytophthora_Infestans. Acesso em: 1 fev. 2023.

HASAN, N.; SINGH, M. Library and Information Science Research Output: a study based on web of science. **Collnet Journal of Scientometrics and Information Management**, [S.l.], v.

9, n. 1, p. 47-64, 2 jan. 2015. Taru Publications. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/279060266_Library_and_Information_Science_Research_Output_A_study_based_on_Web_of_Science. Acesso em: 21 ago. 2023

HERRERA, C. A.; ROSILLO, M. E.; GARCÍA, A. Cassava flour separation using inverse cyclone. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, [S.l.], v. 11, n. 5, p. 515-520, out. 2007. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/nXnYqTcjPctwGpNK5PGwFGD/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 10 mar. 2023

HERZBERG, F.; MAHUNGU, N. M.; MIGNOUNA, J.; KULLAYA, A. Assessment of genetic diversity of local varieties of cassava in tanzania using molecular markers. **African Crop Science Journal**, [S.l.], v. 12, n. 3, p. 171-187, 24 jan. 2005. African Journals Online (AJOL). Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/acsj/article/view/27876>. Acesso em: 3 set. 2023.

HILBECK, A.; OTTO, M. Specificity and Combinatorial Effects of Bacillus Thuringiensis Cry Toxins in the Context of GMO Environmental Risk Assessment. **Frontiers in Environmental Science**, [S.l.], v. 3, p. 1-18, 9 nov. 2015. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/environmental-science/articles/10.3389/fenvs.2015.00071/full>. Acesso em: 19 set. 2023.

HICKERSON, M. J.; CARSTENS, B. C.; CAVENDER-BARES, J.; CRANDALL, K. A.; GRAHAM, C. H.; JOHNSON, J. B.; YODER, A. D. Phylogeography's past, present, and future: 10 years after avise, 2000. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, [S.l.], v. 54, n. 1, p. 291-301, jan. 2010. Elsevier BV. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S105579030900373X>. Acesso em: 04 jan. 2024.

HOUNGUE, J. A.; PITA, J. S.; NGALLE, H. B.; ZANDJANAKOU-TACHIN, M.; KUATE, A. F.; CACAÏ, G. H. T.; AHANHANZO, C. Response of cassava cultivars to African cassava mosaic virus infection across a range of inoculum doses and plant ages. **Plos One**, [S.l.], v. 14, n. 12, p. 0226783, 23 dez. 2019. Public Library of Science (PLOS). Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0226783>. Acesso em: 15 mar. 2023.

HOUNGUE, J. A.; ZANDJANAKOU-TACHIN, M.; NGALLE, H. B.; PITA, J. S.; CACAÏ, G. H. T.; NGATAT, S. E.; AHANHANZO, C. Evaluation of resistance to cassava mosaic disease in selected African cassava cultivars using combined molecular and greenhouse grafting tools. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, [S.l.], v. 105, p. 47-53, jan. 2019. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31007373/>. Acesso em: 19 set. 2023.

HOPPE, S.; ASSIS SHIKIDA, P. F.; DA SILVA, J. R. Análise econômico-financeira da implantação de uma destilaria para produção de álcool carburante a partir da mandioca. **Revista Brasileira de Gestão Urbana**, [S.l.], v. 1, n. 2, p. 245-257, 2017. Disponível em: <https://periodicos.pucpr.br/Urbe/article/view/5257>. Acesso em: 6 jun. 2023.

HUANG, T.; LUO, X.; WEI, M.; SHAN, Z.; ZHU, Y.; YANG, Y.; FAN, Z. Molecular cloning and expression analysis of sucrose phosphate synthase genes in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Scientific Reports**, [S.l.], v. 10, n. 1, p. 20707, 26 nov. 2020. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33244128/>. Acesso em: 17 ago. 2023.

HUANG, T.; LUO, X.; FAN, Z.; YANG, Y.; WAN, W. Genome-wide identification and analysis of the sucrose synthase gene family in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Gene**, v. 769, p. 145191, 2021.

HUNTER, D.; SOUZA DIAS, B. D.; BORELLI, T.; DECLERCK, F. A.; MELDRUM, G.; DEMERS, N. Including food systems, biodiversity, nutrition and dietary health in the zero draft of the Post-2020 Global Biodiversity Framework: **a joint submission from the Alliance of Bioversity International and the International Center for Tropical Agriculture (CIAT) (the Alliance), and the United Nations Environment Programme (UNEP)**. 2020. Disponível em: <https://cgspace.cgiar.org/items/5b9833c0-31c0-4878-aceb-b94d78f2cb3f>. Acesso em: 10 set. 2023.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola**, 2022.

ICGMC (International Cassava Genetic Map Consortium). High-Resolution Linkage Map and Chromosome-Scale Genome Assembly for Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) from 10 Populations. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, [S.l.], v. 5, n. 1, p. 133-144, 1 jan. 2015. Oxford University Press (OUP). Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25504737/>. Acesso em: 05 maio 2023.

IGE, A. D.; OLASANMI, B.; MBANJO, E. G. N.; KAYONDO, I. S.; PARKES, E. Y.; KULAKOW, P.; RABBI, I. Y. Conversion and Validation of Uniplex SNP Markers for Selection of Resistance to Cassava Mosaic Disease in Cassava Breeding Programs. **Agronomy**, [S.l.], v. 11, n. 3, p. 420, 25 fev. 2021. MDPI AG. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/11/3/420>. Acesso em: 24 set. 2023.

IMMANUEL, S.; JAGANATHAN, D.; PRAKASH, P.; SIVAKUMAR, P. S. Cassava for Food Security, Poverty Reduction and Climate Resilience: a review. **Indian Journal of Ecology**, [S.l.], p. 21-31, 1 fev. 2024. Indian Ecological Society. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/378498724_Cassava_for_Food_Security_Poverty_Reduction_and_Climate_Resilience_A_Review_Manuscript_Number_4191_NAAS_Rating_538. Acesso em: 13 fev. 2024.

INYANG, P.; EMMANUEL, A.; CHUKWUDI, U. P.; E IKEOGU, U. N. Environmental impact and genetic expressions of new drought tolerant maize genotypes in derived savannah agro-ecology. **Notulae Scientia Biologicae**, [S.l.], v. 13, n. 1, p. 10691, 19 jan. 2021. Society of Land Measurements and Cadastre from Transylvania. Disponível em: <https://www.notulaebiologicae.ro/index.php/nsb/article/view/10691>. Acesso em: 09 jan. 2023.

ITOBA-TOMBO, E. F.; OBED NTWAMPE, S. K.; BELL, J. J. A.; NZUKIZI MUDUMBI, J. B.; MHLANGABEZI GOLELA, T. A decade's (2014–2024) perspective on cassava's

(*Manihot esculenta* Crantz) contribution to the global hydrogen cyanide load in the environment. **International Journal of Environmental Studies**, [S.l.], v. 74, n. 1, p. 28-41, 27 set. 2016. Disponível em: <https://digitalknowledge.cput.ac.za/handle/11189/5227>. Acesso em: 19 set. 2023.

JACOVI, M.; SOROKA, V.; GILBOA-FREEDMAN, G.; UR, S.; SHAHAR, E. E MARMASSE, N. The chasms of CSCW: uma análise do gráfico de citações da conferência CSCW. in: **Proceedings of the 20th anniversary conference on computer supported cooperative work**, p. 289–298, 2006. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/229423687_Caracterizacao_do_estado_da_arte_de_CSCW. Acesso em: 04 jan. 2024.

JENNINGS, D. Y.; IGLESIAS, C. Breeding for crop improvement. **Cassava: biology, production and utilization**, [S.l.], p. 149-166, jan. 2001. CABI Publishing. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/253656785_Breeding_for_Crop_Improvement. Acesso em: 29 dez. 2023.

JETTE, A. M.; MCDONOUGH, C. M.; HALEY, S. M.; NI, P.; OLARSCH, S.; LATHAM, N.; HUNTER, D. A computer-adaptive disability instrument for lower extremity osteoarthritis research demonstrated promising breadth, precision, and reliability. **Journal of Clinical Epidemiology**, [S.l.], v. 62, n. 8, p. 807-815, ago. 2009. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19216052/>. Acesso em: 24 jun. 2023.

JIN, W.; WU, S.; ZHANG, Y.; ZHOU, G.; XU, L.; XU, Y. Review on Chinese agricultural science and technology research from a low-carbon economy perspective: hotspots, evolution, and frontiers. **Frontiers in Environmental Science**, [S.l.], v. 11, p. 1-14, 17 out. 2023. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/environmental-science/articles/10.3389/fenvs.2023.1268432/full>. Acesso em: 02 fev. 2024.

JOHNSON, R.; PADMAJA, G.; MOORTHY, S. N. Comparative production of glucose and high fructose syrup from cassava and sweet potato roots by direct conversion techniques. **Innovative Food Science & Emerging Technologies**, [S.l.], v. 10, n. 4, p. 616-620, out. 2009. Elsevier BV. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/248542469_Comparative_production_of_glucose_and_high_fructose_syrup_from_cassava_and_sweet_potato_roots_by_direct_conversion_techniques. Acesso em: 07 jul. 2023.

KAMANDA, I.; BLAY, E. T.; ASANTE, I. K.; DANQUAH, A.; IFIE, B. E.; PARKES, E.; SESAY, S. Genetic diversity of provitamin-A cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Sierra Leone. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [S.l.], v. 67, n. 5, p. 1193-1208, 4 mar. 2020. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/339707878_Genetic_diversity_of_provitamin-A_cassava_Manihot_esculenta_Crantz_in_Sierra_Leone. Acesso em: 01 nov. 2023.

KARIM, K. Y.; IFIE, B.; CRESCIMENTO, D.; DANQUAH, E. Y.; BLAY, E. T.; WHYTE, J. B. A.; KULAKOW, P.; RABINO, I.; PARKES, E.; OMOIGUI, L. NORMAN, P. E.; E ILUEBBEY, P. Caracterização morfológica de genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). **Scientia Plena**, [S.l.], v. 13, n. 9, p. 317-330, 6 nov. 2017. Associacao Sergipana de

Ciencia. Disponível em: <https://www.scienciaplana.org.br/sp/article/view/3467/1795>. Acesso em: 26 maio 2023.

KAYONDO, S. I.; PINO DEL CARPIO, D.; LOZANO, R.; OZIMATI, A.; WOLFE, M.; BAGUMA, Y.; JANNINK, J. L. Genome-wide association mapping and genomic prediction for CBS resistance in *Manihot esculenta*. **Scientific Reports**, [S.l.], v. 8, n. 1, p. 1549, 24 jan. 2018. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5784162/>. Acesso em: 08 jun. 2024.

KAWANO, H.; SATO, T.; YAMADA, T.; MATSUMOTO, T.; SEKINE, K.; WATANABE, T.; KATO, S. Suppressive function of androgen receptor in bone resorption. **Proceedings of The National Academy of Sciences**, [S.l.], v. 100, n. 16, p. 9416-9421, 18 jul. 2003. Proceedings of the National Academy of Sciences. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12872002/>. Acesso em: 30 maio 2023.

KAWUKI, R. S.; HERSELMAN, L.; LABUSCHAGNE, M. T.; NZUKI, I. Genetic diversity of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) landraces and cultivars from southern, eastern and central Africa. **Plant Genetic Resources**, [S.l.], v. 11, n. 2, p. 170-181, 12 fev. 2013. Cambridge University Press (CUP). Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/plant-genetic-resources/article/abs/genetic-diversity-of-cassava-manihot-esculenta-crantz-landraces-and-cultivars-from-southern-eastern-and-central-africa/85CED8385000A31219F0596BA4791B0B>. Acesso em: 14 fev. 2024.

KHAN, A.; NASIM, N.; PUDHUVAI, B.; KOUL, B.; UPADHYAY, S. K.; SETHI, L.; DEY, N. Plant Synthetic Promoters: advancement and prospective. **Agriculture**, [S.l.], v. 13, n. 2, p. 298, 26 jan. 2023. MDPI AG. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/13/2/298>. Acesso em: 11 ago. 2023.

KIMURA, E. T. ABE&M e fator de impacto. **Arquivos Brasileiros de Endocrinologia & Metabologia**, [S.l.], v. 52, n. 6, p. 925-926, ago. 2008. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abem/a/9DLYKKkGgWY6HNDJdMsHCZH/>. Acesso em: 03 jul. 2023.

KITTIPADAKUL, P.; KONGSIL, P.; PHUMICHA, C.; JANSKY, S. H. **Breeding cassava for higher yield**. Burleigh Dodds Science Publishing, v. 2, p. 1-322, 2017. Disponível em: <https://www.taylorfrancis.com/chapters/edit/10.4324/9781351114318-21/breeding-cassava-higher-yield-piya-kittipadakul-pasajee-kongsil-chalerm-pol-phumichai-kasetsart-university-university-wisconsin-madison-usa-thailand-shelley-jansky-usda-ars-vegetable-crops-research-unit>. Acesso em: 21 abr. 2024.

KOMBO, G. R.; DANSI, A.; LOKO, L. Y.; ORKWOR, G. C.; VODOUHÈ, R.; ASSOGBA, P.; MAGEMA, J. M. Diversity of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) cultivars and its management in the department of Bouenza in the Republic of Congo. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [S.l.], v. 59, n. 8, p. 1789-1803, 12 fev. 2012. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/257567347_Diversity_of_cassava_Manihot_esculenta_Crantz_cultivars_and_its_management_in_the_department_of_Bouenza_in_the_Republic_of_Congo. Acesso em: 13 nov. 2023.

KUON, J. E.; QI, W.; SCHLÄPFER, P.; HIRSCH-HOFFMANN, M.; VON BIEBERSTEIN, P. R.; PATRIGNANI, A.; GRUISSEM, W. Haplotype-resolved genomes of geminivirus-resistant and geminivirus-susceptible African cassava cultivars. **BMC Biology**, [S.L.], v. 17, n. 1, p. 1-15, 18 set. 2019. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://bmcbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12915-019-0.> Acesso em: 25 set. 2023.

KRAUS, S.; MAHTO, R. V.; WALSH, S. T. The importance of literature reviews in small business and entrepreneurship research. **Journal of Small Business Management**, [S.L.], v. 61, n. 3, p. 1095-1106, 20 ago. 2021. Informa UK Limited. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/353121954_The_Importance_of_Literature_Reviews_in_Small_Business_and_Entrepreneurship_Research. Acesso em: 17 de fev. 2024.

LEYDESDORFF, L.; VAUGAHAN, L. **Co-occurrence matrices and their applications in information science: extending ACA to the Web environment**. Journal of the American Society for Information Science Technology, v. 57, n. 12, p. 1616-1629, 2006. Disponível em: https://directivepublications.org/journal-of-environmental-and-sciences?gad_source=1&gclid=CjwKCAiAudG5BhAREiwAWMIJGqOszuPz_St2-ry_gofq3p8OMJ-3DNxMbRdcZVcs9qWOK3uTocTjxoCh2kQAvD_BwE. Acesso em: 16 set. 2023.

LEGG, J. P.; KUMAR, P. L.; MAKESHKUMAR, T.; TRIPATHI, L.; FERGUSON, M.; KANJU, E.; CUELLAR, W. Cassava Virus Diseases. **Advances in Virus Research**, [S.L.], p. 85-142, 2015. Elsevier. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25591878/>. Acesso em: 09 set. 2023.

LEWIS, J.; SCHNEEGANS, S.; STRAZA, T. **UNESCO Science Report: The race against time for smarter development**. Unesco Publishing, 2021.

LI, C. T.; SHI, C. H.; WU, J. G.; XU, H. M.; ZHANG, H. Z.; REN, Y. L. Methods of developing core collections based on the predicted genotypic value of rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, [S.L.], v. 108, n. 6, p. 1172-1176, 28 jan. 2004. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/15067404/>. Acesso em: 19 jul. 2023.

LI, S.; YU, X.; LEI, N.; CHEN, Z.; ZHAO, P.; HE, Y.; PENG, M. Genome-wide identification and functional prediction of cold and/or drought-responsive lncRNAs in cassava. **Scientific Reports**, [S.L.], v. 7, n. 1, p. 45981, 7 abr. 2017. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/srep45981#auth-Pingjuan-Zhao-Aff>. Acesso em: 07 jul. 2023.

LIM, Y. W.; MANSFELD, B. N.; SCHLÄPFER, P.; GILBERT, K. B.; NARAYANAN, N. N.; QI, W.; BART, R. S. Mutations in DNA polymerase δ subunit 1 co-segregate with CMD2-type resistance to Cassava Mosaic Geminiviruses. **Nature Communications**, [S.L.], v. 13, n. 1, p. 3933, 7 jul. 2022. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35798722/>. Acesso em: 14 out. 2023.

LIMA, P. G. **Política científica e tecnológica no Brasil no governo Fernando Henrique**

Cardoso (1995-1998). Universidade Federal da Grande Dourados, 2011.

LORENZI, J. Mandioca. **CATI**. nº 245, Campinas, 2012

LORENZI, J. O. Mandioca. 1 ed. Campinas, **CATI**, (Boletim técnico, 245), p. 116, 1994.

LOZANO, R.; BOOTH, G. T.; OMAR, B. Y.; LI, B.; BUCKLER, E. S.; LIS, J. T.; JANNINK, J. L. RNA polymerase mapping in plants identifies intergenic regulatory elements enriched in causal variants. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, [S.l.], v. 11, n. 11, p. 273, 6 set. 2021. Oxford University Press (OUP). Disponível em: <https://academic.oup.com/g3journal/article/11/11/jkab273/6364897>. Acesso em: 12 mai. 2023.

LUCHESI, C. L.; GARRIDO, T. S.; CORRALO, J.; TESSARO, I. C.; KORO, C. Development and characterization of cassava starch films incorporated with blueberry pomace. **International Journal of Biological Macromolecules**, [S.l.], v. 106, p. 834-839, jan. 2018. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28823702/>. Acesso em: 15 nov. 2023.

MAGOON, M. L.; KRISHNAN, R.; BAI, K. Morphology of the pachytene chromosomes and meiosis in *Manihot esculenta* Crantz. **Cytologia**, [S.l.], v. 34, n. 4, p. 612-626, 1969. Disponível em: https://www.jstage.jst.go.jp/article/cytologia1929/34/4/34_4_612/_pdf. Acesso em: 20 ago. 2023.

MANYONG, V. M.; DIXON, A. G. O.; MAKINDE, K.O.; BOKANGA, M.; WHYTE, J. A. **The contribution of IITA-improved cassava to food security in sub-Saharan Africa: an impact study.** International Institute of Tropical Agriculture: Ibadan, Nigeria, 2000. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/265656112_The_Contribution_of_IITA-Improved_Cassava_to_Food_Security_in_Sub-Saharan_Africa_An_Impact_Study. Acesso em: 30 abr. 2023.

MARICATO, J. DE M.; NORONHA, D. P. **Indicadores bibliométricos e cienciométricos em CT&I: apontamentos históricos, metodológicos e tendências de aplicação.** In: Hayashi, M. C. P. I.; Leta, J. Bibliometria e cienciométrica: reflexões teóricas e interfaces. São Carlos: Pedro e João, 2013. Disponível em: <https://repositorio.usp.br/item/002516464>. Acesso em: 14 fev. 2023.

MARÍN, J.; BARÓN, E. J. R.; MONTROYA-LERMA, J. Foliar anatomy of ten genotypes of the plant *Manihot esculenta* (Euphorbiaceae). **Revista de Biología Tropical**, [S.l.], v. 68, n. 3, p. 919-932, 15 jun. 2020. Universidad de Costa Rica. Disponível em: <https://revistas.ucr.ac.cr/index.php/rbt/article/view/37650>. Acesso em: 11 out. 2023.

MARMEY, P.; BEECHING, J. R.; HAMON, S.; CHARRIER, A. Evaluation of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collections using RAPD markers. **Euphytica**, [S.l.], v. 74-74, n. 3, p. 203-209, jan. 1993. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/226408095_Evaluation_of_cassava_Manihot_esculenta_Crantz_germplasm_collections_using_RAPD_markers. Acesso em: 03 mai. 2023.

MARTINS, P. S. Dinâmica evolutiva em roças de caboclos amazônicos. **Estudos avançados**, [S.l.], v. 19, p. 209-220, 2005. Disponível em: <https://www.revistas.usp.br/eav/article/view/10055>. Acesso em 02 out. 2023.

MARTINS, P. S.; OLIVEIRA, G. C. X. Dinâmica evolutiva em roças de caboclos amazônicos. In: VIEIRA, I. C. G.; SILVA, J. M. C.; OREN, D. C.; D'ILCAO, M. A. **Diversidade biológica e cultural da Amazônia**. Belém: Museu Paraense Emílio Goeldi, 2ª Ed., 2009.

MARTINS, M. L. L. O Banco Ativo de Germoplasma de Parentes Silvestres de Mandioca da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. **Revista RG News**, [S.l.] v. 10, p. 9-12, 2024. Disponível em: https://recursosgeneticos.org/Recursos/Arquivos/II_Artigos_de_Divulga_o_Cient_fica_2._O_Banco_Ativo_de_Germoplasma_de_Parentes_Silvestres_da_Universidade_Federal_do_Recncavo_da_Bahia.pdf. Acesso em: 18 fev. 2023.

MARTINS, N. T. Filogeografia em macroalgas marinhas. **Laboratório de Fisiologia Vegetal**, [S.l.], p. 47, 2021. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Elielson-Silveira/publication/353018706_Da_planta_ao_farmaco_uma_abordagem_fitoquimica/links/60e4726a92851ca944b459e3/Da-planta-ao-farmaco-uma-abordagem-fitoquimica.pdf. Acesso em: 27 fev. 2023.

MANSFELD, B.N.; BOYHER, A.; BERRY, J.C.; WILSON, M.; OU, S.; POLYDORE, S. Large structural variations in the haplotype-resolved African cassava genome. **The Plant Journal**, [S.l.], v. 108, n. 6, p. 1830-1848, 10 nov. 2021. Wiley. Disponível em: 25 nov. 2023.

MATIELLO, R. R.; BARBOSA NETO, J. F.; SERENO, M. J. C. M.; TADERKA, I.; PEGORARO, D. G. Variabilidade genética através de polimorfismos isoenzimáticos em aveias hexaplóides. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 33, n. 6, p. 913-918, 1998. Disponível em: <https://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/4909>. Acesso em: 13 set. 2023.

MAY, B. Starch gel electrophoresis of allozymes In: HOELZEL, A. R. (Ed.). **Molecular genetic analysis of populations: a practical approach**. Oxford: Oxford University, p. 1-27, 1992. Disponível em: <https://searchworks.stanford.edu/view/3957108>. Acesso em: 05 mai. 2023.

MASIC, I.; BEGIC, E. Evaluation of Scientific Journal Validity, It's Articles and Their Authors. In: **ICIMTH**, [S.l.], v. 226, p. 9-14, 2016. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27350453/>. Acesso em: 03 set. 2023.

MEDINA-PASTOR, P.; TRIACCHINI, G. The 2018 European Union report on pesticide residues in food. **Efsa Journal**, [S.l.], v. 18, n. 4, p. 06057, abr. 2020. Disponível em: <https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2903/j.efsa.2020.6057>. Acesso em: 10 maio 2024.

MEITHA, K.; PRAMESTI, Y.; SUHANDONO, S. Reactive Oxygen Species and Antioxidants in Postharvest Vegetables and Fruits. **International Journal of Food Science**,

[S.l.], v. 2020, p. 1-11, 11 dez. 2020. Disponível em:
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1155/2020/8817778>. Acesso em: 29 jan. 2023.

MELOTTO, M.; KELLY, J. D. Fine mapping of the Co-4 locus of common bean reveals a resistance gene candidate, COK-4, that encodes for a protein kinase. **Theoretical and Applied Genetics**, [S.l.], v. 103, n. 4, p. 508-517, set. 2001. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/248030053_Fine_mapping_of_the_Co4_locus_of_common_bean_reveals_a_resistance_gene_candidate_COK-4_that_encodes_for_a_protein_kinase. Acesso em: 13 nov. 2023.

MENELAU, S.; MACEDO, F. G. L.; CARVALHO, P. L. D.; NASCIMENTO, T. G.; CARVALHO JÚNIOR, A. D. D. Mapeamento da produção científica da Indústria 4.0 no contexto dos BRICS: reflexões e interfaces. **Cadernos Ebape.Br**, [S.l.], v. 17, n. 4, p. 1094-1114, out. 2019. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/cebape/a/gd6dRP3ZWQfc5TRJB3xCkMt/>. Acesso em: 08 out. 2023.

METZKER, M. L. Sequencing technologies — the next generation. **Nature Reviews Genetics**, [S.l.], v. 11, n. 1, p. 31-46, 8 dez. 2009. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19997069/>. Acesso em: 22 jan. 2024.

MCKEY, D.; BECKERMAN, S. Chemical ecology, plant evolution and traditional manioc cultivation systems. In: HLADIK, C. M.; HLADICK, A.; LINARES, O. F.; PAGEZY, H.; SEMPLE, A.; HADLEY, M. **Tropical Forests, People and Food: Biocultural interactions and applications to development**, [S.l.], p. 3-14, 1993. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/283297026_Chemical_ecology_plant_evolution_and_d_traditional_manioc_cultivation_systems. Acesso em: 01 mar. 2024.

MCKEY, D.; ELIAS, M.; PUJOL, B.; DUPUTIÉ, A. The evolutionary ecology of clonally propagated domesticated plants. **New Phytologist**, [S.l.], v. 186, n. 2, p. 318-332, 25 fev. 2010. Wiley. Disponível em: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1469-8137.2010.03210.x>. Acesso em: 24 fev. 2023.

MINGERS, J.; LEYDESDORFF, L. A review of theory and practice in scientometrics. **European Journal of Operational Research**, [S.l.], v. 246, n. 1, p. 1-19, out. 2015. Elsevier BV. Disponível em:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S037722171500274X>. Acesso em: 30 set. 2023.

MOED, H. F. **Citation analysis in research evaluation**. Springer Science & Business Media, v. 9, p. 1-92, 2006.

MONTERO-ROJAS, M.; CORREA, A. M.; SIRITUNGA, D. Molecular differentiation and diversity of cassava (*Manihot esculenta*) taken from 162 locations across Puerto Rico and assessed with microsatellite markers. **Aob Plants**, [S.l.], v. 2011, p. 010, 1 jan. 2011. Oxford University Press (OUP). Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/224883443_Molecular_differentiation_and_diversit

y_of_cassava_Manihot_esculenta_taken_from_162_locations_across_Puerto_Rico_and_asses sed_with_microsatellite_markers. Acesso em: 19 mar. 2023.

MONTEROS-ALTAMIRANO, Á.; TAPIA, C.; PAREDES, N.; ALULEMA, V.; TACÁN, M.; ROURA, A.; SØRENSEN, M. Morphological and Ecogeographic Study of the Diversity of Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in Ecuador. **Agronomy**, [S.l.], v. 11, n. 9, p. 1844, 14 set. 2021. MDPI AG. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/11/9/1844>. Acesso em: 09 abr. 2023.

MOHER, D.; LIBERATI, A.; TETZLAFF, J.; ALTMAN, D. G.; PRISMA GROUP, T. Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses: the prisma statement. **Plos Medicine**, [S.l.], v. 6, n. 7, p. 1000097, 21 jul. 2009. Public Library of Science (PLOS). Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19621072/>. Acesso em: 13 ago. 2023.

MORAES, L. L. D.; KAFURE, I. Bibliometria e ciência de dados. **Rdbci Revista Digital de Biblioteconomia e Ciência da Informação**, [S.l.], v. 18, p. 020016, 21 jun. 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rdbci/a/WkSBdJB9zNjc7zhx7CHqBcJ/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 20 maio 2023.

MORALES, N.; BAUCHET, G. J.; TANTIKANJANA, T.; POWELL, A. F.; ELLERBROCK, B. J.; TECLE, I. Y.; MUELLER, L. A. High density genotype storage for plant breeding in the Chado schema of Breedbase. **Plos One**, [S.l.], v. 15, n. 11, p. 0240059, 11 nov. 2020. Public Library of Science (PLOS). Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0240059>. Acesso em: 12 jan. 2023.

MUBIN, O.; AL MAHMUD, A.; E AHMAD, M. HCI down under: reflecting on a decade of the ozchi conference. **Scientometrics**, [S.l.], v. 112, n. 1, p. 367-382, 3 mar. 2017. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://ideas.repec.org/a/spr/scient/v112y2017i1d10.1007_s11192-017-2293-2.html. Acesso em: 04 jun. 2023.

MUGNAINI, R.; JANNUZZI, P. D. M.; QUONIAM, L. Spatial Structure of National and International Scientific Collaboration in the Brazilian Cerrado Research. **Fronteiras: Journal of Social, Technological and Environmental Science**, [S.l.], v. 11, n. 2, p. 83-95, 2 ago. 2022. Fronteiras: Journal of Social, Technological and Environmental Science. Disponível em: <https://revistas.unievangelica.edu.br/index.php/fronteiras/article/view/5688>. Acesso em: 11 set. 2023.

MULLIS, K. B.; FALOONA, F. A. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. **Methods in Enzymology**, [S.l.], p. 335-350, 1987. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/3431465/>. Acesso em: 27 fev. 2024.

NALIMOV, V. V.; MULCHENKO, B. M. **Cybermetrics: Studies of Science as Information Process** Moscou: Science, 1969. Disponível em: <https://ajist.co/index.php/ajist/article/view/237>. Acesso em: 12 jan. 2023.

NARINA, S. S.; ODENY, D. CASSAVA.; KOLE, C.; OSHI, C. P.; SHONNARD, D. R. **Handbook of bioenergy crop plants**. New York: CRC Press, p. 303-313, 2012. Disponível em: <https://www.taylorfrancis.com/books/mono/10.1201/b11711/handbook-bioenergy-crop-plants-chittaranjan-kole-david-shonnard-chandrashekhar-joshi>. Acesso em: 04 jun. 2023.

NASSAR, N. M. Conservation of the genetic resources of cassava (*Manihot esculenta*) determination of wild species localities with emphasis on probable origin. **Economic Botany**, [S.l.], v. 32, n. 3, p. 311-320, 1978. Disponível em: <https://www.semanticscholar.org/paper/Conservation-of-the-genetic-resources-of-cassava-of-Nassar/525b89fa2831c8a05340adb823d997ade26596e5>. Acesso em: 11 set. 2023.

NASSAR, N. M. Production of triploid cassava, *Manihot esculenta* Crantz by hybrid diploid gametes. **Field Crops Research**, [S.l.], v. 30, n. 1-2, p. 173-182, 1992. Disponível em: <http://www.geneconserve.pro.br/reprints025.pdf>. Acesso em: 14 abr. 2024.

NASSAR, H. N.; NASSAR, N. M.; VIEIRA, C.; SARAIVA, L. S. Cytogenetic behaviour of the interspecific hybrid of *Manihot neusana* Nassar and cassava, *M. esculenta* Crantz, and its backcross progeny. **Canadian Journal of Plant Science**, [S.l.], v. 75, n. 3, p. 675-678, 1995. Disponível em: <http://www.geneconserve.pro.br/reprints018.pdf>. Acesso em: 27 fev. 2024.

NASSAR, N. M. A.; FREITAS, M. Prospects of polyploidizing cassava, *Manihot esculenta* Crantz, by unreduced microspores. **Plant Breeding**, [S.l.], v. 116, n. 2, p. 195-197, 1997. Disponível em: http://www.geneconserve.pro.br/site/reprints/lib/pastaup/Nassar_et_al-1997-Plant_Breeding.pdf. Acesso em: 05 out. 2023.

Nassar, N. M. Cassava genetic resources: extinct everywhere in Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [S.l.], v. 53, p. 975-983, 2006. Disponível em: <http://geneconserve.pro.br/site/reprints/lib/pastaup/Cassava%20genetic%20resources%20extinct%20everywhere%20in%20Brazil.pdf>. Acesso em: 03 mar. 2023.

DE NEGRI, F. **Políticas Públicas para Ciência e Tecnologia no Brasil: cenário e evolução recente**. IPEA, 2021. Disponível em: https://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/10879/2/NT_92_Diset_Politicas_Publicas_Para_Ciencia.pdf. Acesso em: 23 jul. 2023.

NINA, M. M.; DOS SANTOS, C. P.; DA ROCHA, S. F.; CAVALCANTE, F. S. A.; LIMA, R. A. Potencialidade de *Manihot esculenta* Crantz (Euphorbiaceae) na Floresta Amazônica, Brasil. **Diversitas Journal**, [S.l.], v. 6, n. 2, p. 2247-2260, 30 maio 2021. Universidade Estadual de Alagoas. Disponível em: https://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/10879/2/NT_92_Diset_Politicas_Publicas_Para_Ciencia.pdf. Acesso em: 26 dez. 2023.

NUNES, R.; DE LIMA, N. E.; PINTO, R. B.; DE BEM OLIVEIRA, I.; DE CAMPOS TELLES, M. P. Caryocaraceae Voigt (Malpighiales): a synthesis based on science mapping and systematic review. **The Botanical Review**, [S.l.], v. 86, n. 3-4, p. 338-358, 22 out. 2020. Springer Science and Business Media LLC. Acesso em: 01 maio 2023.

OCAMPO, J.; OVALLE, T.; LABARTA, R.; LE, D. P.; DE HAAN, S.; VU, N. A.;

BECERRA LOPEZ-LAVALLE, L. A. DNA fingerprinting reveals varietal composition of Vietnamese cassava germplasm (*Manihot esculenta* Crantz) from farmers' field and genebank collections. **Plant Molecular Biology**, [S.l.], v. 109, n. 3, p. 215-232, 25 fev. 2021. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33630231/>. Acesso em: 02 ago. 2023.

OGBONNA, A. C.; BRAATZ DE ANDRADE, L. R.; RABBI, I. Y.; MUELLER, L. A.; JORGE DE OLIVEIRA, E.; BAUCHET, G. J. Large-scale genome-wide association study, using historical data, identifies conserved genetic architecture of cyanogenic glucoside content in cassava (*Manihot esculenta* Crantz) root. **The Plant Journal**, [S.l.], v. 105, n. 3, p. 754-770, 18 dez. 2020. Wiley. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33164279/>. Acesso em: 21 jan. 2023.

OGUNYINKA, O.; OGUNTUASE, A. Analysis of cassava production and processing by various groups in support of cassava value chain in the south west of Nigeria. **Isabb Journal of Food and Agricultural Sciences**, [S.l.], v. 9, n. 1, p. 11-19, 31 jan. 2020. Academic Journals. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/ISABB-JFAS/article-full-text-pdf/7A0A82564163>. Acesso em: 18 out. 2023.

OLASANMI, O. O.; OLAJIDE, O. O.; OJUBANIRE, O. A. DETERMINANT of employee productivity in listed manufacturing firms in Southwestern Nigeria. **International Journal of Applied Management and Technology**, [S.l.], v. 20, n. 1, p. 10, 2021. Disponível em: <https://scholarworks.waldenu.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1466&context=ijamt>. Acesso em: 09 maio 2023.

OLIVEIRA, I. B.; NUNES, R.; MATTIELLO, L.; BARROS-RIBEIRO, S.; SOUZA, I. P. de.; COELHO, A. S. G.; COLLEVATTI, R. G. Research and partnership in studies of sugarcane using molecular markers: a scientometric approach. **Scientometrics**, [S.l.], v. 119, n. 1, p. 335-355, 25 fev. 2019. Springer Science and Business Media LLC. <https://link.springer.com/article/10.1007/s11192-019-03047-6>. Acesso em: 23 set. 2023.

OLIVEIRA, E. J.; AIDAR, S. T.; MORGANTE, C. V.; VILELA, M. O. Genetic diversity and population structure of Brazilian cassava germplasm based on microsatellite markers. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 13, n.3, p. 8372-8388, 2014. Disponível: <https://www.scielo.br/j/babt/a/RcDB4kvp6MtGLk3vbpXJCCr/?lang=en>. Acesso em: 31 jan. 2023.

OLIVEIRA, A. N. A.; DE SOUSA, P. S.; PAULETTO, D.; TRIBUZY, A. S.; E TRIBUZY, E. S. Análise do perfil socioeconômico de produtores rurais cadastrados no projeto Prosaf no município de Mojuí dos Campos, Pará. **Cuadernos de Educación y Desarrollo**, [S.l.], v. 15, n. 12, p. 17159-17173, 22 dez. 2023. South Florida Publishing LLC. Disponível em: <https://cuadernoseducacion.com/ojs/index.php/ced/article/view/2278>. Acesso em: 08 nov. 2023.

OLIVEIRA CAMPOS, C.; DE CARVALHO ROCHA, R.; SOUZA, J. H. F. Multiplicação rápida da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz): duas técnicas que podem beneficiar os produtores / quick multiplication of mandioca (*Manihot esculenta* crantz). **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**, [S.l.], v. 4, n. 2, p. 1920-1928, 28 abr. 2021. South

Florida Publishing LLC. Acesso em: 15 abr. 2023.

OLER, J. R. L. Etnobotânica e diversidade genética de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz.): **a manutenção da agrobiodiversidade em comunidades tradicionais de Jangada, Mato Grosso, Brasil**, v.1, p. 1-348, 2017. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/items/9f8fafc3-939b-4ff6-9f9f-4f5fd6229956>. Acesso em: 06 fev. 2023.

OLSEN, K. M.; SCHAAL, B. A. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, Euphorbiaceae) and its wild relatives: further evidence for a southern Amazonian origin of domestication. **American Journal of Botany**, [S.l.], v. 88, n. 1, p. 131-142, 2001. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11159133/>. Acesso em: 24 jan. 2024.

OLSEN, K. M.; SCHAAL, B. A. Evidence on the origin of cassava: phylogeography of manihot esculenta. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [S.l.], v. 96, n. 10, p. 5586-5591, 11 maio 1999. Proceedings of the National Academy of Sciences. Disponível em: <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.96.10.5586>. Acesso em: 12 jun. 2023.

OREK, C.; MULUPI, K.; KOIMA, I. A Review of the Roles of Non- Coding RNAs Associated with Drought Stress Response in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Journal of Advances in Biology & Biotechnology**, [S.l.], v. 26, n. 7, p. 1-10, 12 ago. 2023. Sciencedomain International. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/373098938_A_Review_of_the_Roles_of_Non-Coding_RNAs_Associated_with_Drought_Stress_Response_in_Cassava_Manihot_esculenta_Crantz. Acesso em: 30 nov. 2022.

OTAIKU, A. A.; MMOM, P. C.; ANO, A. Biofertilizer Impacts on Cassava (*Manihot Esculenta* Crantz) Cultivation: improved soil health and quality, igbariam, nigeria. **World Journal of Agriculture and Soil Science**, [S.l.], v. 4, n. 1, p. 1-14, 16 dez. 2019. Iris Publishers LLC. Disponível em: <https://irispublishers.com/wjass/fulltext/biofertilizer-impacts-on-cassava-manihot-esculenta-crantz-cultivation-improved-soil-health.ID.000578.php>. Acesso em: 13 mar. 2023.

OU, W.; MAO, X.; HUANG, C.; TIE, W.; YAN, Y.; DING, Z.; HU, W. Genome-Wide Identification and Expression Analysis of the KUP Family under Abiotic Stress in Cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Frontiers in Physiology**, [S.l.], v. 9, p. 17-57, 24 jan. 2018. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/physiology/articles/10.3389/fphys.2018.00017/full>. Acesso em: 27 out. 2023.

OKECHUKWU, R. U.; DIXON, A. G. Genetic Gains from 30 Years of Cassava Breeding in Nigeria for Storage Root Yield and Disease Resistance in Elite Cassava Genotypes. **Journal of Crop Improvement**, [S.l.], v. 22, n. 2, p. 181-208, 19 ago. 2008. Informa UK Limited. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/232988024_Genetic_Gains_from_30_Years_of_Cassava_Breeding_in_Nigeria_for_Storage_Root_Yield_and_Disease_Resistance_in_Elite_Cassava_Genotypes. Acesso em: 25 ago. 2023.

PACHECO, T. F.; DE PAIVA CARVALHO, F. B.; POLETO, C. M.; BELÉM, S. Produção de etanol utilizando mandioca açúcarada e híbrida. In: **XVIII Simpósio Nacional de Bioprocessos**. Caxias do Sul, RS: INAFERM, 2011. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/39409/1/Sinaferm-Mandioca-Thalyta-et al.pdf>. Acesso em: 17 maio 2024.

PAPADOPOULOU, A; KNOWLES, L. L. Toward a paradigm shift in comparative phylogeography driven by trait-based hypotheses. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, [S.l.], v. 113, n. 29, p. 8018-8024, 18 jul. 2016. Proceedings of the National Academy of Sciences. Disponível em: <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.1601069113>. Acesso em: 20 set. 2023.

PARMAR, N.; SINGH, K. H.; SHARMA, D.; SINGH, L.; KUMAR, P.; NANJUNDAN, J.; THAKUR, A. K. Genetic engineering strategies for biotic and abiotic stress tolerance and quality enhancement in horticultural crops: a comprehensive review. **3 Biotech**, [S.l.], v. 7, n. 4, p. 1-35, 12 jul. 2017. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28702937/>. Acesso em: 03 abr. 2023.

PARRA, M. R.; COUTINHO, R. X.; PESSANO, E. F. C. UM BREVE OLHAR SOBRE A CIENCIOMETRIA: origem, evolução, tendências e sua contribuição para o ensino de ciências. **Revista Contexto & Educação**, [S.l.], v. 34, n. 107, p. 126-141, 28 mar. 2019. Editora Unijui. Disponível em: <https://www.revistas.unijui.edu.br/index.php/contextoeducacao/article/view/7267>. Acesso em: 15 jun. 2023.

PATIL, B. L.; FAUQUET, C. M. Cassava mosaic geminiviruses: actual knowledge and perspectives. **Molecular Plant Pathology**, [S.l.], v. 10, n. 5, p. 685-701, 2009. Disponível em: <https://bsppjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1364-3703.2009.00559.x>. Acesso em: 18 fev. 2024.

PEQUENO, W.; RUBAIHAYO, P.; PARIYO, A.; KAWUKI, R.; WANJALA, B.; ABELHA, I.; HARVEY, J.J.W.; BAGUMA, Y. Genetic Diversity of Provitamin A Cassava in Uganda. **Journal of Plant Studies**, [S.l.], v. 1, n. 1, p. 60-71, 27 fev. 2012. Canadian Center of Science and Education. Disponível em: [https://www.scirp.org/\(S\(351jmbntvnsjtlaadkozje\)\)/reference/referencespapers?referenceid=3086436](https://www.scirp.org/(S(351jmbntvnsjtlaadkozje))/reference/referencespapers?referenceid=3086436). Acesso em: 11 mar. 2023.

PENDLEBURY, D. A. The use and misuse of journal metrics and other citation indicators. **Archivum Immunologiae et Therapiae Experimentalis**, [S.l.], v. 57, n. 1, p. 1-11, fev. 2009. Walter de Gruyter GmbH. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19219526/>. Acesso em: 26 ago. 2023.

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**, [S.l.], v. 92, n.1, p. 171-183, 2002. Disponível em: <https://qualquant.org/wp-content/uploads/ethnoecology/2002%20Peroni171-183.pdf>. Acesso em: 13 jan. 2024.

PHOSAENGSR, W.; BANTERNG, P.; VORASOOT, N.; JOGLOY, S.; Theerakulpisut, P. Leaf performances of cassava genotypes in different seasons and its relationship with biomass. **Turkish Journal of Field Crops**, [S.l.], v. 24, n. 1, p. 54-64, 2019. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/333784618_LEAF_PERFORMANCES_OF_CASSAVA_GENOTYPES_IN_DIFFERENT_SEASONS_AND_ITS_RELATIONSHIP_WITH_BIOMASS. Acesso em: 08 fev. 2023.

POP, M.; SALZBERG, S. L. Bioinformatics challenges of new sequencing technology. **Trends in Genetics**, [S.l.], v. 24, n. 3, p. 142-149, mar. 2008. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18262676/>. Acesso em: 01 nov. 2023.

PUJOL, B.; DAVID, P.; MCKEY, D. Microevolution of *Manihot esculenta* (Euphorbiaceae) in agricultural environments: Assessment of the role of farmers in the evolutionary dynamics of cassava. **Ecology Letters**, [S.l.], v. 8, n. 2, p. 138-147, 17 dez. 2004. Wiley. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/227654427_Microevolution_in_agricultural_environments_How_a_traditional_Amerindian_farming_practice_favours_heterozygosity_in_cassava_Manihot_esculenta_Crantz_Euphorbiaceae. Acesso em: 12 out. 2023.

PRICE, D. S. Uma teoria geral de processos bibliométricos e outros processos de vantagem cumulativa. **Jornal da Sociedade Americana de Ciência da Informação**, [S.l.], v. 27, p. 292-306, 1976. Disponível em: https://www.marilia.unesp.br/Home/Pos-Graduacao/CienciadaInformacao/Dissertacoes/santos_netto_ja_do_mar.pdf. Acesso em: 19 abr. 2024.

QI, W.; LIM, Y. W.; PATRIGNANI, A.; SCHLÄPFER, P.; BRATUS-NEUENSCHWANDER, A.; GRÜTER, S.; GRUISSEM, W. The haplotype-resolved chromosome pairs of a heterozygous diploid African cassava cultivar reveal novel pan-genome and allele-specific transcriptome features. **Gigascience**, [S.l.], v. 11, p. 028, 2022. Oxford University Press (OUP). Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35333302/>. Acesso em: 05 jun. 2023.

RABBI, I. Y.; KAYONDO, S. I.; BAUCHET, G.; YUSUF, M.; AGHOGHO, C. I.; OGUNPAIMO, K.; KULAKOW, P. Genome-wide association analysis reveals new insights into the genetic architecture of defensive, agro-morphological and quality-related traits in cassava. **Plant Molecular Biology**, [S.l.], v. 109, n. 3, p. 195-213, 30 jul. 2020. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32734418/>. Acesso em: 21 fev. 2023.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 3 ed. Lavras: Editora da Universidade Federal de Lavras, [S.l.], v. 1, p. 1-472, 2004. Disponível em: https://edisciplinas.usp.br/pluginfile.php/6488029/mod_resource/content/1/Livro%20Gen%C3%A9tica%20na%20Agropecu%C3%A1ria.pdf. Acesso em: 02 mar. 2024.

RAMU, P.; ESUMA, W.; KAWUKI, R.; RABBI, I. Y.; EGESI, C.; BREDESON, J. V.; LU, F. Cassava haplotype map highlights fixation of deleterious mutations during clonal propagation. **Nature Genetics**, [S.l.], v. 49, n. 6, p. 959-963, 17 abr. 2017. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/ng.3845#citeas>.

Acesso em: 14 jan. 2024.

RAUWANE, M. E.; ODENY, D. A.; MILLAR, I.; REY, C.; REES, J. The early transcriptome response of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) to mealybug (*Phenacoccus manihoti*) feeding. **Plos One**, [S.l.], v. 13, n. 8, p. 0202541, 22 ago. 2018. Public Library of Science (PLoS). Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0202541>. Acesso em: 16 jul. 2023.

RAO, V. R.; HODGKIN, T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. **Plant cell, tissue and organ culture**, [S.l.], v. 68, p. 1-19, 2002. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/225310905_Genetic_diversity_and_conservation_and_utilization_of_plant_genetic_resources. Acesso em: 22 dez. 2023.

RESENDE, A. G.; VIDIGAL FILHO, P. S.; MACHADO, M. D. F. P. Esterase polymorphism marking cultivars of *Manihot esculenta*, Crantz. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, [S.l.], v. 47, p. 347-353, 2004. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/379407125_Sustainable_Utilization_and_Conservation_of_Plant_Genetic_Diversity. Acesso em: 20 abr. 2023.

RIBEIRO, M. D. N. O.; CARVALHO, S. P. D.; SANTOS, J. B. D.; ANTONIO, R. P. Genetic variability among cassava accessions based on SSR markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 11, p. 263-269, 2011. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/v6Xrrj7mfq66Dyt8ypWhJmh/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 23 set. 2023.

ROA, A. C.; MAIA, M. M.; DUQUE, M. C.; TOHME, J.; ALLEM, A.; BONIERBALE, M. W. AFLP analysis of relationships among cassava and other *Manihot* species. **Theoretical and Applied Genetics**, [S.l.], v. 95, n. 5-6, p. 741-750, out. 1997. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/225819635_AFLP_analysis_of_relationships_among_cassava_and_other_Manihot_species. Acesso em: 27 mar. 2023.

ROGERS, D. J.; APPAN, S. J. *Manihot* and *Manihotoides* (Euphorbiaceae): a computer assisted study, [S.l.], v. 13, p. 1-272, 1973. Disponível em: https://books.google.com/books/about/Manihot_Manihotoides_Euphorbiaceae.html?id=3gRjmQEACAAJ. Acesso em: 23 ago. 2023.

ROSALES-SOTO, M. U.; GRAY, P. M.; FELLMAN, J. K.; MATTINSON, D. S.; ÜNLÜ, G.; HUBER, K.; POWERS, J. R. Microbiological and physico-chemical analysis of fermented protein-fortified cassava (*Manihot esculenta* Crantz) flour. **Lwt - Food Science and Technology**, [S.l.], v. 66, p. 355-360, mar. 2016. Elsevier BV. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/284018200_Microbiological_and_physico-chemical_analysis_of_fermented_protein-fortified_cassava_Manihot_esculenta_Crantz_flour. Acesso em: 05 dez. 2023.

ROSTAINING, H. Basic principles of bibliometrics. **Application to Research Development**. In

The competitive intelligence and industrial vision in the 21st century, 2003. Disponível em: <https://hal.science/hal-01579923/document>. Acesso em: 15 jun. 2023.

RUMPEL, C.; ANN, V.; BAHRI, H.; FLOODY, M. C.; CHEIK, S.; DOAN, T. T.; SANAULLAH, M. **Research for development in the 21st century**. Geoderma, [S.l.], v. 378, p. 114558, nov. 2020. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32836329/>. Acesso em: 18 fev. 2024.

SAINI, D. K.; KAUSHIK, P. Visiting eggplant from a biotechnological perspective: A review. **Scientia Horticulturae**, [S.l.], v. 253, p. 327-340, 2019. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/358042930_Visiting_eggplant_from_a_biotechnological_perspective_A_review. Acesso em: 11 mar. 2023.

SANTOS, R. N. M. D.; KOBASHI, N. Y. Bibliometria, cientometria, infometria: Conceitos e aplicações. **Pesquisa Brasileira em Ciência da Informação**, [S.l.], v. 2, n. 1, p.155-172, 2009. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/10089>. Acesso em: 26 ago. 2023.

SANZ-CARBONELL, A.; MARQUES, M. C.; BUSTAMANTE, A.; FARES, M. A.; RODRIGO, G.; GOMEZ, G. Inferring the regulatory network of the miRNA-mediated response to biotic and abiotic stress in melon. **Bmc Plant Biology**, [S.L.], v. 19, n. 1, p. 1-17, 18 fev. 2019. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12870-019-1679-0>. Acesso em: 13 jan. 2024.

SALIM, U.; KUMAR, A.; KULSHRESHTHA, R.; VIVEKANANDAN, P. Biogenesis, characterization, and functions of mirtrons. **Wires RNA**, [S.l.], v. 13, n. 1, p. 1680, 21 jun. 2021. Wiley. Disponível em: <https://wires.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/wrna.1680>. Acesso em: 08 fev. 2023.

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**, [S.l.], v. 48, n. 9-10, p. 879-895, 29 jul. 2010. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20668929/>. Acesso em: 16 set. 2023.

SIQUEIRA, M. V. B. M.; BORGES, A.; VALLE, T. L.; E VEASEY, E. A. A comparative genetic diversity assessment of industrial and household Brazilian cassava varieties using SSR markers. **Bragantia**, [S.l.], v. 70, n. 4, p. 745-752, 2011. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/yyRNSXk5tNhybjF6FykVwcc/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 31 ago. 2023.

SIMON, M. F.; MENDOZA FLORES, J. M.; LIU, H. L.; MARTINS, M. L. L.; DROVETSKI, S. V.; PRZELOMSKA, N. A.; KISTLER, L. Phylogenomic analysis points to a South American origin of Manihot and illuminates the primary gene pool of cassava. **New Phytologist**, [S.l.], v. 233, n. 1, p. 534-545, 18 out. 2021. Wiley. Disponível em: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.17743>. Acesso em: 03 out. 2023.

SHACKELFORD, G. E.; HADDAWAY, N. R.; USIETA, H. O.; PYPERS, P.; PETROVAN, S. O.; SUTHERLAND, W. J. Cassava farming practices and their agricultural and environmental impacts: a systematic map protocol. **Environmental Evidence**, [S.l.], v. 7, n. 1, p. 1-7, dez. 2018. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://environmentalevidencejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13750-018-0142-2#citeas>. Acesso em: 10 jun. 2023.

SHI, J.; TIAN, Z.; LAI, J.; HUANG, X. Plant pan-genomics and its applications. **Molecular Plant**, [S.l.], v. 16, n. 1, p. 168-186, jan. 2023. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36523157/>. Acesso em: 07 fev. 2024.

SILVA, D. N. L. da.; NUNES, G. P.; SANTIAGO, V. S.; FREITAS, F. M. N. O.; FERREIRA, J. C. S. Alimentos transgênicos: impactos na saúde humana e ambiental. **Research, Society and Development**, [S.l.], v. 11, n. 14, p. 494111436511, 3 nov. 2022. Research, Society and Development. <https://rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/36511>. Acesso em 02 jan. 2023

SILVA, T. F.; DE MELO, A. A.; DOS SANTOS, D. L. A.; VAZ, E. C.; CORVALAN, L. C. J.; DE LACERDA RIBEIRO, M.; RODRIGUES, F. M. Systematic review of bibliometric studies on SARS-CoV-2. **Revista Ciências em Saúde**, [S.l.], v. 10, n. 3, p. 116-125, 24 set. 2020. Revista Ciência e Saúde. Disponível em: https://portalrcs.hcitajuba.org.br/index.php/rcsfmt_zero/article/view/1023. Acesso em: 02 maio 2024.

SILVEIRA, L.; BARBOSA, A. D. A.; FERREIRA, M. K.; CAREGNATO, S. E. Citação de dados científicos: scoping review. **Encontros Bibli: revista eletrônica de biblioteconomia e ciência da informação**, [S.l.], v. 25, p. 01-31, 7 jul. 2020. Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). Disponível em: <https://periodicos.ufsc.br/index.php/eb/article/view/1518-2924.2020.e72153>. Acesso em: 20 jan. 2023.

SILVELLO, G. Theory and practice of data citation. **Journal of the Association for Information Science and Technology**, [S.l.], v. 69, n. 1, p. 6-20, 19 set. 2017. Wiley. Disponível em: <https://asistdl.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/asi.23917>. Acesso em: 15 mar. 2023.

SIVAN, S.; ARYA, K.; SHEELA, M. N.; REVATHI, B. S.; KRISHNAN, P.; MUTHUSAMY, S. K. Genetic diversity analysis of Indian Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) accessions using morphological and molecular markers. **South African Journal of Botany**, [S.l.], v. 161, p. 347-357, out. 2023. Elsevier BV. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/373438689_Genetic_diversity_analysis_of_Indian_Cassava_Manihot_esculenta_Crantz_accessions_using_morphological_and_molecular_markers. Acesso em: 29 ago. 2023.

SOARES, P. B.; CARNEIRO, T. C. J.; CALMON, J. L.; CASTRO, L. O. C. O. AAnálise bibliométrica da produção científica brasileira sobre Tecnologia de Construção e Edificações na base de dados Web of Science. **Ambiente Construído**, [S.l.], v. 16, n. 1, p. 175-185, jan. 2016. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ac/a/7CmZ3n8FT8R5g93DkW5kzMJ/abstract/?lang=pt>. Acesso em:

17 fev. 2023.

SOUSA, K. R. DE; SOUZA, M. C.; CONCEIÇÃO, J. M. DA; CORDEIRO, G. R. C.; SANTOS, B. DE L.; FERREIRA, T. DA C.; MARTINS, L. DE S.; E CABRAL, A. C. DE S. Avaliação do processo fermentativo do caldo de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) para produção de etanol. **Conjecturas**, [S.l.] v. 21, n.7, p. 555–573, 2021. Disponível em: <https://scholar.archive.org/work/pqyfiqwpucwzhed56i3oi7gje/access/wayback/https://conjecturas.org/index.php/edicoes/article/download/459/359>. Acesso em: 28 nov. 2023.

SREEKUMAR, J.; MUHAMMED SADIQ, P. A.; RAJU, S.; MUKHERJEE, A. In silico analysis of carotenoid biosynthesis pathway in cassava (*Manihot esculenta* Crantz). **Journal of Genetics**, [S.l.], v. 101, n. 1, p. 2, 4 jan. 2022. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12041-021-01345-8>. Acesso em: 23 maio 2024.

SRIMASERM, N. Strengthening Mahidol University Institute of Molecular Biosciences' Innovation and Research Policy toward a World. **Class Research Institute**, [S.l.], v.1, p. 1-87, 2015. Disponível em: <https://so13.tci-thaijo.org/index.php/AJMI/article/download/165/110/346#page=91>. Acesso em: 13 fev. 2023.

SRISAWAD, N.; SRAPHET, S.; SUKSEE, N.; BOONTUNG, R.; SMITH, D. R.; TRIWITAYAKORN, K. Use of Diversity Arrays Technology (DArT) for detection of QTL underlying plant architecture and yield-related traits in cassava. **Journal of Crop Improvement**, [S.l.], v. 37, n. 1, p. 99-118, 30 mar. 2022. Informa UK Limited. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/15427528.2022.2058668>. Acesso em: 19 out. 2023.

STEINWAND, M. A.; RONALD, P. C. Crop biotechnology and the future of food. **Nature Food**, [S.l.], v. 1, n. 5, p. 273-283, 19 maio 2020. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s43016-020-0072-3#citeas>. Acesso em: 22 jun. 2023.

SULLIVAN, M. L.; KNOLLENBERG, B. J. Red Clover HDT, a BAHD Hydroxycinnamoyl-Coenzyme A: l-3,4-dihydroxyphenylalanine (l-dopa) hydroxycinnamoyl transferase that synthesizes clovamide and other n-hydroxycinnamoyl-aromatic amino acid amides. **Frontiers in Plant Science**, [S.l.], v. 12, p. 727461, 9 nov. 2021. Frontiers Media SA. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2021.727461/full>. Acesso em: 05 jan. 2024.

SUNKAR, R.; LI, Y. F.; JAGADEESWARAN, G. Functions of microRNAs in plant stress responses. **Trends in Plant Science**, [S.l.], v. 17, n. 4, p. 196-203, 2012. Disponível em: [https://www.cell.com/trends/plant-science/abstract/S1360-1385\(12\)00026-X](https://www.cell.com/trends/plant-science/abstract/S1360-1385(12)00026-X). Acesso em: 14 maio 2023.

ROBINSON-GARCIA, N.; RÀFOLS, I. The Differing Meanings of Indicators Under Different Policy Contexts. The Case of Internationalisation. **Evaluative Informetrics: The Art of Metrics-Based Research Assessment**, [S.l.], p. 213-232, 2020. Springer International Publishing. Disponível em: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-030-47665-6_10.

Acesso em: 26 mar. 2024.

TEIXEIRA, P. M. M.; MEGID NETO, J. Investigando a pesquisa educacional. um estudo enfocando dissertações e teses sobre o ensino de biologia no Brasil. **Investigações em Ensino de Ciências**, [S.l.], v. 11, n. 2, p. 261-282, 2006. Disponível em: <https://ienci.if.ufrgs.br/index.php/ienci/article/view/496>. Acesso em: 16 ago. 2023.

TIAGO, A. V.; DE PEDRI, E. C. M.; ROSSI, F. S.; DOS SANTOS, L. L.; LIMA, J. A.; CARDOSO, E. D. S.; ROSSI, A. A. B. Research Article Phenotypic characterization of cassava ethno-varieties in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 19, n. 2, p. 1-22, 2020. Genetics and Molecular Research. Disponível em: <https://geneticsmr.com/2020/06/30/phenotypic-characterization-of-cassava-ethno-varieties-in-the-state-of-mato-grosso-brazil/>. Acesso em: 09 abr. 2024.

TIAGO, A. V.; ROSSI, A. A. B.; TIAGO, P. V.; CARPEJANI, A. A.; SILVA, B. M.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; YAMASHITA, O. M. Research Article Phenotypic characterization of cassava ethno-varieties in the state of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 19, n. 2, p. 1-22, 2020. Genetics and Molecular Research. Disponível em: <https://geneticsmr.com/2020/06/30/phenotypic-characterization-of-cassava-ethno-varieties-in-the-state-of-mato-grosso-brazil/>. Acesso em: 03 maio 2024.

TOMICH, R. G. P.; SALIS, S. M. DE; FEIDEN, A.; TOMICH, T. R.; CURADO, F. F.; SANTOS, G. G. Etnovarietades de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) cultivadas em assentamentos rurais de Corumbá, MS. Corumbá: **Embrapa Pantanal**, v.1, p. 1-27, 2008. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/372625/1/BP78.pdf>. Acesso em: 21 mar. 2023.

TOPPA, E. V. B.; JADOSKI, C. J. O uso de marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas. **Scientia Agraria Paranaensis**, [S.l.], v. 12, n. 1, p. 1-5, 2013. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/scientiaagraria/article/view/4552>. Acesso em: 27 jan. 2023.

TORRES-FLOREZ, J. P.; JOHNSON, W. E.; NERY, M. F.; EIZIRIK, E.; OLIVEIRA-MIRANDA, M. A.; GALETTI, P. M. The coming of age of conservation genetics in Latin America: what has been achieved and what needs to be done. **Conservation Genetics**, [S.l.], v. 19, n. 1, p. 1-15, 19 ago. 2017. Springer Science and Business Media LLC. https://www.researchgate.net/publication/319179221_The_coming_of_age_of_conservation_genetics_in_Latin_America_what_has_been_achieved_and_what_needs_to_be_done. Acesso em: 20 fev. 2024.

TORRES-SALINAS, D.; VALDERRAMA-BACA, P.; ARROYO-MACHADO, W. Is there a need for a new journal metric? Correlations between JCR Impact Factor metrics and the Journal Citation Indicator—JCI. **Journal of Informetrics**, [S.l.], v. 16, n. 3, p. 101315, ago. 2022. Elsevier BV. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751157722000670?ssrnid=3997778&dgcid=SSRN_redirect_SD. Acesso em: 12 out. 2023.

TRICCO, A. C.; LILLIE, E.; ZARIN, W.; O'BRIEN, K. K.; COLQUHOUN, H.; LEVAC, D.; STRAUS, S. E. PRISMA Extension for Scoping Reviews (PRISMA-ScR): checklist and explanation. **Annals Of Internal Medicine**, [S.l.], v. 169, n. 7, p. 467-473, 2 out. 2018. American College of Physicians. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30178033/>. Acesso em: 23 fev. 2023.

TURYAGYENDA, L. F.; KIZITO, E. B.; FERGUSON, M. E.; BAGUMA, Y.; HARVEY, J. W.; GIBSON, P.; WANJALA, B. W.; GIBSON, P.; OSIRU, D. S. O. Diversidade genética entre as variedades de mandioca preferidas pelos agricultores em Uganda. **African Crop Science Journal**, [S.l.], v. 20, p. 15-30, 2012. Disponível em: <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=1834227>. Acesso em: 18 jun. 2023.

UMESHA, S.; MANUKUMAR, H. M., CHANDRASEKHAR, B. Sustainable Agriculture and Food Security. **Biotechnology for Sustainable Agriculture**, [S.l.], p. 67-92, 2018. Elsevier. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/323622213_Sustainable_Agriculture_and_Food_Security. Acesso em: 05 mar. 2024.

VANTI, N. A. P. Da bibliometria à webometria: uma exploração conceitual dos mecanismos utilizados para medir o registro da informação e a difusão do conhecimento. **Ciência da Informação**, [S.l.], v. 31, n. 2, p. 369-379, ago. 2002. IBICT. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/ci/a/SLKfBsNL3XHPPqNn3jmqF3q/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 16 mar. 2023.

VANZ, S. A. D. S.; OLIVEIRA, S. C. D.; GRACIO, M. C. C.; CHINCHILLA-RODRÍGUEZ, Z.; DOCAMPO, D. O impacto da produção científica brasileira em “Agronomy”: **a influência do autor correspondente (2015 a 2019)**. Encontro Brasileiro de Bibliometria e Cientometria (8.: 2022: Maceió, AL). Comunicação oral [recurso eletrônico]. UFAL, 2022. Disponível em: <https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/257228/001148216.pdf?sequence=1>. Acesso em: 25 out. 2023.

VERNOOY, R.; ADOKORACH, J.; KIMANI, D.; MARWA, A.; MAYOYO, A.; NYADANU, D. Políticas, leis e regulamentos de apoio aos sistemas de sementes geridos pelos agricultores: ainda há um longo caminho a percorrer. Uma revisão de 14 países em África. **ISSD África, Alliance of Bioversity International e CIAT**, Roma, Itália. 2023. Disponível em: <https://alliancebioversityciat.org/publications-data/policies-laws-and-regulations-support-farmer-managed-seed-systems-still-long-way>. Acesso em: 09 ago. 2023.

VIDIGAL FILHO, P. S.; ORTIZ, A. H. T.; PEQUENO, M. G.; BORÉM, A. **Mandioca: do plantio à colheita**. [S.l.], Oficina de Textos, 2022. Disponível em: https://www.ofitexto.com.br/mandioca-plantio-colheita/p?srsId=AfmBOoqeBNu0kUYbCWufcY6B56GlXMe8c_zsDPBy0AoYXS77ykW8_k6Y. Acesso em: 23 nov. 2023.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. D. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G. D.; CARVALHO, L. J. C. B.; SILVA, M. S. Caracterização molecular e variabilidade genética de

acessos elite de mandioca para fins industriais. **Ciência Rural**, [S.l.], v. 40, n. 12, p. 2467-2471, 2010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/sG7G6FxxKdb93QVNDJdJMqw/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 01 jun. 2023.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. D. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. G. D.; CARVALHO, L. J. C. B.; DENKE, M. L. Characterization of sweet cassava accessions based on molecular, quantitative and qualitative data. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 11, n. 3, p. 232-240, set. 2011. FapUNIFESP (SciELO). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/t9SNwBC5fjKzVcZ9Rtmtbjh/>. Acesso em: 07 jul. 2023.

VIEIRA, E. A.; FIALHO, J. D. F.; FALEIRO, F. G.; BELLON, G.; FONSECA, K. D.; SILVA, M. S.; CARVALHO, L. J. C. B. Phenotypic and molecular characterization of industrial purpose cassava accessions with potential for adaptation to the conditions of Cerrado of Central Brazil, **Semina: Ciências Agrárias**, [S.l.], v. 34, No. 2, p. 567-581, 2013. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/86925/1/vieira-ea-02-2011.pdf>. Acesso em: 17 dez. 2023.

VIEIRA, L. DO N.; FRAGA, H. P. DE F.; SERBIN, G. M.; SILVA, R. S. DA; STEFANELLO, C. A.; CLEMENT, C. R. Domesticação de plantas: um processo co-evolutivo. **Genética na Escola**, [S.l.], v. 16, n. 2, p. 356-367, 14 dez. 2021. Sociedade Brasileira de Genética. Disponível em: <https://geneticanaescola.emnuvens.com.br/revista/article/view/394>. Acesso em: 24 maio 2023.

XAVIER, C. A.; NOGUEIRA, A. M.; BELLO, V. H.; WATANABE, L. F. M.; BARBOSA, T. M. C.; JÚNIOR, M. A.; ZERBINI, F. M. Assessing the diversity of whiteflies infesting cassava in Brazil. **PeerJ**, [S.l.], v. 9, p. 11741, 15 jul. 2021. PeerJ. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34316398/>. Acesso em: 26 abr. 2024.

WANG, P.; YAN, Y.; BAI, Y.; DONG, Y.; WEI, Y.; ZENG, H.; SHI, H. Phosphorylation of RAV1/2 by KIN10 is essential for transcriptional activation of CAT6/7, which underlies oxidative stress response in cassava. **Cell Reports**, [S.l.], v. 37, n. 11, p. 110119, dez. 2021. Elsevier BV. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34910906/>. Acesso em: 13 set. 2023.

WICKHAM, H.; AVERICK, M.; BRYAN, J.; CHANG, W.; MCGOWAN, L. D. A.; FRANÇOIS, R.; YUTANI, H. Welcome to the Tidyverse. **Journal of Open Source Software**, [S.l.], v. 4, n. 43, p. 1686, 21 nov. 2019. The Open Journal. Disponível em: <https://joss.theoj.org/papers/10.21105/joss.01686>. Acesso em: 02 ago. 2023.

YETIK, A. K.; KIZILDENİZ, T.; ÜNAL, Z. Simulating the Yield Responses of Sugar Beet to Different Climate Change Scenarios by LINTUL-MULTICROP Model. **Black Sea Journal of Engineering and Science**, [S.l.], v. 6, n. 2, p. 53-59, 1 abr. 2023. Black Sea Journal of Engineering and Science. Disponível em: <https://dergipark.org.tr/en/pub/bsengineering/issue/75852/1181263>. Acesso em: 19 jan. 2024.

YIN, H.; YAN, Y.; HU, W.; LIU, G.; ZENG, H.; WEI, Y.; SHI, H. Genome-wide

association studies reveal genetic basis of ionomic variation in cassava. **The Plant Journal**, [S.l.], v. 112, n. 5, p. 1212-1223, 28 out. 2022. Wiley. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36239073/>. Acesso em: 11 mar. 2024.

ZAGO, B. W.; BARELLI, M. A. A.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; CORRÊA, C. L.; DELFORNO, G. I. S.; E DA SILVA, C. J. Research Article Morphological diversity of cassava accessions of the south-central mesoregion of the State of Mato Grosso, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 16, n. 3, p. 1-10, 2017. Genetics and Molecular Research. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/319194177_Morphological_diversity_of_cassava_accessions_of_the_south-central_mesoregion_of_the_State_of_Mato_Grosso_Brazil. Acesso em: 27 out. 2023.

ZALDIVAR, M. E.; ROCHA, O. J.; AGUILAR, G.; CASTRO, L.; CASTRO, E.; BARRANTES, R. Genetic Variation of Cassava (*Manihot Esculenta* Crantz) Cultivated by Chibchan Amerindians of Costa Rica. **Economic Botany**, [S.l.], v. 58, n. 2, p. 204-213, abr. 2004. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: [https://link.springer.com/article/10.1663/0013-0001\(2004\)058\[0204:GVOCME\]2.0.CO;2#citeas](https://link.springer.com/article/10.1663/0013-0001(2004)058[0204:GVOCME]2.0.CO;2#citeas). Acesso em: 30 jun. 2023.

ZHAO, Z.; PAN, X.; HUA, W. Comparative analysis of the research productivity, publication quality, and collaboration patterns of top ranked library and information science schools in China and the United States. **Scientometrics**, [S.l.], v. 126, n. 2, p. 931-950, 5 jan. 2021. Springer Science and Business Media LLC. Disponível em: https://ideas.repec.org/a/spr/scient/v126y2021i2d10.1007_s11192-020-03796-9.html. Acesso em: 15 ago. 2023.

ZOU, Z.; ZHU, J.; ZHANG, X. Genome-wide identification and characterization of the Dof gene family in cassava (*Manihot esculenta*). **Gene**, [S.l.], v. 687, p. 298-307, mar. 2019. Elsevier BV. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S037811191831196X>. Acesso em: 09 abr. 2024.