

Diversity assessment of cassava mutants, hybrids and landraces using morphological markers

Chepkoech, E.¹, Kinyua, M.¹, Kiplagat, O.¹, Arunga, E.E.¹, Kimno, S.¹ & Chelulei, M.¹

¹University of Eldoret, P. O. Box 1125-30100, Eldoret, Kenya

Corresponding author: emychepkoech@gmail.com

Abstract

Cassava (*Manihot esculenta*) is a very important crop in terms of adaptability to various micro-environments, flexibility in management, returns, and multiple uses as food and in various industries. Knowledge of levels of genetic variation is required if farmers continue to use cassava cultivars to form part of the conservation strategy. The current study was to determine variability of cassava mutants, hybrids and landraces using morphological markers. Ten cassava genotypes which comprised of 4 mutants, KME1 (parent of the mutant), hybrid (KMA1) and the two parent of hybrid (HM95/0183 × 990072) selections were evaluated for various morphological characters in the year 2010/2011. The sites were Chepsigot, Sigor and Marigat and the design used was randomized complete block design (RCBD) with 3 replications in each site. The results from the dendrogram based on Underweighted Pair-Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA) cluster analysis revealed that morphological data indicated the existence of some level of divergence among the genotypes. The cophenetic matrices obtained with morphological data marker type were 0.87. At certain stages, the morphological traits used were able to distinguish between cultivars. This implies that the genotypes constitute a pool of germplasm with adequate genetic variability and selection of desirable characters among the genotypes will lead to significant progress in cassava improvement programmes.

Key words: Diversity, genotypes, *Manihot esculenta*, morphological

Résumé

Le manioc (*Manihot esculenta*) est une culture très importante en termes d'adaptabilité à divers micro-environnements, souplesse dans la gestion, le rendement et les multiples usages comme nourriture et dans diverses industries. La connaissance des niveaux de variation génétique est nécessaire si les agriculteurs continuent à utiliser des cultivars de manioc pour faire partie de la stratégie de conservation. La présente étude était de déterminer la variabilité des mutants de manioc, les hybrides et les variétés utilisant des marqueurs morphologiques. Dix génotypes de manioc qui étaient représentés dans les sélections de 4 mutants, KME1 (parent du mutant), hybride (KMA1) et les deux parents d'hybride (HM95/0183 × 990 072) ont été évaluées pour différents caractères morphologiques en 2010/2011. Les sites étaient Chepsigot, Sigor et Marigat et la conception a utilisé des blocs aléatoires complets (RCBD) avec 3 répétitions dans chaque site. Les résultats de l' dendrogramme basé sur La Méthode de Groupe de Paires Sous-pondérations avec l' Analyse Typologique de Moyen Arithmétique

(UPGMA) ont révélé que les données morphologiques indiquaient l'existence d'un certain niveau de divergence entre les génotypes. Les matrices cophénétiques obtenus avec des données morphologiques des types de marqueur étaient de 0,87. A certaines étapes, les traits morphologiques utilisés étaient capables de faire de distinction entre les cultivars. Cela implique que les génotypes constituent un réservoir des microbes cellulaires porteurs d'une variabilité de matériels génétiques adéquats et une sélection des caractères souhaitables entre les génotypes. Ceux-ci mèneront à des progrès significatifs dans les programmes d'amélioration de manioc.

Mots clés: diversité, génotypes, *Manihot esculenta*, morphologique
