

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE ENGENHARIA
CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

GIOVANA GUERRA MARIANO

**PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM
GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE OBTIDOS POR MEIO DE POLYCROSS**

Ilha Solteira
2022

PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

GIOVANA GUERRA MARIANO

**PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA
EM GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE OBTIDOS POR MEIO DE
POLYCROSS**

Dissertação apresentada à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – UNESP como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Agronomia, na Especialidade: Sistemas de Produção.

Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan
Orientador

Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas
Co-orientador

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

M333p Mariano, Giovana Guerra.
Predição de ganhos genéticos e diversidade genética em genótipos de batata-doce obtidos por meio de polycross / Giovana Guerra Mariano. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2022
71 f. : il.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Área De Conhecimento: Sistemas de Produção, 2022

Orientador: Bruno Ettore Pavan
Coorientador: Pablo Forlan Vargas
Inclui bibliografia

1. Ipomoea batatas (L.) Lam. 2. Variabilidade genética. 3. Índice de seleção. 4. Ganho com seleção . 5. Métodos de agrupamento.


Raiane da Silva Santos

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO


TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE OBTIDOS POR MEIO DE POLYCROSS

AUTORA: GIOVANA GUERRA MARIANO

ORIENTADOR: BRUNO ETTORE PAVAN

COORIENTADOR: PABLO FORLAN VARGAS

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA, área: Sistemas de Produção pela Comissão Examinadora:


Prof. Dr. BRUNO ETTORE PAVAN (Participação Virtual)
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / FEIS / UNESP - Ilha Solteira

Profa. Dra. MARIA GABRIELA FONTANETTI RODRIGUES (Participação Virtual) 
Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas de Itiracena - UNESP


Prof. Dr. EDGARD HENRIQUE COSTA SILVA (Participação Virtual)
Faculdade de Ciências Agrárias / Universidade do Oeste Paulista - UNOESTE

Ilha Solteira, 07 de junho de 2022

DEDICATÓRIA

Dedico aos meus pais, Sueli de Souza Guerra Mariano e Givaldo dos Santos Mariano, ao meu irmão Vinícius Guerra Mariano, aos meus avós, em especial à Deolina de Souza Neves, e aos meus tios, Luciene de Souza Guerra (*in memoriam*) e Francisco de Souza Guerra (*in memoriam*).

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer primeiramente a Deus que me guiou e concedeu força e apoio em todos os momentos da minha vida.

À minha família, cada um de vocês contribuiu de diferentes formas para essa conquista, em especial aos meus pais, Sueli de Souza Guerra Mariano e Givaldo dos Santos Mariano, ao meu irmão Vinícius Guerra Mariano, a minha avó Deolina de Souza Neves, por serem meu apoio e incentivo em todos os momentos, quando eu mais precisei de ajuda, sempre com muito amor e carinho, acreditando e incentivando em minhas escolhas e realização dos meus sonhos. A minha tia, Luciene Souza Guerra (*in memoriam*) uma pessoa muito especial, por todos os conselhos e momentos que vivemos juntas, nunca irei esquecer o quanto você me ajudou. Aos meus tios, Rodinei de Souza Guerra, Ronaldo de Souza Guerra, Celso de Souza Guerra e Francisco de Souza Guerra (*in memoriam*), pelo carinho e contribuição de diversas formas na minha vida e no desenvolvimento deste trabalho. Aos meus primos e primas, em especial à Samara Guerra Miranda, Danielle Guerra de Faria, Érica Guerra de Oliveira, Gustavo Baldoino Guerra e Cássio Eduardo de Campos Guerra, pela companhia, o incentivo e pelos momentos felizes.

À minha querida amiga, Silvia Sanches Fuzeto, por ter me ajudado antes e nesse período.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan, pelo apoio em situações difíceis, os ensinamentos, disponibilidade, sempre com muita paciência, contribuindo para a minha formação e realização deste trabalho. Ao Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas pela co-orientação, paciência, auxílio e disponibilidade.

Ao Grupo de Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, por todas as amizades que fiz e apoio, principalmente, à Maria Eduarda Facioli Otoboni e Patrícia de Almeida que sempre me ajudaram em todas as etapas para o desenvolvimento deste trabalho, na realização das atividades e pela amizade.

Aos meus amigos, todos que fizeram parte da minha vida em diferentes momentos, sou grata pelos momentos felizes que compartilhamos.

Aos membros da minha banca de Qualificação, Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade e Prof^a Dr^a Liliam Silvia Cândido por cada sugestão e contribuição para o meu trabalho.

À banca avaliadora da minha Defesa da Dissertação, Prof. Dr. Edgard Henrique Costa Silva e Prof^a Dr^a Maria Gabriela Fontanetti Rodrigues, principalmente por avaliarem o meu trabalho, pela disponibilidade e contribuição.

Aos funcionários e todos os professores da Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, por todo o suporte e aprendizado durante esses anos, vocês foram fundamentais para a minha formação e desenvolvimento deste trabalho. Ao Prof. Dr. Élcio Hiroyoshi Yano, Prof. Dr Antônio Lázaro Sant'Ana e Prof^a Dr^a Raíssa Pereira Dinalli, pelo apoio e conselhos durante a minha Graduação e pelo incentivo de iniciar a Pós-Graduação.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo apoio financeiro para execução da pesquisa, processo nº 2017/08032-0.

Ao Centro de Raízes e Amidos Tropicais (CERAT) - Câmpus de Botucatu, pelo apoio ao desenvolvimento da pesquisa.

Ao International Potato Center, em nome da Dr^a Maria Isabel Andrade, pela doação dos genótipos de batata-doce.

À todas as pessoas que me ajudaram de alguma forma e fazem parte da minha vida, sou grata por tudo.

“O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001”.

“O tempo muito me ensinou:
Ensinou a amar a vida,
Não desistir de lutar,
Renascer na derrota,
Renunciar às palavras e pensamentos negativos,
Acreditar nos valores humanos,
E a ser otimista.
Aprendi que mais vale tentar do que recuar....
Antes acreditar do que duvidar,
Que o que vale na vida,
Não é o ponto de partida e sim a nossa caminhada”
Cora Coralina

RESUMO

A cultura da batata-doce apresenta grande variabilidade genética, mas é necessário estimar parâmetros genéticos das populações sob melhoramento, principalmente quando se pretende praticar seleção com base em vários caracteres, da mesma forma é importante quantificar a diversidade genética para recomendar intercruzamentos para continuidade do programa. Assim, objetivou-se estimar parâmetros genéticos, selecionar clones por meio de índice de seleção e avaliar a divergência genética em uma população de batata-doce obtida a partir de cruzamentos não controlados. O experimento foi conduzido no município de Ilha Solteira, no período de junho a novembro de 2020. Foram avaliados 144 clones e três testemunhas, totalizando 147 tratamentos. Utilizou-se delineamento em blocos casualizados com duas repetições de três plantas por parcela. A análise dos dados foi realizada por modelos mistos (REML/BLUP) e foi aplicado o índice proposto por Mulamba & Mock adotando pressão de seleção de 17,3% para a seleção dos clones superiores. A divergência genética foi estudada por meio de análise multivariada, sendo os dados agrupados pelo método de otimização proposto por Tocher e o método hierárquico de Ward, com os 25 clones selecionados que possuíam melhores resultados nos caracteres de interesse. A seleção direta possibilitou maior predição de ganho para cada caráter, porém avaliando conjuntamente houve a maximização de ganhos seletivos em todos os caracteres de interesse. Entre os selecionados, os clones 38, 63, 79, 77 e 5 foram os mais indicados para as próximas etapas de melhoramento da batata-doce com características para produção e consumo de mesa. Entre os clones considerados mais promissores para futuras hibridações, recomenda-se os cruzamentos entre os clones 63 x 4; 5 x 4; 38 x 53; 79 x 53; 77 x 25.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* (L.) Lam; variabilidade genética; índice de seleção; ganho com seleção; métodos de agrupamento.

ABSTRACT

The sweet potato crop presents great genetic variability, but it is necessary to estimate genetic parameters of the populations under breeding, mainly when it is intended to practice selection based on several characters, in the same way it is importante to quantify the genetic diversity to recommend intercrosses for the continuity of the program. Thus, the objective was to estimate genetic parameters, select clones by means of a selection index and evaluate the genetic divergence in a sweet potato population obtained from uncontrolled crossings. The experiment was conducted in the municipality of Ilha Solteira, from June to November 2020. A total of 144 clones and three controls were evaluated, totaling 147 treatments. A randomized block design with two replications of three plants per plot was used. Data analysis was performed by mixed models (REML/BLUP) and the index proposed by Mulamba & Mock was applied, adopting a selection pressure of 17.3% for the selection of superior clones. Genetic divergence was studied by means of multivariate analysis, with data were grouped by the optimization method proposed by Tocher and the hierarchical method of Ward, with the 25 selected clones that had the best results in the characters of interest. The direct selection allowed a greater prediction of gain for each character, however, evaluating together, there was a maximization of selective gains in all characters of interest. Among those selected, clones 38, 63, 79, 77 and 5 were the most suitable for the next stages of improvement of sweet potato with characteristics for production and table consumption. Among the clones considered most promising for future hybridizations, crossbreeding between 63 x 4 clones are recommended; 5 x 4; 38 x 53; 79 x 53; 77 x 25.

Keywords: *Ipomoea batatas* (L.) Lam; genetic variability; selection index; selection gain; clustering methods.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	- Localização da área do experimento no POMAR (UNESP), no município de Ilha Solteira/SP, 2020.....	25
Figura 2	- Valores de temperaturas máxima, média e mínima, e precipitação pluvial referentes ao período de condução do experimento no município de Ilha Solteira/SP, 2020.....	26
Figura 3	- Dendograma de dissimilaridade de 25 clones de batata-doce pelo método de Ward. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	43
Figura 4	- Mudanças de batata-doce utilizadas na implantação do experimento em bandejas, na casa de vegetação. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	55
Figura 5	- A - Muda de batata-doce no plantio do experimento; B – Área após o plantio da batata-doce. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020....	56
Figura 6	- Diferentes formatos de folha da batata-doce. A - Área experimental aos 41 dias após o plantio; B – Área experimental aos 2 dias após o plantio. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	57
Figura 7	- Florescimento da batata-doce, área experimental aos 105 dias após o plantio. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	58
Figura 8	- Diferentes formato das flores da batata-doce, área experimental aos 105 dias após o plantio. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	59
Figura 9	- Área experimental aos 151 dias após plantio. A - Coloração da polpa alaranjado escuro; B – Coloração da polpa roxa. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	60
Figura10	- Área experimental aos 153 dias após plantio (Colheita). Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	61
Figura11	- Diferentes características das amostras avaliadas (formato, tamanho e coloração). Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	62
Figura12	- A - Coloração da polpa roxa mesclada; B – Cor creme da casca da batata-doce. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	63
Figura13	- A - Coloração da polpa roxa; B – Coloração da polpa alaranjado. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.....	64

Figura14 - A - Coloração da polpa alaranjado; B – Coloração da polpa roxa. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020..... 65

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1** - Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância em caracteres agronômicos e econômicos de batata-doce. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020..... 32
- Tabela 2** - Valores genotípicos preditos, classificação geral na característica (entre parênteses), ganho de seleção direto (GSD) e pelo índice (GSI) e eficiência do índice de seleção (EFI%) Mulamba e Mock (1978) para 25 genótipos de batata-doce em caracteres quantitativos. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020..... 34
- Tabela 3** - Valores genotípicos preditos, classificação geral na característica (entre parênteses), ganho de seleção direto (GSD) e pelo índice (GSI) e eficiência do índice de seleção (EFI%) Mulamba e Mock (1978) para 25 genótipos de batata-doce em caracteres relacionados à qualidade da raiz. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020..... 37
- Tabela 4** - Agrupamento estabelecido pelo método de Tocher, com base em 9 caracteres avaliados entre os 25 clones selecionados de batata-doce e classificação Mulamba e Mock (1978) (entre parênteses). Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020..... 39
- Tabela 5** - Matriz de distância euclidiana entre os 11 grupos formados com os 25 clones selecionados de batata-doce, estabelecido pelo método de Tocher. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020..... 40

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	15
2	REVISÃO DE LITERATURA	18
2.1	IMPORTÂNCIA DA PRODUÇÃO DA BATATA-DOCE.....	18
2.2	CARACTERÍSTICAS BOTÂNICAS E EXIGÊNCIAS CLIMÁTICAS DA BATATA-DOCE.....	20
2.3	MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA-DOCE.....	21
3	MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1	LOCALIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL.....	25
3.2	MATERIAL VEGETAL.....	26
3.3	DELINEAMENTO E CONDUÇÃO EXPERIMENTAL.....	27
3.4	CARACTERES AVALIADOS.....	28
3.5	ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	29
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
5	CONCLUSÕES	45
	REFERÊNCIAS	46
	APÊNDICE A – Fotos do experimento	55
	ANEXO A – Avaliação de batata-doce em caracteres relacionados à qualidade da raiz, conforme metodologia adaptada por Costa (2020)	66

1 INTRODUÇÃO

Considerada uma hortaliça de grande importância, a batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) apresenta características que a torna adequada para diversas utilizações, como na alimentação humana, alimentação animal e fonte energética. É cultivada em vários países com destaque para a China que apresenta a maior produção. No Brasil, abrange uma área estimada em aproximadamente 59.790 hectares, com uma estimativa de rendimento médio de 14.255 kg ha⁻¹ em 2020 (CAVALCANTE *et al.*, 2017; INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2022).

Além de rica em energia e nutrientes, com a qualidade da batata-doce e sua capacidade de produção é considerada capaz de contribuir com a segurança alimentar da população, principalmente das populações em vulnerabilidade socioeconômica (VARGAS *et al.*, 2017). Sendo uma cultura rústica e com baixo custo de produção, pode ser cultivada tanto pela agroindústria como para subsistência. A batata-doce é um alimento que contém altos teores de antocianinas (polpa roxa) e betacaroteno (polpa alaranjada), que possuem propriedades antioxidantes e antimutagênicas, sendo que a presença e o teor de nutrientes podem variar de acordo com a intensidade da coloração da polpa (VIZZOTTO *et al.*, 2017).

Sendo assim, a cultura da batata-doce de polpa alaranjada, uma importante ferramenta para suprir as carências das populações vulneráveis tanto em carboidatos quanto ingestão adequada de vitamina A. Um importante problema nutricional é a deficiência de vitamina A, principalmente na infância, essa deficiência pode causar cegueira e é um dos principais contribuintes para a morbimortalidade por infecções que acometem populações em situação de vulnerabilidade socioeconômica (LIMA; DAMIANI; FUJIMORI, 2018).

Inicialmente os alimentos biofortificados foram desenvolvidos para combater a fome oculta, a deficiência de micronutrientes específicos é considerado um problema de saúde pública, resultando em distúrbios no sistema imunológico e doenças (LOUREIRO *et al.*, 2018). A batata-doce faz parte dos alimentos com grande potencial de aplicação como biofortificantes, contém polissacarídeos que possuem atividades antimicrobianas, antioxidantes, anticancerígenas e anti-inflamatórias e com alto conteúdo de nutrientes funcionais, como a presença de betacaroteno que

pode prevenir a cegueira em pessoas deficientes em vitamina A (WU *et al.*, 2015; LAFIA *et al.*, 2020).

Para essa finalidade é necessário a produção de cultivares que atendam esta demanda específica, além do aumento da produtividade. Uma das formas consideradas mais eficazes e de baixo custo no aumento da produtividade é pelo melhoramento genético. O conhecimento da divergência genética é importante para programas de melhoramento, para que haja a recombinação de genótipos divergentes e superiores.

A ampla variabilidade genética da batata-doce possibilita a seleção de genótipos para diversos objetivos, como melhor qualidade nutricional e maior produção. Esses objetivos podem ser atingidos em programas de melhoramento genético de batata-doce, baseados tanto em policruzamento quanto cruzamentos controlados (SSALI *et al.*, 2019). Atualmente, há uma alta demanda por alimentos biofortificados, buscando torná-los mais nutritivos. Para tanto, é necessário selecionar genótipos que além de apresentarem boa adaptação e produção, possuam qualidades nutricionais e comerciais superiores às cultivares existentes no mercado. Diante disso, torna-se fundamental a utilização de métodos de seleção que permitam a maximização de ganhos seletivos em todos os caracteres de interesse.

Para alcançar os objetivos almejados em programa de melhoramento é necessário estabelecer critérios de seleção que identifiquem genótipos superiores para todas as características simultaneamente. Em diversos estudos é verificado que na batata-doce as estimativas de parâmetros genéticos são de alta magnitude, mas é importante estimá-los em populações de melhoramento, principalmente os parâmetros referentes à relação entre caracteres, visando o uso de índice de seleção.

Assim, o uso dos índices de seleção é uma importante estratégia para selecionar genótipos que acumulem alelos favoráveis nas mais diversas características estudadas. O índice proposto por Mulamba e Mock (1978) tem sido utilizado em diversas culturas, com o ordenamento dos genótipos quanto ao caráter avaliado, conforme o sentido desejado e somatório das suas classificações (TEIXEIRA *et al.*, 2012).

Aliado a seleção e indicação de cultivares, um programa de melhoramento tem que selecionar genitores para sua continuidade. Para tanto, utiliza-se de

métodos multivariados para estimar a variabilidade genotípica entre os clones selecionados e com isso indicar cruzamentos promissores. Como exemplo de método de agrupamento, há o método de otimização de Tocher. As análises de agrupamento estão entre as técnicas mais utilizadas para estudo de divergência genética e tem por objetivo separar e reunir os objetos de estudo em grupos (PUIATTI *et al.*, 2014).

Diante do exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos, selecionar genótipos e avaliar a divergência genética em uma população de batata-doce obtida a partir de cruzamentos não controlados para o consumo de mesa.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 IMPORTÂNCIA DA PRODUÇÃO DA BATATA-DOCE

A China é o maior produtor mundial de batata-doce, o continente asiático representa mais de 69% da produção mundial, a África acima de 25% e a América com aproximadamente 4%. Entre os maiores produtores o Brasil ocupa a 16^o posição, cultivada em todas as regiões do país e o estado com maior produção na região sudeste é São Paulo (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2020; FAOSTAT, 2021).

Devido a sua grande riqueza nutricional, a batata-doce é considerada um dos dez alimentos mais importantes do mundo, sendo a quarta hortaliça mais consumida no Brasil (OTOBONI, 2019). Além, de ser uma das hortaliças mais consumidas do Brasil, possui grande importância socioeconômica, participando no suprimento de calorias, vitaminas e minerais à alimentação humana, além de apresentar alto rendimento por área (OLIVEIRA *et al.*, 2005).

Os diferentes genótipos podem apresentar uma ou múltiplas aptidões agrônômicas, podendo ser designados para alimentação humana, animal e produção de etanol. A batata-doce pode produzir álcool com melhores propriedades químicas e com altos índices de produção etílica por hectare, quando comparado com a cana-de-açúcar (CASTRO *et al.*, 2008; SILVEIRA, 2008; GONÇALVES NETO *et al.*, 2011; GONÇALVES NETO *et al.*, 2012).

O potencial de produzir grande quantidade de alimento com menor uso de recursos em conjunto com seus múltiplos usos estabelece a batata-doce como uma opção importante para a agricultura familiar (MALUF, 2003). Cultivada principalmente por pequenos agricultores, essa cultura possui importância econômica e aceitação popular, principalmente pelo retorno financeiro quando bem conduzida e o baixo custo de produção empregado em seu cultivo (CARMONA *et al.*, 2015).

Além do alto valor nutritivo, a batata-doce contém altas porcentagens de proteína bruta e boa digestibilidade, suas ramas são ricas em amido, açúcares e vitaminas (AZEVEDO *et al.*, 2015b). Podendo apresentar diferentes teores de carotenoides, elevada quantidade de amido, fonte de minerais como o cálcio e o ferro e vitaminas do complexo B e C (FONSECA *et al.*, 2008; MOULIN *et al.*, 2012).

A batata-doce contém altos teores de compostos bioativos, como antocianinas e betacaroteno, que possuem propriedades antioxidantes e antimutagênicas, a presença e o teor de nutrientes pode variar de acordo com a coloração da polpa (BOVELL- BENJAMIN, 2007; VIZZOTTO *et al.*, 2017). Com níveis altos de carotenoides (β -caroteno), as batatas-doces de polpa amarela e laranja possuem uma mistura de ácidos fenólicos, já a batata-doce de polpa roxa contém altos níveis de antocianinas e outros fenólicos com atividades anti-inflamatórias e antioxidantes (WANG, NIE, ZHU, 2016; GRACE *et al.*, 2014).

As batatas-doces são uma boa opção alimentar com grande potencial a ser explorado pelo setor agroalimentar, possuem uma variedade de compostos capazes de beneficiar a saúde e prevenir doenças relacionadas com a nutrição humana. Devendo ser consideradas como uma opção de alimentação saudável para uso em diferentes preparações de refeições, também para uso pela indústria alimentícia como ingrediente para formulação de produtos alimentícios funcionais de valor agregado (ALBUQUERQUE; SAMPAIO; SOUZA, 2019).

Pode ser utilizada *in natura* na alimentação humana, frita, assada, cozida ou também para produzir bolos, doces, xarope, farinhas, féculas. Para a alimentação animal as ramas podem ser utilizadas *in natura* ou como silagem, outra maneira seria na forma de raspas integrais, *pellets* e farinha de fécula (MONTES *et al.*, 2013).

A folha é o principal subproduto da batata-doce, com alta concentração de proteína, boa digestibilidade e conteúdo mineral significativo, como potássio e ferro. Na China, as folhas são usadas apenas na alimentação animal, mas no Japão, raízes e folhas fazem parte da dieta humana normal (SOUSA, 2018).

Para combater a desnutrição em populações carentes com baixo índice de ingestão de vitamina A, pode ser considerado uma estratégia o cultivo de batata-doce de polpa laranja. As cultivares que contêm a polpa alaranjada são dificilmente encontradas no mercado. No Brasil o maior consumo é da batata-doce de polpa branca, amarela ou creme (LOPES, 2021).

Para que o consumo de nutrientes e micronutrientes atinja os valores mínimos recomendados, principalmente pela parcela mais carente da população, a biofortificação de alimentos surgiu como uma das estratégias, tendo como objetivo os alimentos básicos como a mandioca, o milho, a batata-doce, a abóbora, o arroz, o feijão e o trigo (LOUREIRO *et al.*, 2018).

2.2 CARACTERÍSTICAS BOTÂNICAS E EXIGÊNCIAS CLIMÁTICAS DA BATATA-DOCE

Originária da América do Sul e América Central, a batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é uma espécie pertencente à família Convolvulaceae, sendo único membro hexaploide da família ($2n = 6x = 90$), com ampla adaptação às condições climáticas do Brasil (MANTOVANI *et al.*, 2018). Uma hortaliça com grande importância econômica e social, devido a sua rusticidade (SILVA; PONIJALEKI; SUINAGA, 2012; ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2012). Provavelmente devido a sua ampla adaptação e amplitude de cultivo, associado a ploidia, resulta em uma alta variabilidade genética (AZEVEDO *et al.*, 2015b).

Cultivada desde regiões tropicais à temperadas, a batata-doce é uma dicotiledônea, herbácea, podendo alcançar 3 a 5 metros de comprimento, seu sistema radicular consiste de raízes fibrosas e de raízes tuberosas. Além disso, os solos ideais são os arenosos, pois possibilitam boa drenagem. Um dos fatores que mais afetam o crescimento e o desenvolvimento da planta é a temperatura, tanto as altas temperaturas quanto as baixas causam danos irreversíveis à produtividade e qualidade das raízes tuberosas (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008; FERNANDES *et al.*, 2021).

É uma espécie de propagação vegetativa, porém foi mantida a propagação sexual. Contém um mecanismo de auto-incompatibilidade que resulta em um alto grau de heterozigose, devido a ocorrência da polinização cruzada, apresenta uma diversidade em variabilidade fenotípica e genotípica, dispersa em todas as regiões do país (OLIVEIRA *et al.*, 2002). As flores da batata-doce apresentam variações no tamanho, formato e cor. A floração pode ser deficiente, podendo ocorrer sua total falta, já a autofecundação raramente ocorre e a polinização é feita por insetos (FABRI, 2009).

Além da ampla adaptação climática, a batata-doce pode se desenvolver em solos de baixa fertilidade, possui tolerância ao estresse hídrico e resistência às pragas e doenças (SOUZA *et al.*, 2022). A produtividade da batata-doce ocorre principalmente em função do desenvolvimento do sistema radicular, assim como em outras culturas (SILVA *et al.*, 2013).

É considerada uma cultura de segurança alimentar em todas as regiões, na qual a produtividade pode ser afetada pela falta de práticas agrícolas, genótipos

adaptados e outro motivo que pode contribuir para a baixa produtividade da cultura são o uso de cultivares susceptíveis a pragas e doenças (MARQUES *et al.*, 2018). Devido ao cultivo de clones com características inferiores de mercado, a produtividade média nacional é baixa, quando comparada a China que se destaca como o maior produtor mundial, com produtividade média acima de 21 t ha⁻¹ de raízes.

Nas diferentes regiões do Brasil, há a utilização de cultivares que podem não ser recomendado para determinada região, o melhoramento genético é uma forma eficaz para o aumento da produtividade (AMARO *et al.*, 2019; OLIVEIRA *et al.*, 2021). Otoboni *et al.* (2020) visando selecionar genótipos promissores verificaram a presença de variabilidade genética e a possibilidade de ganhos com a seleção em uma população de batata-doce com altos teores de betacaroteno e o genótipo CERAT31-01 foi o mais produtivo entre os selecionados, com 92,73 t ha⁻¹.

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA-DOCE

No Brasil, há grande diversidade genética de batata-doce entre as várias regiões produtoras, o que se deve à segregação sexuada e introdução de plantas de locais diferentes (OLIVEIRA *et al.*, 2000). Porém, as informações sobre os genótipos disponíveis são limitadas, sendo necessário conhecer os parâmetros genéticos para a seleção de genótipos.

A existência da variabilidade genética na espécie é a base do melhoramento, pois possibilita selecionar para diversos objetivos, como melhor qualidade nutricional, maior teor de matéria seca, maior produção de ramos para a nutrição animal, aquisição de genótipos mais resistentes a pragas e doenças, maior rendimento agroindustrial e biocombustível (MALUF, 2003). A caracterização de cada genótipo é importante para que essa variabilidade possa ser usada de forma eficiente no desenvolvimento de novas cultivares (BEVILAQUA *et al.*, 2019). A caracterização e avaliação da variabilidade genética, são ferramentas essenciais aos trabalhos ligados ao melhoramento de plantas, considerando que a variabilidade genética é o ponto de partida para qualquer programa de melhoramento genético (CAVALCANTE *et al.*, 2010).

A batata-doce pode ser propagada vegetativamente ou por sementes, devido ao alto nível de ploidia e alogamia, além disso, seu genoma hexaploide é altamente polimórfico (VALADARES, 2020). O melhoramento da batata-doce ficou para trás devido ao seu complexo genoma poliploide, em comparação com outras culturas importantes (YAN *et al.*, 2022).

No melhoramento genético de batata-doce é comum o uso policruzamentos (polycross) seguidos por ciclos de seleção recorrente. O policruzamento é um método que possibilita a recombinação do material genético com vários materiais diferentes (PEIXOTO *et al.*, 1999; KALKMANN, 2011; SCHRAMMEL, 2011). O uso de cruzamentos considerados mais promissores podem resultar em maior número de genótipos recombinantes com características desejáveis, podendo ser utilizados em programas de melhoramento para obtenção de constituições genéticas superiores (SILVA *et al.*, 2017).

Sendo uma cultura altamente heterozigótica e com polinização cruzada, a batata-doce possui uma extensa variabilidade, onde muitas das suas características evidenciam variação contínua, sendo portanto muito importante analisar essa variabilidade a partir das estimativas dos caracteres fenotípicos e genéticos, pois as estimativas desses parâmetros constituem boa base para a seleção (FONGOD; MIH; NKWATOH, 2012). Os clones devem apresentar variabilidade para os caracteres analisados associados com média elevada, por possuir fins múltiplos deve-se selecionar cultivares específicos de acordo com a sua finalidade, incorporando as características de interesse (MARTINS *et al.*, 2012).

Por possuir enorme potencial é necessário que haja a identificação das aptidões desses materiais para outras finalidades, sendo o índice de seleção um método eficiente para a identificação (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011). Visando o melhoramento populacional, a seleção baseada nos indivíduos, favorece a concentração de alelos favoráveis (COSTA, 2020).

As informações de potenciais genitores a serem utilizados em programas de melhoramento podem ser fornecidas pelo estudo da diversidade genética entre acessos de bancos de germoplasma (KARASAWA *et al.*, 2005). A diversidade genética e os parâmetros relacionados à adaptação e produtividade são fundamentais para o programa de melhoramento, sendo necessárias informações sobre a estimativa de variância genotípica e fenotípica, a herdabilidade e avanço genético dos caracteres de interesse (WERA *et al.*, 2014; AZEVEDO *et al.*, 2015a;

RAHAJENG; RAHAYUNINGSIH, 2017). Estudos de dissimilaridade fornecem informações sobre o grau de semelhança ou de diferença entre dois ou mais genótipos, atendendo assim a determinados objetivos dos melhoristas (VASCONCELOS *et al.*, 2007).

Há disponíveis vários procedimentos estatísticos multivariados para analisar a diversidade genética, na qual diversos caracteres em análise podem ser dimensionados simultaneamente nos genótipos (CARMONA *et al.*, 2015). A técnica multivariada (componentes principais, variáveis canônicas e métodos de aglomeração) para estudos de divergência genética, tem sido aplicada para características expressas por variáveis quantitativas e qualitativas, as quais são utilizadas em avaliações em bancos de germoplasma (KARASAWA *et al.*, 2005).

É possível identificar os cruzamentos mais promissores e também os que poderão resultar em aumento da variabilidade restrita nas gerações segregantes, com a análise de comparação de médias, junto com o agrupamento estabelecido pelo método de Tocher (SILVA *et al.*, 2017).

A seleção de cultivares com melhor desempenho agrônômico e com adaptação às diferentes regiões auxilia no aumento do potencial produtivo e a qualidade das raízes. As cultivares podem se diferenciar em relação à produtividade potencial, ciclo, exigências edafoclimáticas, porte da planta, formato, coloração das raízes e polpas, e diversas outras características (FERNANDES *et al.*, 2021). Atualmente, há 43 cultivares de batata-doce registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2022).

Diversas instituições estão desenvolvendo trabalhos de melhoramento, conservação e manutenção de banco de germoplasma de batata-doce, para o desenvolvimento das pesquisas com diferentes objetivos. Algumas instituições lançaram novas cultivares e outras as selecionaram dentre o material coletado regionalmente (MENDOZA, 2017).

Algumas dessas instituições são: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, pelo Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças – EMBRAPA-Hortaliças no Distrito Federal; Instituto Agrônômico - IAC; A Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI; Universidade Estadual Paulista – UNESP; Universidade Federal de Lavras – UFLA; Universidade Federal do Tocantins – UFT; Universidade Federal de Alagoas – UFAL; Universidade Federal de Viçosa - UFV; International Center for Tropical Agriculture (CIAT);

International Institute for Tropical Agriculture (IITA); International Potato Center (CIP), Central Tuber Crops Research Institute (CTCRI); United States Department of Agriculture (USDA), ARS, Plant Genetic Resources Conservation Unit (PGRCU).

Apesar de suas aptidões e o seu potencial, ainda há poucos trabalhos de pesquisa com a cultura da batata doce, principalmente relacionados com o estudo da sua variabilidade e com o desenvolvimento de novas cultivares.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LOCALIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL

O experimento foi conduzido em área pertencente à Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão – POMAR, da Faculdade de Engenharia do Campus de Ilha Solteira, localizado no perímetro urbano de Ilha Solteira – SP (Figura 1), em uma área com irrigação por aspersão. O solo da área que o experimento foi instalado é classificado como ARGISSOLO VERMELHO eutrófico, de acordo com as normas de classificação de Santos *et al.* (2018). Apresenta vegetação do tipo Mata Tropical Latifoliada Semidecídua, altitude de 335 m e coordenadas geográficas 20° 25' 36" S e 51° 21' 29" W.

Figura 1. Localização da área do experimento no POMAR (UNESP), no município de Ilha Solteira/SP, 2020

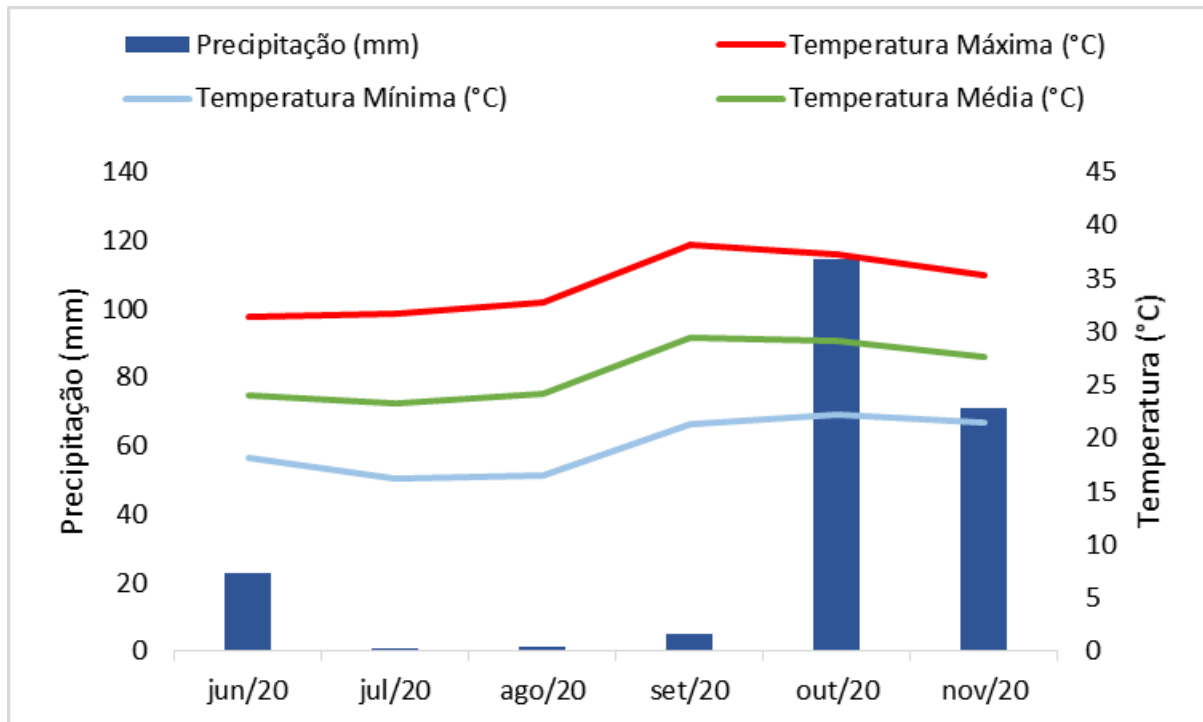


Fonte: Google Earth (2022).

O clima é caracterizado como tropical úmido, Aw conforme classificação Köppen, com estação chuvosa no verão e seca no inverno. Os dados referentes à

precipitação pluvial e às temperaturas máxima, média e mínima (Figura 2) durante o plantio da batata-doce (04/06/2020) até o término de sua colheita (06/11/2020).

Figura 2. Valores de temperaturas máxima, média e mínima, e precipitação pluvial referentes ao período de condução do experimento no município de Ilha Solteira/SP, 2020.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor. Dados fornecidos pelo Canal CLIMA da UNESP - Ilha Solteira (2020).

3.2 MATERIAL VEGETAL

Foram avaliados clones de batata-doce provenientes de uma população elite desenvolvida pelo programa de melhoramento genético do Centro Internacional de la Papa (CIP) e Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM), obtidos por cruzamentos não controlados (polycross). Os clones são provenientes de 31 famílias de meios irmãos (polycross), as famílias são: MUSG014001-3; MUSG014012-26; MUSG014046-20; MUSG014008-14; MUSG014012-17; MUSG012081-3; MUSG14008-2; MUSG14045-3; MUSG012004-14; MUSG0061-10; MUSG014044-7; MUSG09349-9; MUSG11040-16; MUSG15020-1; MUSG014015-12; MUSG012033-37; MUSG01129-8; MUSG15017-16; MUSG012001-9; MUSG15033-8;

MUSG15083-8; MUSG0120113-8; MUSG01124-6; MUSG15133-8; MUSG014044-12; MUSG15128-4; MUSG15086-13; MUSG15021-12; MGS11003-3; MUSG026066-16; MUSG026056-16.

As sementes foram escarificadas quimicamente com ácido sulfúrico e colocadas para germinação em bandejas de poliestireno expandido. As mudas foram transplantadas em vasos de cinco litros preenchidos com material em compostagem. Realizou-se a produção e multiplicação de mudas a partir de miniestacas compostas por três nós das plantas que haviam sido transplantadas nos vasos.

3.3 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO EXPERIMENTAL

Na área experimental foi realizada adubação no momento do preparo do solo de forma convencional, utilizando-se 357 Kg ha^{-1} de 08:28:16 (NPK), suplementado com 105 Kg ha^{-1} de cloreto de potássio, com confecção de leiras de aproximadamente 40 cm de altura e espaçamento de 1 m. Durante o período de desenvolvimento do experimento foram efetuadas práticas de manejo, como a adubação de cobertura com 24 Kg ha^{-1} de N aos 30 dias após o plantio e o controle de plantas daninhas com as aplicações de herbicidas, produtos à base de Linurom na dose de $0,6 \text{ L ha}^{-1}$, Haloxifope-P-metílico na dose de $0,6 \text{ L ha}^{-1}$, Metribuzim na dose de $0,2 \text{ L ha}^{-1}$ e capina manual de acordo com a necessidade da cultura. Também foi efetuada irrigação por aspersão, quando necessário. Iniciou-se a colheita aos 153 dias após o plantio, em 06 de novembro de 2020.

O experimento foi implantado em 4 de junho de 2020 com 144 clones novos e três testemunhas (CERAT25-27, CERAT25-23 e CERAT60-05), totalizando 147 tratamentos. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com duas repetições e três plantas por parcela. As testemunhas utilizadas foram três clones mais adaptados e estáveis de acordo com pesquisa desenvolvida por Otoboni *et al.* (2020). A partir de mudas seminais que haviam sido replantadas em vasos, foram coletadas as ramas da planta e procedeu-se com a clonagem. A parcela experimental foi disposta em linha com três plantas com espaçamento de 1 m entre linhas e 0,33 m entre plantas, ocupando uma área experimental de aproximadamente 303 m^2 .

3.4 CARACTERES AVALIADOS

Foram avaliados os seguintes caracteres quantitativos:

a) Produção total de raiz (PT): massa de todas as raízes colhidas na parcela e posteriormente convertidas para Mg ha^{-1} ;

b) Produção comercial de raízes (PC): massa das raízes acima de 80 g na parcela e posteriormente convertidas para Mg ha^{-1} ;

c) Número de raízes totais (NRT): número de raízes por planta colhidas na parcela e posteriormente convertidas em número de raízes ha^{-1} ;

d) Número de raízes comerciais (NRC): número de raízes por planta colhidas na parcela com massa acima de 80 g e posteriormente convertidas em número de raízes ha^{-1} ;

e) Massa média de raízes (MR): obtido pela fórmula (PT/NRT) ;

f) Massa média de raízes comerciais (MRC): obtido pela fórmula (PC/NRC) ;

g) Produção total de massa seca nas raízes (PMS): amostras de raízes foram secas em estufa a 65°C durante 72 horas até atingirem massa constante para determinação do teor de matéria seca (%), posteriormente convertidas para Mg ha^{-1} ;

h) Teor de massa seca de raiz (TMS): obtido pela fórmula $(\text{PMS} \times 100) / \text{Massa Fresca}$.

A análise dos caracteres relacionados à qualidade das raízes foi realizada por meio de observação visual, em que foi atribuída uma nota, em que a escala variou de acordo com o tipo de característica avaliada (ANEXO A). As notas foram atribuídas por dois avaliadores, sendo cada avaliador considerado um bloco. Foi analisado:

a) Formato geral (FG): (1 = formato fusiforme; 2 = formato próximo ao fusiforme; 3 = formato desuniforme; 4 = formato ruim ao comércio, com rachaduras; 5 = formato sem comercialização, com muitas deformações);

b) Padrão comercial (PADC): (1 = pior padrão comercial; 2 = padrão que prejudica muito a comercialização; 3 = padrão que prejudica medianamente a comercialização; 4 = bom padrão comercial; 5 = melhor padrão comercial);

c) Resistência à insetos (RES): (1 = livre de danos; 2 = poucos danos; 3 = danos que afetam medianamente o aspecto comercial; 4 = danos que afetam muito o aspecto comercial; 5 = danos que afetam totalmente o aspecto comercial);

d) Olho (OLH): (0 = ausência de olhos; 1 = poucos olhos; 2 = presença mediana de olhos; 3 = muitos olhos);

e) Veia (VE): (0 = ausência de veias; 1 = presença de veias);

f) Lenticela (LEN): (0 = ausência de lenticelas; 1 = poucas e pequenas; 2 = presença mediana; 3 = muitas lenticelas);

g) Cor da casca das raízes (CC): (1 = branca; 2 = creme; 3 = amarela; 4 = alaranjado acastanhado; 5 = rosa; 6 = vermelha púrpura; 7 = roxa escura);

h) Coloração da polpa (CP): (1 = branca e roxa; 2 = creme; 3 = amarela; 4 = alaranjado; 5 = alaranjado escuro), conforme metodologia adaptada por Costa (2020).

3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

De posse dos dados finais, procedeu-se com análise de homogeneidade de variâncias residuais e normalidade, em que as características que não se enquadraram nas premissas básicas para análise de variância foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$.

Para a continuação da análise dos dados, foi efetuada a verificação com o auxílio do programa SAS (KHATTREE; NAIK, 2018), para definir se a principal variação genotípica era entre famílias ou entre os clones dentro de famílias. Com a análise, verificou-se que a maior variação genotípica estava entre os clones dentro das famílias, conforme resultado verificado por Oliveira (2019), sendo então necessária a realização da análise individual procedendo então com análise por caractere avaliado.

Após a transformação e detectada a principal fonte de variação genotípica, foi efetuada a análise de deviance para todos os caracteres, pela metodologia de modelos mistos REML/BLUP no software computacional Selegen (RESENDE, 2007), seguindo modelo estatístico 20 (blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, uma avaliação por parcela), representado por $y = X_r + Z_g + e$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X e Y) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos e componentes de variância: variância genética (σ_g^2); variância do erro experimental (σ_e^2); coeficiente de variação experimental e genotípico ($CV_e\%$, $CV_g\%$); herdabilidade no sentido amplo com base em média de clones (h_{mc}^2); coeficiente de variação relativa (CV_r); média geral e ganho com a seleção direta (GS_d).

Posteriormente, com os valores genotípicos, foi calculado o índice de seleção, baseado na soma de postos ou “*ranks*” proposto por Mulamba e Mock (1978) adotando pressão de seleção de 17,3%, resultando em 25 clones selecionados. De posse dos dados de ganhos diretos com a seleção e pelo índice, foi efetuada a eficiência do índice calculando-se a porcentagem em relação do ganho direto pela equação:

$$Efi = \frac{GS_i}{GS_d} * 100$$

Foram adotados pesos econômicos de 2; 3 e 2, respectivamente para PC, TMS e CP, que possuem maior importância econômica. Para os demais caracteres foi adotado peso 1. Os pesos econômicos foram adotados de forma a maximizar a eficiência do índice no conjunto de todos caracteres, estabelecendo como critério eficiência mínima de 20%.

A avaliação da divergência genética entre os clones selecionados, consistiu na obtenção da matriz de dissimilaridade com base na distância euclidiana média e por variáveis multicategóricas com base nos valores genotípicos, sendo os dados agrupados por dois métodos diferentes, pelo método de otimização proposto por Tocher (RAO, 1952) e o método hierárquico de Ward (1963). Esse método hierárquico agrupou os clones de forma que foi representada pelo estabelecimento do dendograma. Foi realizado o corte com 63% de similaridade no método de Ward. Essas análises foram realizadas com o auxílio do programa estatístico Genes (CRUZ *et al.*, 2013).

4 RESULTADOS E DICUSSÃO

Apesar da h_g^2 ter diferido de zero, sugerindo variância genotípica significativa para a maioria dos caracteres, após a aplicação do teste de LRT, foram verificadas diferenças significativas apenas em PT, NRT, NRC, TMS, OLH e VE (Tabela 1). Porém, optou-se por prosseguir com a seleção em todos os caracteres, visto que devido a h_g^2 ser diferente de zero permitiu a estimação de valores genotípicos diferenciados. Todos os caracteres avaliados apresentaram a σ_e^2 maior que a σ_g^2 com exceção do caráter Veia (VE), com 0,05 de σ_g^2 e 0,02 de σ_e^2 . Este é um caráter que está relacionado com a qualidade da raiz da batata-doce. As estimativas médias e baixas de variância genética, aliada a altas variâncias experimentais, resultou em alguns valores médios e na maioria baixos nas estimativas de h_{mc}^2 (Tabela 1).

As estimativas de h_{mc}^2 foram em sua maioria de magnitudes baixas e médias, apenas o caráter VE apresentou alta h_{mc}^2 , com 0,84. Os demais caracteres variaram de 0,01 a 0,53. Em que 75% obtiveram h_{mc}^2 menor que 0,25. E os caracteres TMS (0,53), OLH (0,45) e NRT (0,39) apresentaram estimativas de média magnitude. Demonstrando que os efeitos de origem genética apresentaram pouco controle sobre esses caracteres, quando comparado as condições ambientais. Cavalcante *et al.* (2009), em estudo sobre os potenciais produtivos e genéticos de clones de batata-doce, para seleção de materiais genéticos mais produtivos, observaram valores maiores das estimativas de variâncias genotípica e alta magnitude da herdabilidade para produtividade da raiz, com grandes possibilidades de sucesso na seleção para esse caráter, os outros caracteres em estudo apresentaram baixa e média magnitude. Vargas *et al.* (2020), verificaram alta magnitude da herdabilidade para todos os caracteres, com variação de 0,97 a 0,99.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância em caracteres agronômicos e econômicos de batata-doce. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.

Par. Gen. e Comp. de var.	Variáveis															
	PT ¹	PC ²	NRT ³	NRC ⁴	MRT ⁵	MRC ⁶	TMS ⁷	PMS ⁸	FG ⁹	PADC ¹⁰	RES ¹¹	OLH ¹²	VE ¹³	LEN ¹⁴	CC ¹⁵	CP ¹⁶
σ_g^2	0,30*	0,24 ^{ns}	3,34*	0,76**	0,0001 ^{ns}	0,0002 ^{ns}	0,04**	0,07 ^{ns}	0,0005 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,001 ^{ns}	0,03**	0,05**	0,001 ^{ns}	0,001 ^{ns}	0,01 ^{ns}
σ_e^2	2,09	2,25	10,54	6,75	0,01	0,02	0,08	0,53	0,08	0,10	0,09	0,08	0,02	0,09	0,11	0,09
h_{mc}^2	0,22	0,18	0,39	0,18	0,02	0,02	0,53	0,21	0,09	0,02	0,01	0,45	0,84	0,02	0,02	0,11
$CV_g(\%)$	16,19	16,27	19,93	15,24	1,08	1,63	3,95	13,78	5,13	2,16	1,85	16,82	25,93	2,56	2,07	5,61
$CV_e(\%)$	42,74	49,67	35,39	45,42	11,90	15,17	5,27	38,04	21,97	22,52	22,20	26,23	15,72	23,48	23,10	22,10
$CV_r(\%)$	0,38	0,33	0,56	0,33	0,09	0,11	0,75	0,36	0,23	0,09	0,08	0,64	1,65	0,11	0,09	0,25
Média	3,38	3,02	9,17	5,72	0,81	0,87	5,39	1,91	1,33	1,42	1,38	1,09	0,85	1,28	1,47	1,37

¹PT: Produtividade total de raiz (Mg ha⁻¹); ²PC: Produtividade comercial de raiz (Mg ha⁻¹); ³NRT: Número total de raízes (ha⁻¹); ⁴NRC: Número de raízes comerciais (ha⁻¹); ⁵MRT: Massa média de raiz (kg); ⁶MRC: Massa média de raízes comerciais (kg); ⁷TMS: Teor de massa seca das raízes em %; ⁸PMS: Produção total de massa seca das raízes (Mg ha⁻¹); ⁹FG: Formato geral; ¹⁰PADC: Padrão comercial; ¹¹RES: Resistência à insetos; ¹²OLH: Olho; ¹³VE: Veia; ¹⁴LEN: Lenticela; ¹⁵CC: Cor da casca das raízes; ¹⁶CP: Coloração de polpa; σ_g^2 : Variância genotípica; σ_e^2 : Variância residual; h_{mc}^2 : Herdabilidade da média de clones; $CV_g(\%)$: Coeficiente de variação genotípica; $CV_e(\%)$: Coeficiente de variação residual; $CV_r = CV_g/CV_e$: Razão entre coeficientes de variação genético e ambiental; *significativo a 5% pelo teste de LRT; **significativo a 1% pelo teste de LRT. Valores transformados pela equação $\sqrt{x + 0,5}$. Fonte: Dados do próprio autor.

Entre os 144 genótipos avaliados 37,5% dos caracteres apresentaram CV_g entre 10 e 20%, apenas um caráter com CV_g acima de 20% e 56,25% com CV_g abaixo de 10% (Tabela 1). O caráter VE (25,93) foi novamente o de maior CV_g , acima de 20%, com a maioria dos caracteres diretamente ligados à produção apresentando CV_g entre 10 e 20%, como o PT (16,19), PC (16,27), NRT (19,93), NRC (15,24) e PMS (13,78). Otoboni *et al.* (2020), avaliando a presença de variabilidade genética e possibilidade de ganhos com a seleção em uma população de batata-doce, encontraram valores de CV_g superiores em PT (58,19) e PC (65,38) quando comparadas ao presente estudo.

Azevedo *et al.* (2015a), avaliando o desempenho agrônômico em genótipos de batata-doce e estimando parâmetros genéticos, relataram coeficientes de variação experimental, acima de 20% para todas as variáveis analisadas e a produtividade de raízes comerciais, foi o único caráter com índice de variação superior a 1. Os valores de CV_e para todos os caracteres foram elevados e estavam com valores acima da CV_g . Os CV_r foram baixos para a maioria dos caracteres, distantes de 1, embora com intervalo entre 0,08 (RES) e 1,65 (VE). VE (1,65) e TMS (0,75) foram os únicos caracteres com valores consideráveis, indicando maior probabilidade de ganhos com seleção (VENCOVSKY E BARRIGA, 1992).

Na Tabela 2 está disposta a classificação com o índice, o valor genotípico e a classificação original dos clones para as variáveis aqui estudadas. Esses dados foram transformados e não refletem o real ganho em $Mg\ ha^{-1}$. Observa-se que pelo índice o clone 38 foi o primeiro no ordenamento considerando todas as variáveis, mas ao observar o seu resultado na classificação para cada um dos caracteres estudados, o clone 38 apresentou as classificações 11º (PT); 14º (PC); 12º (NRT); 22º (NRC); 30º (MRT); 20º (MRC); 41º (TMS); 11º (PMS) e (FG); 80º (PADC); 4º (RES); 24º (OLH) e (LEN); 33º (VE); 47º (CC) e 21º (CP). A seleção direta resultou em estimativas de ganho que variaram de 0,002 (MRT) à 1,74 (NRT). Enquanto, os ganhos com a seleção pelo índice variaram de 0,001 (MRT) à 0,60 (NRT).

Tabela 2. Valores genotípicos preditos, classificação geral na característica (entre parênteses), ganho de seleção direto (GSD) e pelo índice (GSI) e eficiência do índice de seleção (EFI%) Mulamba e Mock (1978) para 25 genótipos de batata-doce em caracteres quantitativos . Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.

Clone	Classificação	Valores Genotípicos (Classificação Geral na Característica)							
		PT ¹	PC ²	NRT ³	NRC ⁴	MRT ⁵	MRC ⁶	TMS ⁷	PMS ⁸
38	1	0,39(11)	0,26(14)	1,51(12)	0,36(22)	0,000(30)	0,002(20)	0,08(41)	0,20(11)
63	2	0,34(14)	0,31(10)	0,37(39)	0,38(17)	0,001(25)	0,001(27)	0,18(5)	0,20(12)
79	3	0,42(10)	0,37(8)	0,05(54)	0,38(19)	0,002(9)	0,002(16)	0,10(27)	0,22(8)
77	4	0,27(16)	0,27(13)	-0,42(80)	0,11(39)	0,002(8)	0,003(7)	0,16(11)	0,16(13)
5	5	0,25(18)	0,26(15)	-0,09(61)	0,43(12)	0,001(13)	0,001(25)	0,08(42)	0,13(16)
25	6	0,78(1)	0,65(1)	0,98(23)	0,85(5)	0,002(6)	0,002(13)	0,10(32)	0,40(1)
71	7	0,08(41)	0,08(39)	-0,31(72)	-0,03(71)	0,003(3)	0,004(6)	0,16(10)	0,06(33)
37	8	0,62(3)	0,47(3)	2,56(4)	0,97(3)	0,000(55)	0,000(59)	0,08(45)	0,32(2)
60	9	0,00(56)	0,02(52)	0,31(42)	-0,05(76)	-0,001(95)	0,001(36)	0,09(36)	0,01(49)
53	10	-0,08(73)	-0,02(64)	-1,69(131)	-0,45(119)	0,002(5)	0,006(3)	0,22(1)	-0,01(61)
132	11	0,10(39)	0,13(32)	-0,80(103)	0,05(52)	0,002(7)	0,002(19)	0,19(4)	0,08(27)
90	12	0,56(5)	0,46(4)	-0,07(59)	-0,03(66)	0,003(4)	0,009(1)	0,05(62)	0,28(4)
7	13	0,11(38)	0,09(37)	0,15(48)	0,12(36)	0,000(50)	0,001(39)	0,13(19)	0,07(31)
78	14	0,19(29)	0,19(19)	0,01(57)	0,38(18)	0,000(33)	0,000(50)	0,09(37)	0,10(23)
27	15	0,21(23)	0,16(22)	1,13(18)	0,43(13)	0,000(78)	-0,001(86)	-0,01(82)	0,11(22)
13	16	0,15(31)	0,15(25)	-0,38(74)	0,08(43)	0,001(23)	0,001(35)	0,10(29)	0,09(24)
108	17	0,47(9)	0,37(7)	0,97(24)	0,38(16)	0,001(21)	0,003(10)	-0,05(94)	0,20(10)
4	18	0,65(2)	0,47(2)	3,60(1)	1,06(1)	0,000(83)	0,000(60)	-0,03(87)	0,31(3)
65	19	0,28(15)	0,13(31)	2,51(6)	0,20(32)	-0,001(112)	0,002(11)	-0,14(111)	0,11(20)
1	20	-0,06(71)	-0,02(62)	-0,73(95)	-0,12(89)	0,000(41)	0,001(37)	0,16(12)	-0,01(59)
6	21	0,11(36)	0,14(29)	-0,03(58)	0,36(20)	0,000(31)	0,000(56)	-0,18(118)	0,03(44)
125	22	0,38(12)	0,24(16)	2,55(5)	0,59(8)	-0,001(105)	0,000(70)	-0,17(116)	0,15(14)
46	23	0,12(34)	0,12(33)	-0,73(96)	-0,27(107)	0,001(14)	0,001(34)	0,09(35)	0,08(26)
14	24	0,54(7)	0,34(9)	3,50(2)	0,89(4)	0,000(88)	-0,001(81)	-0,09(106)	0,24(5)
44	25	0,07(44)	0,00(58)	1,09(19)	0,19(33)	-0,001(111)	-0,001(93)	0,10(28)	0,04(37)
GSD		0,39	0,30	1,74	0,54	0,002	0,003	0,16	0,18
GSI		0,27	0,22	0,60	0,27	0,001	0,002	0,06	0,14
EFI%		69,06	72,60	34,26	49,63	55,13	59,68	39,85	75,48

¹PT: Produtividade total de raiz; ²PC: Produtividade comercial de raiz; ³NRT: Número total de raízes; ⁴NRC: Número de raízes comerciais; ⁵MRT: Massa média de raiz; ⁶MRC: Massa média de raízes comerciais; ⁷TMS: Teor de massa seca das raízes e ⁸PMS: Produção total de massa seca das raízes. Valores transformados pela equação $\sqrt{x + 0,5}$. Fonte: Dados do próprio autor.

A inaptidão para outras finalidades pode originar-se devido a seleção para apenas um uso, a seleção com base em poucos caracteres pode causar modificações nos demais (GONÇALVES NETO *et al.*, 2012). Os diferentes genótipos podem apresentar uma, múltiplas ou diferentes aptidões agrônômicas, podendo ser designados para alimentação humana, animal e produção industrial. Por possuir um enorme potencial é necessário que haja a identificação das aptidões desses materiais para outras finalidades, sendo o índice de seleção um método eficiente para a identificação (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011).

O ganho pelo índice em PT foi de 0,27, com 69,06% de eficiência do índice quando comparado ao ganho direto. Entre os 25 clones selecionados o que possui maior valor genotípico é o clone 25 com 0,78. Azevedo *et al.* (2015a), verificaram um ganho de seleção de 4,26 para PT e 4,13 para PC.

Em PC o ganho foi de 0,22, com eficiência de 72,60% ao comparar com o ganho direto de 0,30. A seleção feita para esse caráter resultou no clone 25, com valor genotípico de 0,65 e na ordenação está na 6^o classificação. Esse respectivo clone também foi selecionado em primeira posição pelo caráter PT. Vargas *et al.* (2020), avaliaram o ganho de seleção de caracteres agrônômicos de acessos de batata-doce para produção de raiz e dupla aptidão, obtendo um ganho, pelo mesmo índice, em PT de 14,90 e 15,0 para PC.

O ganho em NRT foi de 1,74, caráter com o maior ganho, já o NRC teve um ganho menor, com 0,54, mas o ganho foi superior aos outros caracteres. Com o índice, o ganho foi de 0,60 (NRT) e 0,27 (NRC), demonstrando uma eficiência de 34,26% e 49,63%. O clone 4 que foi selecionado para NRT e NRC, com maiores valores genotípicos para os dois caracteres, porém está classificado como 18^o na seleção pelo índice. Borges *et al.* (2010), ao classificar e selecionar clones de batata-doce, utilizando-se a metodologia REML/BLUP, apresentaram no ordenamento dos clones valor genotípico 30,33 (NRT) e 10,56 (NRC).

Em MRT o clone 71 foi superior aos outros 25 clones selecionados, com a 3^o posição para esse caráter, o clone que adquiriu a 1^o posição para esse caráter não foi selecionado pelo índice. O ganho por meio do índice foi de 0,001, com uma eficiência de 55,13%. Já para o MRC, o clone selecionado foi o 90, que na classificação é o 12^o, com um valor genotípico de 0,009, o ganho direto para esse caráter é de 0,003 e o ganho pelo índice de 0,002 com uma eficiência de 59,68%. Devem ser preferíveis os valores genotípicos pelos pesquisadores de

melhoramento, pois são estes os verdadeiros valores a serem preditos (BORGES *et al.*, 2010).

Para TMS, o ganho foi de 0,16, sendo o clone 53 o mais promissor para esse caráter, com valor genotípico de 0,22, classificado como 10º pelo índice. O ganho pelo índice para TMS foi de 0,06 com uma eficiência de 39,85%. Em PMS, o ganho com a seleção foi de 0,18, ao avaliar o ganho pelo índice o valor obtido foi de 0,14, com uma eficiência de 75,48% ao comparar com o ganho direto. O clone selecionado foi o 25 (6º). Otoboni *et al.* (2020) encontraram resultados superiores, com o ganho de seleção pelo índice em PMS (4,74), porém em TMS foi menor com (-0,09).

Em relação aos caracteres relacionados à qualidade das raízes, foi aplicada uma nota, em que sua escala poderia variar de acordo com o tipo de característica que foi avaliada (Tabela 3). Formato geral (FG), o clone selecionado com a primeira classificação foi o 7, na 13º posição pela classificação pelo índice, que teve um ganho de 0,02 com uma eficiência de 53,74%. Em PADC, o ganho direto foi de 0,004, já o ganho pelo índice de 0,003 com eficiência de 67,02%, sendo o clone 25 selecionado como 1º para esse caráter. Para RES, o ganho foi de 0,0025, com eficiência de 76,11% ao comparar com o ganho direto de 0,0033, o clone selecionado foi o 46, que na classificação é o 23º.

Em OLH, o ganho foi de 0,15, sendo o clone 71 o mais promissor para esse caráter, classificado como 7º pelo índice. O ganho pelo índice para OLH foi de 0,09 com uma eficiência de 59,55%. O caráter VE, o clone selecionado foi o 4, que na classificação é o 18º, o ganho direto para esse caractere é de 0,39 e o ganho pelo índice de 0,09 com uma eficiência de 24,03%. Para LEN, o ganho direto foi de 0,006 e o ganho pelo índice de 0,004, com eficiência de 81,40%, sendo o caráter que apresentou a maior eficiência pelo índice, o clone 46 selecionado é o 23º no ordenamento pelo índice.

Tabela 3. Valores genotípicos preditos, classificação geral na característica (entre parênteses), ganho de seleção direto (GSD) e pelo índice (GSI) e eficiência do índice de seleção (EFI%) Mulamba e Mock (1978) para 25 genótipos de batata-doce em caracteres relacionados à qualidade da raiz. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.

Clone	Classificação	Valores Genotípicos (Classificação Geral na Característica)							
		FG ¹	PADC ²	RES ³	OLH ⁴	VE ⁵	LEN ⁶	CC ⁷	CP ⁸
38	1	0,03(11)	0,000(80)	0,0037(4)	0,13(24)	0,13(33)	0,005(24)	0,002(47)	0,028(21)
63	2	0,04(6)	0,002(62)	0,0033(11)	0,18(3)	-0,12(82)	0,005(27)	0,001(68)	0,008(59)
79	3	0,00(63)	0,004(10)	0,0033(13)	0,16(10)	-0,12(95)	0,006(6)	0,003(36)	0,001(72)
77	4	0,00(62)	0,004(31)	0,0027(29)	0,16(9)	0,39(14)	0,004(42)	0,003(35)	-0,007(87)
5	5	0,02(20)	0,003(42)	0,0033(8)	0,16(7)	-0,12(43)	0,005(17)	0,000(83)	0,008(52)
25	6	0,00(72)	0,005(1)	0,0008(60)	-0,01(57)	-0,12(53)	0,004(30)	0,000(84)	-0,007(81)
71	7	0,03(13)	0,002(64)	0,0033(12)	0,20(1)	-0,12(88)	0,004(40)	0,004(21)	0,008(60)
37	8	0,01(44)	0,003(46)	0,0027(23)	0,13(23)	-0,12(62)	0,005(23)	0,000(85)	-0,007(82)
60	9	0,02(27)	0,003(50)	0,0027(27)	0,15(15)	0,39(11)	0,005(26)	0,004(12)	0,036(5)
53	10	0,04(5)	-0,001(86)	0,0027(25)	0,15(14)	0,39(9)	0,004(39)	0,002(49)	0,036(3)
132	11	0,01(57)	0,004(41)	0,0025(33)	0,10(51)	-0,12(133)	0,006(15)	0,003(43)	0,028(32)
90	12	0,02(30)	0,001(73)	0,0015(54)	0,10(47)	0,39(16)	0,004(44)	0,003(37)	0,006(67)
7	13	0,04(1)	0,003(43)	0,0022(34)	-0,17(102)	0,39(3)	0,002(54)	0,001(67)	0,008(53)
78	14	0,00(77)	0,004(9)	0,0037(6)	-0,01(63)	-0,12(94)	0,006(5)	0,002(51)	0,008(62)
27	15	0,03(10)	0,000(79)	0,0008(61)	0,10(43)	0,39(7)	0,002(56)	0,004(16)	0,036(1)
13	16	0,01(41)	0,003(44)	0,0021(41)	-0,01(55)	0,39(5)	0,005(19)	0,000(77)	-0,007(79)
108	17	0,02(38)	0,002(68)	0,0027(31)	0,16(11)	-0,12(114)	0,005(29)	0,001(71)	0,024(36)
4	18	0,00(58)	0,004(15)	0,0000(75)	0,10(42)	0,39(1)	0,003(52)	0,001(66)	0,008(51)
65	19	0,03(12)	0,002(63)	0,0032(17)	0,13(29)	0,13(35)	0,005(28)	0,001(69)	0,036(6)
1	20	0,02(19)	0,001(74)	0,0015(49)	0,16(6)	-0,12(41)	0,005(16)	0,004(1)	0,008(50)
6	21	0,00(59)	0,004(16)	0,0027(20)	0,13(19)	0,39(2)	0,005(18)	0,002(44)	0,032(12)
125	22	0,00(67)	0,004(36)	0,0021(48)	0,13(38)	0,39(25)	0,006(13)	0,003(41)	0,032(19)
46	23	0,00(74)	0,004(23)	0,0042(1)	-0,04(81)	-0,12(70)	0,006(1)	0,002(63)	0,008(58)
14	24	0,02(31)	0,004(18)	0,0027(21)	0,13(20)	-0,12(46)	0,005(20)	0,000(78)	-0,007(80)
44	25	0,02(32)	0,003(45)	0,0022(36)	0,13(22)	-0,12(58)	0,004(32)	0,002(45)	0,008(55)
GSD		0,03	0,004	0,0033	0,15	0,39	0,006	0,004	0,033
GSI		0,02	0,003	0,0025	0,09	0,09	0,004	0,002	0,013
EFI%		53,74	67,02	76,11	59,55	24,03	81,40	51,87	39,72

¹FG: Formato geral; ²PADC: Padrão comercial; ³RES: Resistência à insetos; ⁴OLH: Olho; ⁵VE: Veia; ⁶LEN: Lenticela; ⁷CC: Cor da casca das raízes e ⁸CP: Coloração de polpa. Valores

transformados pela equação $\sqrt{x + 0,5}$. Fonte: Dados do próprio autor.

O ganho em CC foi de 0,004, já a CP teve um ganho de 0,033, com o índice o ganho foi de 0,002 (CC) e 0,013 (CP), com uma eficiência de 51,87% e 39,72%, respectivamente. O clone 1 (CC) e 27 (CP) que foram selecionados, com maiores valores genotípicos para os dois caracteres, porém está classificado como 20º e 15º na seleção pelo índice. A comercialização da batata-doce para o consumo alimentício considera principalmente a cor de sua polpa e casca, ela pode apresentar diferentes formas e cores (CAVALCANTE *et al.*, 2009; AZEVEDO *et al.*, 2015b; VIZZOTTO *et al.*, 2017). Como a sua utilização é diversificada, pode ser destinada a produção de outros alimentos, diversos produtos e etanol, de acordo com as características da batata-doce.

Com o método de agrupamento de Tocher (Tabela 4), os 25 clones de batata-doce foram divididos em 11 grupos, o grupo I contém sete clones que representam a 7º, 20º, 25º, 11º, 5º, 14º e 23º posição na classificação realizada na seleção pelo índice, com 28% do total, o II grupo possui 5 clones (8º, 13º, 17º, 3º e 1º), o grupo III reuniu quatro clones (4º, 16º, 9º e 15º), o IV grupo possui dois clones (21º e 22º) e os grupos IV, V, VI, VII, VIII, IX, X e XI apresentaram somente um clone em cada, classificados respectivamente na posição 19º, 8º, 12º, 24º, 10º, 2º e 6º. Este tipo de agrupamento é influenciado pela distância dos genótipos já agrupados, tendo a característica de formar grupos com apenas um genótipo cada, no caso dos genótipos com maior dissimilaridade (PUIATTI *et al.*, 2014).

Oliveira *et al.* (2021) avaliando a divergência genética em genótipos de batata-doce por meio de caracteres morfoagronômicos, observaram a existência de alta variabilidade genética entre os genótipos com a formação de 14 grupos pela divisão dos 76 genótipos pelo método de Tocher. Já Vargas *et al.* (2018), além de grande variabilidade genética, encontraram a mesma quantidade de grupos pelo método de Tocher que foram encontrado nesse estudo, verificaram 11 grupos formados, ao analisarem 96 acessos de batata-doce.

Azevedo *et al.* (2018) com o intuito de demonstrar a aplicabilidade da técnica do agrupamento multivariado no estudo pós-colheita, na desidratação de raízes entre acessos de batata-doce, utilizaram o agrupamento multivariado que baseou-se na distância euclidiana e no método de otimização de Tocher formando três grupos, sendo que o primeiro foi composto por mais de 90% dos 74 acessos analisados.

Tabela 4. Agrupamento estabelecido pelo método de Tocher, com base em 9 caracteres avaliados entre os 25 clones selecionados de batata-doce e classificação Mulamba e Mock (1978) (entre parênteses). Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.

Grupos	Clones
I	71(7°), 1(20°), 44(25°), 132(11°), 5(5°), 78(14°), 46(23°)
II	37(8°), 7(13°), 108(17°), 79(3°), 38(1°)
III	77(4°), 13(16°), 60(9°), 27(15°)
IV	6(21°), 125(22°)
V	65(19°)
VI	4(18°)
VII	90(12°)
VIII	14(24°)
IX	53(10°)
X	63(2°)
XI	25(6°)

Fonte: Dados do próprio autor.

Visando à seleção de genótipos superiores, Oliveira *et al.* (2000) avaliaram a divergência genética entre 51 clones de batata-doce oriundos de diversas regiões brasileiras, utilizaram dois métodos de agrupamento para selecionar os clones divergentes, com a divisão dos clones em sete grupos pelo método de Tocher e destacaram que os clones selecionados poderiam posteriormente serem testados quanto aos caracteres de interesse e utilizados para a produção ou para obter à seleção de combinações superiores, por meio de programas de policruzamentos.

Na matriz baseada em agrupamento com a distância euclidiana (Tabela 5), observa-se que a mínima distância nos grupos formados na matriz foi de 0,23 no grupos I (clones 71, 1, 44, 132, 5, 78 e 46) e IV (clones 6 e 125), caracterizando uma elevada similaridade entre os clones, o valor 0 está presente nos grupos V (clone 65), VI (clone 4), VII (clone 90), VIII (clone 14), IX (clone 53) e X (clone 63), esses grupos contém apenas um clone. De acordo com Oliveira *et al.* (2021) desde que se observe bom desempenho *per se* e complementação genética entre os genótipos escolhidos, grupos que apresentam apenas um genótipo, podem ser considerados divergentes nos grupos avaliados, podendo ser recomendados para programas de hibridização direcionada.

Tabela 5. Matriz de distância euclidiana entre os 11 grupos formados com os 25 clones selecionados de batata-doce, estabelecido pelo método de Tocher. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.

	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	XI
I	0,23										
II	0,37	0,26									
III	0,40	0,45	0,25								
IV	0,49	0,45	0,33	0,23							
V	0,39	0,33	0,35	0,34	0						
VI	0,62	0,42	0,48	0,37	0,47	0					
VII	0,48	0,39	0,31	0,39	0,39	0,38	0				
VIII	0,49	0,56	0,35	0,53	0,43	0,63	0,43	0			
IX	0,47	0,63	0,36	0,58	0,50	0,77	0,49	0,36	0		
X	0,32	0,31	0,46	0,58	0,38	0,59	0,43	0,50	0,50	0	
XI	0,54	0,35	0,61	0,60	0,58	0,42	0,47	0,70	0,84	0,49	

Fonte: Dados do próprio autor.

Entre grupos a menor distância foi 0,31 entre o grupo II (clone 37, 7, 108, 79 e 38) e X (clone 63) e entre o grupo III (clone 77, 13, 60 e 27) e VII (clone 90), já a maior distância foi 0,84 entre os grupos IX (clone 53) e XI (clone 25), e 0,26 a distância mínima presente entre os clones do grupo II (clone 37, 7, 108, 79 e 38). O grupo I e X se diferenciou mais do grupo VI, com uma distância respectivamente de 0,62 e 0,59, já para o grupo II (0,63), VI (0,77), VII (0,49) e XI (0,84) a maior diferenciação ocorreu com o grupo IX. Os grupos III (0,61), IV (0,60), V (0,58), VIII (0,70) e IX (0,84) apresentaram uma diferenciação maior com o grupo XI. Para que haja uma grande possibilidade de obter populações segregantes superiores, a presença de clones reunidos em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, sendo considerados promissores na escolha de progenitores para cruzamentos artificiais (MARTINS *et al.*, 2012; CARMONA *et al.*, 2015).

Os clones 38, 63, 79, 77 e 5 foram os mais indicados para as próximas etapas de melhoramento da batata-doce devido suas características selecionadas pelo índice de seleção, ao avaliar de acordo com o agrupamento pelo método de Tocher estão nos grupos II (clone 38 e clone 79), grupo X (clone 63), grupo III (clone 77) e grupo I (clone 5), com exceção do clone 63, que é o mais divergente entre esses, os outros clones fazem parte dos três agrupamentos com maior quantidade de clones.

A forma como ocorreu a distribuição dos clones nos agrupamentos formados com base na avaliação dos caracteres, indica a presença de níveis elevados de dissimilaridade.

A análise de agrupamentos pelo método de Ward, foi representada pelo dendograma, que possibilitou a visualização da divergência entre os clones (Imagem 3), com a formação de cinco grupos (ponto de corte a 63%), uma quantidade de grupos formados menor quando comparados com a quantidade de grupos formados pelo método de Tocher. O grupo V (clone 53, 14, 60, 27, 65, 77, 13 e 90) foi representado por oito clones, sendo o grupo com maior quantidade de clones, com 32% do total.

Oliveira *et al.* (2021) verificaram que a análise de agrupamento pela metodologia de Ward possibilitou a ordenação de 76 genótipos, em 11 grupos, sendo o grupo I com 13 genótipos o maior grupamento, uma quantidade maior de agrupamentos e de materiais em um grupo do que a quantidade encontrada nessa avaliação, que também indica a alta variabilidade genética entre os genótipos.

Martins *et al.* (2014) avaliando a divergência genética de 50 clones de batata-doce e o agrupamento gerado a partir dos dados moleculares, com o uso do agrupamento pelo método UPGMA, foi verificada uma elevada variabilidade genética entre os clones avaliados, com a formação de 22 grupos pelo agrupamento representado pelo a formação do dendograma.

Dentro do segundo maior agrupamento os clones 71,1 e 44 apresentam alta similaridade entre eles. Para identificar materiais duplicados ou geneticamente semelhantes em uma coleção de programa de melhoramento, são muito importantes os estudos de divergência genética entre acessos e também para avaliar a variabilidade genética presente (SOUSA *et al.*, 2019).

Houve o agrupamento de três clones no grupo II (37, 7 e 25) e IV (6, 125 e 4). O grupo I (clone 71, 1, 44, 78, 46 e 132) apresentou a segunda maior quantidade de clones, resultando em seis. O grupo III (clone 38, 63, 5, 108 e 79) tiveram cinco clones. Os clones 71, 1, 44, 78, 46 e 132, foram agrupados no agrupamento I de ambos os métodos, Tocher e Ward, com exceção apenas do clone 5 presente no agrupamento um pelo método de Tocher e pelo Ward no agrupamento III. Já os clones 38, 79 e 108 foram agrupados pelo método de Tocher no grupo II e pelo de Ward no grupo III.

Os clones 65, 4, 90, 14, 53, 63 e 25 que estavam agrupados em um clone em cada grupo pelo método de Tocher, ficaram juntos com outros clone pelo método de Ward, sendo os clones 65, 90, 14 e 53 no grupo V, o clone 4 no grupo IV, clone 63 no grupo III e o clone 25 no grupo II.

No agrupamento V pelo método de Ward, os clones 77, 13, 60 e 27, estiveram reunidos pelo método de Tocher no grupo III. Já o clone 5 esteve presente no grupo I pelo método de Tocher e no grupo III pelo método de Ward. Os clones 37 e 7, ambos no grupo II pelo Tocher e Ward, e os clones 6 e 25 no agrupamento IV, pelos dois métodos.

Pelo método de Ward, o agrupamento III possui quatro dos cinco clones com melhores classificações pelo índice, clone 38 (1º), 63 (2º), 5 (5º) e 79 (3º), além de ser o terceiro maior agrupamento, já o clone 77 (4º) pertence ao grupo V, que é o agrupamento com maior número de clones.

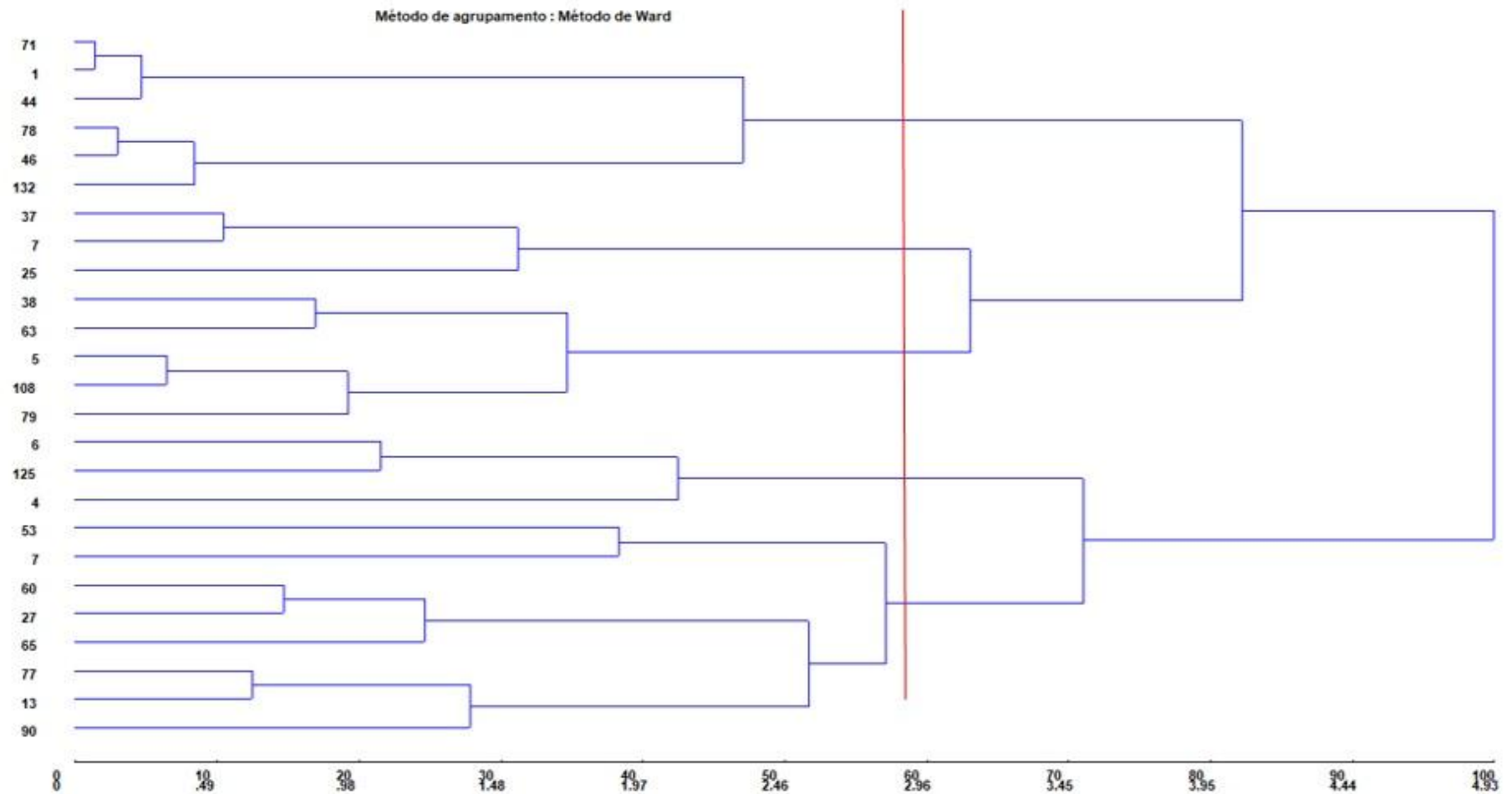
Os clones que se apresentaram de forma mais dissimilar entre os caracteres avaliados podem ser indicados para cruzamentos, podendo aumentar a variabilidade genética e a obtenção de clones superiores, pelo método de Tocher foram os clones 65, 4, 90, 14, 53, 63 e 25. Enquanto, que pelo método de Ward os clones mais dissimilares são os clones 37, 7, 25, 6, 125 e 4.

Ao analisar onze clones de batata-doce com base em caracteres de raiz, Silva, Ponijaleki, Suinaga (2012) observaram com a representação do dendograma que formaram-se três agrupamentos, um grupo maior composto por oito dos onze clones, e dois grupamentos menores, um composto por dois clones e outro por um clone, sendo a maioria dos acessos bastante similar quanto aos caracteres quantitativos avaliados, destacando a possibilidade de ganhos com a heterose, geração de variabilidade genética e de progênies superiores cruzando-se os acessos dos diferentes grupamentos formados.

O tipo de resultado a ser oferecido e as diferentes formas de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado, ou entre dois grupos é o que diferencia entre os inúmeros métodos de agrupamento (VASCONCELOS *et al.*, 2007).

Ainda há poucos relatos na literatura sobre a verificação da dissimilaridade genética com base em caracteres fenotípicos da raiz, para a obtenção de variabilidade genética para características comerciais, visando o melhoramento (CARMONA *et al.*, 2015; SILVA; PONIJALEKI; SUINAGA, 2012).

Figura 3. Dendograma de dissimilaridade de 25 clones de batata-doce, estabelecido pelo método de Ward, utilizando-se a distância euclidiana, com base em 9 caracteres. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

O método de otimização de Tocher foi mais claro na representação da diversidade genética, os clones 38, 63, 79, 77 e 5 foram os mais indicados para as próximas etapas de melhoramento da batata-doce pelo índice de seleção, de acordo com o agrupamento pelo método de Tocher estão nos grupos I (clone 5) e X (clone 63) que se diferenciou mais do grupo VI; o grupo II (clone 38 e clone 79) com maior diferenciação com o grupo IX e grupo III (clone 77) com o grupo XI.

Uma indicação seria a obtenção de híbridos intra-específicos de batata-doce pelo método polimix, em que uma mistura predeterminada de pólen seria usada para fazer cruzamentos controlados, usando nesse caso, uma mistura do pólen de um determinado grupo de pais em todos os clones que devem ser testados especificamente.

5 CONCLUSÕES

A seleção direta possibilitou maior predição de ganho para cada caráter. Porém avaliando conjuntamente houve a maximização de ganhos seletivos em todos os caracteres de interesse.

Há elevada diversidade genética entre os 25 clones de batata-doce selecionados, possibilitando a continuidade do programa de melhoramento da espécie, sendo os clones mais indicados o 38, 63, 79, 77 e 5, recomenda-se os cruzamentos entre 63 x 4; 5 x 4; 38 x 53; 79 x 53; 77 x 25, pois apresentaram melhores características com elevada posição pelo índice de seleção e são mais dissimilares.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, T. M. R.; SAMPAIO, K. B.; SOUZA, E. L. Sweet potato roots: Unrevealing an old food as a source of health promoting bioactive compounds—A review. **Trends in Food Science & Technology**, Oxford, v. 85, p. 277-286, 2019. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0924224418303790>. Acesso em: 01 maio 2022.
- AMARO, G. B.; TALAMINI, V.; FERNANDES, F. R.; SILVA, G. O.; MADEIRA, N. R. **Desempenho de cultivares de batata-doce para rendimento e qualidade de raízes em Sergipe**. [S. l.]: Embrapa Hortaliças-Artigo em periódico indexado (ALICE), 2019. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1108646/1/4776159412PB.pdf> . Acesso em: 01 maio 2022.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JUNIOR, V. C.; ELSAYED, A. Y. A. M.; ANDRADE, E. K. V.; FERREIRA, M. A. M.; GUIMARÃES, A. G. Agrupamento multivariado de curvas na desidratação em raízes de batata-doce. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 13, n. 3, p. 1-6, 2018. Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v13i3a5566/323>. Acesso em: 01 maio 2022.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S. C.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Desempenho agrônômico e parâmetros genéticos em genótipos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 33, n. 1, p. 84-90, 2015a. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362015000100084&scrypt=sci_arttext. Acesso em: 01 maio 2022.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FIGUEIREDO, J. A.; PEDROSA, C. E.; VIANA, D. J. S.; LEMOS, V. T.; NEIVA, I. P. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 10, n. 3, p. 479-484, 2015b. Disponível em: <https://www.redalyc.org/pdf/1190/119041746023.pdf>. Acesso em: 01 maio 2022.
- BEVILAQUA, L. K. A.; MOTA, J. H.; RESENDE, G. M.; YURI, J. E. Características Morfológicas e Produtivas de Clones de Batata Doce. **Caderno De Ciências Agrárias**, v. 11, p. 1–7, 2019. DOI: <https://doi.org/10.35699/2447-6218.2019.15864>. Acesso em: 01 maio 2022.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010. Disponível em: <https://www.redalyc.org/pdf/3030/303026594016.pdf>. Acesso em: 01 maio 2022.

BOVELL-BENJAMIN, A. C. Sweet potato: a review of its past, present, and future role in human nutrition. **Advances in food and nutrition research**, San Diego, v. 52, p. 1-59, 2007. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1043452606520017>. Acesso em: 01 maio 2022.

CARMONA, P. A. O.; PEIXOTO, J. R.; AMARO, G. B.; MENDONÇA, M. A. **Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando descritores morfoagronômicos das raízes**. [S. l.]: Embrapa Hortaliças-Artigo em periódico indexado (ALICE), 2015. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1015172/1/201533217.pdf>. Acesso em: 01 maio 2022.

CASTRO, L. A. S.; EMYGDIO, B.; ABRANTES, V.; ROCHA, N. **Acessos de batata-doce do banco ativo de germoplasma da Embrapa Clima Temperado, com potencial de produção de biocombustível**. [S. l.]: Embrapa Clima Temperado-Documents (INFOTECA-E), 2008. Disponível em: [https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/747544/1/documento 258.pdf](https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/747544/1/documento%20258.pdf). Acesso em: 01 maio 2022.

CAVALCANTE, J. T.; FERREIRA, P. V.; CUNHA, J. L. X. L.; SILVA JÚNIOR, A. B., SILVA, M. T.; CARVALHO, I. D. E. Períodos de interferência de plantas daninhas em genótipos de batata-doce. **Cultura Agrônômica: Revista de Ciências Agrônômicas**, Ilha Solteira, v. 26, n. 4, p. 640-656, 2017. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/236>.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; PAIXÃO, S. L.; COSTA, J. G.; PEREIRA, R. G.; MADALENA, J. A. S. Potenciais produtivo e genético de clones de batata-doce. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 3, p. 421-426, 2009. Disponível em: <https://www.redalyc.org/pdf/3030/303026588008.pdf>.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; PAIXÃO, S. L.; COSTA, J. G.; PEREIRA, R. G.; MADALENA, J. A. Desempenho agrônômico, dissimilaridade genética e seleção de genitores de batata doce para hibridização. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 5, n. 4, p. 485-490, 2010. Disponível em: <https://www.redalyc.org/pdf/1190/119016964007.pdf>. Acesso em: 01 maio 2022.

CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271 - 276, 2013.

COSTA, A. L. **Seleção de genótipos superiores de batata-doce para a alimentação humana via modelos mistos**. 2020. 99 f. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Lavras, 2020. Disponível em: http://repositorio.ufla.br/bitstream/1/45855/1/DISSERTA%C3%87%C3%83O_Sele%C3%A7%C3%A3o%20de%20gen%C3%B3tipos%20superiores%20de%20batatadoce%20para%20a%20alimenta%C3%A7%C3%A3o%20humana%20via%20modelos%20mistos.pdf. Acesso em: 01 maio 2022.

FABRI, E. G. **Diversidade genética entre acessos de batata-doce (Ipomoea batatas L.Lam.) avaliada através de marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos**. 2009. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 2009. DOI:10.11606/T.11.2009.tde-22062009-162410.

FAOSTAT. **Production**.2021. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/>. Acesso em: 01 maio 2022.

FERNANDES, A. M.; MELLO, A. F. S.; MOURA, A. P.; LOPES, C. A.; ECHER, F. R.; SANTOS, F. H. C.; AMARO, G. B.; SILVA, G. O.; GUEDES, I. M. R.; PINHEIRO, J. B.; GUIMARÃES, J. A.; SILVA, J.; VENDRAME, L., P. C.; PILON, L.; JORGE, M. H. A.; BRAGA, M. B.; MELO, R. A. C.; PEREIRA, R. B. **Sistema de Produção de Batata-Doce**. Embrapa Hortaliças. Sistema de Produção, 9 ISSN 1678-880X 9 Versão Eletrônica Feb/2021. Disponível em: <https://www.embrapa.br/hortalicas/batata-doce>. Acesso em: 01 maio 2022.

FONGOD, A. G. N.; MIH, A. M.; NKWATOH, T. N. Morphological and agronomic characterization of different accessions of sweet potatoes (Ipomoea batatas) in Cameroon. **International Research Journal of Agricultural Science and Soil Science**, Sapele, v. 2, n. 6, p. 234- 245, 2012. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Augustina_Fongod/publication/273381141_Morphological_and_agronomic_characterization_of_different_accessions_of_sweet_potatoe_Ipomoea_batatas_in_Cameroon/links/54ff7e7d0cf2eaf210bb08fd.pdf. Acesso em: 01 maio 2022.

FONSECA, M. J. D. O.; SOARES, A. G.; FREIRE JUNIOR, M.; ALMEIDA, D. L.; ASCHERI, J. L. R. Effect of extrusion-cooking in total carotenoids content in cream and orange flesh sweet potato cultivars. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 26, n. 1, p. 112-115, 2008. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362008000100022&script=sci_arttext. Acesso em: 01 maio 2022.

GONÇALVES NETO, A. C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; GONÇALVES, R. J. S.; SILVA, V. F.; LASMAR, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 46, n. 11, p. 1513-1520, 2011. Disponível em: <http://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/10097>. Acesso em: 01 maio 2022.

GONÇALVES NETO, A. C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; MACIEL, G. M.; FERREIRA, R. D. P. D.; CARVALHO, R. D. C. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. **Horticultura brasileira**, Recife, v. 30, n. 4, p. 713-719, 2012. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362012000400025%20&script=sci_arttext. Acesso em: 01 maio 2022.

GOOGLE EARTH. **Localização da área do experimento no POMAR (UNESP), no município de Ilha Solteira/SP. 2022**. Disponível em: <https://www.google.com.br/earth/>. Acesso em: 01 maio 2022.

GRACE, M. H.; YOUSEF, G. G.; GUSTAFSON, S. J.; TRUONG, V. D.; YENCHO, G. C.; LILA, M. A. Phytochemical changes in phenolics, anthocyanins, ascorbic acid, and carotenoids associated with sweetpotato storage and impacts on bioactive properties. **Food chemistry**, Amsterdam, v. 145, p. 717-724, 2014. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0308814613012090>. Acesso em: 01 maio 2022.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Produção Agrícola - Lavoura Temporária**. 2022. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/pesquisa/14/10233?indicador=10238>. Acesso em: 01 maio 2022.

KALKMANN, D. C. **Produtividade, qualidade de raiz, resistência aos insetos de solo e aos nematóides-das-galhas, e estimativas de parâmetros genéticos em clones de batata-doce cultivados no Distrito Federal**. 2011. 144f. Dissertação de Mestrado. Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2011.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SILVA, M. P. D.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 23, n. 4, p. 1000-1005, 2005. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/N4nFd879WHKzNPcnf3MXQbH/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 01 maio 2022.

KHATTREE, R.; NAIK, D. N. **Applied multivariate statistics with SAS software**. Michigan: SAS Institute, 2018.

LAFIA, A. T.; KETOUNOU, T. R.; RODRIGUES, D. S.; DA SILVA, E. O.; BONOU, S. I.; LOPES, R. M. M.; DE SOUSA, S. Composição nutricional de biscoitos biofortificados com farinha de batata-doce. **Brazilian Journal of Development**, São José dos Pinhais, v. 6, n. 9, p. 66846-66861, 2020. Disponível em: <https://www.brazilianjournals.com/index.php/BRJD/article/view/16385>. Acesso em: 01 maio 2022.

LIMA, D. B.; DAMIANI, L. P.; FUJIMORI, E. Deficiência de vitamina A em crianças brasileiras e variáveis associadas. **Revista Paulista de Pediatria**, São Paulo, v. 36, p. 176-185, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rpp/a/YFmhcthBZqHqRGG4Z8nk93B/abstract/?lang=pt>.

LOPES, D. C. **Caracterização do desenvolvimento de clones de batata-doce de polpa alaranjada**. 2021. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 2021. DOI:10.11606/D.11.2021.tde-13092021-131924.

LOUREIRO, M. P.; DA CUNHA, L. R.; NASTARO, B. T.; PEREIRA, K. Y. S.; NEPOMOCENO, M. L. Biofortificação de alimentos: problema ou solução?.

Segurança Alimentar e Nutricional, Campinas, v. 25, n. 2, p. 66-84, 2018.

Disponível em:

<https://periodicos.sbu.unicamp.br/ojs/index.php/san/article/view/8652300/18380>.

Acesso em: 01 maio 2022.

MALUF, W. R. A batata-doce e seu o potencial na alimentação humana, na alimentação animal, e na produção de etanol biocombustível. **Cultura**, Brasília, DF, v. 1999, 2003. Disponível em:

http://www.abhorticultura.com.br/eventosx/trabalhos/ev_7/

MALUF.PDF. Acesso em: 01 maio 2022.

MANTOVANI, E. C.; DELAZARI, F. T.; DIAS, L. E.; ASSIS, I. R.; VIEIRA, G.; LANDIM, F. Produtividade e uso eficiente da água de duas cultivares de batata-doce em função de lâmina de irrigação. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 31, n. 4, 2018.

Disponível em: <http://editor.horticulturabrasileira.com.br/index.php/HB/article/view/102>. Acesso em: 01 maio 2022.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA).

Cultivares de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). 2022. Disponível em:

https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php.

Acesso em: 01 maio 2022.

MARQUES, K. R.; TAVARES, A. T.; LOPES, D. A. P. S.; SANTOS, G. R.; MOMENTÉ, V. G.; NASCIMENTO, I. R. Resistência de genótipos de batata-doce ao mal-do-pé. **Cultura Agrônoma: Revista de Ciências Agrônomicas**, Ilha Solteira, v. 27, n. 2, p. 287-301, 2018. Disponível em:

<https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2444>. Acesso em: 01 maio 2022.

MARTINS, E. C. A.; PELUZIO, J. M.; COIMBRA, R. R.; OLIVEIRA JUNIOR, W. P. D. Variabilidade fenotípica e divergência genética em clones de batata doce no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agrônoma**, Fortaleza, v. 43, n. 4, p. 691-697, 2012. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rca/a/K69ncM4gdDyWSMH4Wzfhdzd/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 01 maio 2022.

MARTINS, E. C. A.; PELUZIO, J. M.; COIMBRA, R. R.; SILVEIRA, M. A.; OLIVEIRA, J. D. D. D.; DE OLIVEIRA JUNIOR, W. P. Diversidade genética em batata-doce no Tocantins. **Bioscience Journal**, Darmstadt, v. 30, n. 2, p. 429-435, 2014. Acesso em: 01 maio 2022.

MONTES, S. M. N. M.; RAGA, A.; COLARICCIO, A.; PANTANO, A. P.; SPADOTTI, A. M. A.; PAULO, E. M.; FURLANETO, F. P. B.; MINEIRO, J. L. C.; FISCHER, I. H.; GARCIA, M. J. M.; TURCO, P. H. N.; FIRETTI, R. **Cultura da batata-doce do plantio à comercialização**. Campinas: Instituto Agrônomo, 2013. 80 p. ISBN: 978-85-85564-28-5.

MOULIN, M. M.; RODRIGUES, R.; GONÇALVES, L. S. A.; SUDRÉ, C. P.; PEREIRA, M. G. A comparison of RAPD and ISSR markers reveals genetic diversity among sweet potato landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 34, n. 2, p. 139-147, 2012. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1807-86212012000200004&script=sci_arttext. Acesso em: 01 maio 2022.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; Cruz, C. D. Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 22, p. 895-900, 2000. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/2843/1971>. Acesso em: 01 maio 2022.

OLIVEIRA, A.C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; FINGER, F. L.; CRUZ, C. D. Variabilidade genética em batata-doce com base em marcadores isoenzimáticos. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 20, n. 4, 2002. Disponível em: < http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-05362002000400013>.

OLIVEIRA, A. P. D.; OLIVEIRA, M. R. T. D.; BARBOSA, J. A.; SILVA, G. G.; NOGUEIRA, D. H.; MOURA, M. F.; BRAZ, M. S. S. Rendimento e qualidade de raízes de batata-doce adubada com níveis de uréia. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 23, p. 925-928, 2005. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/kjWJp7Lj9LH9QXv7Mxc3dpc/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 01 maio 2022.

OLIVEIRA, D. J. L. S. F. **Caracterização morfológica e agrônômica de genótipos de batata-doce obtidos por meio de policruzamentos**. 2019. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Engenharia, 2019. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/191516>.

OLIVEIRA, D. J.L.; OTOBONI, M. E. F.; PAVAN, B. E.; ANDRADE, M. I.; VARGAS, P. F. Genetic divergence of sweet potato genotypes based on morpho-agronomic traits. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 39, p. 229-235, 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/wHVkMkmNnZhFNJz9qQhd3xB/#>. Acesso em: 01 maio 2022.

OTOBONI, M. E. F. **Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce com altos teores de betacaroteno**. 2019. 79 f. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Engenharia, 2019. Disponível em: https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/191495/otoboni_mef_me_ilha.pdf?sequence=3&isAllowed=y. Acesso em: 01 maio 2022.

OTOBONI, M. E. F.; OLIVEIRA, D. J. L. S. F. D.; VARGAS, P. F.; PAVAN, B. E.; ANDRADE, M. I. Genetic parameters and gain from selection in sweet potato genotypes with high beta-carotene content. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 20, n. 3, 2020. Disponível: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S198470332020000300201&script=sci_arttext. Acesso em: 01 maio 2022.

PEIXOTO, J. R.; SANTOS, L. C.; RODRIGUES, F. D. Á.; JULIATTI, F. C.; LYRA, J. R. M. Seleção de clones de batata-doce resistentes a insetos de solo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 34, n. 3, p. 385-389, 1999. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100204X1999000300009&script=sci_arttext. Acesso em: 01 maio 2022.

PUIATTI, G. A.; CECON, P. R.; NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; FINGER, F. L.; PUIATTI, M.; SILVA, F. F.; SILVA, A.R. Comparação dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA no estudo de divergência genética em acessos de alho (pp. 275-279). **Revista da Estatística da Universidade Federal de Ouro Preto**, Ouro Preto, v. 3, n. 3, 2014.

RAHAJENG, W.; RAHAYUNINGSIH, S. A. Agronomic performance, variance component, and diversity of sixty-two sweet potato accessions. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity**, Tocatinópolis, v. 18, n. 1, 2017. Disponível em: <https://smujo.id/biodiv/article/view/756>. Acesso em: 01 maio 2022.

RESENDE, M. D. V. **Seleção-Remi/Blup**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

SANTOS, H. G.; JACOMINE, P. K. T.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. A.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A.; ARAUJO FILHO, J. C.; OLIVEIRA, J. B.; CUNHA, T. J. F. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 5^o ed. Brasília, DF: EMBRAPA, 2018. 590p. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1094003>. Acesso em: 01 maio 2022.

SCHRAMMEL, P. **Desempenho agrônômico de clones de batata-doce em condições de campo**. 2011. 28 f. Monografia (Graduação em Engenharia Agrônômica). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2011. Disponível em: <http://bdm.unb.br/handle/10483/1861>. Acesso em: 01 maio 2022.

SILVA, G. O.; PONIJALEKI, R.; SUINAGA, F. A. Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando caracteres fenotípicos de raiz. [S. l.]: Embrapa Hortaliças-Artigo em periódico indexado (ALICE), 2012. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/946453/1/HorticulturaBrasileirav30n4.pdf>. Acesso em: 01 maio 2022.

SILVA, J. B. C.; LOPES, C. A.; MAGALHÃES, J. S. **Cultura da batata-doce**. Brasília: Embrapa Hortaliças, ISSN 1678-880X Versão Eletrônica, Jun. 2008. (Sistemas de Produção 6).

SILVA, J. C.; TAVARES, A. T.; QUITÉRIA, F.; ALVES, G.; VAZ, J. C.; MOMENTÉ, V. G.; NASCIMENTO, I. R. Similaridade genética entre progênies de meio-irmãos de batata-doce com base em caracteres agrônômicos. **DESAFIOS-Revista Interdisciplinar Da Universidade Federal Do Tocantins**, v. 4, n. 4, p. 70-83, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.20873/uft.2359-3652.2017v4n4p70>. Acesso em: 01 maio 2022.

SILVA, L. L.; SILVEIRA, M. A.; FIDELIS, R. R.; TAVARES, R. C.; MOMENTÉ, V. G.; NASCIMENTO, I. R. Seleção de genótipos de batata-doce quanto à eficiência ao uso do fósforo em solos da região de cerrado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, Surakarta, v. 4, n. 4, p. 356-364, 1 nov. 2013. Disponível em: <https://sistemas.uft.edu.br/periodicos/index.php/JBB/article/view/626>. Acesso em: 01 maio 2022.

SILVEIRA, M. A. Batata-doce: uma nova alternativa para a produção de etanol. **Instituto Euvaldo Lodi/Núcleo Central**. Álcool combustível. Brasília: IEL/NC, p. 109-122, 2008.

MENDOZA, J. D. S. **Produtividade e características físico-químicas de acessos de batata-doce procedentes de comunidades quilombolas do Vale do Ribeira / SP**. 2017. 70f. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrônomicas - Botucatu, 2017. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/handle/11449/150363>. Acesso em: 01 maio 2022.

RAO, C. R. **An advanced statistical method in biometric research**. New York: Ed. John Wiley e Sons, 1952. 390 p.

SOUSA, M.D.S. **Diversidade Genética, Caracterização Morfoagronômica, Potencial de uso e Qualidade Pós-colheita de Clones de Batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lamarck]**. 2018. 216 f. Tese (Doutorado) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília – UnB, Brasília, DF, 2018. Disponível em: <https://repositorio.unb.br/handle/10482/32700>. Acesso em: 01 maio 2022.

SOUSA, R. M. D. D. D.; PEIXOTO, J. R.; AMARO, G. B.; VILELA, M. S.; CARMONA, P. A. O.; CARMONA, R.; THOME, K. M. Morphoagronomic characterization of sweet potato accessions from the germplasm bank of Embrapa hortaliças. **Bioscience Journal**, Uberlândia, p. 1708-1717, 2019. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-1049095>. Acesso em: 01 maio 2022.

SOUZA, N. M.; SILVA, J.; WEIRICH NETO, P. H. W.; GOMES, J. A.; CHARNOBAY, A. C. R. Caracterização morfológica e agrônômica de genótipos não-identificados de batata-doce. **International Journal of Environmental Resilience Research and Science-IJERRS**, Curitiba, v. 4, n. 1, p. 1-7, 2022. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/ijerrrs/article/view/26517>. Acesso em: 01 maio 2022.

SSALI, R. T.; SSERUWU, G.; YADA, B.; SSEMAKULA, G.; WASONGA, C.; GRÜNEBERG, W. J.; EYZAGUIRRE, R.; LOW, J. W.; MWANGA, R. O. Efficiency of the polycross and controlled hybridization methods in sweetpotato breeding in Uganda. **Journal of Agricultural Science**, Toronto, v. 11, n. 17, 2019. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7743989/>. Acesso em: 01 maio 2022.

TEIXEIRA, D. H. L.; OLIVEIRA, M. D. S. P. D.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 47, p. 237-243, 2012. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/pab/a/Lgzz68CxKr78mDxKSd5LsVP/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 01 maio 2022. Acesso em: 01 maio 2022.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira – FEIS. Canal CLIMA da UNESP - Ilha Solteira. **Valores de temperaturas máxima, média e mínima, e precipitação pluviométrica referentes ao período de condução do experimento no município de Ilha Solteira/SP, 2020.**

Disponível em: [http://clima.](http://clima.feis.unesp.br/)

[feis.unesp.br/](http://clima.feis.unesp.br/). Acesso em: 01 maio 2022.

VALADARES, N. R. **Abordagem bayesiana na seleção de clones e progênies de batata-doce.** 2020. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Federal de Minas Gerais / Instituto de Ciências Agrárias, 2020. Disponível em:

<https://repositorio.ufmg.br/handle/1843/36397>. Acesso em: 01 maio 2022.

VARGAS, P. F.; ENGELKING, E. W.; ALMEIDA, L. C. F. D.; FERREIRA, E. A.; CHARLO, H. C. D. O. Diversidade genética entre cultivares crioulas de batata-doce cultivadas por agricultores tradicionais. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 31, n. 3, p. 779-790, 2018. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rcaat/a/fwcGk4XhtTHgtyXHNDpL3jd/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 01 maio 2022.

VARGAS, P. F.; GODOY, D. R. Z.; ALMEIDA, L. C. F.; CASTOLDI, R. Agronomic characterization of sweet potato accessions. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 8, n. 1, p. 116-125, 2017. Disponível em:

<https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/1864>. Acesso em: 01 maio 2022.

VARGAS, P. F.; OTOBONI, M. E. F.; LOPES, B. G.; PAVAN, B. E. Predição de ganhos genéticos com a seleção em acessos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 38, n. 4, p. 387-393, 2020. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/hb/a/QyyM6xFJrFjDqrDWxtrJnRG/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 01 maio 2022.

VASCONCELOS, E. S. D.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, 2007. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/pab/a/kXhz6GNbYn68bNqPbf85znR/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 01 maio 2022.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 1992, p. 496p, 1992.

VIZZOTTO, M.; PEREIRA, E. S.; VINHOLES, J. R.; MUNHOZ, P. C.; FERRI, N. M. L.; CASTRO, L. A. S.; KROLOW, A. C. R. Physicochemical and antioxidant capacity analysis of colored sweet potato genotypes: in natura and thermally processed.

Ciencia Rural, Santa Maria, v. 47, n. 4, 2017. Disponível em:

<http://www.scielo.br/scielo.php?>

[pid=S010384782017000400751&script=sci_arttext](http://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010384782017000400751&script=sci_arttext). Acesso em: 01 maio 2022.

WANG, S.; NIE, S.; ZHU, F. Chemical constituents and health effects of sweet potato. **Food Research International**, Oxford, v. 89, p. 90-116, 2016. Disponível:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S096399691630360X>.

WARD, J. H. Jr. **Hierarchical grouping to optimize an objective function. Journal of the American Statistical Association**, Alexandria, v. 58, p. 236-244, 1963.

Acesso em: 01 maio 2022.

WERA, B.; YALU, A.; RAMAKRISHNA, A.; DEROS, M. Genotypic variability estimates of agronomic traits for selection in a sweet potato (*Ipomoea batatas*)

polycross population in Papua New Guinea. **Journal of Plant breeding and**

Genetics, Islamabad, v. 2, n. 3, p. 131-136, 2014. Disponível em:

<https://www.researchgate.net>

[t/publication/280003484_GENOTYPIC_VARIABILITY_ESTIMATES_OF_AGRONOMIC_TRAITS_FOR_SELECTION_IN_A_SWEET_POTATO_IPOMOEA_BATATAS_POLYCYCROSS_POPULATION_IN_PAPUA_NEW_GUINEA](https://www.researchgate.net/publication/280003484_GENOTYPIC_VARIABILITY_ESTIMATES_OF_AGRONOMIC_TRAITS_FOR_SELECTION_IN_A_SWEET_POTATO_IPOMOEA_BATATAS_POLYCYCROSS_POPULATION_IN_PAPUA_NEW_GUINEA). Acesso em: 01 maio 2022.

WU, Q.; QU, H.; JIA, J.; KUANG, C.; WEN, Y.; YAN, H.; GUI, Z. Characterization, antioxidant and antitumor activities of polysaccharides from purple sweet potato.

Carbohydrate polymers, Oxford, v. 132, p. 31-40, 2015. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0144861715005524>. Acesso em: 01 maio 2022.

YAN, M.; NIE, H.; WANG, Y.; WANG, X.; JARRET, R.; ZHAO, J.; WANG, H.; YANG, J. Exploring and exploiting genetics and genomics for sweetpotato improvement:

Status and perspectives. **Plant Communications**, Cambridge, p. 100332, 2022.

Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2590346222000827>. Acesso em: 01 maio 2022.

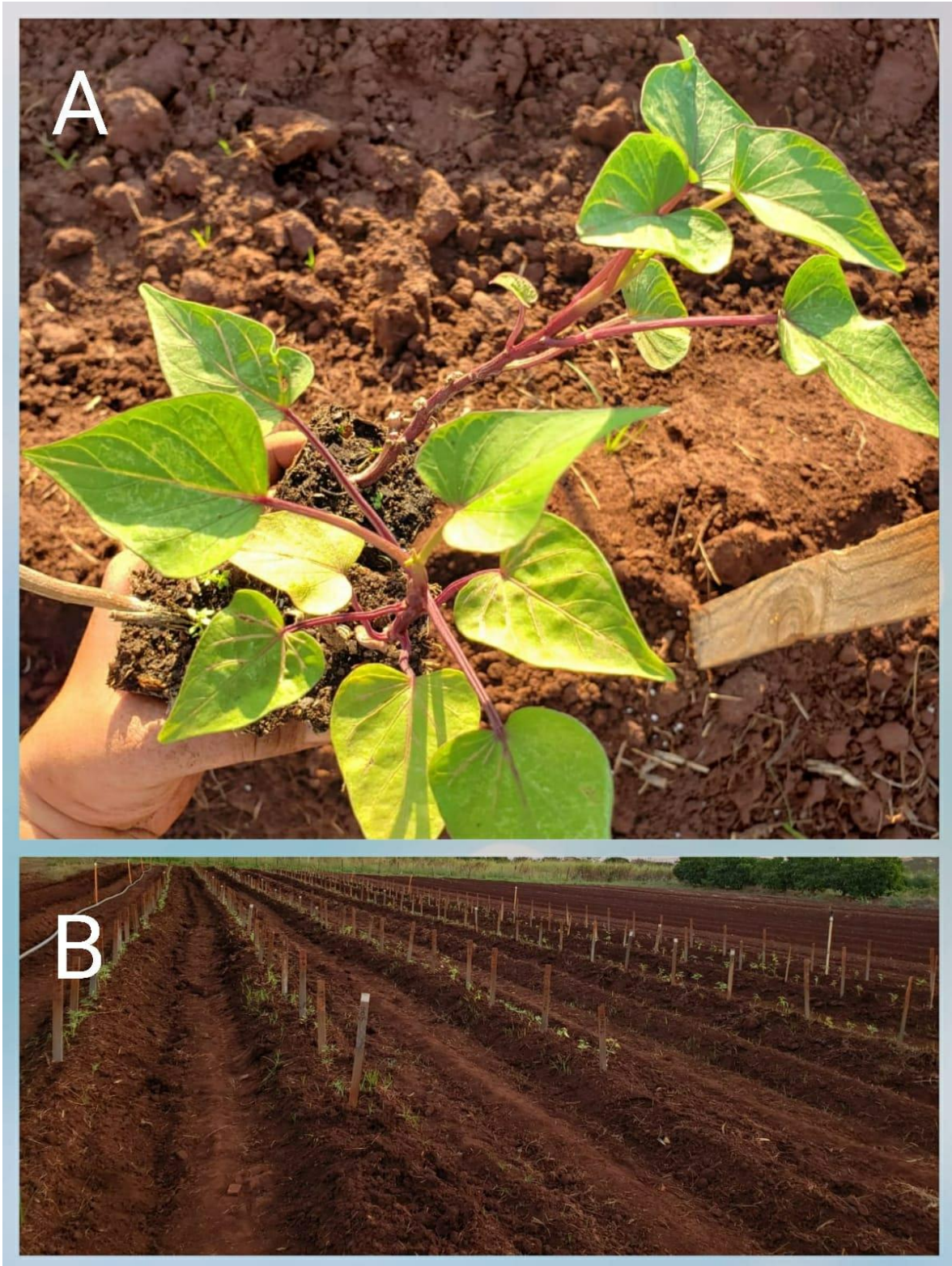
APÊNDICE A – Fotos do experimento

Figura 4 – Mudanças de batata-doce utilizadas na implantação do experimento em bandejas, na casa de vegetação. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



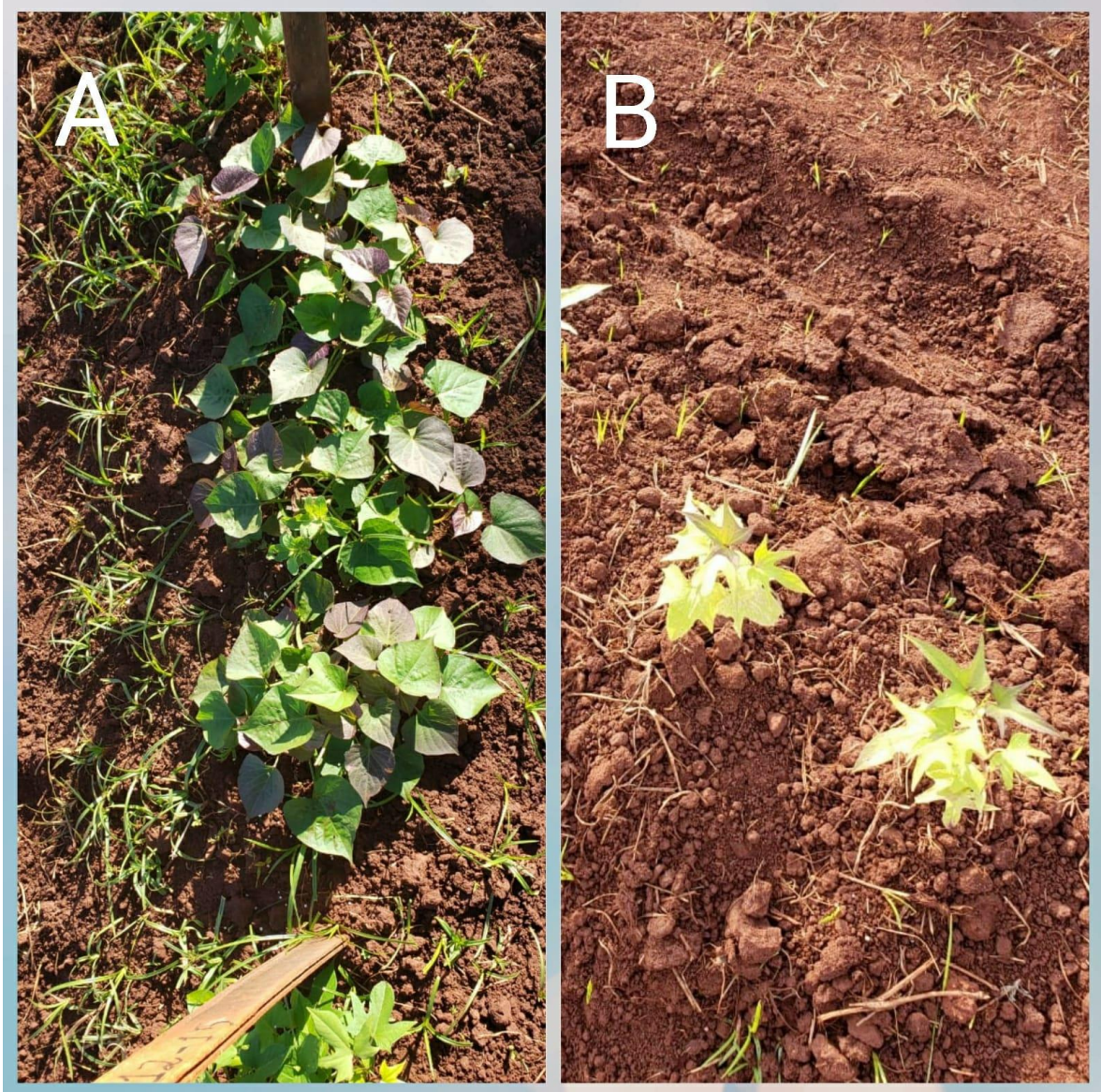
Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 5 – A - Muda de batata-doce no plantio do experimento; B – Área após o plantio da batata-doce. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 6 – Diferentes formatos de folha da batata-doce. A - Área experimental aos 41 dias após o plantio; B – Área experimental aos 2 dias após o plantio. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 7 – Florescimento da batata-doce, área experimental aos 105 dias após o plantio. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 8 – Diferentes formato das flores da batata-doce, área experimental aos 105 dias após o plantio. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 9 – Área experimental aos 151 dias após plantio. A - Coloração da polpa alaranjado escuro; B – Coloração da polpa roxa. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 10 – Área experimental aos 153 dias após plantio (Colheita). Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



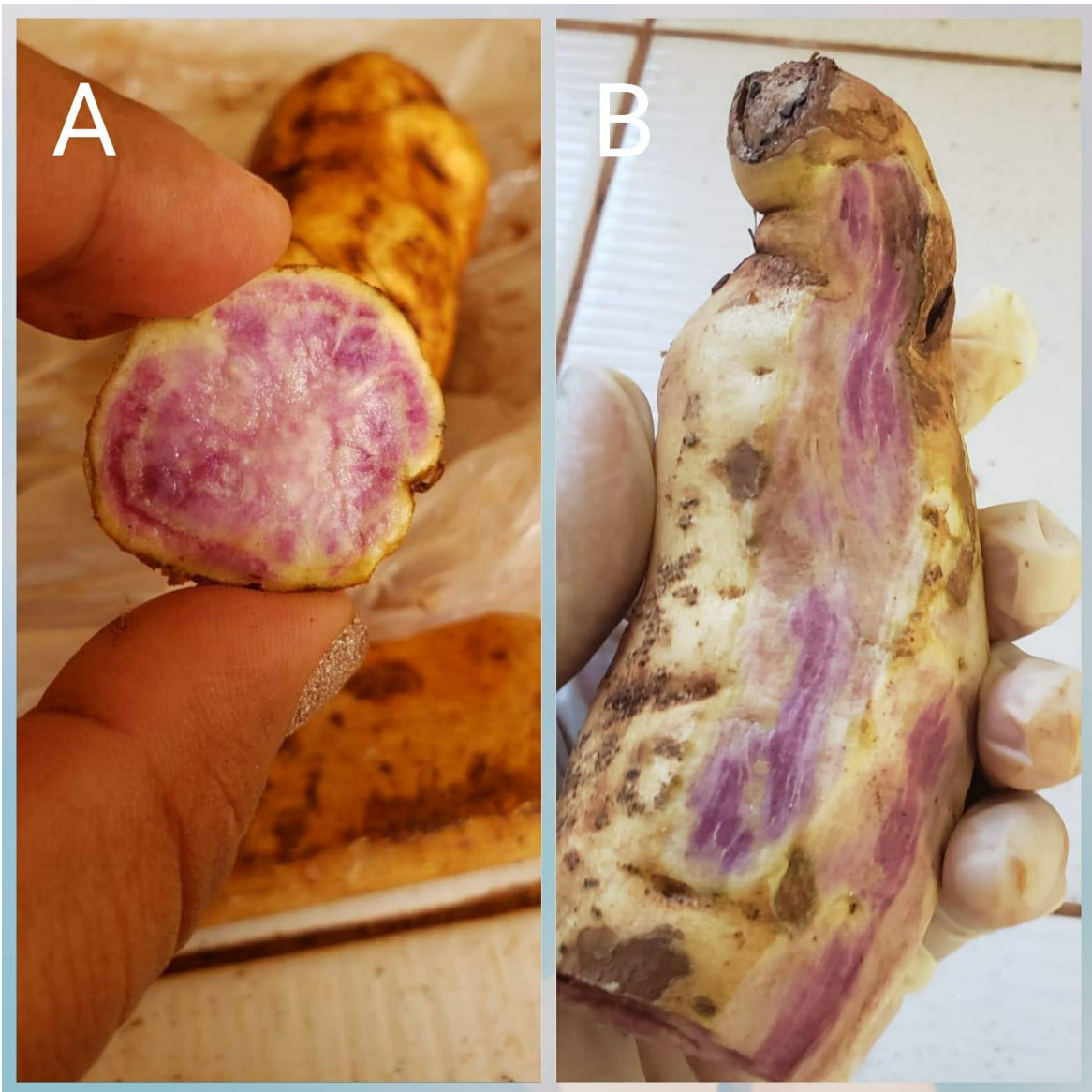
Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 11 – Diferentes características das amostras avaliadas (formato, tamanho e coloração). Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



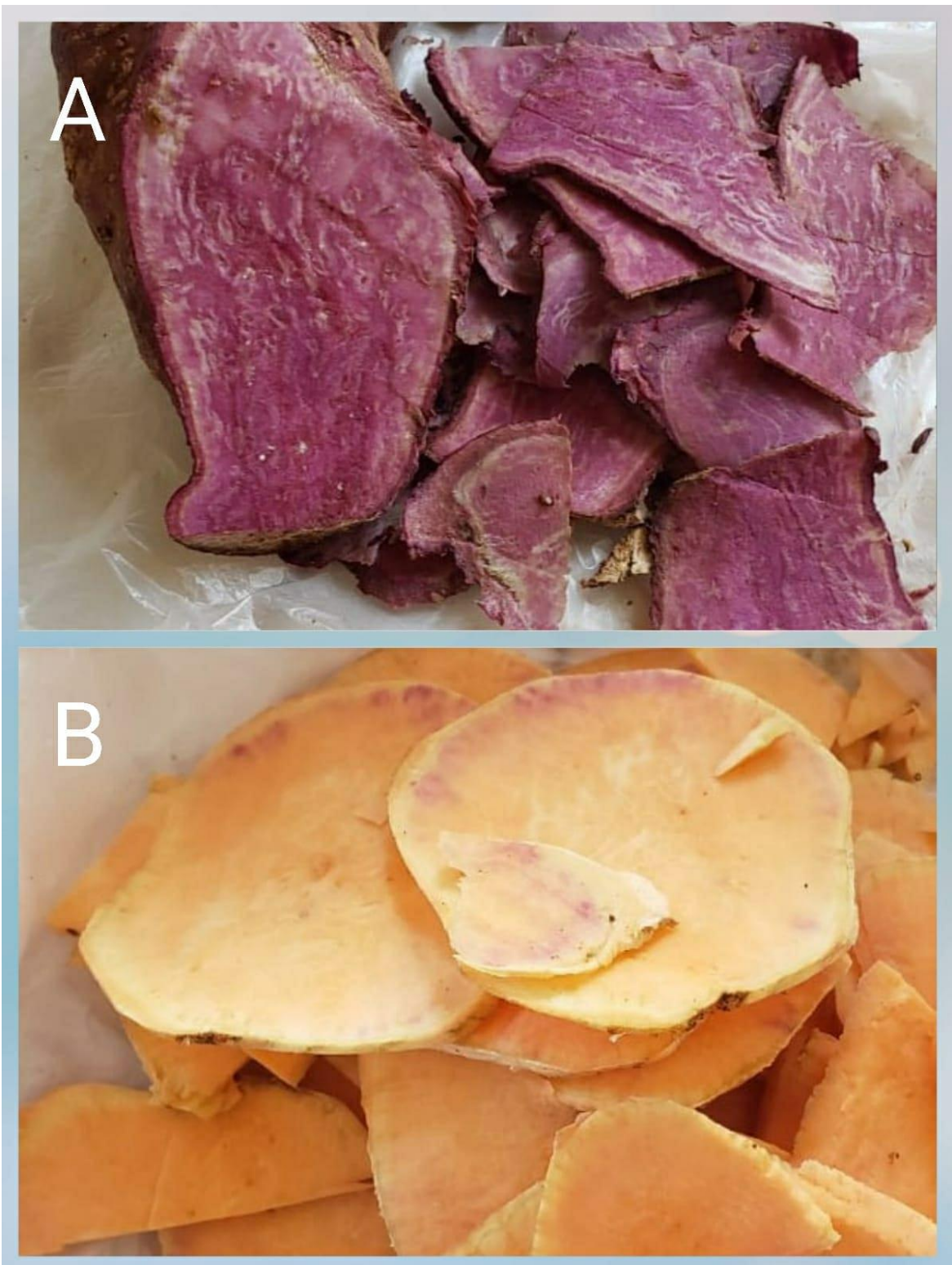
Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 12 – A - Coloração da polpa roxa mesclada; B – Cor creme da casca da batata-doce. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



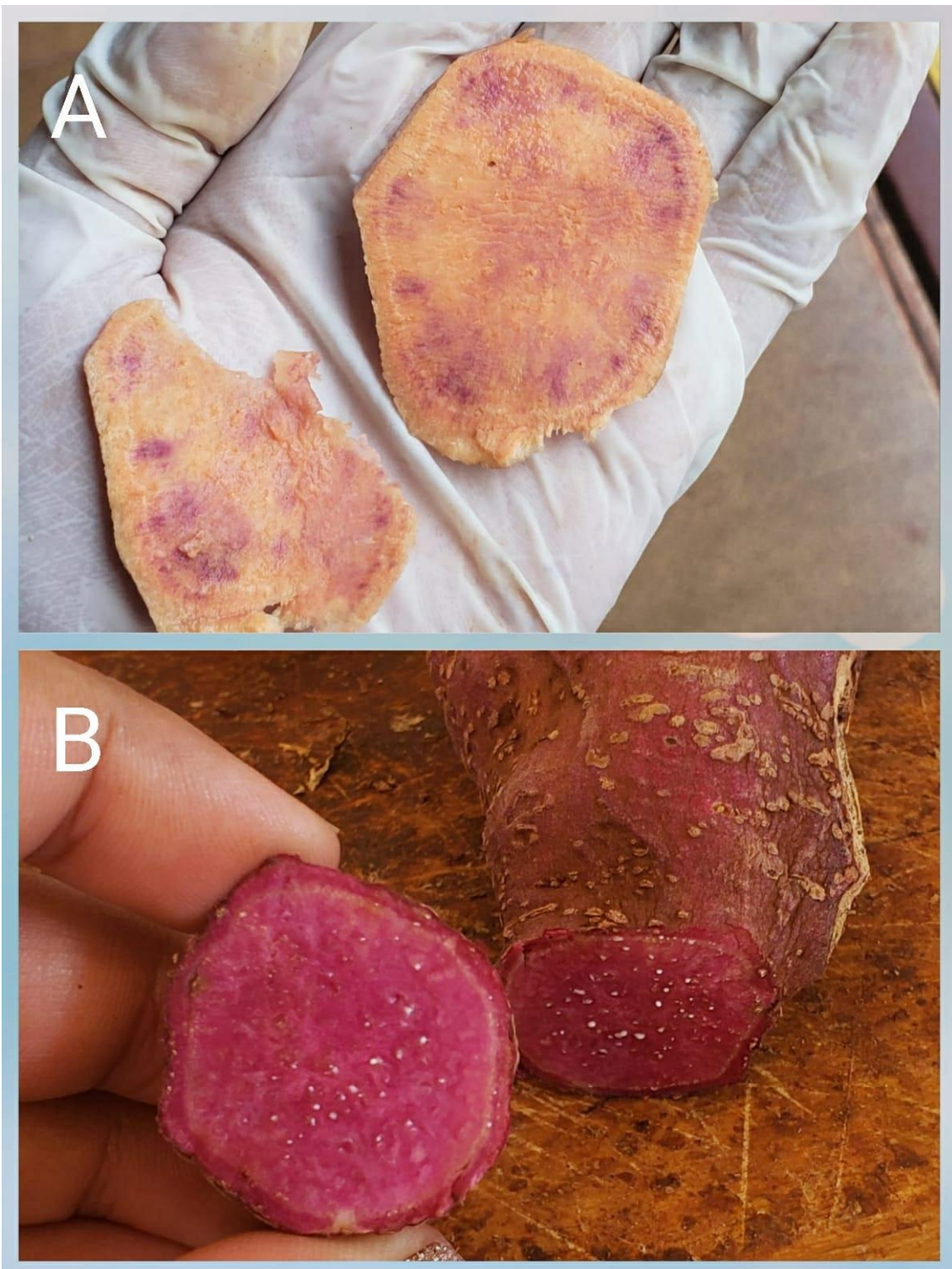
Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 13 – A - Coloração da polpa roxa; B – Coloração da polpa alaranjado. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

Figura 14 – A - Coloração da polpa alaranjado; B – Coloração da polpa roxa. Ilha Solteira-SP, UNESP, 2020.



Fonte: Dados do próprio autor.

ANEXO A – Avaliação de batata-doce em caracteres relacionados à qualidade da raiz, conforme metodologia adaptada por Costa (2020)

a) formato geral: foi analisada visualmente as raízes e, em seguida, atribuídas notas por dois avaliadores, conforme metodologia proposta por Azevedo *et al.* (2002) com adaptação: 1 = formato fusiforme; 2 = formato próximo ao fusiforme; 3 = formato desuniforme; 4 = formato ruim ao comércio, com rachaduras; 5 = formato sem comercialização, com muitas deformações, conforme o exemplo da Figura 3. A nota 1 é considerada desejável;

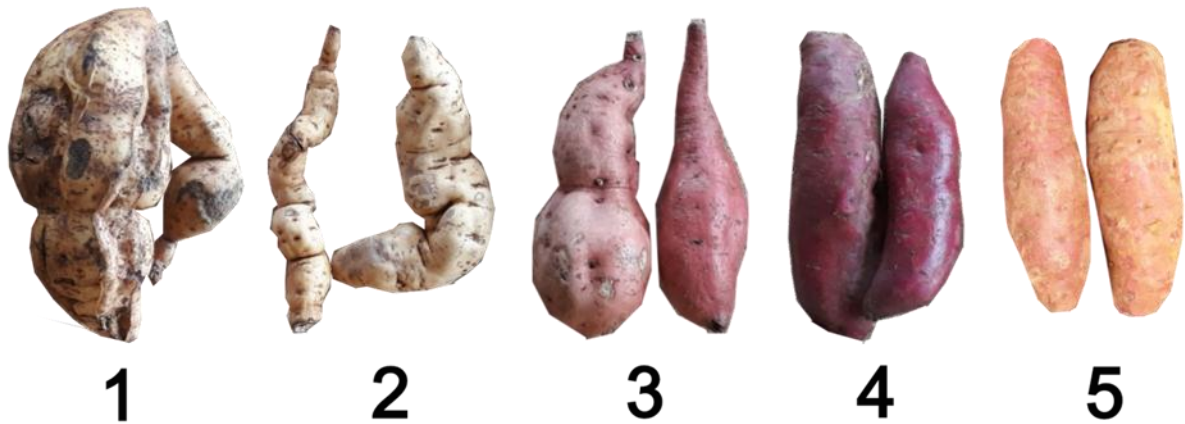
Figura 3 - Escala de notas para a avaliação de formato geral das raízes. UFLA, Lavras, MG, 2020.



Fonte: Costa (2020).

b) padrão comercial: foram analisadas visualmente as raízes na parcela e, em seguida, atribuídas notas por dois avaliadores, conforme metodologia proposta por Silva (2019) com adaptação: 1 = pior padrão comercial; 2 = padrão que prejudica muito a comercialização; 3 = padrão que prejudica medianamente a comercialização; 4 = bom padrão comercial; 5 = melhor padrão comercial, conforme o exemplo da Figura 4. A nota 5 é considerada desejável;

Figura 4 - Escala de notas para a avaliação de padrão comercial das raízes. UFLA, Lavras, MG, 2020.



Fonte: Costa (2020).

c) resistência à insetos: dois avaliadores mensuraram a ocorrência de galerias e/ou furos nas raízes por meio da escala de notas estabelecida por Azevedo *et al.* (2002): 1 = livre de danos; 2 = poucos danos; 3 = danos que afetam medianamente o aspecto comercial; 4 = danos que afetam muito o aspecto comercial; 5 = danos que afetam totalmente o aspecto comercial, conforme o exemplo da Figura 5. A nota 1 é considerada desejável;

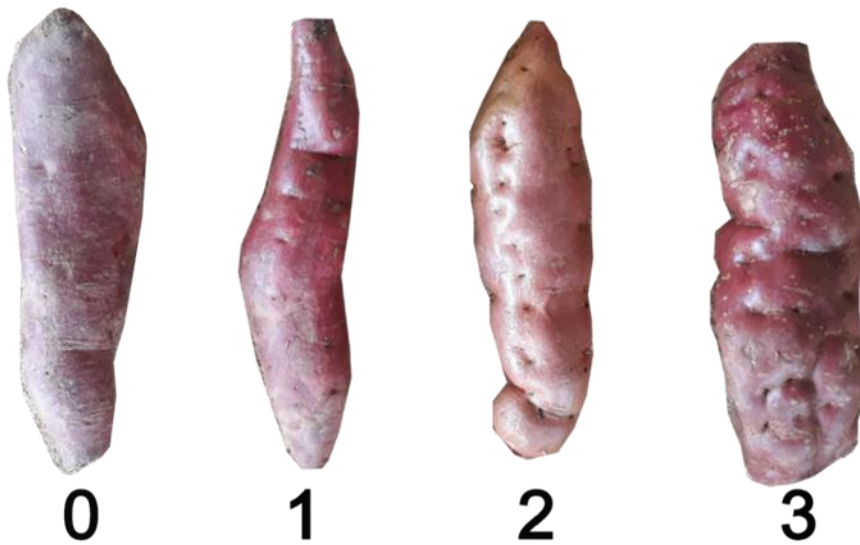
Figura 5 - Escala de notas para a avaliação de resistência à insetos de solo. UFLA, Lavras, MG, 2020.



Fonte: Costa (2020).

d) olho: as raízes da área útil de cada parcela foram visivelmente observadas, e, em seguida, atribuídas notas por dois avaliadores, onde: 0 = ausência de olhos; 1 = poucos olhos; 2 = presença mediana de olhos; 3 = muitos olhos, conforme o exemplo da Figura 7. A nota 0 é considerada desejável;

Figura 7 - Escala de notas para a avaliação de olhos nas raízes. UFLA, Lavras, MG, 2020.



Fonte: Costa (2020).

e) veia: as raízes foram visivelmente observadas e, em seguida, atribuídas notas por dois avaliadores, onde: 0 = ausência de veias; 1 = presença de veias, conforme o exemplo da Figura 8. A nota 0 é considerada desejável;

Figura 8 - Escala de notas para a avaliação de veias nas raízes. UFLA, Lavras, MG, 2020.



Fonte: Costa (2020).

f) lenticela: as raízes foram visivelmente observadas e, em seguida, atribuídas notas por dois avaliadores, onde: 0 = ausência de lenticelas; 1 = poucas e pequenas; 2 = presença mediana; 3 = muitas lenticelas, conforme o exemplo da Figura 10. A nota 0 é considerada desejável;

Figura 10 - Escala de notas para a avaliação de lenticelas nas raízes. UFLA, Lavras, MG, 2020.



Fonte: Costa (2020).

g) cor da casca das raízes: dois avaliadores definiram visualmente a coloração de acordo com as notas propostas por Huamán (1999) com adaptações,

onde 1 = branca; 2 = creme; 3 = amarela; 4 = laranja acastanhada; 5 = rosa; 6 = vermelha púrpura; 7 = roxa escura, conforme o exemplo da Figura 11.

Figura 11 - Escala de notas para a avaliação de cor da casca das raízes. UFLA, Lavras, MG, 2020.

