

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

**MARIA EDUARDA FACIOLI OTOBONI**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COM  
ALTOS TEORES DE BETACAROTENO**

Ilha Solteira  
2019

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**MARIA EDUARDA FACIOLI OTOBONI**

**ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE BATATA-  
DOCE COM ALTOS TEORES DE BETACAROTENO**

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

Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas  
**Orientador**

Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan  
**Coorientador**

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

O884a Otoboni, Maria Eduarda Facioli.  
Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce com altos teores de betacaroteno / Maria Eduarda Facioli Otoboni.-- Ilha Solteira: [s.n.], 2020 79 f. : il.

Dissertação - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia .  
Área de conhecimento: Sistema de Produção, 2020

Orientador: Pablo Forlan Vargas  
Co-orientador: Bruno Ettore Pavan  
Inclui bibliografia

1. Batata-doce. 2. Melhoramento genético de batata-doce.  
3. Interação genótipo X ambiente. 4. Adaptabilidade e estabilidade.

**CERTIFICADO DE APROVAÇÃO**

**TÍTULO DA DISSERTAÇÃO:** Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce com altos de betacaroteno

**AUTORA:** MARIA EDUARDA FACIOLI OTOBONI

**ORIENTADOR:** PABLO FORLAN VARGAS

**COORIENTADOR:** BRUNO ETTORE PAVAN

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

  
Prof. Dr. PABLO FORLAN VARGAS

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP

  
Profa. Dra. SILVELISE PUPIN

Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia Ilha Solteira

  
Prof. Dr. JOSE CARLOS CAVICHIOLI

Polo Regional Alta Paulista / Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios - APTA

Ilha Solteira, 19 de dezembro de 2019

## AGRADECIMENTOS

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

Agradeço a Deus, por iluminar meus caminhos e me dar forças para conquistar meus objetivos.

Aos meus pais, Mario André e Luciana, que sempre me apoiaram em cada escolha que eu fiz e não mediram esforços para a realização de mais um sonho. À minha irmã, Ana Victória, aos meus avós, e ao meu namorado, Pedro Henrique, pelo apoio e incentivo para que eu pudesse crescer e por terem me ensinado a acreditar que conseguiria mais essa vitória. Obrigado por sonharem e lutarem junto comigo.

Ao Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas pela valiosa orientação, paciência, disponibilidade, confiança e auxílio no desenvolvimento deste trabalho, o que me conforta a seguir nessa mais nova caminhada.

Ao Prof Dr. Bruno Ettore Pavan pela coorientação, disponibilidade, auxílio nas análises dos dados e pela importante contribuição.

Ao Grupo de Estudos em Olericultura da Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Ilha Solteira, principalmente, ao Darllan Júnior pela ajuda e contribuição em todas as etapas de realização deste trabalho.

Aos membros da banca examinadora, Dr. José Carlos Cavichioli e Dra. Silvelise Pupin, por aceitarem o convite e pelas valiosas sugestões que contribuíram para o aperfeiçoamento deste trabalho.

Ao programa de Pós-graduação em Agronomia da Unesp, Câmpus de Ilha Solteira, bem como os docentes do programa por todo conhecimento compartilhado.

À FAPESP – Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (Processo nº 2017/08032-0) pelo apoio financeiro essencial para realização dessa pesquisa.

Ao CERAT – Centro de Raízes e Amidos Tropicais da Unesp pelo apoio ao desenvolvimento da Pesquisa.

Ao *International Potato Center*, em nome da Dra. Maria Isabel Andrade, pela doação dos genótipos.

À todos que de alguma forma, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho e para meu crescimento profissional. Minha gratidão!

“O sucesso nasce do querer, da determinação e persistência em se chegar a um objetivo. Mesmo não atingindo o alvo, quem busca e vence obstáculos, no mínimo fará coisas admiráveis”.

(José de Alencar)

## RESUMO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma hortaliça tuberosa de ampla adaptação à diferentes tipos de solo e clima, e ocupa posição de destaque entre as culturas que desempenham papéis importantes na segurança alimentar. As raízes de polpa alaranjada são ricas em carotenoides, principalmente betacaroteno, precursor de pró-vitamina A, podendo o consumo de batata-doce de polpa alaranjada ser utilizado no combate à deficiência de vitamina A no Brasil e em diversos lugares do mundo. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a interação genótipo x ambiente e estimar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce com altos teores de betacaroteno visando a identificação e seleção dos mais adaptados em busca de futura obtenção de novas cultivares. Foram realizados ensaios em quatro ambientes: no município de Vera Cruz-SP, Selvíria-MS e em dois ambientes (sistema de produção orgânico e sistema de produção consorciado) no município de Sete Barras. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados com duas repetições avaliando 265 genótipos de batata-doce provenientes do *International Potato Center* e uma cultivar comercial 'Beauregard' de polpa alaranjada. Os parâmetros genéticos e componentes de variância foram obtidos pelo procedimento REML/BLUP. Foi utilizado o índice proposto por Mulamba e Mock para selecionar os melhores genótipos e estimar o ganho genético predito com a seleção. Para o estudo de estratificação ambiental, adaptabilidade e estabilidade foram utilizadas as metodologias MHPRVG e AMMI. As metodologias adotadas foram concordantes e complementares, sendo eficientes na identificação e recomendação de genótipos de batata-doce adaptados e estáveis. Foi possível verificar a presença de variabilidade genética favorecendo o processo de seleção. Os resultados apontaram que houve interação entre os genótipos e os ambientes e possibilitaram a futura exclusão do ambiente de sistema de produção consorciado no município de Sete Barras, pela não aptidão na produção de batata-doce. De acordo com os resultados obtidos, os genótipos CERAT16-03, CERAT21-13, CERAT29-26 e CERAT52-22 demonstraram os melhores desempenhos avaliando conjuntamente a adaptabilidade e estabilidade nos ambientes de cultivo.

**Palavras-chave:** AMMI. Interação genótipo x ambiente. *Ipomoea batatas*. MHPRVG. Parâmetros genéticos.

## ABSTRACT

Sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) is a tuberous vegetable that is widely adapted to different soil and climate types and occupies a prominent position among crops that play important roles in food security. Orange pulp roots are rich in carotenoids, mainly beta-carotene, precursor of pro-vitamin A, and orange-fleshed sweetpotato can be used to combat vitamin A deficiency in Brazil and around the world. Therefore, the present work aimed to evaluate the genotype x environment interaction and to estimate the adaptability and stability of sweetpotato genotypes with high beta-carotene contents, aiming at the identification and selection of the most adapted ones in search of future obtaining of new cultivars. Tests were carried out in four environments: in the municipality of Vera Cruz-SP, Selvíria-MS and in two environments (organic production system and consortium production system) in the municipality of Sete Barras. The experimental design was a randomized block design with two replications evaluating 265 genotypes from the International Potato Center and a commercial orange-fleshed 'Beauregard' cultivar. Genetic parameters and variance components were obtained by the REML/BLUP procedure. The index proposed by Mulamba and Mock was used to select the best genotypes and to estimate the predicted genetic gain with the selection. For the study of environmental stratification, adaptability and stability we used the methodologies MHPRVG and AMMI. The adopted methodologies were concordant and complementary, being efficient in the identification and recommendation of adapted and stable sweet potato genotypes. It was possible to verify the presence of genetic variability favoring the selection process. The results showed that there was interaction between genotypes and environments and allowed the future exclusion of the environment from a consortium production system in the municipality of Sete Barras, due to the lack of ability to produce sweet potato. According to the results obtained, the genotypes CERAT16-03, CERAT21-13, CERAT29-26 and CERAT52-22 demonstrated the best performances by jointly evaluating adaptability and stability in cultivation environments.

**Keywords:** AMMI. Genotype x environment interaction. *Ipomoea batatas*. MHPRVG. Genetic parameters.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b>	- Multiplicação dos genótipos de batata-doce em vasos e no campo de matrizes no município de Ilha Solteira-SP, no ano de 2018.....	27
<b>Figura 2</b>	- Instalação dos experimentos nos quatro locais de cultivo: sistema de produção convencional em Vera Cruz (A1), sistema de produção convencional em Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4), nos anos de 2018 e 2019.....	30
<b>Figura 3</b>	- Genótipos de batata-doce potencialmente promissores e selecionados no município de Selvíria-MS, no ano de 2019.....	43
<b>Figura 4</b>	- Representação gráfica (AMMI1) para Produtividade Comercial (PC) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4).....	56
<b>Figura 5</b>	- Representação gráfica (AMMI2) para Produtividade Comercial (PC) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4).....	58
<b>Figura 6</b>	- Representação gráfica (AMMI1) para Teor de Massa Seca (TMS) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4).....	59
<b>Figura 7</b>	- Representação gráfica (AMMI1) para Coloração de Polpa (CP) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), ambiente orgânico em Sete Barras (A3), ambiente consorciado em Sete Barras (A4).....	61

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b>	- Esquematização do resumo de análise de variância conjunta adotada e esperanças dos quadrados médios (adotando genótipo como fixo e blocos, ambiente, resíduo e GxA como aleatórios).....	34
<b>Tabela 2</b>	- Estimativas de parâmetros genéticos em caracteres agronômicos e econômicos de batata-doce, no município de Selvíria-MS, no ano de 2019.....	37
<b>Tabela 3</b>	- Média esperada (M1) dos trinta melhores genótipos de batata-doce selecionados por meio do índice baseado na soma de postos ou “ranks” e estimativas de ganhos genéticos preditos com a seleção, no município de Selvíria-MS, no ano de 2019.....	39
<b>Tabela 4</b>	- Resumo da análise de variância individual dos experimentos avaliados nos ambientes Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4), durante os anos de 2018 e 2019.....	45
<b>Tabela 5</b>	- Resumo da análise de variância conjunta dos experimentos avaliados nos ambientes Vera Cruz (A), Selvíria (B), sistema de produção orgânico em Sete Barras (C), sistema de produção consorciado em Sete Barras (D), durante os anos de 2018 e 2019.....	46
<b>Tabela 6</b>	- Estimativa de parâmetros genéticos e componentes de variância para os caracteres produtividade comercial, teor de massa seca e coloração de polpa para análise conjunta de 266 genótipos de batata-doce nos municípios de Vera Cruz, Selvíria e Sete Barras..	47
<b>Tabela 7</b>	- Ordenação dos 30 melhores genótipos de batata-doce com base em produtividade comercial (t ha <sup>-1</sup> ) para: valores genotípicos de Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Estabilidade e Adaptabilidade multiplicada pela média geral (MHPRVG*MG).....	50
<b>Tabela 8</b>	- Ordenação dos 30 melhores genótipos de batata-doce com base em teor de massa seca (%) para: valores genotípicos de Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Estabilidade e Adaptabilidade multiplicada pela média geral (MHPRVG*MG).....	52
<b>Tabela 9</b>	- Ordenação dos 30 melhores genótipos de batata-doce com base em coloração de polpa para: valores genotípicos de Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Estabilidade e Adaptabilidade multiplicada pela média geral (MHPRVG*MG).....	54

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>11</b>
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>14</b>
2.1	ASPECTOS GERAIS DA BATATA-DOCE.....	14
2.2	IMPORTÂNCIA SOCIOECONÔMICA.....	15
2.3	MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA-DOCE.....	17
2.4	INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	18
2.5	ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE.....	19
<b>2.5.1</b>	<b>Metodologias de adaptabilidade e estabilidade.....</b>	<b>21</b>
2.6	ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL.....	22
<b>2.6.1</b>	<b>Estratificação ambiental pela análise AMMI.....</b>	<b>22</b>
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>24</b>
3.1	MATERIAL.....	24
3.2	MULTIPLICAÇÃO DOS GENÓTIPOS.....	24
3.3	LOCAIS DE CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS.....	25
3.4	DELINEAMENTO E CONDUÇÃO EXPERIMENTAL.....	26
3.5	ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	30
<b>3.5.1</b>	<b>Seleção prévia.....</b>	<b>30</b>
<b>3.5.2</b>	<b>Análise de variância.....</b>	<b>31</b>
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>34</b>
4.1	SELEÇÃO PRÉVIA.....	34
4.2	INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE.....	42
4.2.1	<b>Análise de variância individual.....</b>	<b>42</b>
4.2.2	<b>Análise de variância conjunta.....</b>	<b>44</b>
4.3	ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PELA METODOLOGIA MHPRVG.....	46
4.4	ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL PELA METODOLOGIA AMMI.....	53
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO.....</b>	<b>61</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>62</b>

<b>APÊNDICE A - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos.....</b>	<b>70</b>
<b>APÊNDICE B - Relação dos genótipos avaliados na análise conjunta dos dados e metodologia AMMI, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos.....</b>	<b>77</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma hortaliça tuberosa cultivada e produzida em todo o território nacional principalmente pela facilidade de cultivo, rusticidade e por apresentar boa adaptação às diferentes condições climáticas e de solo.

É considerada uma cultura rústica por apresentar certa resistência à pragas e tolerância ao déficit hídrico, além de seu custo de produção ser relativamente baixo com retorno satisfatório (PEREIRA JÚNIOR *et al.*, 2008). Possui considerável importância socioeconômica devido ao alto valor nutritivo encontrado em suas raízes, tornando-se uma ótima fonte de carboidratos, vitaminas e minerais (OLIVEIRA; ADEMAR *et al.*, 2005). Em 2018, a área plantada de batata-doce no Brasil foi de 73.230.674 hectares, evidenciando a importância econômica que representa a cultura no país (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2019a).

Pode ser empregada na alimentação humana e animal sendo suas raízes tuberosas a parte de maior interesse para a alimentação, por serem ricas em açúcares e amidos. Devido às diversas possibilidades de usos e a seu potencial de produzir quantidades significantes de alimentos com baixa utilização de insumos e consequentemente baixo custo de produção, torna-se uma boa opção para a agricultura familiar em todas as regiões do Brasil.

Com vasta variabilidade genotípica, a batata-doce dispõe de diversas possibilidades de fenótipos distintos, principalmente em coloração de casca e coloração de polpa das raízes, cujas principais comercializadas são de polpa branca e creme. Dentre as diversas colorações encontradas, raízes de polpa alaranjada são portadoras de grandes quantidades de carotenoides, principalmente betacaroteno.

O betacaroteno possui atividade provitamina A e está presente na dieta dos seres humanos. A deficiência de vitamina A, no Brasil, pode ser considerada um problema de saúde pública, principalmente nas regiões Norte, Nordeste e Sudeste do país (MILAGRES *et al.*, 2007). Em crianças, a deficiência de vitamina A representa uma das mais importantes causas de cegueira evitável e morbimortalidade por infecções que afetam os segmentos mais pobres da população (LIMA; DAMIANI; FUJIMORI, 2018).

Diante do cenário, o consumo de batata-doce de polpa alaranjada, apresenta-se como uma boa alternativa para redução da carência deste nutriente no Brasil e em diversos locais do mundo (SICILIANO *et al.*, 2010). Porém, são escassos os estudos visando novos materiais com tais capacidades e com potencialidade de produção, visto que a média de produtividade brasileira é de 13,9 t ha<sup>-1</sup> e está muito abaixo do potencial produtivo da cultura. Isso ocorre, principalmente, pelo baixo nível tecnológico aplicado, sobretudo, no uso de cultivares melhoradas. Sendo assim, torna-se necessário a obtenção de novas cultivares com altos teores de betacaroteno aliadas à boas produtividades, visando suprir as necessidades nutricionais da população, principalmente da mais carente.

Nesse sentido, para o desenvolvimento de novas cultivares, torna-se necessário lançar mão de ferramentas biométricas que darão suporte para a seleção de genótipos superiores, tais como as análises de interação de genótipos com o ambiente e adaptabilidade e estabilidade.

O principal objetivo nos programas de melhoramento genético vegetal é a identificação e seleção de genótipos que demonstrem potencial produtivo, associado à ampla adaptabilidade e estabilidade nos ambientes avaliados (SILVA; RUAN, 2019). Contudo, quando detectada a interação do genótipo com o ambiente (G x A), interação esta, responsável pela diferenciação dos genótipos em função do ambiente, torna-se necessário reduzir seu efeito por meio da condução de estudos em diversos locais, possibilitando a avaliação da magnitude da interação e do seu possível impacto sobre a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Diante disso, o estudo prévio da interação G x A antes da seleção e recomendação de cultivares faz-se necessário, sendo realizado por meio de análises de adaptabilidade e estabilidade que auxiliarão na escolha dos melhores materiais (RAMALHO *et al.*, 2012). Em face das principais metodologias que fornecem informações sobre os efeitos principais de genótipos e de ambientes, e de sua interação, merece destaque a baseada em modelos mistos pelo método da média harmônica e performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG).

Paralelamente ao estudo da adaptabilidade e estabilidade, a estratificação ambiental é uma ferramenta que possibilita a identificação e recomendação de genótipos que apresentem superioridade aos demais, podendo assim, selecionar e eliminar locais que sejam redundantes na rede de experimentos (VENCOVSKY; CRUZ; SILVA, 1990).

Dessa forma, objetivou-se avaliar a interação genótipo x ambiente e estimar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de batata-doce com altos teores de betacaroteno visando a identificação e seleção dos mais adaptados às condições edafoclimáticas do estudo em busca da futura obtenção de novas cultivares.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 ASPECTOS GERAIS DA BATATA-DOCE

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma espécie autohexaploide ( $2n=6x=90$ ), pertencente à família Convolvulaceae, sendo a única espécie com expressão econômica dentro da família. É uma das plantas alimentares mais antigas do Brasil (ROESLER *et al.*, 2008). É originária das Américas Central e do Sul, podendo ser encontrada desde a Península de Yucatam, no México, até à Colômbia (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008).

É uma espécie dicotiledônea, possui caule herbáceo, de hábito prostrado, com distintas formas de ramificações, tamanho, cor e pilosidade. Cada ramificação pode alcançar 3 a 5 metros de comprimento. Apresenta folhas largas com formatos, cor e recortes variáveis. As folhas podem ser cordiformes, lanceoladas e recortadas, com pecíolos bastante desenvolvidos. As flores são hermafroditas, com corola gamopétala, apresentando cinco pétalas unidas em forma de funil (infundibuliformes), apresentando cores variando do branco à diversas tonalidades de roxo, porém são de fecundação cruzada devido ao mecanismo de autoincompatibilidade (OLIVEIRA; ANTÔNIO *et al.*, 2002; EDMOND; AMMERMAN, 1971).

Embora seja a propagação vegetativa o principal meio de propagação da espécie, as sementes de batata-doce são formadas em cápsulas deiscentes, em número dois, três ou quatro de tamanho pequeno (6 mm) e cor castanha escura. A duração entre o processo de fertilização da flor até à deiscência do fruto pode percorrer por 40 dias. Ressalta-se que cada semente botânica pode gerar um clone, que em potencial pode originar uma nova cultivar (OLIVEIRA; ANTÔNIO *et al.*, 2002).

Possui dois tipos de raízes: a de reserva ou tuberosa, considerada a principal parte de interesse comercial, e a raiz absorvente, responsável pela absorção de águas e nutrientes do solo (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008). O processo de tuberização nas plantas ocorre pelo acúmulo de fotoassimilados na parte aérea, sendo posteriormente translocados para outros órgãos e passam a ter a função de acumular reservas. Após o período de dormência, devido a condições adversas, a raiz tuberosa, potencializada pelas reservas, emite brotação e propaga a espécie (KERBAUY, 2004).

A principal forma de propagação da batata-doce é via assexuada, sendo este processo utilizado para plantios comerciais. Para a implantação de uma lavoura de

batata-doce, o produtor dispõe de três opções para se obter novas plantas: a primeira, por meio das próprias batatas-doces, que consiste em promover a brotação das raízes selecionadas, utilizando-se posteriormente, estas brotações inteiras, denominadas de mudas, ou de ramas-semente. A segunda opção é retirando-se as ramas-semente de uma lavoura comercial em desenvolvimento, podendo posteriormente, fazer mini-estacas. A terceira forma, é cultivando as mudas em viveiro (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008).

Caso opte-se por ramas-sementes, estas devem conter de seis a oito nós (em média 30 cm) e devem ser retiradas das partes mais novas do caule, por se enraizarem com maior rapidez e facilidade, e também por serem menos contaminadas por pragas e patógenos, especialmente fungos localizados no solo. Devem ser retiradas quando as plantas matrizes tiverem de dois a três meses, pois nesta fase, elas estão em pleno crescimento vegetativo, não prejudicando a produção (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2008).

No que se refere aos métodos de propagação, o enraizamento de mini-estacas é uma técnica promissora de obtenção de mudas de batata-doce, mas ainda é pouco utilizada na cultura, toda via, é um método de propagação rápido e auxilia nos programas de melhoramento genético pois as plantas que apresentam características favoráveis podem ser fixadas pela rápida multiplicação e facilidade de produção em larga escala (SANTANA *et al.*, 2015).

## 2.2 IMPORTÂNCIA SOCIOECONÔMICA

A batata-doce assume importância econômico-social de destaque, participando do suprimento de calorias, vitaminas e minerais na alimentação. É uma espécie de elevado valor econômico, alimentício e social, e pode ser considerada uma das fontes de segurança alimentar devido sua riqueza nutricional.

É rica em carboidratos, com teores de 13,4 a 29,2%, açúcares redutores de 4,8 a 7,8%, fornecendo em cada 100 gramas, 110 a 125 calorias. Como fonte de minerais, a batata-doce fornece em cada 100 gramas: fósforo (49 mg), magnésio (24 mg), enxofre (26 mg), potássio (273 mg), cálcio (30 mg) e sódio (13 mg), vitaminas dos complexos C e B, podendo apresentar altos teores de vitamina A (SILVA; LOPES; MAGALHÃES, 2002; SOARES; MELO; MATIAS, 2002).

É um alimento amplamente difundido devido sua facilidade de cultivo, rusticidade e ampla adaptação (SILVA; RAVI, 2010). É uma hortaliça que se destaca pela facilidade de cultivo, rusticidade, ampla adaptação a diferentes tipos de clima e solo, demonstra alta tolerância à seca e baixo custo de produção. A versatilidade de uso é um de seus principais atrativos, podendo ser empregada na alimentação humana e animal, ou como matéria-prima nas indústrias de alimentos ou etanol (CARDOSO *et al.*, 2005). É cultivada em praticamente todos os estados brasileiros, principalmente nas regiões sul e nordeste, onde se constitui em uma das mais importantes fontes de alimentos (OLIVEIRA; ADEMAR *et al.*, 2005).

Ocupando a quarta colocação entre as hortaliças mais consumidas no Brasil, a batata-doce encontra-se entre os dez alimentos mais importantes do mundo, ocupando a sétima colocação, sendo esta, justificada pela grande riqueza nutricional encontrada na cultura.

Sua produção vem demonstrando grande perspectiva de alta nos últimos anos, cuja quantidade produzida em 2018 foi de 741.203 toneladas, 68.337 toneladas a mais do que no ano de 2016 que teve produção de 672.866 toneladas (IBGE, 2019a). O aumento de produção fica ainda mais evidenciado quando comparado à 10 anos atrás (2008), cuja quantidade produzida foi de 548.438 toneladas, cerca de 192.000 toneladas a menos que no ano de 2018 (IBGE, 2019a).

Dentre os estados da região Sudeste, São Paulo ocupa a primeira colocação como o maior produtor de batata-doce, com área plantada de 8.648 hectares e produção de 149.085 toneladas, desenvolvendo produtividade de 17,2 t ha<sup>-1</sup>, produtividade esta, superior à média nacional, de 13,9 t ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2019a). A baixa produtividade encontrada no Brasil é reflexo do manejo realizado pelos agricultores, cuja maioria são pequenos produtores que não dispõem de tecnologias apropriadas para o cultivo da batata-doce, comprometendo a produtividade.

Apesar de demonstrar perspectivas de aumento de produção e mesmo sendo uma cultura importante para o país, principalmente pela função social, a batata-doce ainda é pouco pesquisada no Brasil, principalmente no que diz respeito ao desenvolvimento de novas cultivares produtivas e adaptadas às diferentes regiões do país (MASSAROTO *et al.*, 2014). Nesse sentido, considerando a crescente escassez de alimento e as condições adversas de adaptação das culturas nos pequenos estabelecimentos agrícolas, torna-se necessário resgatar alternativas alimentares,

sendo a batata-doce, uma cultura que justifica tal iniciativa, visto que é utilizada como alimento base pela população dos segmentos mais pobres (SOUZA, 2000).

### 2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA-DOCE

O melhoramento de plantas pode ser definido de forma clássica como a ciência e ou a arte de modificar as plantas para o benefício humano (BORÉM; MIRANDA, 2009) É uma ciência que aplica os princípios da genética para o desenvolvimento de cultivares melhoradas para utilização humana e animal, servindo-se de conhecimentos de agronomia, botânica, fisiologia, patologia, genética, genética molecular, entre outros (SCHLEGEL, 2003).

Um programa de melhoramento genético deve possuir suas estratégias bem definidas, com a descrição das atividades, prazos a serem cumpridos e resultados esperados a curto ou longo prazo. Por meio dessas estratégias será obtido um genótipo melhorado quanto à produtividade, adaptação às condições climáticas adversas, resistência à pragas e doenças, entre outras finalidades (ODA *et al.*, 2007).

Com o avanço da ciência, o melhoramento de plantas concedeu aos melhoristas a possibilidade de criação de novas plantas por meio da modificação dirigida e controlada dos caracteres hereditários de interesse, sendo atualmente, desenvolvidas, a cada ano, novas cultivares com características de alta produtividade, qualidade, adaptabilidade aos locais de cultivo, resistência a estresses bióticos e abióticos, entre outras atribuições (FALEIRO *et al.*, 2011).

A batata-doce é uma espécie hexaplóide, apresenta 90 cromossomos e propagada, majoritariamente, por via assexuada (propagação vegetativa), porém, a propagação sexual foi mantida, sendo considerada uma planta alógama. A alogamia deve-se à presença de mecanismos que favorecem a autoincompatibilidade, uma estratégia realizada pela planta para evitar a autogamia, o que permite ao pistilo de uma flor reconhecer e "rejeitar" o autopólen ou o pólen de indivíduos geneticamente relacionados, evitando assim, a endogamia, e promovendo a polinização cruzada (McCUBBIN; KAO, 2000).

Uma característica que afeta a cultura da batata-doce é a deficiência de floração e, às vezes, sua total falta. Num mesmo local, algumas cultivares florescem quase o ano todo, já outras, dificilmente florescem. Existem diferenças genéticas na

incidência da floração, bem como considerável influência ambiental, dificultando assim, os trabalhos de melhoramento genético da cultura (FABRI, 2008).

A cultura apresenta vasta variabilidade genotípica e fenotípica que pode ser atribuída ao seu elevado nível de ploidia (RITSCHER *et al.*, 1999), e amplificada pela autoincompatibilidade (AZEVEDO *et al.*, 2015b), além da batata-doce apresentar alelismo múltiplo para diversos loci.

Nas diversas regiões do Brasil onde é cultivada, observa-se grande diversidade genética, provavelmente decorrente das frequentes introduções de plantas desta espécie oriundas de locais distantes do centro de origem, associadas à sua eficiente reprodução sexuada e assexuada (SILVA, PONIJALEKI, SUINAGA, 2012), resultando em uma grande quantidade de genótipos a serem testados a fim de se obter novas cultivares por meio da seleção e do melhoramento genético (AZEVEDO *et al.*, 2015a).

## 2.4 INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTE

O fenótipo (F) é o resultado da ação do genótipo (G), do ambiente (A) e da interação Genótipo x Ambiente (GxA), ou seja,  $F = G + A + G \times A$  (CRUZ; REGAZZI, 1994).

O termo ambiente é designado de uma forma geral como uma série de condições sob as quais as plantas estão cultivadas (ROMAGOSA; FOX, 1993). O genótipo é a composição genética de um indivíduo e sua expressão fenotípica depende das circunstâncias ambientais que atuam no seu desenvolvimento e quando cultivados sob uma ampla gama de condições ambientais, estão expostos a diferentes tipos de solo, níveis de fertilidade, teores de umidade, temperaturas, entre outras condições, ficando então sujeitos à interação genótipo x ambiente (GUL *et al.*, 2016).

Em determinado ambiente, a manifestação fenotípica é o resultado da ação do genótipo sob a influência deste ambiente, todavia, quando se considera uma série de ambientes, como acontece em programas de melhoramento genético, detecta-se, além dos efeitos genéticos e ambientais, um efeito adicional, proporcionado pela interação entre eles (CRUZ; REGAZZI, 2001).

A interação G x A é descrita como as diferenças nas respostas dos genótipos submetidos a diferentes ambientes, a qual, quando presente, pode levar a viés no processo de avaliação genética (SANTOS *et al.*, 2019). Sendo assim, quando se avalia determinado genótipo em uma série de ambientes, além dos efeitos ambientais

e genéticos, há um efeito adicional resultado da interação entre eles (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012).

As principais causas da interação estão relacionadas com fatores previsíveis e não previsíveis. Como previsíveis, pode-se citar o tipo do solo, fertilidade do solo, época de semeadura e práticas agrícolas, já as imprevisíveis, compreendem a distribuição pluviométrica, incidência de patógenos e insetos e umidade relativa do ar, por exemplo (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; BORÉM; MIRANDA, 2013)

No processo de avaliação da interação, podem ser encontradas três situações: ausência de interação, interação simples e interação complexa. Na ausência da interação GxA, o ambiente promove a mesma alteração em dois genótipos quando cultivados em dois ambientes diferentes; na interação simples, embora ocorra aumento de produção em um dos genótipos, não há mudança no ranque; já na interação complexa, ocorre alteração na produção e mudança no ranque, onde um genótipo que é superior em um ambiente, não será em outro (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Com a estimativa da interação, é possível saber se existe variação entre os locais avaliados, variabilidade genética, pode-se recomendar cultivares, determinar as causas da interação e estudar a possibilidade de fazer introduções, transformações genéticas ou mutações quando a variabilidade é pequena (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Dois medidas podem ser adotadas visando amenizar os efeitos da interação GxA. A primeira é a estratificação ambiental, permitindo que sejam formados estratos constituídos de sub-regiões mais homogêneas, o que poderá fornecer subsídios ao descarte de ambientes, já a segunda medida, que particulariza os genótipos, é o emprego de genótipos com ampla adaptabilidade e boa estabilidade (SCHMILDT; CRUZ, 2005).

## 2.5 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE

Em programas de melhoramento genético de plantas, o principal objetivo é a obtenção de genótipos que apresentem altas produtividades nas condições edafoclimáticas a que se destina o cultivo. Porém, somente estudos sobre a interação GxA não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de cada genótipo nas variações ambientais (CRUZ; REGAZZI, 2001). Nesse sentido, para que seja possível avaliar o comportamento dos genótipos tanto para adaptação geral ou

específica a determinados ambientes, ou para identificação de genótipos responsivos às variações ambientais favoráveis, torna-se necessário a realização de análises de adaptabilidade e estabilidade (CRUZ *et al.*, 2012).

A identificação de cultivares com maior estabilidade genotípica, é uma das alternativas mais empregadas na minimização da interação GxE. Vencovsky e Barriga (1992) conceituam a estabilidade como a maior ou menor habilidade de genótipos se adaptarem às flutuações climáticas, ao longo de anos agrícolas, dentro de um local, ou seja, refere-se à capacidade do genótipo de apresentar um comportamento altamente previsível, mesmo com as variações ambientais.

Para Borém e Miranda (2009), a estabilidade pode ser dividida em estática e dinâmica. A estabilidade é denominada estática quando uma cultivar ou um genótipo apresenta comportamento constante, independentemente das variações ambientais, não apresentando qualquer desvio em relação a seu desempenho, é o tipo de estabilidade mais desejável para características como resistência a doenças, por exemplo. A estabilidade dinâmica, ainda segundo Borém e Miranda (2009), ocorre quando uma cultivar ou um genótipo responde às variações do ambiente de forma previsível, ou seja, somente os desvios relacionados com a reação do genótipo contribuem para a instabilidade.

Já a adaptabilidade, segundo Cruz e Regazzi (1997) é caracterizada como a resposta do genótipo aos estímulos dos ambientes, ocorrendo de forma vantajosa. De acordo com Annicchiarico (2002), a adaptabilidade deve ser considerada sob duas perspectivas: a de adaptação ampla ou específica. Para adaptação ampla, o objetivo do melhoramento é o de obter cultivares com bom desempenho em aproximadamente todos os locais de cultivo, enquanto o melhoramento para adaptação específica, visa a obtenção de cultivares que apresentem bom desempenho em apenas uma parte bem definida da região de cultivo.

Dessa forma, os estudos de adaptabilidade e estabilidade são procedimentos estatísticos que permitem identificar os genótipos de comportamento mais estável e que respondam previsivelmente às variações ambientais (SILVA; DUARTE, 2006) e indicar cultivares com segurança para cada local (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A quantificação da adaptabilidade e da estabilidade dependem do número de genótipos a ser avaliado, da constituição genética e do grau de heterozigose que os constituem. Nesse caso, os genótipos devem apresentar características que o façam

responder bem aos fatores limitantes do ambiente e paralelamente, usufruir dos fatores favoráveis (LIN; BINNS, 1988).

A partir da avaliação da adaptabilidade e estabilidade pode-se selecionar genótipos que apresentem adaptação ampla ou específica para determinada região, identificar o nível de estresse nos ambientes que foram avaliados e também, determinar o número ideal de genótipos e ambientes a serem avaliados (ARANTES, 2013).

### **2.5.1 Metodologias de adaptabilidade e estabilidade**

Diversas metodologias para avaliar a adaptabilidade e estabilidade têm sido desenvolvidas e empregadas, baseando-se nas análises de variância, análise multivariada, estatística não paramétrica, regressão linear e regressão não linear (BASTOS *et al.*, 2007).

Algumas metodologias assume os efeitos de genótipos como fixos, o que é limitante para a análise de experimentos desbalanceados (RESENDE, 2007). Por outro lado, nos modelos mistos, com efeitos de tratamentos genéticos considerados aleatórios, os efeitos podem ser previstos sem a influência dos efeitos do modelo fixo (HENDERSON, 1975). As metodologias baseadas em modelos mistos, pressupõem que quanto menor for o desvio padrão do comportamento genotípico entre locais, maior será a média harmônica dos valores genotípicos entre locais (OLIVEIRA *et al.*, 2017).

Assim, para selecionar genótipos com altas produtividades e boa adaptabilidade e estabilidade nos locais de cultivo, o uso do método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) torna-se uma opção viável. Essa metodologia classifica os efeitos de clones como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica e não fenotípica.

Utilizando-se este método, torna-se possível a seleção de genótipos pelos maiores valores da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG) determinando, simultaneamente, a seleção quanto à produtividade e estabilidade (RESENDE, 2002). Já a adaptabilidade é mensurada pela performance relativa dos valores genotípicos (PRVG), onde os valores preditos são expressos como proporção da média geral de cada local, obtendo-se posteriormente o valor médio desta proporção por meio dos locais (RESENDE *et al.*, 2007). Assim, a seleção simultânea por produtividade média,

adaptabilidade e estabilidade pode ser realizada pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG).

## 2.6 ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL

A estratificação ambiental baseia-se na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões uniformes (GARBUGLIO, 2010). Esse processo possibilita a identificação e recomendação de genótipos que apresentem superioridade aos demais, podendo assim, selecionar e eliminar locais que sejam redundantes na rede de experimentos (VENCOVSKY; CRUZ; SILVA, 1990).

A estratificação de ambientes é importante para que a interação complexa não reduza os ganhos genéticos (MAIA *et al.*, 2009). É fundamental identificar se há padrões similares de respostas do genótipo entre os ambientes analisados, sendo feita por meio de técnicas de estratificação ambiental, tornando-se possível uma eventual redução no número de ambientes (MENDONÇA *et al.*, 2007).

Análises de estratificação ambiental permitem identificar se as informações obtidas em diferentes locais são complementares ou divergentes, auxiliando na escolha de ambientes representativos, reduzindo custos e aumento a eficiência na recomendação de genótipos (PEREIRA *et al.*, 2010).

### 2.6.1 Estratificação ambiental pela análise AMMI

Diversos métodos podem ser empregados para o estudo da estratificação ambiental, dentre eles, o *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis* (AMMI) proposto por Gauch (1992), vem sendo muito utilizado, pois possibilita a estratificação dos ambientes conjuntamente com a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

Essa metodologia representa os efeitos aditivos e multiplicativos da interação e baseia-se em técnicas estatísticas como a análise de variância e a análise de componentes principais, com o intuito de ajustar os efeitos principais (genótipos e ambientes) e os efeitos da interação entre eles (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988).

A utilização deste método permite uma análise mais detalhada da interação genótipos x ambientes, garante a seleção de genótipos capitalizando suas interações com os ambientes, propicia estimativas mais precisas das respostas genotípicas e

possibilita fácil interpretação gráfica dos resultados (ZOBEL; WRIGHT; GAUCH, 1988). Gauch e Zobel (1997) relatam que esta análise pode auxiliar tanto na identificação de genótipos de alta produtividade e largamente adaptados, como na realização do zoneamento agrônômico visando a recomendação regionalizada e seleção de locais de teste.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 MATERIAL

Foram avaliados 266 genótipos de batata-doce, sendo 265 oriundos de 15 distintas famílias (Apêndices A e B), obtidos por meio de polinização aberta (*polycross*), provenientes de uma população elite desenvolvida pelo *International Potato Center* (CIP) e Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM), que vem sendo selecionados, por meio de seleção recorrente, há vários anos, para altos teores de betacaroteno e massa seca.

Adicionalmente, foi avaliada a cultivar comercial 'Beauregard', utilizada como testemunha. Optou-se por essa cultivar por ser um material de polpa alaranjada e conter quantidades significantes de betacaroteno. É uma cultivar americana desenvolvida pela *Louisiana Agricultural Experiment Station* e introduzida no Brasil pelo convênio entre o *International Potato Center* e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa. Segundo Cecílio Filho et al. (2016), a cultivar 'Beauregard' apresenta ciclo vegetativo de 90 a 130 dias, raízes alongadas e possui intensa polpa alaranjada, indicando altos teores de betacaroteno, além de possuir como característica principal teores de betacaroteno que podem chegar a 115 miligramas por quilo de raiz crua, contudo é uma cultivar com baixo teor de massa seca.

#### 3.2 MULTIPLICAÇÃO DOS GENÓTIPOS

Com as sementes dos 265 genótipos em mãos, essas foram escarificadas quimicamente com ácido sulfúrico no Laboratório de Análises de Sementes da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp, Câmpus de Ilha Solteira – SP, e colocadas para germinação em bandejas de 162 células preenchidas com substrato comercial com o intuito de produção de mudas. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação com irrigação por meio de aspersor três vezes ao dia.

Em seguida, as mudas foram transplantadas para vasos com cinco litros de capacidade preenchidos com material oriundo de compostagem para a multiplicação dos propágulos. Após os genótipos apresentarem 40 cm de ramas, cada um foi novamente propagado a partir de mini-estacas compostas por dois nós, sendo cada

mini-estaca retirada dos terços médio e superior das ramas presentes nos vasos. As mudas ficaram em casa de vegetação e foram irrigadas diariamente.

Em 18 de outubro de 2018, com o completo desenvolvimento das mudas, as mesmas foram novamente transplantadas, desta vez, para o campo, com o intuito de fornecer ramas para os locais definitivos de plantio e avaliação.

Figura 1 – Multiplicação dos genótipos de batata-doce em vasos e no campo de matrizes no município de Ilha Solteira-SP, no ano de 2018.



Fonte: Próprio autor.

### 3.3 LOCAIS DE CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS

Os experimentos foram conduzidos durante os anos de 2018 e 2019 nos municípios de Vera Cruz-SP e Selvíria-MS em sistema de produção convencional e em dois ambientes (sistema orgânico e em consorciação) no município de Sete Barras-SP. Optou-se pelo sistema de produção orgânico e em consorciação nos dois ambientes no município de Sete Barras por ser uma prática já adotada pelos pequenos agricultores da região.

Vera Cruz é um município brasileiro localizado na região da Alta Paulista, interior de São Paulo. O município está localizado a uma altitude de 628 metros, latitude 22°13'11" sul e longitude 49°49'10" oeste. Possui precipitação média anual de 1.300 mm. Sua população estimada em 2019 é de 10.843 habitantes (IBGE, 2019b).

Durante a condução do experimento, houve 177 mm de precipitação sendo constatado temperatura média de 24,7°C.

Selvíria está localizada no estado de Mato Grosso do Sul e pertence a região Centro-Oeste. Situa-se em uma altitude de 357 m, latitude 20°22'11" sul e longitude 51°25'9" oeste. Sofre influência do clima tropical, com precipitação pluviométrica anual variando de 1.200 a 1.500 mm. A população estimada para o ano de 2019 é de 6.529 habitantes (IBGE, 2019b). No período de realização do experimento, constatou-se 475 mm de precipitação e temperatura média de 25,2°C.

Sete Barras é um município do estado de São Paulo e está situada na região do Vale do Ribeira. Localiza-se a uma latitude 24°23'16" sul e uma longitude 47°55'32" oeste. A população estimada em 2019 é de 12.832 habitantes (IBGE, 2019). A pluviosidade média anual é de 1400 mm. A agricultura é a principal atividade econômica e fonte de renda da população do município. O Vale do Ribeira é uma região historicamente explorada para a agricultura e mineração, sendo berço de comunidades tradicionais indígenas, quilombolas e caiçaras (BACIC; VIDAL, 2018). Nesse município foram avaliados dois ambientes de produção, um em sistema orgânico e um em consórcio com outras culturas. Durante o período em que foi avaliado o estudo no município, constatou-se 641 mm de precipitação e temperatura média de 22,9°C.

### 3.4 DELINEAMENTO E CONDUÇÃO EXPERIMENTAL

Em cada um dos locais foi adotado delineamento em blocos ao acaso com 266 tratamentos (265 genótipos + a cultivar comercial 'Beauregard') e duas repetições. As parcelas experimentais foram compostas por 1 m, com três plantas dispostas em espaçamento de 0,33 m.

No município de Vera Cruz, o ensaio foi implantado no dia 13 de dezembro de 2018, já em Selvíria, foi realizado o plantio no dia 17 de janeiro de 2019. Nos dois ambientes localizados em Sete Barras, o plantio se deu no dia 13 de fevereiro de 2019. Para ambos locais, as ramas utilizadas foram colhidas no dia anterior ao plantio.

O preparo do solo foi realizado de forma convencional em dois dos quatro ambientes avaliados, Vera Cruz e Selvíria, sendo levantadas leiras de 40 cm de altura com espaçamento de 1 m entre linhas em Vera Cruz e 1,20 m em Selvíria. Foi realizada adubação base conjuntamente com o preparo do solo realizando a

incorporação do mesmo, utilizando-se 500 kg ha<sup>-1</sup> de 04:14:08 (NPK), suplementado com 133 kg ha<sup>-1</sup> de cloreto de potássio e 166 kg ha<sup>-1</sup> de super fosfato simples, correspondendo a 20, 100 e 120 kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio, fósforo e potássio, respectivamente.

No município de Vera Cruz não foi realizado tratamentos culturais após a instalação do experimento, nem foi utilizado nenhum tipo de irrigação, visando identificar e explorar a rusticidade da cultura da batata-doce e verificar a real adaptação dos genótipos às condições edafoclimáticas da região.

Nos municípios de Vera Cruz e Selvíria, buscou-se fornecer todos os tratamentos culturais necessários para explorar o máximo potencial produtivo da cultura, sendo assim, aos 30 dias após o plantio, foi realizada uma adubação de cobertura com 30 Kg ha<sup>-1</sup> de nitrogênio. Para o controle de plantas daninhas foi realizado capina manual nas linhas de plantio e controle químico com produto à base de Linurom na dose de 0,6 L ha<sup>-1</sup> e produto à base de Clethodim + Alquilbenzeno na dose de 0,20 L ha<sup>-1</sup> nas entrelinhas.

Quanto a irrigação, em Selvíria foi realizada irrigação por pivô central durante todo o ciclo da cultura, com volume de rega de 12 mm a cada três dias. Já em Vera Cruz, não houve irrigação suplementar.

Nos dois ambientes de avaliação no município de Sete Barras, foi adotado as premissas do melhoramento genético participativo, que tem como vantagem, sobre o melhoramento convencional, o envolvimento dos agricultores em todas as etapas de desenvolvimento do trabalho, permitindo que critérios relevantes para os agricultores sejam utilizados para orientar novos objetivos no melhoramento, contribuindo para a agregação de valor ao material genético avaliado (FERREIRA, 2014).

O cultivo orgânico foi realizado em área em pousio nos 15 últimos anos. Essa área foi mantida roçada durante todo esse tempo e havia a presença de tocos e raízes. Assim, antes da instalação do experimento, foi feita a limpeza da área sendo realizado a destoca dos troncos, retirada das raízes e destorroamento manual do solo, ambos procedimentos, realizados pelo agricultor da área.

Foi aplicado Fosforita Alvorada e Calcário de Conchas, ambos na dosagem de 0,6 t ha<sup>-1</sup> e Pó de Rocha, 3 t ha<sup>-1</sup>, visando suprir as necessidades nutricionais do solo. Após os preparos iniciais, foram erguidas leiras de forma manual em espaçamento de 0,70 m entre linhas para possibilitar o plantio das ramas de batata-doce. Nas entrelinhas, foi realizado plantio de crotalária (*Crotalaria juncea*) e feijão guandú

forrageiro (*Cajanus cajan*) com o intuito de adubação verde. Como tratos culturais, foi realizada capina manual.

Na área consorciada, já conduzida em policultivo de palmito pupunha e bananeira, também foi adotado sistema de produção orgânico. Antes do plantio de batata-doce, foi realizado o desbaste das plantas e o destorroamento manual do solo. As práticas de manejo foram realizadas da mesma forma do ambiente de cultivo anterior, apenas alterando o espaçamento entre linhas, de 0,70 m para 0,50 m e adicionando o replantio de bananeiras após o plantio de batata-doce. Em ambas as áreas localizadas no município de Sete Barras, não foi utilizado nenhum regime de irrigação.

Figura 2 – Instalação dos experimentos nos quatro locais de cultivo: sistema de produção convencional em Vera Cruz (A1), sistema de produção convencional em Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4), nos anos de 2018 e 2019.



A1



A2



A3



A4

Fonte: Próprio autor.

Aos 126 dias (Vera Cruz), 127 dias (Selvíria) e 140 dias (Sete Barras) após o plantio, foi realizada a colheita das batatas-doces sendo avaliados:

- a) PT (Produtividade total das raízes): massa de todas as raízes colhidas na parcela e convertidas para  $t\ ha^{-1}$ ;
- b) PC (Produtividade comercial de raízes): massa de todas as raízes acima de 80 g colhidas na parcela e convertidas para  $t\ ha^{-1}$ ;
- c) %PC (Percentagem de produção comercial de raízes): obtido pela fórmula  $(PC / PT) \times 100$ ;
- d) NRT (Número de raízes totais): número de raízes por planta colhidas na parcela e convertidas para  $ha^{-1}$ ;
- e) NRC (Número de raízes comerciais): número de raízes por planta colhidas na parcela com massa acima de 80 g e convertidas para  $ha^{-1}$ ;
- f) MR (Massa média de raízes): obtido pela fórmula  $(PT / NRT)$ ;
- g) MRC (Massa média de raízes comerciais): obtido pela fórmula  $(PC / NRC)$ ;
- h) TMS (Teor de massa seca das raízes): amostras de raízes foram secas em estufa a  $65^{\circ}C$  durante 72 horas até atingirem massa constante para determinação de massa seca, posteriormente foi aplicada a fórmula  $(Massa\ Seca \times 100) / Massa\ Fresca$ ;
- i) PMS (Produtividade total de massa seca das raízes): obtido pela fórmula  $(PT \times TMS) / 100$  e convertido para  $t\ ha^{-1}$ .

Também foram avaliados caracteres que descrevem a qualidade das raízes por meio de observação visual, transformando os dados em caracteres quantitativos, utilizando-se uma escala de um a cinco, onde um foi adotado para a raiz menos atraente e cinco para a mais atraente. As notas foram atribuídas a cada um dos caracteres avaliados por meio de dois avaliadores levando em consideração:

- j) CC (Coloração de casca);
- k) CP (Coloração de polpa);
- l) DR (Danos nas raízes);
- m) FR (Formato das raízes);
- n) TR (Tamanho das raízes).

Em coloração de polpa, principal objetivo do presente trabalho, foi utilizada a cultivar 'Beauregard' como padrão de avaliação, sendo atribuída nota 4. Assim, os

genótipos que apresentaram coloração de polpa alaranjada mais intensa que da cultivar comercial, receberam nota 5.

Foram consideradas como caracteres principais: produtividade comercial, teor de massa seca e coloração de polpa. Optou-se por produtividade comercial e coloração de polpa por ser o principal objetivo do presente trabalho: selecionar genótipos com altas produtividades e adaptáveis ao ambiente de estudo e que possuam coloração de polpa alaranjada (nota cinco) indicando altos teores de betacaroteno. Já o teor de massa seca foi escolhido por questões de paladar do consumidor brasileiro, já que esse trabalho tem foco para o consumo domiciliar, e diante disso, os brasileiros buscam batatas-doces encorpadas, com maiores teores de massa seca.

### 3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

#### 3.5.1 Seleção prévia

Foi realizada uma seleção prévia em um dos ambientes avaliados (Selvória), com o objetivo de verificar a presença de variabilidade genética e a possibilidade de ganhos com a seleção visando selecionar 30 genótipos potencialmente promissores e adaptados ao local de cultivo.

Utilizou-se para essa seleção todas os caracteres avaliados (PT, PC, %PC, NRT, NRC, MR, MRC, TMS, PMS, CC, CP, DR, FR, TR). Para isso, foi utilizado o *software* SELEGEN REML/BLUP (RESENDE, 2016). Foram estimados os parâmetros genéticos utilizando-se o modelo 20 (blocos ao acaso, teste de clones não aparentados, uma observação por parcela) seguindo modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + e$$

Em que:  $y$  é o vetor de dados observados conhecidos;  $r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos);  $g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios);  $X$  e  $Z$  representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A partir do modelo 20 estimou-se os parâmetros genéticos e componentes de variância: variância genética ( $\sigma_g^2$ ), variância do erro experimental ( $\sigma_e^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), 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, ganho com a seleção e ganho com a seleção em porcentagem ( $GS$  e  $GS\% = GS/MG * 100$ ).

Adotou-se uma pressão seletiva de 11,72% selecionando 30 genótipos calculando os ganhos diretos para os caracteres estudados, e posteriormente, aplicou-se o índice de seleção baseado na soma de postos ou “*ranks*” proposto por Mulamba e Mock (1978). Esse índice hierarquiza o ordenamento dos genótipos quanto ao caractere desejado, sendo realizada, posteriormente, a soma dos postos baseada nos múltiplos caracteres avaliados. Foram adotados pesos econômicos de 3; 1,5; 2 e 2, respectivamente, para PC, %PC, TMS e CP, considerados, nesse momento, caracteres mais importantes.

Foram testados diversos pesos até chegar nos utilizados, buscando ponderar os ganhos em todos os caracteres para maximizá-los com o intuito de tornar o índice o mais equilibrado possível. Nos ganhos com a seleção em caracteres envolvidos com a qualidade das raízes foi arredondado o valor para que seguissem o padrão de avaliação, sem números após a vírgula, sendo valores acima de 0,51 arredondados para o valor acima, e 0,50 ou abaixo, arredondado para baixo.

### 3.5.2 Análise de variância

Para a análise de variância, individual e conjunta, foram utilizados 97 genótipos (Apêndice B) e não os 266 totais. Foi adotado esse critério, pois apenas 97 genótipos demonstraram alguma produtividade nos quatro locais de estudo, já que foram constatadas diversas perdas de parcelas, possivelmente, relacionado com a forma de propagação vegetativa da cultura. Foi necessário realizar a transformação dos dados por  $\sqrt{x + 0,5}$  pois haviam resultados iguais a zero, o que dificultaria a realização da análise estatística.

Apenas na análise de produtividade, adaptabilidade e estabilidade, pela metodologia MHPRVG, foram utilizados todos os genótipos (Apêndice A) em todos os locais, visto que esta metodologia permite o uso de dados desbalanceados.

Os dados dos caracteres considerados mais importantes (PC, TMS e CP) foram submetidos a uma análise de variância individual por local, e posteriormente, foi realizada a análise conjunta considerando-se os quatro locais, sendo utilizado o programa estatístico Genes (CRUZ, 2006). A análise conjunta foi baseada no modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

Onde:

$Y_{ijk}$ : valor observado do i-ésimo genótipo, no j-ésimo ambiente e k-ésimo bloco;

$\mu$ : média geral dos ensaios;

$G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo;

$A_j$ : efeito do j-ésimo ambiente;

$GA_{ij}$ : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente

$B/A_{jk}$ : efeito aleatório do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente;

$\varepsilon_{ijk}$ : erro aleatório.

Na análise conjunta dos dados foi verificada a interação Genótipo x Ambiente (G x A) pelas Esperanças do Quadrado Médio E(QM), considerando o efeito dos Genótipos como fixos e Blocos, Ambiente, Resíduo e G x A como aleatórios, conforme proposto por Cruz, Regazzi e Carneiro (2004).

Tabela 1 - Esquematização do resumo de análise de variância conjunta adotada e esperanças dos quadrados médios (adotando genótipo como fixo e blocos, ambiente, resíduo e GxA como aleatórios)

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>E(QM)</b>
<b>Blocos/Ambiente</b>	e(r-1)	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$
<b>Ambiente (A)</b>	e-1	$\sigma^2 + g\sigma_b^2 + gr\sigma_e^2$
<b>Genótipo (G)</b>	g-1	$\sigma^2 + r\ell\sigma_{ge}^2 + ar\phi_g$
<b>G x A</b>	(e-1)(g-1)	$\sigma^2 + r\ell\sigma_{ge}^2$
<b>Resíduo</b>	e(r-1)(g-1)	$\sigma^2$
<b>TOTAL</b>	egr-1	

$$\ell = g/(g - 1)$$

e = ambiente

Fonte: Adaptado de Cruz; Regazzi e Carneiro (2004).

De posse das análises de variância individuais e conjuntas, procedeu-se com a análise de adaptabilidade e estabilidade e estratificação ambiental pela metodologia de análise dos efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI), no *software* Genes (CRUZ, 2006), conforme equação proposta por Mandel (1971).

$$Y_{ij} = \mu + g_i + a_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} a_{jk} + p_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:  $Y_{ij}$ : resposta média de um genótipo  $i$  num ambiente  $j$ ,  $\mu$ : média geral,  $g_i$ : efeito fixo do genótipo  $i$ ;  $a_j$ : efeito fixo do ambiente  $j$ ;  $\lambda_k$ : raiz quadrada do  $k$ -ésimo autovalor das matrizes,  $(\tau v) (\tau v)'$  ou  $(\tau v)' (\tau v)$ , de iguais autovalores não nulos, em que  $(\tau v) = [\tau v_{ij}]$  é a matriz de interação obtida como resíduo do ajuste aos efeitos principais, por análise de variância, aplicada a matriz de médias;  $\gamma_{ik}$ :  $i$ -ésimo elemento (relacionado ao fator  $\tau$ ) do  $k$ -ésimo autovetor de  $(\tau v) (\tau v)$ ;  $a_{jk}$ :  $j$ -ésimo elemento (relacionado ao fator  $v$ ) do  $k$ -ésimo autorvetor de  $(\tau v)' (\tau v)$ ;  $p_{ij}$ : ruídos presentes nos dados;  $\varepsilon_{ij}$ : erro experimental médio;  $i$ : variações de genótipos;  $i = (1, 2, \dots, g)$ ;  $j$ : variações de ambiente,  $j = (1, 2, \dots, e)$ ;  $p$ : raízes características não nulas,  $p = (1, 2, \dots, \min (g - 1, e - 1))$ .

Para as análises de produtividade, adaptabilidade e estabilidade com base no procedimento MHPRVG, foi utilizado o *software* SELEGEN REML/BLUP, modelo 54 (delineamentos em blocos completos, vários locais, uma observação por parcela).

Nessa metodologia, a Média Harmônica dos Valores Genotípicos corresponde a estabilidade dos genótipos nos locais (MHVG), a Performance Relativa dos Valores Genotípicos em relação à média de cada local está relacionada com a adaptabilidade (PRVG), enquanto a adaptabilidade e estabilidade, simultaneamente, corresponde à Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genotípicos (MHPRVG). Assim, o modelo estatístico utilizado foi:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

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 vetor dos efeitos genotípicos (assumidos

como aleatórios);  $i$  é o vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios), e  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).  $X$ ,  $Z$  e  $W$  representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 SELEÇÃO PRÉVIA

No presente trabalho, os valores dos coeficientes de variação genotípica revelam a existência de variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados nos genótipos no município de Selvíria (Tabela 2), onde 78,57% dos caracteres demonstraram  $CV_g$  acima de 20%, 14,28% dos caracteres entre 10 e 20% e 7,14% com  $CV_g$  abaixo de 10%, sendo que, em caracteres produtivos, as estimativas para o coeficiente de variação genotípica foram mais elevadas que para o coeficiente de variação residual (experimental), exceto para %PC e TMS, demonstrando situação favorável para a seleção. Em caracteres relacionados com a qualidade das raízes, CC, CP, DR, FR e TR, o coeficiente de variação genotípica foi superior ao residual apenas para coloração de polpa, caractere de qualidade considerado o mais importante, já que indica a presença ou não de betacaroteno.

O coeficiente de variação residual ( $CV_e$ ) é o parâmetro que indica a magnitude da precisão experimental (PIMENTEL GOMES; GARCIA, 2002). Embora os valores de  $CV_e$  tenham sido altos, as estimativas de herdabilidades, variação genotípica ( $CV_g$ ) e do coeficiente de variação relativo ( $CV_r$ ) foram promissoras (Tabela 2). A presença de variabilidade genética é essencial para o estabelecimento de qualquer programa de melhoramento genético, porém, a seleção de genótipos superiores realizada com eficiência, irá depender de parâmetros genéticos e ambientais relacionados aos caracteres de interesse (BLIND, 2018).

A variação genética encontrada refletiu positivamente nas estimativas de herdabilidade. Os valores estimados apresentaram alta variação de 0,42 (DR) a 0,88 (PT e PC) (Tabela 2), indicando possibilidade de sucesso na seleção. Altas herdabilidades são indicativos de sucesso na seleção, permitindo ao melhorista direcionar as estratégias de seleção mais adequadas.

Tabela 2 – Estimativas de parâmetros genéticos em caracteres agrônômicos e econômicos de batata-doce, no município de Selvíria-MS, no ano de 2019.

	Variáveis													
	PT	PC	%PC	NRT	NRC	MR	MRC	TMS	PMS	CC	CP	DR	FR	TR
$\sigma^2_g$	161,83	139,62	248,61	5563,79	1261,47	0,01	0,03	6,67	14323194,77	0,39	1,24	0,19	0,33	0,47
$\sigma^2_e$	42,84	37,50	321,57	2063,45	488,19	0,008	0,01	16,46	3956003,44	0,62	0,39	0,52	0,46	0,50
$\sigma^2_f$	204,68	177,13	570,19	627,25	1749,67	0,02	0,0504	23,14	18279198,21	1,01	1,63	0,72	0,79	0,98
$h^2_{mc}$	0,88	0,88	0,60	0,84	0,83	0,81	0,86	0,44	0,87	0,55	0,86	0,42	0,59	0,65
$CV_g(\%)$	58,19	65,38	20,44	55,13	56,40	68,72	64,50	8,69	58,95	22,02	39,97	14,42	19,14	21,96
$CV_e(\%)$	29,94	33,88	23,25	33,57	35,08	46,14	36,26	13,65	30,98	27,63	22,51	23,56	22,43	22,73
$CV_r(\%)$	1,94	1,92	0,87	1,64	1,60	1,48	1,77	0,63	1,90	0,79	1,77	0,61	0,85	0,96
GS	24,33	22,26	12,86	135,078	64,425	0,250	0,378	3,05	7,22	0,83	1,77	0,43	0,67	0,80
GS (%)	111,35	123,18	16,67	99,85	102,35	126,08	126,00	10,27	112,61	29,12	63,44	14,00	22,11	25,55
Média	21,85	18,07	77,10	135,278	62,968	0,19	0,30	29,72	6,42	2,85	2,79	3,07	3,03	3,13

PT: Produtividade total de raiz (t ha<sup>-1</sup>); PC: Produtividade comercial de raiz (t ha<sup>-1</sup>); %PC: Percentagem de produtividade comercial de raiz; NRT: Número total de raízes (ha<sup>-1</sup>); NRC: Número de raízes comerciais (ha<sup>-1</sup>); MR: Massa média de raiz (kg); MRC: Massa média de raízes comerciais (kg); TMS: Teor de massa seca das raízes em %; PMS: Produção total de massa seca das raízes (t ha<sup>-1</sup>); CC: Coloração de casca; CP: Coloração de polpa; DR: Danos das raízes; FR: Formato das raízes, TR: Tamanho das raízes;  $\sigma^2_g$ : Variância genotípica;  $\sigma^2_e$ : Variância residual;  $\sigma^2_f$ : Variância fenotípica;  $h^2_{mc}$ : Herdabilidade 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.

Fonte: Próprio autor.

Em batata-doce, a herdabilidade no sentido amplo é importante devido aos efeitos de dominância e epistasia serem mantidos pela propagação vegetativa (GONÇALVES NETO *et al.*, 2012), e como este sistema de propagação é o mais eficiente para a cultura, estes efeitos são capitalizados nas variedades selecionadas para plantios comerciais (AZEVEDO *et al.*, 2015a).

O sucesso com a seleção pode ser confirmado pelos valores obtidos próximos ou acima de 1 em  $CV_r$  para todos os caracteres, variando de 0,61 (DR) a 1,94 (PT) (Tabela 2), indicando a possibilidade de ganhos genéticos mais expressivos, já que, segundo Vencovsky e Barriga (1992), quando o  $CV_r$  é igual ou superior a 1, a variação genética é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais, podendo esse parâmetro, ser empregado como um índice indicativo do grau de facilidade de seleção dos genótipos para cada caractere.

Avaliando a divergência genética entre 23 acessos de batata-doce no município de Brasília-DF, Carmona *et al.* (2015) encontraram valores de  $CV_r$  inferiores em PT (0,93) e PC (1,05) quando comparadas ao presente estudo (Tabela 2). O mesmo ocorreu nas estimativas de herdabilidade e coeficiente de variação genotípico. Azevedo *et al.* (2015) em estudo de desempenho agrônômico e parâmetros genéticos em 65 genótipos de batata-doce no município de Diamantina-MG, observaram  $CV_g$  de 31,14% (PT) e 45,53% (PC) e herdabilidade de 0,71 (PT) e 0,78 (PC), inferiores as estimativas encontradas neste trabalho.

A seleção direta teve expressivas estimativas de ganhos preditos, com variação de 10,27% a 126,08%, indicando situação favorável para a seleção (Tabela 2). Porém, para que seja possível fazer o lançamento de uma cultivar, é necessário uma série de atributos favoráveis simultaneamente, pois a seleção feita baseando-se apenas em um único caractere pode acarretar em desempenhos não satisfatórios nos demais. Nesse sentido, a seleção realizada por meio de índices de seleção torna-se uma estratégia segura visando ganhos equilibrados para todos os caracteres estudados, buscando maximizar os ganhos genéticos conjuntamente com os parâmetros genéticos avaliados.

Foram selecionados os 30 melhores genótipos, entre os avaliados no município de Selvíria, por meio do índice baseado na soma de postos ou “*ranks*”. O índice proporcionou ganhos consideráveis com a seleção, exceto para TMS (Tabela 5).

Tabela 3 – Média esperada (M1) dos trinta melhores genótipos de batata-doce selecionados por meio do índice baseado na soma de postos ou “ranks” e estimativas de ganhos genéticos preditos com a seleção, no município de Selvíria-MS, no ano de 2019.

	Variáveis													
	PT	PC	%PC	NRT	NRC	MR	MRC	TMS	PMS	CC	CP	DR	FR	TR
DS	35,32	35,76	20,48	43.091	40.782	0,215	0,225	-0,29	10,15	0,15	1,21	0,93	0,97	0,87
GS	16,56	16,75	8,81	36,32	34,14	0,093	0,103	-0,09	4,74	0,22	0,55	0,20	0,39	0,43
GS%	69,81	75,27	68,50	26,89	53,00	37,21	27,76	-2,95	65,69	26,49	31,31	46,89	57,64	53,94
CERAT21-21	55,37	54,69	100,00	130.750	109.455	0,394	0,450	30,11	16,48	3	5	4	4	4
CERAT16-03	62,10	58,40	100,00	129.623	92.621	0,448	0,558	34,40	20,48	4	5	4	4	4
CERAT21-13	56,00	54,59	100,00	131.206	83.162	0,394	0,558	26,41	15,20	5	5	5	5	5
CERAT60-05	52,77	51,73	100,00	277.797	155.749	0,237	0,322	33,23	16,67	4	4	4	4	4
CERAT24-04	52,86	50,88	100,00	142.623	59.702	0,347	0,684	28,41	14,89	4	5	4	4	4
CERAT16-04	62,14	59,61	100,00	116.121	92.621	0,486	0,588	26,99	17,02	3	5	3	4	4
CERAT21-02	79,18	79,28	100,00	92.623	92.111	0,769	0,782	27,79	22,21	3	4	3	4	4
CERAT21-04	43,00	41,05	100,00	137.623	99.745	0,287	0,346	31,27	13,02	4	5	4	4	4
CERAT52-25	42,22	42,06	100,00	16.246	15.957	1,676	1,692	31,62	12,89	3	3	4	5	5
CERAT21-06	47,81	47,19	100,00	105.249	91.621	0,385	0,424	31,57	14,49	3	3	4	3	4
CERAT25-01	46,27	44,46	100,00	397.295	140.119	0,168	0,300	28,01	13,12	4	5	5	5	5
CERAT52-23	51,66	48,96	100,00	326.793	175.247	0,200	0,287	30,70	15,57	4	5	4	4	4
CERAT31-06	56,89	53,98	100,00	223.087	142.621	0,281	0,381	30,39	17,07	2	3	4	4	4
CERAT52-22	62,81	60,48	100,00	226.291	168.413	0,297	0,362	29,52	18,22	3	2	4	4	4
CERAT34-18	64,74	58,15	95,52	244.129	147.332	0,285	0,377	30,15	19,12	4	4	4	4	4
CERAT16-20	88,56	87,17	100,00	146.042	116.872	0,587	0,705	26,67	24,01	2	2	4	3	4
CERAT31-01	92,73	88,20	100,00	277.797	185.208	0,369	0,486	27,53	25,90	3	3	3	4	4
CERAT25-24	48,22	46,13	100,00	126.291	88.413	0,359	0,433	31,23	14,66	3	4	4	3	2
CERAT31-09	57,54	54,52	100,00	151.542	75.787	0,366	0,599	27,85	16,14	4	3	4	4	4
CERAT25-11	47,64	46,74	100,00	124.924	82.894	0,342	0,464	30,25	14,17	2	3	3	4	3
CERAT56-23	55,35	51,32	98,21	147.334	84.204	0,369	0,516	29,43	16,17	4	5	4	4	4
CERAT24-25	60,39	49,71	84,99	319.882	113.664	0,232	0,394	31,42	18,70	3	4	4	4	4
CERAT35-09	51,41	46,29	94,09	227.295	105.247	0,244	0,383	26,74	13,98	5	4	4	5	4
CERAT26-01	52,42	48,27	96,63	176.235	105.382	0,296	0,401	31,53	16,07	3	3	4	5	4
CERAT51-30	75,89	62,25	85,39	320.963	144.581	0,278	0,418	26,18	20,35	4	5	4	5	5
CERAT16-15	47,68	47,25	100,00	71.581	63.162	0,529	0,603	28,33	13,59	2	5	3	2	4
CERAT31-15	57,79	50,88	91,68	145.540	53.286	0,379	0,768	27,15	15,93	4	5	4	4	4
CERAT31-22	54,19	47,99	91,81	175.866	81.786	0,307	0,485	26,61	14,78	4	5	4	4	4
CERAT35-13	53,18	46,23	89,28	202.044	105.247	0,275	0,392	27,57	14,88	4	5	4	4	4
CERAT52-09	36,27	36,46	100,00	40.287	40.285	0,578	0,587	33,94	11,39	3	4	4	3	3
Média	57,17	53,83	97,58	178.369	103.750	0,405	0,525	29,43	16,57	3	4	4	4	4
Beauregard	21,34	15,31	69,16	187.077	77.296	0,120	0,200	24,68	5,46	3	4	3	3	4

PT: Produtividade total de raiz (t ha<sup>-1</sup>); PCR: Produtividade comercial de raiz (t ha<sup>-1</sup>); %PC: Percentagem de produção comercial de raiz; MR: Massa média de raiz (kg) ; MRC: Massa média de raízes comerciais (kg); NRT: Número total de raízes (ha<sup>-1</sup>); NRC: Número de raízes comerciais (ha<sup>-1</sup>); TMS: Teor de massa seca das raízes em %; PMS: Produção total de massa seca das raízes (t ha<sup>-1</sup>); CC: Coloração de casca; CP: Coloração de polpa; DR: Danos das raízes; FR: Formato das raízes, TR: Tamanho das raízes; DS: Diferencial de seleção; GS: Ganho com a seleção; GS%: Ganho com a seleção em porcentagem pelo índice com base na seleção direta. Fonte: Próprio autor.

O ganho negativo em TMS (-2,95), mesmo sendo utilizada como caractere principal, indica que os genótipos selecionados apresentam teores próximos à média da população original, não apresentando diferença expressiva entre eles. Outra justificativa é a de que buscou-se aumentar os ganhos em PC, maximizando o peso nesse caractere, podendo ter influenciado negativamente nos ganhos com o TMS. Houve também, maior influência ambiental do que genética nesse caractere (Tabela 2).

Os ganhos com a seleção pelo índice variaram de -2,95% à 75,27% (Tabela 3). Os resultados apresentados na Tabela 3 representam a média esperada (M1) da população selecionada, já sendo contabilizados os ganhos genéticos obtidos. Nesse sentido, o ganho pelo índice em PT foi de 16,56 t ha<sup>-1</sup>, com um diferencial de seleção de 35,32 t ha<sup>-1</sup>, ou seja, a média da população melhorada (M1) será 35 t ha<sup>-1</sup> superior à média da população original (MO). O genótipo CERAT31-01 foi o mais produtivo entre os selecionados, com 92,73 t ha<sup>-1</sup>, 434,5% superior a testemunha que teve produção total de 21,34 t ha<sup>-1</sup>, seguido por CERAT16-20 com 88,56 t ha<sup>-1</sup>. Santos Neto *et al.* (2017) avaliando produtividade de três clones de batata-doce no município de São Cristóvão-SE, encontraram média de 41,78 t ha<sup>-1</sup> em produção total de raízes, 15,39 t ha<sup>-1</sup> a menos que o do presente estudo onde foi encontrada média de 57,17 t ha<sup>-1</sup> para os 30 genótipos selecionados.

Em PC o ganho foi de 75,27% (Tabela 3), caractere com o maior ganho. CERAT31-01 foi, novamente, superior aos demais, com 88,20 t ha<sup>-1</sup>, seguido de CERAT16-20 com 87,17 t ha<sup>-1</sup>. Os genótipos selecionados foram altamente superiores à testemunha, que teve PC de 15,31 t ha<sup>-1</sup>. Andrade Júnior *et al.* (2018) em estudo de potencial quantitativo e qualitativo de 40 genótipos de batata-doce no município de Diamantina-MG, observaram valores de 47,1 e 44,0 t ha<sup>-1</sup> como os maiores em PT e 36,7 e 31,6 t ha<sup>-1</sup> em PC, expressivamente inferiores aos observados neste estudo. Amaro *et al.* (2019), avaliando o desempenho das cultivares Beauregard, Brazlândia Branca, Brazlândia Rosada, Brazlândia Roxa, BRS Amélia, BRS Cuia, BRS Rubissol e Princesa no município de Umbaúba-SE, observaram resultados inferiores, com 29,70 t ha<sup>-1</sup> de média em PC.

O ganho em %PC foi de 68,50% (Tabela 3), permitindo que 21 dos 30 genótipos selecionados apresentassem 100% de raízes comerciais, cuja média da população selecionada será de 97,58%. Amaro *et al.* (2019) encontraram média de 81,52% em %PC, com resultados variando de 72,44 a 88,97%.

A MR indica o peso médio de raízes, contabilizando, conjuntamente, raízes comerciais (acima de 80 g) e não comerciais. Nesse caractere, o ganho por meio do índice foi de 37,21%, acarretando em um ganho de 0,093 kg (Tabela 3). A maior massa de raízes foi no genótipo CERAT52-25, com peso médio de 1,676 kg por raiz.

Não é comum encontrar pesos médios de raízes tão altos como este, porém, isso ocorreu devido ao número de raízes ser baixo comparado aos demais genótipos, 16.246 raízes, e peso total 42,22 t ha<sup>-1</sup>, o que indica que grande parte das raízes são comerciais. A segunda maior MR foi do genótipo CERAT21-02, com 0,764 kg, seguindo por CERAT16-20 com média de 0,587 kg por raiz. Os resultados observados são superiores aos encontrados por Azevedo *et al.* (2015), cujo maior peso médio de raízes foi de 0,205 kg.

Em MRC o genótipo CERAT52-25 foi novamente superior (1,692 kg) (Tabela 3). Isso ocorreu pelos mesmos motivos relatados em MR. Buscando a seleção de genótipos para consumo domiciliar, a MRC não devem ultrapassar 0,500 kg, por questões de preferência do consumidor. Nesse sentido, os genótipos CERAT31-01 (0,486 kg) e CERAT31-22 (0,485 kg) são os mais promissores. Amaro *et al.* (2019) encontraram resultados inferiores em MRC, cuja média foi de 0,180 kg e a cultivar Beauregard obteve resultado de 0,182 kg. Amaro *et al.* (2017) observaram média de 0,299 kg, e 0,273 kg para a cultivar Beauregard. A maior MRC observada por Azevedo *et al.* (2015) foi de 0,253 kg.

O ganho em NRT foi de 26,89%, já em NRC o ganho foi maior, 53% (Tabela 3). CERAT25-01 obteve o maior NRT, 397.295, porém, a menor MR, 0,162 kg, e a segunda menor em MRC, 0,300 kg. CERAT31-01, com 185.208 raízes comerciais, foi o melhor nesse caractere, 239,6% acima da cultivar comercial Beauregard.

Em TMS o ganho com a seleção foi de -2,95%, com intervalo de variação de 34,40% (CERAT16-03) a 26,41% (CERAT21-13), e média de 29,43% (Tabela 3). Segundo Silva *et al.* (2008), raízes de batata-doce apresentam em média 30% de massa seca. O TMS da cultivar comercial Beauregard foi de 24,68%, inferior ao do genótipo CERAT21-13 que foi o menor valor entre os selecionados. Os resultados foram superiores aos de Andrade Júnior *et al.* (2012) que avaliando 12 clones de batata-doce no município de Diamantina-MG obtiveram média de 27,30%, e inferiores, a nível de média, dos encontrados por Vieira *et al.* (2015), que avaliando 60 clones

com foco na produção de etanol no município de Palmas-TO verificaram valores de 33,05%.

Para o caractere PMS, o ganho foi de 65,69%, sendo CERAT31-01 (25,90 t ha<sup>-1</sup>) e CERAT16-20 (24,01 t ha<sup>-1</sup>) os genótipos mais promissores (Tabela 3). CERAT52-09 obteve o menor desempenho, 11,39 t ha<sup>-1</sup>. A média dos genótipos foi de 16,57 t ha<sup>-1</sup>. Andrade Júnior *et al.* (2018) encontraram resultados inferiores, com média de 8,92 t ha<sup>-1</sup> em PMS.

Em caracteres relacionados com a qualidade das raízes buscou-se os genótipos que apresentassem maiores notas, onde as mesmas, variaram de 1 a 5 (Tabela 3). Nesse sentido, notas 4 e 5 indicam a superioridade do genótipo no caractere avaliado. Em CC, o ganho de seleção foi de 26,49% com média de nota 3. Apenas dois genótipos, entre os 30 selecionados, obtiveram notas 5, CERAT21-13 e CERAT35-09. Em CP, genótipos com nota 4 e 5 indicam polpas alaranjadas intensas, sendo esse o objetivo do presente estudo, selecionar genótipos de batata-doce de polpa alaranjada. Dentre os 30 genótipos selecionados, 14 apresentaram coloração de polpa com nota 5, enquanto 7 genótipos obtiveram nota 4, ou seja, 70% dos genótipos selecionados apresentam polpa alaranjada intensa, conseqüentemente, altos teores de betacaroteno. A cultivar 'Beauregard' recebeu nota 4 em CP sendo utilizada como padrão.

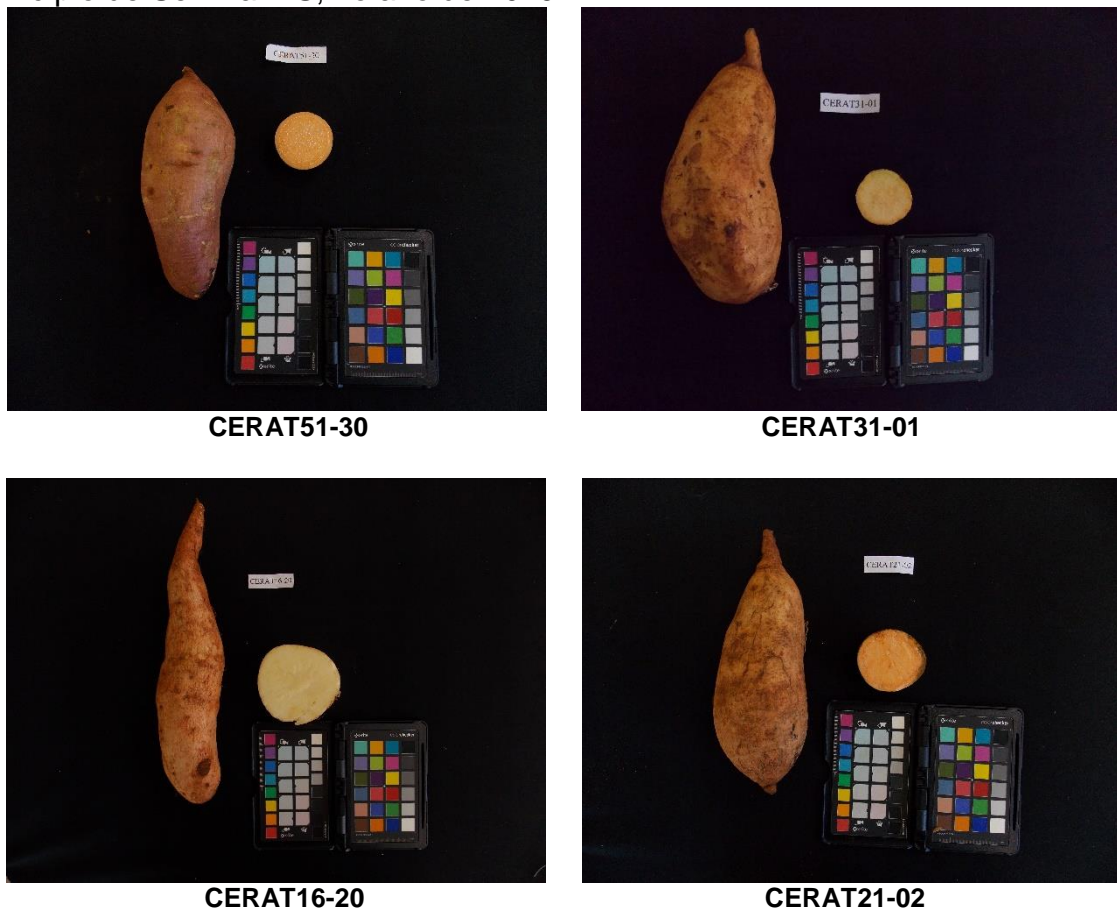
Em DR o ganho foi de 46,89%, com dois genótipos apresentando nota 5, CERAT21-13 e CERAT25-01. Em FR, 6 genótipos obtiveram nota 5. O ganho em FR foi o maior entre os caracteres relacionados à qualidade visual, 57,64%. Tamanho de raízes (TR) teve 53,94% de ganho com a seleção, com 4 genótipos obtendo nota 5. Considerando todos os caracteres envolvidos com a qualidade das raízes, buscando um genótipo visualmente atraente aliado à busca por elevados teores de betacaroteno, CERAT51-30, CERAT21-13 e CERAT25-01 são altamente promissores, porém, 83% dos genótipos também demonstraram grande potencial em caracteres de interesse visual (Tabela 3). No entanto, uma seleção baseada apenas nos aspectos visuais não deve ser considerada no programa de melhoramento genético.

A partir das análises de estimativas de parâmetros genéticos, a população testada apresentou alta variabilidade genética, indicando condições favoráveis à seleção, permitindo conduzir avanços genéticos consideráveis tanto para produção,

quanto para qualidade. Além disso, essa população pode ser promissora para outras finalidades, como produção de etanol e destinação à indústria alimentícia.

Avaliando conjuntamente todos os caracteres, os genótipos CERAT51-30, CERAT31-01, CERAT16-20 e CERAT21-02 são os mais recomendados no ambiente em questão, sendo potencialmente promissores. Os genótipos selecionados foram expressivamente superiores à cultivar 'Beauregard', permitindo a seleção dos mesmos para condução de ensaios de valor de cultivo e uso. O uso desses clones como cultivares trarão ganhos altíssimos em produtividade, porém após a recombinação destes, genótipos ainda mais promissores e de boa qualidade são esperados com a formação da população de ciclo 1 e ao longo do programa, buscando a preservação da base genética promissora.

Figura 3 – Genótipos de batata-doce potencialmente promissores e selecionados no município de Selvíria-MS, no ano de 2019.



Fonte: Próprio autor.

## 4.2 INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

### 4.2.1 Análise de variância individual

Os coeficientes de variação (CV%) em PC oscilaram entre 0,45% (Vera Cruz) a 22,39% (sistema de produção consorciado em Sete Barras) com média de 8,78%, já em TMS, os valores diferenciaram entre 3,87% (Vera Cruz) a 4,40% (Selvíria), resultando em média de 4,14%. Para CP, a variação entre os coeficientes foi de 3,32% (sistema de produção consorciado em Sete Barras) a 8,92% (Selvíria), com média de 6,09%. Ambos valores indicam boa precisão experimental. Apenas PC teve CV% superior a 10% (Tabela 4). No entanto, essas variáveis são de natureza quantitativa e, por isso, estão sujeitas à influências do ambiente.

Por meio do teste F foi possível identificar que os genótipos apresentaram comportamento diferenciado nos ambientes avaliados ( $p \leq 0,01$ ) (Tabela 4). O efeito significativo dos genótipos, para os três caracteres, nos quatro locais, indicam a heterogeneidade e a variabilidade genética presente nos genótipos avaliados.

As médias em PC variaram de 0,66 t ha<sup>-1</sup> (sistema de produção consorciado em Sete Barras) a 21,49 t ha<sup>-1</sup> (Selvíria), resultando em média total de 9,78 t ha<sup>-1</sup>, evidenciando o comportamento distinto dentro de cada ambiente de estudo. Essa ampla variação de produtividade pode estar relacionada aos distintos ambientes e formas de cultivo. O resultado se assemelha ao encontrado por Silva *et al.* (2018) que avaliando 45 clones de batata-doce obtiveram 9,16 t ha<sup>-1</sup> de produtividade média de raízes comerciais. Em TMS, houve oscilação de médias entre 12% (sistema de produção consorciado em Sete Barras) a 30,35% (Selvíria) (Tabela 4).

Referindo-se a CP, as médias variaram de 1,26 (sistema de produção consorciado em Sete Barras) a 2,79 (Selvíria) (Tabela 4). Vale ressaltar que esse caractere foi baseado na atribuição de notas variando de um a cinco, por meio de observação visual, portanto, notas mais altas, próximas de cinco, são melhores para o objetivo do estudo, já que indicam a coloração de polpa alaranjada, conseqüentemente, a presença de betacaroteno. Por meio da análise de variância individual (Tabela 4), fica evidenciado a superioridade do experimento no município de Selvíria quando comparado aos demais.

Tabela 4 – Resumo da análise de variância individual dos experimentos avaliados nos ambientes Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4), durante os anos de 2018 e 2019.

FV	Quadrados Médios – Vera Cruz (A1)			
	GL	PC	TMS	CP
Blocos	1	0,005**	0,053**	0,076**
Genótipos	96	4669,127**	0,177**	0,285**
Resíduo	96	0,232	0,042	0,013
Médias	-	13,67	27,35	2,73
CV%	-	0,45	3,87	6,52
FV	Quadrados Médios – Selvíria (A2)			
	GL	PC	TMS	CP
Blocos	1	26,021**	0,029**	0,027**
Genótipos	96	4788,837**	0,223**	0,238**
Resíduo	96	6,433	0,059	0,025
Médias	-	21,49	30,35	2,79
CV%	-	1,83	4,40	8,92
FV	Quadrados Médios – Sete Barras (A3)			
	GL	PC	TMS	CP
Blocos	1	19,287**	0,142**	0,014**
Genótipos	96	2613,494**	0,137**	0,285**
Resíduo	96	22,247	0,052	0,009
Médias	-	3,32	28,29	2,66
CV%	-	10,48	4,25	5,61
FV	Quadrados Médios – Sete Barras (A4)			
	GL	PC	TMS	CP
Blocos	1	5,913**	0,010**	0,006**
Genótipos	96	1204,891**	10,512**	0,739**
Resíduo	96	4,549	0,012	0,001
Médias	-	0,66	12	1,26
CV%	-	22,39	4,05	3,32

PC: Produtividade comercial (t ha<sup>-1</sup>); TMS: Teor de massa seca (%); CP: Coloração de polpa; CV%: coeficiente de variação experimental; \*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Próprio autor.

#### 4.2.2 Análise de variância conjunta

Como foram conduzidos ensaios em diferentes municípios, realizou-se a análise conjunta dos dados visando o estudo da interação genótipo x ambiente (Tabela 5).

Tabela 5 – Resumo da análise de variância conjunta dos experimentos avaliados nos ambientes Vera Cruz (A), Selvíria (B), sistema de produção orgânico em Sete Barras (C), sistema de produção consorciado em Sete Barras (D), considerando 97 genótipos, durante os anos de 2018 e 2019.

FV	Quadrado Médio		
	PC	TMS	CP
Bloco/Ambiente	12,806	0,059	0,031
Ambiente	658636,356**	353,092**	16,187**
Genótipo	4561,734 <sup>ns</sup>	2,547 <sup>ns</sup>	0,708**
G x A	4835,855**	2,834**	0,368**
Resíduo	16,645	0,041	0,018
Média	9,79	24,50	2,36
CV%	5,45	4,30	8,37

PC: Produtividade comercial (t ha<sup>-1</sup>); TMS: Teor de massa seca (%); CP: Coloração de polpa; CV%: coeficiente de variação experimental; <sup>ns</sup> não significativo pelo teste F; \*\* significativo a 1% de probabilidade pelo teste T.

Fonte: Próprio autor.

Foi verificada a relação entre o menor e o maior quadrado médio do resíduo da análise de variância individual (Tabela 4). Nos valores que excederam a relação 7:1, foi realizado o ajuste do grau de liberdade para que não fosse necessário eliminar o local que estava discrepante. Segundo Nass *et al.* (2001), se houver heterogeneidade dos quadrados médios residuais, pode-se seguir duas linhas: a primeira, descartar experimentos com quadrados médios residuais muito elevados ou, a segunda alternativa, promover um ajuste nos graus de liberdade dos quadrados médios da interação e do resíduo da análise conjunta para que seja possível evitar testes de hipóteses inválidos.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) variaram de 4,30% (TMS) a 8,37% (CP) demonstrando alta precisão experimental no conjunto de ensaio. As médias gerais obtidas foram de 9,79 t ha<sup>-1</sup> (PC); 24,50% (TMS) e 2,36 (CP).

A análise conjunta revelou efeitos significativos ( $p \leq 0,01$ ) para as fontes de variação de ambientes e da interação (G x A) para todos os caracteres avaliados (Tabela 5), já o efeito do genótipo foi significativo apenas em CP. A presença

significativa da interação (G x A) é o princípio da condição necessária para que seja possível proceder o estudo em questão, indicando a necessidade de se realizar o estudo da interação G x A, abrindo a possibilidade da aplicação dos estudos de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

As estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância para PC, TMS e CP, pela análise conjunta dos 266 genótipos encontram-se na Tabela 6. Para Vasconcelos (2015), a estimação dos parâmetros genéticos em um programa de melhoramento permite maior confiabilidade na interpretação dos dados para posterior recomendação de cultivares superiores para determinada região.

Tabela 6 – Estimativa de parâmetros genéticos e componentes de variância para os caracteres produtividade comercial, teor de massa seca e coloração de polpa para análise conjunta de 266 genótipos de batata-doce nos municípios de Vera Cruz, Selvíria e Sete Barras.

	PC	TMS	CP
$\sigma_g^2$	22447080,51	26,84	0,79
$\sigma_{gxa}^2$	6530801,01	8,56	0,16
$\sigma_e^2$	53461459,46	69,96	1,38
$\sigma_f^2$	82439340,98	105,37	2,34
$h_g^2$	0,2722±0,0378	0,2547±0,0365	0,3372±0,0420
$h_{mg}^2$	0,77	0,76	0,82
$r_{gloc}$	0,77	0,75	0,82
$CV_g(\%)$	76,93	29,31	47,05
$CV_e(\%)$	118,72	47,32	62,30
$CV_r(\%)$	0,64	0,61	0,75
Média	6,15	17,67	1,89

PC: Produtividade comercial (t ha<sup>-1</sup>); TMS: Teor de massa seca (%); CP: Coloração de polpa; CV%;  $\sigma_g^2$ : variância genotípica;  $\sigma_{gxa}^2$ : variância da interação genótipo x ambiente;  $\sigma_e^2$ : variância residual;  $\sigma_f^2$ : variância fenotípica;  $h_g^2$ : herdabilidade geral;  $h_{mg}^2$ : herdabilidade média de clone;  $r_{gloc}$ : correlação entre ambientes;  $CV_g(\%)$ : Coeficiente de variação genotípico;  $CV_e(\%)$ : coeficiente de variação residual;  $CV_r(\%) = CV_g/CV_e$ : razão entre o coeficiente de variação genotípico e residual. Fonte: Próprio autor.

A herdabilidade é um dos mais importantes parâmetros genéticos pois permite a quantificação da fração de variação fenotípica que é herdável, ou seja, indica a natureza genotípica influenciada no fenótipo. Nesse estudo, a herdabilidade encontrada é considerada alta para os três caracteres em questão, variando de 0,76

(TMS) a 0,82 (CP) (Tabela 6). Como o valor máximo de herdabilidade é 1, os resultados encontrados indicam bom controle genético em PC, TMS e CP, possibilitando assim, a seleção de genótipos baseada nesses caracteres, principalmente em CP, que demonstrou o maior  $CV_r$  (0,75) (Tabela 6).

O  $CV_r$  indica a razão entre o coeficiente de variação genotípico ( $CV_g$ ) e ambiental ( $CV_e$ ) sendo que valores próximos ou maiores que 1 são indicativos de predominância dos fatores genéticos sobre fatores ambientais.

Valores descritos da Tabela 6 indicaram que houve desempenho diferente dos genótipos em cada ambiente, podendo ser comprovado pelos valores da variância da interação G x A ( $\sigma_{g \times a}^2$ ). A interação G x A é um importante e desafiante fenômeno para os melhoristas que atuam nos testes comparativos e na recomendação de cultivares, pois quanto maior for a variabilidade e diversidade genética entre os genótipos e entre os ambientes, maior será a importância da interação (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Os altos valores de variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ) encontrados, principalmente em PC, comprovam a existência da variabilidade genética dos genótipos em questão, refletindo positivamente na estimativa dos parâmetros genéticos (Tabela 6). Embora os valores de variância genotípica e herdabilidade sejam promissores, houve forte influência ambiental nos três caracteres avaliados, sendo esta condição, desvantajosa para o melhoramento em geral.

A correlação genotípica entre locais ( $r_{gloc}$ ) é um parâmetro importante para o entendimento do desempenho dos genótipos nos diferentes locais de avaliação (CASTRO *et al.*, 2018). Os valores encontrados no presente estudo, 0,77 (PC), 0,75 (TMS) e 0,82 (CP) (Tabela 6), indicaram que houve presença de correlação genética entre os locais, permitindo assim, a seleção de genótipos superiores adaptados a mais de um ambiente, ou seja, o ordenamento dos genótipos nos diferentes ambientes deve ter alta coincidência.

#### 4.3 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PELA METODOLOGIA MHPRVG

Uma das maneiras de atenuar a interação G x A é identificar genótipos mais produtivos e com adaptabilidade e estabilidade. Como constatou-se na análise conjunta (Tabela 5), as fontes de variação da interação G x A foram sempre significativas e a de genótipo significativa para CP ( $p \leq 0,01$ ), indicando a variação de comportamento dos genótipos nos ambientes avaliados, justificando assim, o estudo

da interação G x A e estudos de adaptabilidade e estabilidade. Para isso, foram utilizados os métodos MHPRVG para as estimativas de adaptabilidade e estabilidade, e AMMI para a estratificação ambiental considerando, simultaneamente, a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos.

Com base nas estimativas de estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade, simultaneamente (MHPRVG), foram ordenados os 30 genótipos com os melhores resultados (Tabelas 9, 10 e 11).

Verificou-se que nem todos os genótipos selecionados coincidiram totalmente nos três atributos. Para PC, apenas 14 genótipos ficaram entre os 30 selecionados nos três parâmetros avaliados (MHVG, PRVG e MHPRVG), destacados na Tabela 7, sendo eles: 3 (CERAT16-03), 13 (CERAT21-05), 16 (CERAT21-11), 17 (CERAT21-13), 25 (CERAT24-26), 36 (CERAT29-23) e 38 (CERAT29-26), 56 (CERAT34-22), 77 (CERAT51-31), 78 (CERAT51-33), 80 (CERAT52-22), 93 (CERAT56-32), 94 (CERAT60-05) e 229 (CERAT16-04). Os códigos dos genótipos, bem como sua identificação numérica, encontram-se no Apêndice A.

Se os genótipos mais produtivos permanecem melhor posicionados em todos os três parâmetros da metodologia MHPRVG, significa que houve pouca variação na interação G x A e, conseqüentemente, pouca influência ambiental.

A estabilidade por MHVG indica a previsibilidade dos genótipos em relação às variações dos ambientes. Nesse sentido, os genótipos mais estáveis em PC foram, respectivamente, 125 (CERAT25-13), 109 (CERAT21-02), 185 (CERAT51-30), 235 (CERAT21-07) e 9 (CERAT16-22), sendo apenas o genótipo 109, classificado em MHPRVG\*MG (Tabela 7).

A média dos 30 melhores genótipos pela metodologia MHPRVG ( $24,04 \text{ t ha}^{-1}$ ) (Tabela 7) foram 245% superiores à média geral dos quatro ambientes ( $9,79 \text{ t ha}^{-1}$ ) (Tabela 5), confirmando que realmente os classificados são superiores aos demais. A cultivar 'Beauregard' (genótipo 101) foi classificada entre os 30 melhores pela adaptabilidade e estabilidade conjuntamente (MHPRVG\*MG), porém, com produtividade muito baixa ( $19,23 \text{ t ha}^{-1}$ ) comparada ao primeiro genótipo nesse quesito, o genótipo 8 ( $63,70 \text{ t ha}^{-1}$ ) (Tabela 7).

Tabela 7 – Ordenação dos 30 melhores genótipos de batata-doce com base em produtividade comercial ( $t\ ha^{-1}$ ) para: valores genotípicos de Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Estabilidade e Adaptabilidade multiplicada pela média geral (MHPRVG\*MG).

Ordem	Produtividade Comercial						
	Gen	MHVG	Gen	PRVG	PRVG*MG	Gen	MHPRVG*MG
1	125	26,33	232	10,90	67,12	8	63,70
2	109	23,47	265	9,34	57,54	265	57,54
3	185	21,23	<b>13</b>	8,32	51,28	266	48,94
4	235	19,48	<b>38</b>	8,08	49,79	151	29,78
5	9	19,45	266	7,94	48,94	212	28,70
6	156	18,91	<b>94</b>	7,84	48,31	66	25,34
7	247	18,71	<b>93</b>	7,69	47,40	221	23,89
8	246	17,84	<b>229</b>	7,26	44,77	232	23,75
9	251	16,79	<b>17</b>	7,18	44,22	89	23,52
10	231	16,56	<b>16</b>	7,17	44,20	<b>13</b>	22,58
11	<b>13</b>	14,94	<b>80</b>	6,66	41,07	<b>38</b>	22,31
12	<b>38</b>	14,47	<b>77</b>	5,89	36,28	<b>94</b>	21,90
13	<b>94</b>	14,14	61	5,69	35,05	184	21,83
14	<b>93</b>	13,87	261	5,36	33,03	<b>93</b>	21,68
15	230	13,71	<b>56</b>	5,25	32,35	<b>17</b>	20,60
16	<b>16</b>	13,17	<b>3</b>	5,23	32,24	209	19,98
17	221	13,15	260	5,23	32,22	<b>16</b>	19,92
18	<b>17</b>	13,11	<b>36</b>	5,05	31,13	142	19,73
19	254	13,05	184	4,98	30,69	101	19,23
20	171	11,19	253	4,97	30,60	<b>229</b>	17,87
21	<b>229</b>	11,17	<b>25</b>	4,92	30,35	<b>80</b>	17,60
22	<b>80</b>	11,04	53	4,89	30,16	223	17,43
23	249	11,00	<b>78</b>	4,88	30,07	<b>56</b>	17,15
24	<b>77</b>	10,54	43	4,85	29,87	<b>77</b>	16,93
25	<b>56</b>	9,78	115	4,72	29,11	<b>3</b>	16,79
26	<b>3</b>	9,59	51	4,70	28,98	<b>36</b>	16,62
27	<b>36</b>	9,41	142	4,70	28,96	109	16,55
28	26	9,34	30	4,69	28,93	<b>25</b>	16,48
29	<b>25</b>	9,28	18	4,67	28,77	53	16,45
30	<b>78</b>	9,17	209	4,44	27,40	<b>78</b>	16,41

MHVG: Valores genotípicos de estabilidade; PRVG: Valores genotípicos de adaptabilidade; PRVG\*MG: adaptabilidade multiplicada pela média geral em todos os ambientes; MHPRVG: estabilidade e adaptabilidade; MHPRVG\*MG: estabilidade e adaptabilidade multiplicada pela média geral em todos os ambientes ( $t\ ha^{-1}$ ); Gen: genótipo.

Fonte: Próprio autor.

A média dos seis melhores genótipos em PC foi de  $42,33\ t\ ha^{-1}$ . Nesse sentido, Rigo (2018) avaliando seis cultivares de batata-doce (Beauregard, BRS Amélia, Roxinha, BRS Rubissol, Brazlândia Roxa e Brazlândia Branca) no município de

Concórdia-SC observou médias inferiores às dos seis melhores genótipos do presente estudo, com produtividade comercial de 22,30 t ha<sup>-1</sup> no primeiro ciclo de avaliação (2017) e 38,78 t ha<sup>-1</sup> no segundo ciclo (2018). A média do primeiro ciclo de avaliação também foi inferior considerando os 30 melhores genótipos classificados no presente estudo (24,04 t ha<sup>-1</sup>), porém, a média do segundo ciclo foi superior.

Com relação ao teor de massa seca (TMS) também foi realizada a ordenação dos 30 melhores genótipos selecionados para a variável conforme parâmetros de MHVG, PRVG e MHPRVG (Tabela 8).

Assim como constatado em PC (Tabela 7), houveram genótipos selecionados para TMS que não foram os melhores em MHVG, PRVG e MHPRVG conjuntamente (Tabela 8). Nesse sentido, 12 dos 30 genótipos, encontram-se representados nos três parâmetros: 3 (CERAT16-03), 18 (CERAT21-21), 30 (CERAT25-24), 38 (CERAT29-26), 39 (CERAT29-27), 43 (CERAT31-11), 64 (CERAT35-21), 71 (CERAT37-23), 80 (CERAT52-22), 81 (CERAT52-25), 99 (CERAT60-22), 171 (CERAT37-20).

Os genótipos com apenas adaptabilidade (PRVG) e adaptabilidade e estabilidade conjuntamente (MHPRVG) são: 12 (CERAT21-04), 103 (CERAT16-10), 125 (CERAT25-13), 135 (CERAT26-28), 138 (CERAT26-34), 142 (CERAT29-08), 145 (CERAT29-17), 221 (CERAT60-01), 226 (CERAT60-19), 228 (CERAT60-27), 265 (CERAT35-04) e 266 (CERAT35-06) (Tabela 8).

Dentre esses, com exceção do genótipo 12, os demais não foram avaliados nos quatro locais de estudo, sendo alguns avaliados apenas em dois ou três ambientes. Isso ocorreu pois como o plantio e época de avaliação dos experimentos se deu, em média, com diferença de 1 mês (exceto os dois ambientes no município de Sete Barras), alguns materiais não foram avaliados em todos os ambientes. Como foram retiradas ramas do campo de multiplicação de matrizes pelo menos quatro vezes, em alguns casos essas não apresentavam ramas suficientes para serem levadas ao local de plantio definitivo para serem avaliadas. Isso explica o fato de alguns genótipos estarem entre os melhores, mas não serem selecionados, conjuntamente, pelos três parâmetros da metodologia MHPRVG.

Tabela 8 – Ordenação dos 30 melhores genótipos de batata-doce com base em teor de massa seca (%) para: valores genotípicos de Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Estabilidade e Adaptabilidade multiplicada pela média geral (MHPRVG\*MG).

Ordem	Gen	Teor de Massa Seca					
		MHVG	Gen	PRVG	PRVG*MG	Gen	MHPRVG*MG
1	252	29,94	138	1,93	34,21	138	34,21
2	251	28,86	103	1,86	33,01	103	32,99
3	230	28,59	266	1,86	32,97	266	32,96
4	235	28,10	142	1,84	32,65	142	32,64
5	246	27,97	135	1,72	30,55	135	30,55
6	9	27,89	265	1,68	29,85	265	29,85
7	254	26,71	<b>171</b>	1,63	28,98	143	28,61
8	260	26,14	143	1,61	28,62	209	28,22
9	249	25,87	209	1,59	28,26	<b>171</b>	28,09
10	262	24,94	221	1,54	27,30	221	27,30
11	238	24,75	226	1,53	27,09	226	27,09
12	<b>99</b>	24,39	125	1,52	26,97	125	26,97
13	<b>64</b>	24,26	<b>99</b>	1,52	26,87	224	26,64
14	247	24,08	<b>64</b>	1,51	26,76	223	26,31
15	<b>30</b>	24,06	224	1,50	26,64	<b>99</b>	25,92
16	237	24,06	<b>30</b>	1,50	26,51	<b>64</b>	25,86
17	244	23,98	228	1,49	26,34	228	25,69
18	231	23,77	223	1,48	26,31	<b>30</b>	25,57
19	236	23,40	<b>71</b>	1,45	25,70	181	25,45
20	<b>71</b>	23,27	181	1,44	25,45	<b>71</b>	24,97
21	<b>18</b>	23,05	<b>18</b>	1,43	25,43	207	24,96
22	<b>38</b>	23,02	<b>38</b>	1,43	25,43	166	24,79
23	1	23,00	<b>81</b>	1,42	25,18	<b>38</b>	24,68
24	<b>81</b>	22,76	<b>80</b>	1,41	25,07	<b>18</b>	24,65
25	<b>80</b>	22,68	<b>43</b>	1,41	25,01	<b>81</b>	24,52
26	<b>43</b>	22,63	<b>3</b>	1,41	24,97	<b>80</b>	24,34
27	<b>3</b>	22,59	207	1,41	24,96	<b>43</b>	24,32
28	61	22,55	<b>39</b>	1,40	24,89	<b>3</b>	24,28
29	<b>171</b>	22,52	166	1,40	24,79	<b>39</b>	24,19
30	<b>39</b>	22,51	12	1,39	24,71	12	24,09

MHVG: Valores genotípicos de estabilidade; PRVG: Valores genotípicos de adaptabilidade; PRVG\*MG: adaptabilidade multiplicada pela média geral em todos os ambientes; MHPRVG: estabilidade e adaptabilidade; MHPRVG\*MG: estabilidade e adaptabilidade multiplicada pela média geral em todos os ambientes (%); Gen: genótipo.

Fonte: Próprio autor.

A metodologia MHPRVG possibilita a utilização de dados desbalanceados, podendo participar da seleção e análises de adaptabilidade e estabilidade os genótipos avaliados em apenas dois locais, por exemplo. Isso é favorável pois

possibilita a não exclusão desses genótipos, já que quando se realiza ensaios em mais de um ambiente, fica-se sujeito aos mais diversos imprevistos, como a perda de parcela, por exemplo.

Baseando-se no resultado de MHPRVG\*MG, a média de TMS dos 30 genótipos melhores classificados foi de 27,02%, variando de 34,21% (genótipo 138) à 24,09% (genótipo 12) (Tabela 8). Nesse caractere em questão, a cultivar 'Beauregard' não encontra-se entre os melhores genótipos, comprovando o problema já relatado anteriormente, de ser uma cultivar com baixo teor de massa seca. Marques et al. (2018), avaliando 36 genótipos de batata-doce, sendo seis cultivares comerciais (Princesa, Itajuba, Amanda, Duda, Júlia e Marcela) observaram médias superiores em TMS (29,32%) quando comparado ao presente estudo.

A seleção de genótipos com alto TMS é importante visando o processamento das raízes de batata-doce. Leonel e Cereda (2002) relatam que o teor de massa seca tem relação direta na produção de etanol e no rendimento industrial, ressaltando a importância da seleção baseada nesse caractere.

Assim como nos demais caracteres, os melhores genótipos em CP estão ordenados e descritos na Tabela 9.

CP foi o caractere que obteve mais genótipos classificados conjuntamente nos três parâmetros levados em consideração na metodologia MHPRVG, onde 22, dos 30 genótipos, foram classificados em MHVG, PRVG e MHPRVG, sendo eles: 3 (CERAT16-03), 4 (CERAT16-08), 7 (CERAT16-18), 12 (CERAT21-04), 17 (CERAT21-13), 18 (CERAT21-21), 19 (CERAT21-23), 31 (CERAT25-27), 32 (CERAT29-06), 39 (CERAT29-27), 41 (CERAT31-04), 43 (CERAT31-11), 44 (CERAT31-14), 48 (CERAT31-21), 58 (CERAT34-27), 61 (CERAT35-13), 64 (CERAT35-21), 99 (CERAT60-22), 101 (Beauregard), 156 (CERAT34-18), 229 (CERAT16-04), 249 (CERAT25-06).

Os dados variaram de 4,21 (genótipo 61) a 2,96 (genótipo 202) (Tabela 8). Conforme o critério utilizada para a atribuição de notas em CP, notas 3, 4 e 5 indicam polpas alaranjadas, sendo 4 e 5, representativas de polpa alaranjada intensa, conseqüentemente, altos teores de betacaroteno. Uma possível justificativa para a cultivar 'Beauregard' estar entre os 30 melhores genótipos nesse caractere, é a de que a cultivar foi utilizada como padrão para atribuição de notas, visto que já é um material de polpa alaranjada.

Tabela 9 – Ordenação dos 30 melhores genótipos de batata-doce com base em coloração de polpa para: valores genotípicos de Estabilidade (MHVG), Adaptabilidade (PRVG) e Estabilidade e Adaptabilidade multiplicada pela média geral (MHPRVG\*MG).

Coloração de polpa							
Ordem	Gen	MHVG	Gen	PRVG	PRVG*MG	Gen	MHPRVG*MG
1	9	4,03	<b>61</b>	2,42	4,58	<b>61</b>	4,21
2	246	4,03	<b>12</b>	2,25	4,25	<b>12</b>	4,00
3	<b>12</b>	3,96	<b>31</b>	2,25	4,25	<b>31</b>	4,00
4	<b>31</b>	3,96	<b>18</b>	2,17	<b>4,10</b>	<b>18</b>	3,90
5	<b>61</b>	3,95	59	2,12	4,02	53	3,80
6	<b>18</b>	3,83	<b>17</b>	2,05	3,89	<b>17</b>	3,70
7	59	3,75	<b>3</b>	1,99	3,76	209	3,61
8	<b>249</b>	3,73	<b>249</b>	1,94	<b>3,68</b>	<b>3</b>	3,60
9	<b>17</b>	3,62	33	1,93	3,66	33	3,50
10	<b>156</b>	3,57	209	1,91	3,61	<b>249</b>	3,43
11	<b>3</b>	3,51	<b>64</b>	1,90	3,60	<b>64</b>	3,39
12	251	3,47	<b>48</b>	1,90	3,60	<b>48</b>	3,39
13	33	3,41	<b>156</b>	1,85	<b>3,51</b>	<b>156</b>	3,39
14	<b>229</b>	3,39	<b>101</b>	1,83	3,46	<b>101</b>	3,32
15	<b>64</b>	3,35	<b>43</b>	1,83	3,46	<b>43</b>	3,29
16	<b>48</b>	3,35	<b>32</b>	1,77	3,36	<b>32</b>	3,28
17	<b>101</b>	3,23	<b>4</b>	1,76	3,34	207	3,21
18	<b>43</b>	3,22	<b>229</b>	1,76	3,34	<b>229</b>	3,20
19	254	3,19	<b>19</b>	1,76	3,33	<b>19</b>	3,19
20	<b>32</b>	3,11	<b>99</b>	1,73	<b>3,27</b>	<b>4</b>	3,18
21	<b>4</b>	3,10	<b>7</b>	1,71	3,25	<b>44</b>	3,17
22	<b>19</b>	3,10	<b>44</b>	1,71	3,25	<b>7</b>	3,17
23	<b>99</b>	3,05	207	1,69	3,21	<b>58</b>	3,09
24	<b>44</b>	3,00	<b>58</b>	1,69	3,21	<b>99</b>	3,09
25	<b>7</b>	3,00	<b>41</b>	1,68	3,18	<b>41</b>	3,09
26	<b>58</b>	2,99	157	1,67	3,16	142	3,06
27	<b>41</b>	2,96	142	1,66	3,14	157	3,03
28	247	2,92	<b>39</b>	1,64	3,10	<b>39</b>	2,99
29	<b>39</b>	2,89	202	1,62	3,07	35	2,97
30	216	2,86	35	1,60	3,03	202	2,96

MHVG: Valores genotípicos de estabilidade; PRVG: Valores genotípicos de adaptabilidade; PRVG\*MG: adaptabilidade multiplicada pela média geral em todos os ambientes; MHPRVG: estabilidade e adaptabilidade; MHPRVG\*MG: estabilidade e adaptabilidade multiplicada pela média geral em todos os ambientes; Gen: genótipo.

Fonte: Próprio autor.

Baseando-se na metodologia utilizada, os genótipos 12 (CERAT21-04), 18 (CERAT21-21), 31 (CERAT25-27) e 61 (CERAT35-13) são altamente promissores em CP, visto que estão classificados entre os seis melhores em estabilidade, adaptabilidade e estabilidade e adaptabilidade conjuntamente.

Avaliando de forma geral os resultados de PC, TMS e CP pela metodologia MHPRVG, o único genótipo que demonstrou estabilidade (MHVG), adaptabilidade (PRVG) e adaptabilidade e estabilidade conjuntamente (MHPRVG) foi o genótipo 3 (CERAT16-03) (Tabelas 9, 10 e 11)

Os resultados proporcionados pela metodologia MHPRVG revelam que para uma melhor interpretação e avaliação da adaptabilidade e estabilidade, faz-se necessária uma seleção prévia dos genótipos em apenas um local de estudo, para posteriormente serem utilizados os melhores para os ensaios em diferentes locais, facilitando assim, a recomendação dos mais promissores pela redução do conjunto de genótipos, já que com 266 materiais, a seleção para todos os caracteres considerados fica dificultada.

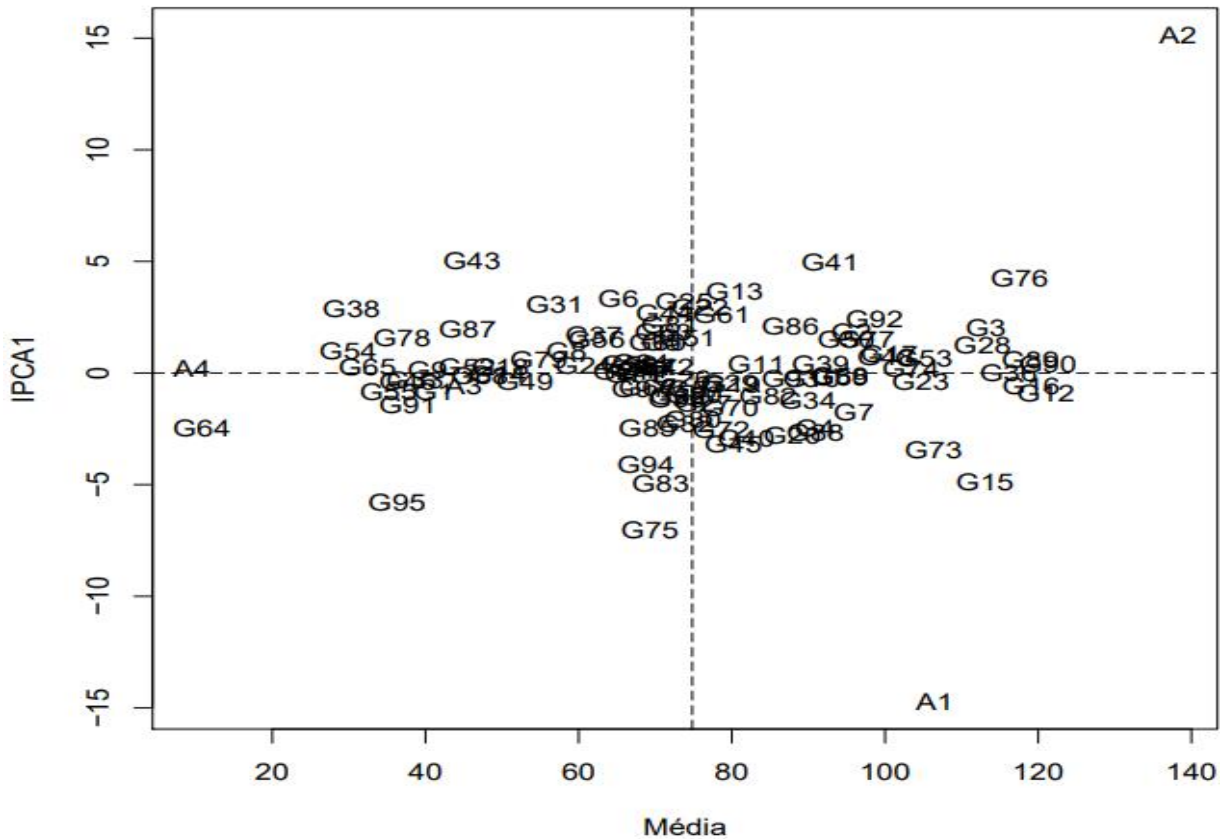
#### 4.4 ADAPTABILIDADE, ESTABILIDADE E ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL PELA METODOLOGIA AMMI

Diferentemente da metodologia MHPRVG, a análise de adaptabilidade e estabilidade realizada pela metodologia AMMI não permite dados desbalanceados, sendo utilizado para as análises apenas os genótipos representados nos quatro locais avaliados. Sendo assim, participaram da análise dos dados, 97 genótipos, contabilizando a cultivar 'Beauregard' (Apêndice B).

Na figura 4, encontra-se a representação gráfica da análise AMMI dos genótipos para o caractere PC, levando em consideração os quatro ambientes avaliados. Os 97 genótipos e os quatro ambientes representados graficamente na Figura 4 foram identificados de G1 a G97 e A1 a A4, respectivamente.

Para que os gráficos sejam apresentados é necessário que o primeiro componente principal da interação (IPCA1) acumule proporções entre 27,20% a 72% (DUARTE; VENCOVSKY, 1999). No presente trabalho, o IPCA1 foi representado por 47,85% e o IPCA2 32,26%. Isso significa que o gráfico disponibilizado pela metodologia AMMI explica 80,11% da variação total da interação G x A em PC.

Figura 4 – Representação gráfica (AMMI1) para Produtividade Comercial (PC) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4).



Fonte: Próprio autor.

Como foi feito os ajustes dos dados, já relatado na metodologia do trabalho, os valores correspondentes às médias (Figura 4 e 5) estão representados conforme os dados já transformados, não representando os valores em  $t\ ha^{-1}$ .

Segundo Duarte e Vencovsky (1999), em um gráfico AMMI, os genótipos e ambientes que estão localizados próximos à origem dos eixos são considerados mais estáveis do que os genótipos mais afastados, portanto, contribuem menos para a interação. Assim, os genótipos mais estáveis, ou seja, que sofrem menos variação ambiental, são: G9 (CERAT16-29), G14 (CERAT21-10), G21 (CERAT24-06), G36 (CERAT29-26), G42 (CERAT31-14), G47 (CERAT34-15), G58 (CERAT35-19), G68 (CERAT37-25), G71 (CERAT51-13), G74 (CERAT51-33) (Figura 5).

Pensando em programas de melhoramento genético, para que uma cultivar possa ser recomendada, esta deve apresentar bom desempenho produtivo, demonstrando-se adaptável à região de cultivo. Nesse sentido, os genótipos mais

adaptados ao A1 são: G2 (CERAT16-02), G27 (CERAT25-23), G34 (CERAT29-23), G36 (CERAT29-26) e G72 (CERAT51-27). Para o A2, os genótipos mais adaptados foram: G36 (CERAT29-26), G50 (CERAT34-14), G51 (CERAT34-15), G81 (CERAT55-20) e G89 (CERAT56-32). Os genótipos CERAT21-05, CERAT29-23 e CERAT29-26 podem ser recomendados para os ambientes 1 e 2 conjuntamente (Figura 5).

O ambiente com melhores médias em PC foi o A2 (Figura 4), representando o município de Selvíria. Durante toda a condução do trabalho, foi constatado no A2 o melhor desempenho produtivo dos genótipos avaliados quando comparado aos demais ambientes. Isso pode ser resultado dos tratos culturais específicos realizados apenas nesse ambiente. Porém, mesmo sendo o mais produtivo, o A2 é o mais instável, conjuntamente com o ambiente A1 (Vera Cruz) (Figura 4).

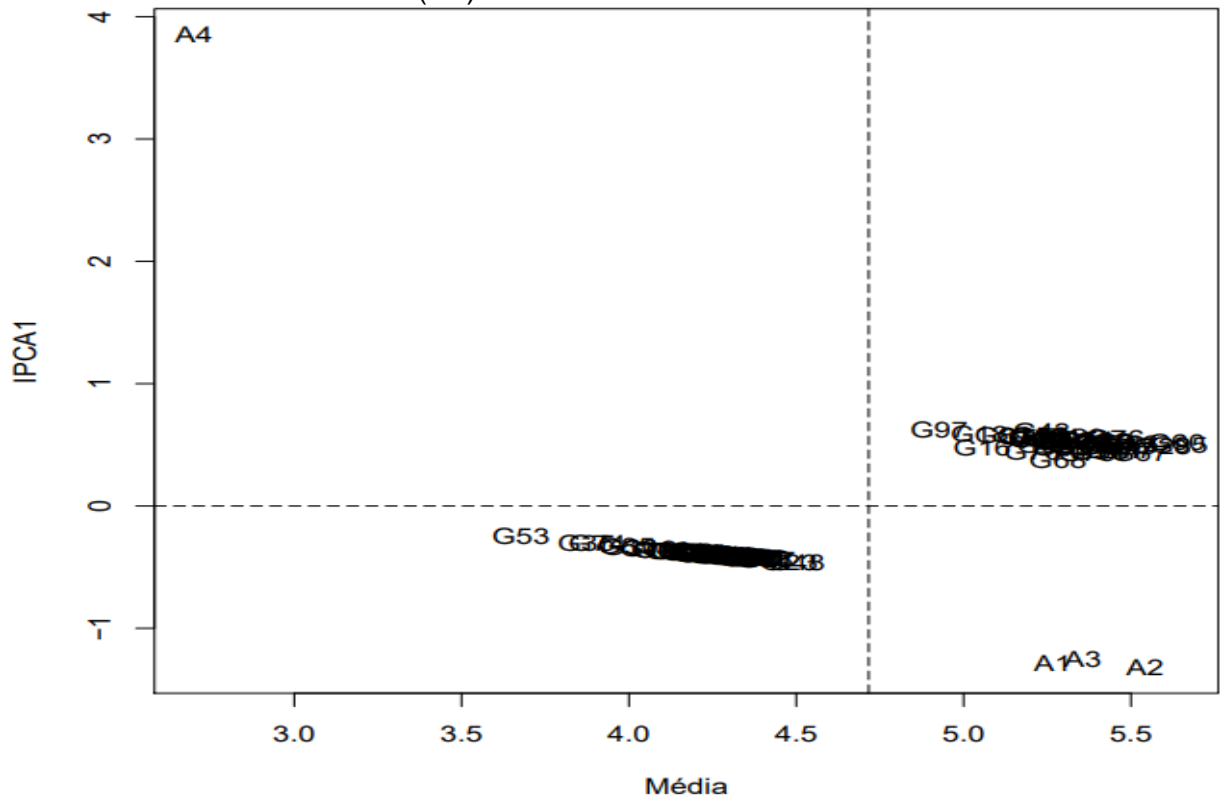
Diversos genótipos demonstraram-se superiores à média, e buscando os que demonstrem melhor produtividade e estabilidade em PC, os mais promissores foram G12 (CERAT21-05), G16 (CERAT21-13), G36 (CERAT29-26), G89 (CERAT56-32), G90 (CERAT60-05), ambos com as melhores médias de produtividade e próximos ao eixo do IPCA1 (Figura 4).

Os ambientes 3 e 4 demonstram-se como os mais estáveis em relação à PC (Figura 5). Coincidentemente, ambos foram os ambientes com menores médias nesse caractere, A3 ( $3,32 \text{ t ha}^{-1}$ ) e A4 ( $0,66 \text{ t ha}^{-1}$ ) (Tabela 4), indicando que essa estabilidade não possui relação positiva com a adaptabilidade dos genótipos. Como os ambientes 3 e 4 estão muito próximos (Figura 5), os genótipos adaptados e recomendados em um ambiente podem ser considerados os mesmos para o outro, abrindo assim, a possibilidade de estratificação ambiental, reduzindo o número de experimentos necessários para um próximo ciclo de avaliação, e conseqüentemente, reduzindo custos.

De acordo com Gauch e Zobel (1997), a proximidade dos genótipos e dos ambientes em qualquer área representada no gráfico, demonstra a adaptabilidade específica de determinado genótipo a esse ambiente. Dessa forma, os genótipos mais adaptados para o A3 e A4 são G4 (CERAT16-05), G40 (CERAT31-10), G42 (CERAT31-14), G58 (CERAT35-19), G64 (CERAT37-15) e G76 (CERAT52-22), sendo G42 (CERAT31-14) e G58 (CERAT35-19) os mais estáveis (Figura 5).



Figura 6 – Representação gráfica (AMMI1) para Teor de Massa Seca (TMS) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), sistema de produção orgânico em Sete Barras (A3), sistema de produção consorciado em Sete Barras (A4).



Fonte: Próprio autor.

Os ambientes 1, 2 e 3 agruparam-se no mesmo quadrante, indicando que não houve diferença entre eles, ao contrário do A4 que contribuiu para maior interação no caractere em questão (Figura 6). O A4 apresenta-se discrepante aos demais, porém, de forma negativa, demonstrando valores abaixo da média e totalmente instável, dificultando a seleção de genótipos nesse ambiente baseando-se no TMS.

Os genótipos mais estáveis em TMS são: G30 (CERAT29-06), G35 (CERAT29-24), G67 (CERAT37-23), G68 (CERAT37-25), G74 (CERAT51-33) e G85 (CERAT56-15). Não houve adaptação específica dos genótipos para nenhum dos quatro ambientes, porém os genótipos mais produtivos foram: G28 (CERAT25-24), G36 (CERAT29-26), G60 (CERAT35-21), G67 (CERAT37-23), G71 (CERAT51-13), G76 (CERAT52-22), G77 (CERAT52-25) e G95 (CERAT60-22).

Buscando genótipos que demonstrem boa produtividade e estabilidade conjuntamente, CERAT37-23 e CERAT37-25 demonstram-se promissores em TMS (Figura 6).

A representação gráfica de CP pela metodologia AMMI encontra-se na Figura 7. O primeiro componente principal (IPCA1) também foi o maior responsável pela interação (70,56%).

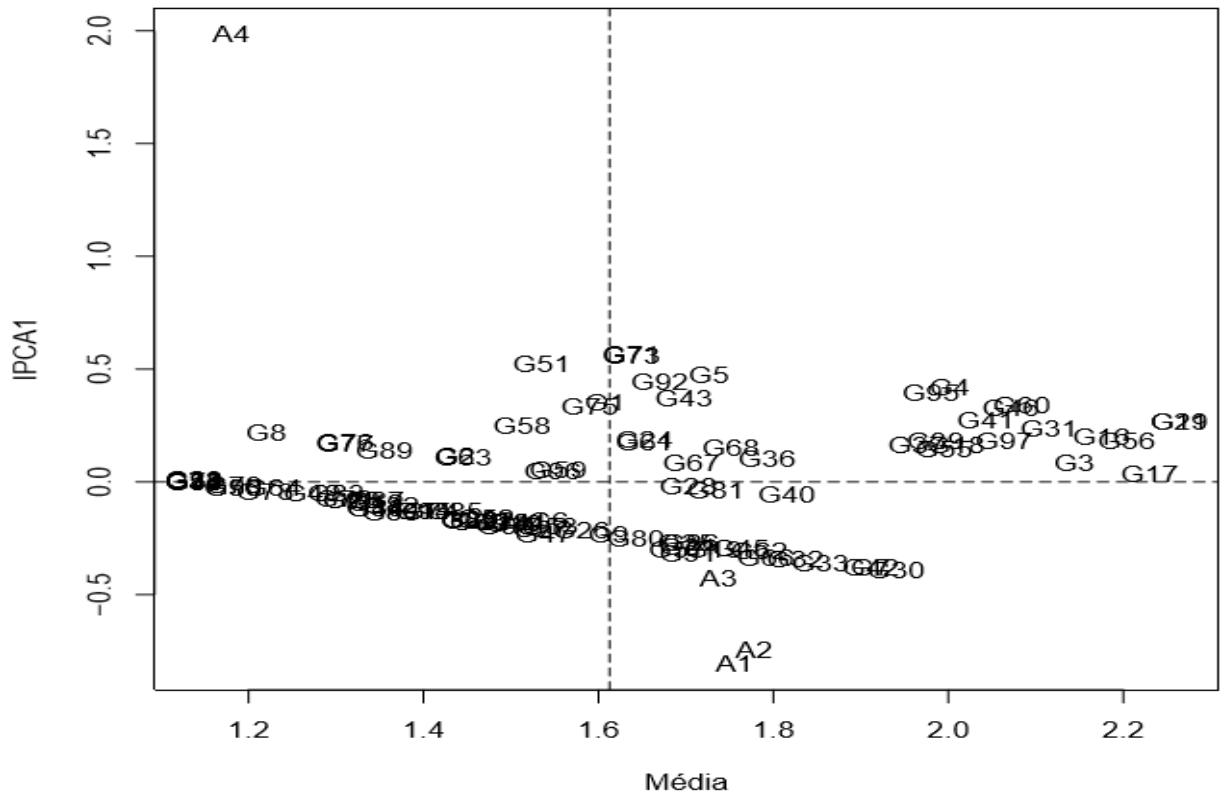
Em CP, houve uma estabilidade dos genótipos em geral, indicando que a coloração de polpa não tende a mudar conforme as variações do ambiente. Portanto, uma vez selecionado para CP, os genótipos não sofrerão alterações nesse caractere, facilitando assim, o próximo ciclo de seleção e possibilitando a redução do número de experimentos, resultando em redução de custos.

Novamente, os ambientes 1, 2 e 3 foram representados no mesmo quadrante, indicando pouco influência na interação (Figura 7). Nesse sentido, os genótipos recomendados para um ambiente, podem ser os mesmos para os outros dois, sendo G7 (CERAT16-18), G30 (CERAT29-06), G33 (CERAT29-22) e G42 (CERAT31-14) os mais adaptados aos três ambientes.

Dentre os genótipos mais estáveis, destacam-se: G17 (CERAT21-21), G28 (CERAT25-24), G34 (CERAT29-23), G48 (CERAT34-06), G54 (CERAT34-26), G64 (CERAT37-15), G72 (CERAT51-27) e G79 (CERAT55-18) G81 (CERAT55-20). Os genótipos com maiores médias, portanto, mais produtivos foram: G3 (CERAT16-03), G11 (CERAT21-04), G16 (CERAT21-13), G17 (CERAT21-21), G29 (CERAT25-27), G56 (CERAT35-05), ambos com médias representando CP alaranjada intensa. Vale ressaltar, novamente, que as médias representadas no gráfico estão conforme a transformação dos dados por  $\sqrt{x + 0,5}$ . Avaliando conjuntamente a produtividade e estabilidade, destacam-se em CP os genótipos G3 (CERAT16-03) e G17 (CERAT21-21) (Figura 7).

Como constatado em TMS (Figura 6), o A4 também foi o maior responsável pela interação G x A em CP (Figura 7), e em PC apresenta-se próximo ao A3 (Figura 5). Diante disso, levando em consideração as baixas médias obtidas no A4 avaliando os três caracteres principais (PC, TMS e CP) descritos na análise individual (Tabela 5), esse ambiente não demonstra-se apto ao cultivo de batata-doce, influenciando negativamente na análise de dados.

Figura 7 – Representação gráfica (AMMI1) para Coloração de Polpa (CP) de 97 genótipos de batata-doce avaliados em quatro ambientes: Vera Cruz (A1), Selvíria (A2), ambiente orgânico em Sete Barras (A3), ambiente consorciado em Sete Barras (A4).



Fonte: Próprio autor.

Um dos benefícios da utilização da metodologia AMMI é a fácil interpretação gráfica dos resultados, porém, devido ao grande conjunto de genótipos avaliados, essa interpretação ficou dificultada, remetendo ao que já foi relatado sobre a metodologia MHPRVG, ou seja, para que seja possível uma boa interpretação dos estudos de adaptabilidade e estabilidade deve ser realizada uma seleção prévia em apenas um local para que sejam selecionados os melhores genótipos para ensaios em outros locais, facilitando assim, a recomendação de novas cultivares.

Os resultados obtidos no presente estudo remetem ao que foi dito por Duarte e Vencovsky (1999) que relataram que a combinação de diferentes metodologias vem dando um novo enfoque no estudo da interação G x A.

Vale ressaltar que a cultivar 'Beauregard' não foi selecionada em nenhum caractere baseado na metodologia AMMI, apenas entre os 30 genótipos em produtividade comercial e coloração de polpa pelo método MHPRVG, indicando a

potencialidade dos genótipos avaliados no presente estudo em tornarem-se futuras cultivares comerciais de batata-doce.

## 5 CONCLUSÃO

- Existe variabilidade genética no conjunto de genótipos avaliados, podendo assim serem indicados e utilizados para cruzamentos e/ou para a recombinação em programas de melhoramento genético de batata-doce visando uma nova população melhorada.
- Na seleção prévia realizada no município de Selvíria-MS, os genótipos mais promissores, portanto, mais recomendados para a região de cultivo foram CERAT51-30, CERAT31-01, CERAT16-20 e CERAT21-02.
- Ficou evidenciada a interação entre os genótipos e ambiente, sendo possível a identificação dos ambientes propícios para o cultivo de batata-doce.
- O método AMMI forneceu informações que ajudaram a segregar os ambientes em estudo, revelando a incapacidade de produção do ambiente consorciado no município de Sete Barras (A4), minimizando assim, o número de experimentos necessários e reduzindo os custos.
- O emprego dos métodos MHPRVG e AMMI em conjunto, forneceu informações importantes para a tomada de decisão quanto aos genótipos a serem mantidos no programa de melhoramento.
- Os genótipos CERAT16-03, CERAT21-13, CERAT29-26 e CERAT52-22 foram os mais adaptados e estáveis em todos os ambientes avaliados baseado nas duas metodologias utilizadas.

## REFERÊNCIAS

- AMARO, G. B.; FERNANDES, F. R.; SILVA, G. O.; MELLO, A. F. S.; CASTRO, L. A. S. Desempenho de cultivares de batata doce na região do Alto Paranaíba-MG. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 286-291, 2017.
- AMARO, G. B.; TALAMINI, G. B.; FERNANDES, F. R.; SILVA, G. O.; MADEIRA, N. R. Desempenho de cultivares de batata-doce para rendimento e qualidade de raízes em Sergipe. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 14, n. 1, e5628, p. 1-6, 2019.
- ANNICCHIARICO, P. **Genotype x environment interaction**: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. Roma: FAO, 2002. 132p.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; ELSAYED, A. Y. A. M.; AZEVEDO, A. M.; SANTOS, E. A.; FERREIRA, M. A. M. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos de batata-doce. **Revista Scientia Agraria**, Curitiba, v. 19, n. 1, p. 28-35, 2018.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; VIANA, D. J. S.; PINTO, N. A. V. D.; RIBEIRO, K. G.; PEREIRA, R. C.; NEIVA, I. P.; AZEVEDO, A. M.; ANDRADE, P. C. R. Características produtivas e qualitativas de ramas e raízes de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 584-589, 2012.
- ARANTES, F. C. **Interação genótipo x ambiente, adaptabilidade e estabilidade em genótipos de cana-de-açúcar**. 2013. 94 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - UNESP, Jaboticabal, 2013.
- 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**, Brasília, v. 33, n. 1, p. 84-90, 2015. a
- 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, 2015. b
- BACIC, M. C.; VIDAL, E. P. Diversidade cultural do Vale do Ribeira: percepções de alunos do primeiro ano do ensino médio de uma escola pública de Jacupiranga/SP. **Ambiente & Educação - Revista de Educação Ambiental**, Rio Grande, v. 23, n. 2, p. 438-451, 2018.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

BLIND, A. D.; VALENTE, M. S. F.; LOPES, M. T. G.; RESENDE, M. D. V. Estimativa de parâmetros genéticos, análise de trilha e seleção em bucha vegetal para caracteres agrônômicos. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife v. 13, n. 2, p. 1-08, 2018.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009. 529 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2013. 523 p.

CARDOSO, A. D.; VIANA, A. E. S.; RAMOS, P. A. S.; MATSUMOTO, S. N.; AMARAL, C. I. F.; SEDIYAMA, T.; MORAIS, O. M. Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 4, p. 911-914, 2005.

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. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 2, p. 241-250, 2015.

CASTRO, C. A. O.; NUNES, A. C. P.; SANTOS, O. P.; RESENDE, R. T.; SANTOS, G. A.; RESENDE, M. D. V.; CRUZ, C. D. Comportamento da interação genótipos por locais aos três e nove anos em clones de eucalipto. **Scientia Forestalis**, Piracicaba, v. 46, n. 120, p. 594-605, 2018.

CECILIO FILHO, A. R.; NASCIMENTO, S. M. C.; VARGAS, P. F. Agronomic performance of sweet potato with different potassium fertilization rates. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 4, p. 588-592, 2016.

CRUZ, C. D. **Programa genes**: biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1994. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. rev. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise "AMMI". 9. ed. Ribeirão Preto: Série Monografias, 1999. 60 p.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Parnaíba, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

EDMOND, J. B.; AMMERMAN, G. R. **Sweet potatoes**: production, processing, marketing. Westport, Connecticut: AVI, 1971. 334 p.

FABRI, E. G. **Diversidade genética em acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam.) avaliada através de marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos**. 2008. 173f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz", Universidade de São Paulo - USP, Piracicaba, 2008.

FALEIRO, F. G.; RIBEIRO JÚNIOR, W. Q.; FARIAS NETO, A. L. de. Melhoramento genético de plantas e biotecnologia. In: FALEIRO, F. G.; DE ANDRADE, S. R. M.; REIS JUNIOR, F. B. dos (ed.) **Biotecnologia**: estado da arte e aplicações na agropecuária. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. cap. 18, p. 553-565.

FERREIRA, M. A. J. F. Recursos genéticos e melhoramento de hortaliças para e com a agricultura familiar. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 4, p. 508-508, 2014.

GARBUGLIO, D. D. **Metodologia de estratificação ambiental e adaptabilidade via análise de fatores associada aos efeitos genotípicos e de interação genótipos por ambientes**. 2010. 105 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

GAUCH, H. G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Nova York: Elsevier Science Publishers, 1992.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. Identifying mega-environments a targeting genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 2, p. 311-326, 1997.

GONÇALVES NETO, A. C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; MACIEL, G. M.; FERREIRA, R. P. D.; CARVALHO, R. C. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 713-719, 2012.

GUL, S.; KHAN, N. U.; BALOCH, M.; LATIF, A.; KHAN, I. A. Genotype by environment and phenotypic adaptability studies for yield and fiber variables in upland cotton. **Journal of Animal and Plant Sciences**, Nairobi, v. 26, n. 3, p. 776-786, 2016.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Washington, v.31, n. 2, p. 423-447, 1975.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Tabela 1612**: área plantada, área colhida, quantidade produzida, rendimento médio e valor da produção da lavoura temporária. Rio de Janeiro: IBGE, 2019. a.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Cidades**. Rio de Janeiro: IBGE, 2019. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/sp>. Acesso em 25 nov. 2019. b.

KERBAUY, G. **Fisiologia vegetal**. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2004.

LEONEL, M.; CEREDA, M. P. Caracterização físico-química de algumas tuberosas amiláceas. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 22, n. 1, p. 65-69, 2002.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 1, p. 193-198. 1988.

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, n. 2, p. 176-185, 2018.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 39, n. 1, p. 43–50, 2009.

MANDEL, J. A new analysis of variance model non-additive data. **Technometrics**, Alexandria, v. 13, n. 1, p. 1-18, 1971.

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 Agrônômica**, Ilha Solteira, v. 27, n. 2, p. 287-301, 2018.

MASSAROTO, J. A.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; FRANCO, H.D.; GASPARINO, C. F. Desempenho de clones de batata-doce. **Ambiência**, Guarapuava, v. 10, n. 1, p. 73-81, 2014.

McCUBBIN, A. G.; KAO, T. H. Molecular recognition and response in pollen and pistil interactions. **Annual Review of Cell and Developmental Biology**, Palo Alto, v. 16, n. 1, p. 333-364, 2000.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GARBUGLIO, D. D.; JUNIOR, N. S. F. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 11, p. 1567-1575, 2007.

MILAGRES, R. C. R. M.; NUNES, L. C.; PINHEIRO-SANT'ANA, H. M. A. Deficiência de vitamina A em crianças no Brasil e no mundo. **Revista Ciência e Saúde Coletiva**, Rio de Janeiro, v. 12, n. 5, p.1253-1266, 2007.

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.

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento**: plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

ODA, S.; MELLO, E.J.; SILVA, J.F.; SOUZA, I.C G. Melhoramento florestal. In: BORÉM, A. **Biotecnologia florestal**. Viçosa: Editora UFV, 2007. p. 123-142.

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**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 576-582, 2002.

OLIVEIRA, A. P.; OLIVEIRA, M. R. T.; 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 ureia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 4, p. 925-928, 2005.

OLIVEIRA, I. F.; ATROCH, A. L.; DIAS, M. C.; GUIMARÃES, L. J.; GUIMARÃES, P. E. O. Seleção de cultivares de milho quanto à produtividade, estabilidade e adaptabilidade no Amazonas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 52, n. 6, 2017.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. de; DEL PELOSO, M. J.; WENDLAND, A. Estratificação ambiental na avaliação de genótipos de feijoeiro-comum tipo carioca em Goiás e no Distrito Federal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, p.554-562, 2010.

PEREIRA JÚNIOR, L. R.; OLIVEIRA, A. P.; GAMA, J. S. N.; CAMPOS, V. B.; PRAZERES, S. S. Parcelamento do esterco bovino na produção de batata-doce. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, Mossoró, v. 3, n. 3, p. 12-16, 2008.

PIMENTEL GOMES, G.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309 p.

RAMALHO, A. P. R.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.

RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN - REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016.

RIGO, D. **Avaliação de cultivares de batata doce nas condições edafoclimáticas do município de Concórdia, Oeste Catarinense**. 2018. 43 f. Dissertação (Mestrado Profissional em Olericultura) - Instituto Federal Goiano, Morrinhos, 2018.

RITSCHER, P. S.; HUAMÁN, Z.; LOPES, C. A.; MENÊZES, J. E.; TORRES, A. C. **Catálogo de germoplasma de batata-doce**: coleção mantida pela Embrapa Hortaliças. Brasília: EMBRAPA – CNPH, 1999. 47 p.

ROESLER, P. V. S. P.; GOMES, S. D.; MORO, E.; KUMMER, A. C. B.; CEREDA, M. P. Produção e qualidade de raiz tuberosa de cultivares de batata-doce no oeste do Paraná. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 30, n. 1, p. 117-122, 2008.

ROMAGOSA, I.; FOX, P.N. Genotype x environment interaction and adaptation. In: HAYWARD, M. D., BOSEMARK, N.O.; ROMAGOSA, I. (ed.) **Plant breeding**, Berlin, principles and prospects. London: Chapman & Hall, 1993. p. 374-390.

SANTANA, A. D. D.; ARRIGONI-BLANK, M. F.; BLANK, A. F.; ANDRADE, T. M.; TAVARES, F. F.; ALVES, R. P.; SANTANA, A. D. Produção de mudas de batata-doce em função da posição da folha e de diferentes concentrações de AIB. **Revista Scientia Plena**, Sergipe, v. 11, n. 7, p. 1-10, 2015.

SANTOS, C. L. R.; ARAÚJO, C. V.; LAUREANO, M. M. M.; ARAÚJO, S. I.; LÔBO, R. B. Genotype environment interaction on the weight gain of animals of the Nelore breed in the Midwest. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 71, n. 5, p. 165-170, 2019. Disponível em [http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0102-09352019000501695&lng=en&nrm=iso](http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-09352019000501695&lng=en&nrm=iso). Acesso em 23 nov. 2019.

SANTOS NETO, A. R.; SILVA, T. O.; BLANK, A. F.; SILVA, J. O.; ARAÚJO FILHO, R. N. Produtividade de clones de batata doce em função de doses de nitrogênio. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 3, p. 445-452, 2017.

SCHLEGEL, R. H. J. **Encyclopedic dictionary of plant breeding and related subjects**. Nova York: Haworth Press, 2003, 563 p.

SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D. Análise da adaptabilidade e estabilidade do milho pelos métodos de Eberhart e Russel e de Annicchiarico. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 52, n. 299, p. 45-58, 2005.

SICILIANO, I.; WATANABE, E.; CARVALHO, J. L. V.; NUTTI, R. M.; MELO, W. Teor de carotenóides totais e beta-caroteno em bolo biofortificado com batata-doce de polpa alaranjada. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE ALIMENTOS: POTENCIALIDADES, DESAFIOS E INOVAÇÕES, 22., 2010, Salvador. **Anais [...]** Salvador: SBCTA, 2010.

SILVA, G. O.; PONIJALEKI, R.; SUINAGA, F. A. Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando caracteres fenotípicos de raiz. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 595-599, 2012.

SILVA, J.; FERREIRA, P. V.; OLIVEIRA, F. S.; TEIXEIRA, J. S.; SILVA, M. T.; SANTOS, D. G. Características de raízes tuberosas de clones de batata-doce por meio de técnicas multivariadas para seleção de genótipos superiores. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, Pombal, v. 13, n. 1, p. 33-38, 2018.

SILVA, J. B. C.; LOPES, C. A.; MIRANDA, J. E. C.; FRANCA, F. H.; CARRIJO, O. A.; SOUZA, A. F.; PEREIRA, W. **Cultivo da batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam)**. Brasília, DF: EMBRAPA-CNPq, 1995, 18 p.

SILVA, J. B. C.; LOPES, C. A.; MAGALHÃES, J. S. **Batata-doce (*Ipomoea batatas*)**. 2008. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2008. (Embrapa Hortaliças. Sistemas de Produção). Disponível em: <https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/> . Acesso em: 20 nov. 2019.

SILVA, R. G. V. **Caracterização físico-química de farinha de batata-doce para produtos de panificação**. 2010. 71 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Alimentos) - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, 2010.

SILVA, R. S. **Adaptabilidade e estabilidade genotípica de linhagens de algodoeiro herbáceo para as condições do Semiárido Nordeste**. 2019. 76 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande, 2019.

SILVA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

SOARES, K. T.; MELO, A. S.; MATIAS, E. C. **A cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam)**. João Pessoa: EMEPA-PB, 2002. 26 p.

SOUZA, A.B. Avaliação de cultivares de batata-doce quanto a atributos agrônômicos desejáveis. **Ciências Agrotécnicas**, Lavras, v. 24, n. 4, p. 841-845, 2000.

VASCONCELOS, F. M. T.; VASCONCELOS, R. A.; LUZ, L. N.; CABRAL, N. T.; OLIVEIRA, JÚNIOR, L.; SANTIAGO, A. D.; SANTOS, R. C. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos eretos de amendoim cultivados nas regiões Nordeste e Centro-Oeste. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 45, n. 8, p. 1375-1380, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. C. Uma avaliação do potencial de diferentes locais para a discriminação genotípica entre cultivares de milho (*Zea mays* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 2, p. 323-334, 1990.

VIEIRA, A. D.; MIRANDA, V. C.; ALVES, A. F.; TAVARES, A. T.; MOMENTÉ, V. G. Agronomic evaluation of clones of sweet potato with potential for ethanol production. **Applied Research & Agrotechnology**, Guarapuava, v. 8, n. 1, p. 69-74, 2015.

YOKOMIZO, G. K.; DIAS, J. S. A.; DIAS, C. T. S.; HONGYU, K. AMMI analysis on vegetative characters from banana genotypes in Amapá. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 59, n. 1, p. 1-8, 2016.

ZOBEL, R W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy journal**, Madison, v. 80, n. 3, p. 388-393, 1988.

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continua.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
1	CERAT16-01	MUSG014017-12
2	CERAT16-02	MUSG014017-12
3	CERAT16-03	MUSG014017-12
4	CERAT16-08	MUSG014017-12
5	CERAT16-12	MUSG014017-12
6	CERAT16-15	MUSG014017-12
7	CERAT16-18	MUSG014017-12
8	CERAT16-21	MUSG014017-12
9	CERAT16-22	MUSG014017-12
10	CERAT16-29	MUSG014017-12
11	CERAT21-01	MUSG014065-8
12	CERAT21-04	MUSG014065-8
13	CERAT21-05	MUSG014065-8
14	CERAT21-06	MUSG014065-8
15	CERAT21-10	MUSG014065-8
16	CERAT21-11	MUSG014065-8
17	CERAT21-13	MUSG014065-8
18	CERAT21-21	MUSG014065-8
19	CERAT21-23	MUSG014065-8
20	CERAT21-25	MUSG014065-8
21	CERAT21-26	MUSG014065-8
22	CERAT21-27	MUSG014065-8
23	CERAT24-06	MUSG014015-12
24	CERAT24-25	MUSG014015-12
25	CERAT24-26	MUSG014015-12
26	CERAT24-27	MUSG014015-12
27	CERAT24-31	MUSG014015-12
28	CERAT24-32	MUSG014015-12
29	CERAT25-23	MUSG15021-12
30	CERAT25-24	MUSG15021-12
31	CERAT25-27	MUSG15021-12
32	CERAT29-06	MUSG15043-7
33	CERAT29-13	MUSG15043-7
34	CERAT29-18	MUSG15043-7
35	CERAT29-22	MUSG15043-7
36	CERAT29-23	MUSG15043-7
37	CERAT29-24	MUSG15043-7
38	CERAT29-26	MUSG15043-7

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
39	CERAT29-27	MUSG15043-7
40	CERAT29-28	MUSG15043-7
41	CERAT31-04	MUSG012046-12
42	CERAT31-10	MUSG012046-12
43	CERAT31-11	MUSG012046-12
44	CERAT31-14	MUSG012046-12
45	CERAT31-16	MUSG012046-12
46	CERAT31-18	MUSG012046-12
47	CERAT31-20	MUSG012046-12
48	CERAT31-21	MUSG012046-12
49	CERAT34-04	MUSG01129-8
50	CERAT34-05	MUSG01129-8
51	CERAT34-06	MUSG01129-8
52	CERAT34-09	MUSG01129-8
53	CERAT34-14	MUSG01129-8
54	CERAT34-15	MUSG01129-8
55	CERAT34-21	MUSG01129-8
56	CERAT34-22	MUSG01129-8
57	CERAT34-26	MUSG01129-8
58	CERAT34-27	MUSG01129-8
59	CERAT35-05	MUSG0120101-85
60	CERAT35-10	MUSG0120101-85
61	CERAT35-13	MUSG0120101-85
62	CERAT35-19	MUSG0120101-85
63	CERAT35-20	MUSG0120101-85
64	CERAT35-21	MUSG0120101-85
65	CERAT35-22	MUSG0120101-85
66	CERAT35-23	MUSG0120101-85
67	CERAT37-14	MUSG012041-10
68	CERAT37-15	MUSG012041-10
69	CERAT37-17	MUSG012041-10
70	CERAT37-19	MUSG012041-10
71	CERAT37-23	MUSG012041-10
72	CERAT37-25	MUSG012041-10
73	CERAT51-05	MCKSG13003-1292
74	CERAT51-06	MCKSG13003-1292
75	CERAT51-13	MCKSG13003-1292
76	CERAT51-27	MCKSG13003-1292
77	CERAT51-31	MCKSG13003-1292
78	CERAT51-33	MCKSG13003-1292

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
79	CERAT52-01	MCKSGL13002-779
80	CERAT52-22	MCKSGL13002-779
81	CERAT52-25	MCKSGL13002-779
82	CERAT55-02	MCKSG13003-1295
83	CERAT55-18	MCKSG13003-1295
84	CERAT55-19	MCKSG13003-1295
85	CERAT55-20	MCKSG13003-1295
86	CERAT55-21	MCKSG13003-1295
87	CERAT56-01	MCKSGL13004-1476
88	CERAT56-14	MCKSGL13004-1476
89	CERAT56-15	MCKSGL13004-1476
90	CERAT56-23	MCKSGL13004-1476
91	CERAT56-29	MCKSGL13004-1476
92	CERAT56-30	MCKSGL13004-1476
93	CERAT56-32	MCKSGL13004-1476
94	CERAT60-05	MGSG11003-3
95	CERAT60-06	MGSG11003-3
96	CERAT60-07	MGSG11003-3
97	CERAT60-09	MGSG11003-3
98	CERAT60-11	MGSG11003-3
99	CERAT60-22	MGSG11003-3
100	CERAT60-26	MGSG11003-3
101	Beauregard	-
102	CERAT16-06	MUSG014017-12
103	CERAT16-10	MUSG014017-12
104	CERAT16-11	MUSG014017-12
105	CERAT16-16	MUSG014017-12
106	CERAT16-17	MUSG014017-12
107	CERAT16-19	MUSG014017-12
108	CERAT16-27	MUSG014017-12
109	CERAT21-02	MUSG014065-8
110	CERAT21-14	MUSG014065-8
111	CERAT24-02	MUSG014015-12
112	CERAT24-03	MUSG014015-12
113	CERAT24-04	MUSG014015-12
114	CERAT24-05	MUSG014015-12
115	CERAT24-08	MUSG014015-12
116	CERAT24-09	MUSG014015-12
117	CERAT24-22	MUSG014015-12

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
118	CERAT24-29	MUSG014015-12
119	CERAT24-30	MUSG014015-12
120	CERAT25-01	MUSG15021-12
121	CERAT25-02	MUSG15021-12
122	CERAT25-04	MUSG15021-12
123	CERAT25-09	MUSG15021-12
124	CERAT25-10	MUSG15021-12
125	CERAT25-13	MUSG15021-12
126	CERAT25-22	MUSG15021-12
127	CERAT25-25	MUSG15021-12
128	CERAT26-01	MCKSG0820-8
129	CERAT26-03	MCKSG0820-8
130	CERAT26-04	MCKSG0820-8
131	CERAT26-06	MCKSG0820-8
132	CERAT26-08	MCKSG0820-8
133	CERAT26-10	MCKSG0820-8
134	CERAT26-11	MCKSG0820-8
135	CERAT26-28	MCKSG0820-8
136	CERAT26-29	MCKSG0820-8
137	CERAT26-32	MCKSG0820-8
138	CERAT26-34	MCKSG0820-8
139	CERAT29-03	MUSG15043-7
140	CERAT29-04	MUSG15043-7
141	CERAT29-05	MUSG15043-7
142	CERAT29-08	MUSG15043-7
143	CERAT29-14	MUSG15043-7
144	CERAT29-15	MUSG15043-7
145	CERAT29-17	MUSG15043-7
146	CERAT29-19	MUSG15043-7
147	CERAT29-25	MUSG15043-7
148	CERAT31-02	MUSG012046-12
149	CERAT31-05	MUSG012046-12
150	CERAT31-08	MUSG012046-12
151	CERAT31-12	MUSG012046-12
152	CERAT31-15	MUSG012046-12
153	CERAT34-01	MUSG01129-8
154	CERAT34-11	MUSG01129-8
155	CERAT34-13	MUSG01129-8

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
156	CERAT34-18	MUSG01129-8
157	CERAT34-23	MUSG01129-8
158	CERAT34-25	MUSG01129-8
159	CERAT35-01	MUSG0120101-85
160	CERAT35-02	MUSG0120101-85
161	CERAT35-03	MUSG0120101-85
162	CERAT35-14	MUSG0120101-85
163	CERAT35-15	MUSG0120101-85
164	CERAT35-17	MUSG0120101-85
165	CERAT37-02	MUSG012041-10
166	CERAT37-04	MUSG012041-10
167	CERAT37-07	MUSG012041-10
168	CERAT37-12	MUSG012041-10
169	CERAT37-16	MUSG012041-10
170	CERAT37-18	MUSG012041-10
171	CERAT37-20	MUSG012041-10
172	CERAT37-21	MUSG012041-10
173	CERAT37-24	MUSG012041-10
174	CERAT37-26	MUSG012041-10
175	CERAT51-02	MCKSG13003-1292
176	CERAT51-03	MCKSG13003-1292
177	CERAT51-04	MCKSG13003-1292
178	CERAT51-08	MCKSG13003-1292
179	CERAT51-12	MCKSG13003-1292
180	CERAT51-14	MCKSG13003-1292
181	CERAT51-15	MCKSG13003-1292
182	CERAT51-17	MCKSG13003-1292
183	CERAT51-28	MCKSG13003-1292
184	CERAT51-29	MCKSG13003-1292
185	CERAT51-30	MCKSG13003-1292
186	CERAT51-32	MCKSG13003-1292
187	CERAT51-34	MCKSG13003-1292
188	CERAT52-02	MCKSGL13002-779
189	CERAT52-04	MCKSGL13002-779
190	CERAT52-05	MCKSGL13002-779
191	CERAT52-07	MCKSGL13002-779
192	CERAT52-09	MCKSGL13002-779

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
193	CERAT52-10	MCKSGL13002-779
194	CERAT52-14	MCKSGL13002-779
195	CERAT52-18	MCKSGL13002-779
196	CERAT52-21	MCKSGL13002-779
197	CERAT52-23	MCKSGL13002-779
198	CERAT52-24	MCKSGL13002-779
199	CERAT52-26	MCKSGL13002-779
200	CERAT52-27	MCKSGL13002-779
201	CERAT52-28	MCKSGL13002-779
202	CERAT55-01	MCKSG13003-1295
203	CERAT55-03	MCKSG13003-1295
204	CERAT55-08	MCKSG13003-1295
205	CERAT55-11	MCKSG13003-1295
206	CERAT55-12	MCKSG13003-1295
207	CERAT55-13	MCKSG13003-1295
208	CERAT55-15	MCKSG13003-1295
209	CERAT55-22	MCKSG13003-1295
210	CERAT55-26	MCKSG13003-1295
211	CERAT56-09	MCKSGL13004-1476
212	CERAT56-11	MCKSGL13004-1476
213	CERAT56-16	MCKSGL13004-1476
214	CERAT56-22	MCKSGL13004-1476
215	CERAT56-24	MCKSGL13004-1476
216	CERAT56-27	MCKSGL13004-1476
217	CERAT56-31	MCKSGL13004-1476
218	CERAT56-33	MCKSGL13004-1476
219	CERAT56-34	MCKSGL13004-1476
220	CERAT56-35	MCKSGL13004-1476
221	CERAT60-01	MGSG11003-3
222	CERAT60-02	MGSG11003-3
223	CERAT60-12	MGSG11003-3
224	CERAT60-16	MGSG11003-3
225	CERAT60-18	MGSG11003-3
226	CERAT60-19	MGSG11003-3
227	CERAT60-25	MGSG11003-3
228	CERAT60-27	MGSG11003-3
229	CERAT16-04	MUSG014017-12

**APÊNDICE A** - Relação dos genótipos avaliados na metodologia MHPRVG, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Conclusão.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
230	CERAT16-09	MUSG014017-12
231	CERAT16-13	MUSG014017-12
232	CERAT16-20	MUSG014017-12
233	CERAT16-23	MUSG014017-12
234	CERAT16-25	MUSG014017-12
235	CERAT21-07	MUSG014065-8
236	CERAT21-08	MUSG014065-8
237	CERAT21-15	MUSG014065-8
238	CERAT21-17	MUSG014065-8
239	CERAT21-18	MUSG014065-8
240	CERAT21-20	MUSG014065-8
241	CERAT21-22	MUSG014065-8
242	CERAT24-10	MUSG014015-12
243	CERAT24-11	MUSG014015-12
244	CERAT24-14	MUSG014015-12
245	CERAT24-15	MUSG014015-12
246	CERAT24-16	MUSG014015-12
247	CERAT24-17	MUSG014015-12
248	CERAT25-05	MUSG15021-12
249	CERAT25-06	MUSG15021-12
250	CERAT25-07	MUSG15021-12
251	CERAT25-08	MUSG15021-12
252	CERAT25-11	MUSG15021-12
253	CERAT25-12	MUSG15021-12
254	CERAT25-15	MUSG15021-12
255	CERAT25-17	MUSG15021-12
256	CERAT25-28	MUSG15021-12
257	CERAT29-09	MUSG15043-7
258	CERAT29-10	MUSG15043-7
259	CERAT29-11	MUSG15043-7
260	CERAT29-16	MUSG15043-7
261	CERAT31-09	MUSG012046-12
262	CERAT31-13	MUSG012046-12
263	CERAT21-27	MUSG014065-8
264	CERAT34-04	MUSG01129-8
265	CERAT35-04	MUSG0120101-85
266	CERAT35-06	MUSG0120101-85

**APÊNDICE B** – Relação dos genótipos avaliados na análise conjunta dos dados e metodologia AMMI, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continua.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
1	CERAT16-01	MUSG014017-12
2	CERAT16-02	MUSG014017-12
3	CERAT16-03	MUSG014017-12
4	CERAT16-08	MUSG014017-12
5	CERAT16-12	MUSG014017-12
6	CERAT16-15	MUSG014017-12
7	CERAT16-18	MUSG014017-12
8	CERAT16-21	MUSG014017-12
9	CERAT16-29	MUSG014017-12
10	CERAT21-01	MUSG014065-8
11	CERAT21-04	MUSG014065-8
12	CERAT21-05	MUSG014065-8
13	CERAT21-06	MUSG014065-8
14	CERAT21-10	MUSG014065-8
15	CERAT21-11	MUSG014065-8
16	CERAT21-13	MUSG014065-8
17	CERAT21-21	MUSG014065-8
18	CERAT21-23	MUSG014065-8
19	CERAT21-25	MUSG014065-8
20	CERAT21-26	MUSG014065-8
21	CERAT24-06	MUSG014015-12
22	CERAT24-25	MUSG014015-12
23	CERAT24-26	MUSG014015-12
24	CERAT24-27	MUSG014015-12
25	CERAT24-31	MUSG014015-12
26	CERAT24-32	MUSG014015-12
27	CERAT25-23	MUSG15021-12
28	CERAT25-24	MUSG15021-12
29	CERAT25-27	MUSG15021-12
30	CERAT29-06	MUSG15043-7
31	CERAT29-13	MUSG15043-7
32	CERAT29-19	MUSG15043-7
33	CERAT29-22	MUSG15043-7
34	CERAT29-23	MUSG15043-7
35	CERAT29-24	MUSG15043-7
36	CERAT29-26	MUSG15043-7
37	CERAT29-27	MUSG15043-7

**APÊNDICE B** – Relação dos genótipos avaliados na análise conjunta dos dados e metodologia AMMI, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Continuação.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
38	CERAT29-28	MUSG15043-7
39	CERAT31-04	MUSG012046-12
40	CERAT31-10	MUSG012046-12
41	CERAT31-11	MUSG012046-12
42	CERAT31-14	MUSG012046-12
43	CERAT31-16	MUSG012046-12
44	CERAT31-18	MUSG012046-12
45	CERAT31-20	MUSG012046-12
46	CERAT31-21	MUSG012046-12
47	CERAT34-05	MUSG01129-8
48	CERAT34-06	MUSG01129-8
49	CERAT34-09	MUSG01129-8
50	CERAT34-14	MUSG01129-8
51	CERAT34-15	MUSG01129-8
52	CERAT34-21	MUSG01129-8
53	CERAT34-22	MUSG01129-8
54	CERAT34-26	MUSG01129-8
55	CERAT34-27	MUSG01129-8
56	CERAT35-05	MUSG0120101-85
57	CERAT35-10	MUSG0120101-85
58	CERAT35-19	MUSG0120101-85
59	CERAT35-20	MUSG0120101-85
60	CERAT35-21	MUSG0120101-85
61	CERAT35-22	MUSG0120101-85
62	CERAT35-23	MUSG0120101-85
63	CERAT37-14	MUSG012041-10
64	CERAT37-15	MUSG012041-10
65	CERAT37-17	MUSG012041-10
66	CERAT37-19	MUSG012041-10
67	CERAT37-23	MUSG012041-10
68	CERAT37-25	MUSG012041-10
69	CERAT51-05	MCKSG13003-1292
70	CERAT51-06	MCKSG13003-1292
71	CERAT51-13	MCKSG13003-1292
72	CERAT51-27	MCKSG13003-1292
73	CERAT51-31	MCKSG13003-1292
74	CERAT51-33	MCKSG13003-1292
75	CERAT52-01	MCKSGL13002-779
76	CERAT52-22	MCKSGL13002-779
77	CERAT52-25	MCKSGL13002-779

**APÊNDICE B** – Relação dos genótipos avaliados na análise conjunta dos dados e metodologia AMMI, identificação numérica, código de identificação e parental materno dos genótipos. Conclusão.

<b>Genótipo</b>	<b>Identificação</b>	<b>Parental Materno</b>
78	CERAT55-02	MCKSG13003-1295
79	CERAT55-18	MCKSG13003-1295
80	CERAT55-19	MCKSG13003-1295
81	CERAT55-20	MCKSG13003-1295
82	CERAT55-21	MCKSG13003-1295
83	CERAT56-01	MCKSGL13004-1476
84	CERAT56-14	MCKSGL13004-1476
85	CERAT56-15	MCKSGL13004-1476
86	CERAT56-23	MCKSGL13004-1476
87	CERAT56-29	MCKSGL13004-1476
88	CERAT56-30	MCKSGL13004-1476
89	CERAT56-32	MCKSGL13004-1476
90	CERAT60-05	MGSG11003-3
91	CERAT60-06	MGSG11003-3
92	CERAT60-07	MGSG11003-3
93	CERAT60-09	MGSG11003-3
94	CERAT60-11	MGSG11003-3
95	CERAT60-22	MGSG11003-3
96	CERAT60-26	MGSG11003-3
97	Beauregard	-