

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS

Programa de Pós-Graduação em Agronomia



Tese

Parâmetros genéticos, respostas associadas ao déficit hídrico e estrutura populacional em germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.)

Angela Rohr

Pelotas, 2016

Angela Rohr

Parâmetros genéticos, respostas associadas ao déficit hídrico e estrutura populacional em germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.)

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Doutora em Ciências (área do conhecimento: Fitomelhoramento).

Orientadora: Caroline Marques Castro – Embrapa Clima Temperado

Co-Orientador: Arione da Silva Pereira – Embrapa Clima Temperado

Co-Orientador: Luciano Carlos da Maia – Universidade Federal de Pelotas

Pelotas, 2016

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

R739p Rohr, Angela

Parâmetros genéticos, respostas associadas ao déficit hídrico e estrutura populacional em germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) / Angela Rohr ; Caroline Marques Castro, orientador ; Arione da Silva Pereira, Luciano Carlos da Maia, coorientadores. — Pelotas, 2016.
127 f.

Tese (Doutorado) — Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2016.

1. Estresse abiótico. 2. Fenotipagem. 3. Genotipagem. 4. Seca. 5. Estrutura de população. I. Castro, Caroline Marques, orient. II. Pereira, Arione da Silva, coorient. III. Maia, Luciano Carlos da, coorient. IV. Título.

CDD : 633.491

Banca examinadora:

Dra. Caroline Marques Castro – Embrapa Clima Temperado (presidente)

Dr. Antonio Costa de Oliveira – Departamento de Fitotecnia - FAEM/UFPEl

Dr. Giovani Greigh de Brito - Embrapa Clima Temperado

Dra. Larissa Pereira de Castro Vendrame - Embrapa Hortaliças

Aos meus pais Irineu e Ivete

Dedico

Agradecimentos

À Deus por sempre guiar o meu caminho, pela família querida que tenho e por ter me colocado junto a pessoas tão especiais durante este período de doutorado, que fizeram com que essa caminhada fosse de muito aprendizado e crescimento.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia da UFPel, pela oportunidade de realização do curso.

À CAPES/Embrapa, pela bolsa de estudos.

À Embrapa Clima Temperado pela oportunidade e infraestrutura disponibilizada ao desenvolvimento deste trabalho e ao CNPq pelo apoio financeiro ao projeto de melhoramento de batata.

Agradeço especialmente aos meus pais, Irineu e Ivete, por acreditarem na educação, pela oportunidade de poder estudar, vocês são meus maiores exemplos de trabalho e de amor. Aos meus irmãos Luiz Felipe, Airton e Andrea pelo incentivo e amor incondicional. Ao meu sobrinho Oscar que chegou para alegrar nossas vidas. Ao Marcus Fipke, pelo amor, paciência e por estar ao meu lado me apoiando durante essa caminhada.

À minha orientadora Caroline Marques Castro, pelo exemplo de pesquisadora, pelas oportunidades proporcionadas de crescimento profissional e por todo o aprendizado durante o período da pós-graduação. Muito obrigada Carol.

Aos professores Antonio Costa de Oliveira, Rosa Lía Barbieri e Luciano Carlos da Maia por todo o aprendizado durante o período de pós-graduação, bem como pela confiança depositada ao "abrirem as portas" para o mestrado, sou muito grata por isso, com certeza esta oportunidade mudou a minha vida.

Aos colegas e amigos pelos bons momentos durante esse período de doutorado, especialmente para Liane Thurow, Raquel Kneib, Silvia Scarioto, Priscila Marchi, Nacieli Marini, Daniela Priori, Mariana Kruger, Carolina Silveira, Carla Sigales, Claudete Mistura, Juliana Villela, Laerte Terres, Emerson Lenz, Francieli Cima, Dediel Rocha e Victor Casa.

Ao pessoal da Embrapa, especialmente para equipe da batata, o Dr. Arione da Silva Pereira por toda a ajuda, e pelos seus ensinamentos, a Fernanda, o Sérgio e Beto pela colaboração na realização do trabalho. Ao Dr. Carlos Reisser Júnior, ao

Dr. Giovani Brito e a Fabiane pela ajuda nas avaliações fisiológicas e a Natércia do LBM.

Ao Dr. David Douches por ter proporcionado momentos de muito aprendizado durante o período de doutorado sanduíche junto a *Michigan State University*, bem como o apoio de toda a sua equipe, especialmente gostaria de agradecer a Chen Zhang, Felix Enciso, Donna Kells, Norma Marinheiro, Joe Coombs, Kate McGlew, Bader Alsubaie e Maher Alsahlany. Thanks potato family.

Ao Dr. Gustavo de los Campos e toda a sua equipe pela ajuda nas análises estatísticas. Ao Maicon Nardino, Ricardo Valgas, Daniel Farias e Willian pela disponibilidade em ajudar a esclarecer dúvidas.

Enfim, a todos que de uma maneira ou outra contribuíram para a realização deste trabalho, meu muito obrigada.

“Se você deseja a paz, cultive a justiça.
Mas, ao mesmo tempo, cultive os campos
para produzir mais pão,
caso contrário não haverá paz”.

Norman Borlaug

Resumo

ROHR, Angela. **Parâmetros genéticos, respostas associadas ao déficit hídrico e estrutura populacional em germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.)**. 2016. 127f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2016.

Entre os estresses abióticos, o de seca pode ser considerado como o mais prejudicial para a produção de alimentos, especialmente para a batata, que é uma das culturas mais sensíveis ao déficit hídrico. O objetivo deste trabalho foi caracterizar ao nível morfo-fisiológico genótipos de batata submetidos ao déficit hídrico e verificar a estrutura de população do painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa. O primeiro capítulo mostra os resultados da fenotipagem ao nível morfo-fisiológico de 108 genótipos de batata que foram submetidos a duas condições hídricas: controle e seca, avaliados em 2012, 2013 e 2014. O experimento foi realizado em sistema hidropônico com o uso de polietilenoglicol, simulando um déficit hídrico de -0,129 Megapascal (MPa). As estimativas dos componentes de variância e a predição dos valores genotípicos foram realizadas utilizando o pacote lme4 do R. Como resultados deste primeiro capítulo pode-se observar que a herdabilidade, bem como a média das variáveis morfo-fisiológicas foram reduzidas quando os genótipos foram submetidos ao déficit hídrico. Foi possível também identificar genótipos superiores quando submetidos a condição de déficit hídrico bem como variáveis respostas importantes para a caracterização dos genótipos em condição de estresse por déficit hídrico. Dentre as variáveis avaliadas, destacam-se como importantes para critério de seleção direta a variável morfo-agronômica de peso seco total de tubérculos e para seleção indireta as variáveis de conteúdo de clorofila e de discriminação de isótopos de carbono que podem ser utilizadas para avaliar a tolerância a seca em batata. No segundo capítulo, 155 genótipos de batata, entre cultivares e clones avançados, foram genotipados utilizando um *chip* com 8303 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) da plataforma *Illumina Infinium Array*. As análises de dosagem alélica foram realizadas utilizando o pacote fitTetra e o Structure foi utilizado para verificar a estrutura populacional. Como resultados desse capítulo, pode-se observar que, 73% dos SNPs avaliados foram considerados de boa qualidade com base na a dosagem alélica. A análise de estrutura populacional identificou três sub-populações: I) genótipos diploides, pertencentes ao grupo Phureja; II) genótipos oriundos da cultivar Atlantic, com aptidão para processamento em forma de *chips*; III) germoplasma introduzido da Europa, englobando a maioria das cultivares e clones avançados do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, com genótipos que apresentam aptidão para mercado *in natura* e para processamento na forma de palitos pré-fritos.

Palavras chave: Estresse abiótico. Fenotipagem. Genotipagem. Seca. Estrutura de população.

Abstract

ROHR, Angela. **Genetic parameters, responses associated with drought and population structure in potato germplasm (*Solanum tuberosum* L.)**. 2016. 127f. Tese (Doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2016.

Drought stress is considered one of the worst stress for food production, especially for the potato crop. The goal of this work was to evaluate the response of potato genotypes to water deficit and characterize the genetic structure of the potato germplasm from Embrapa breeding program. The first chapter showed the phenotyping results from 108 potato genotypes under two water conditions: control and drought, evaluated in 2012, 2013 and 2014. The experiment was carried out in hydroponic culture using polyethyleneglycol (PEG) to simulate a water deficit of -0.129 MPa. The variance components and the genotypic values were calculated using the R package lme4. The results of the first chapter showed that heritability and means of the morpho-physiological traits were reduced under drought conditions. It was also possible to find good genotypes when evaluated under drought conditions. Among the evaluated traits, we were able to highlight the total tuber weight, as a direct selection criteria, and chlorophyll content and carbon isotope discrimination for indirect drought selection. These traits can be used to screen for potato drought tolerance genotypes. In the second chapter, 155 potato genotypes were genotyped using the Infinium 8303 Potato Array. The allelic dosage analysis was done using the fitTetra and, to assess the population structure the Structure was used. The results from this chapter showed that 73% of all SNPs were considered with good quality. The population structure showed the division of the germplasm among three populations: I) diploid genotypes, from Phureja group; II: germplasm from Atlantic introduction within the chip processing market class; III) germplasm introduction from Europe, and the cultivars and advanced breeding clones from potato breeding program of Embrapa, with genotypes for fresh market class and French fry processing.

Keywords: Abiotic stress. Phenotyping. Genotyping. Drought. Genetic structure.

Lista de Figuras

1 Estimativa dos componentes da variância para caracteres morfo-fisiológicos e predição de valores genotípicos de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.) submetidos ao déficit hídrico.

- Figura 1** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável DIT, com média geral de 59,28 dias após o plantio no controle (A) e de 57,06 na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 37
- Figura 2** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSPA, com a média geral de 58,07 g/planta no controle (A), e de 15,37 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 39
- Figura 3** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSR no controle, com média geral de 5,37 g/planta. Pelotas, 2016. _____ 40
- Figura 4** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSE no controle, com média geral de 3,31g/planta. Pelotas, 2016. _____ 40
- Figura 5** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável NTG, com média geral de 15,84 tubérculos por planta no controle (A) e 8,43 tubérculos por planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 42
- Figura 6** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável NTP, com média geral de 27,79 tubérculos por planta no controle (A) e 10,60 tubérculos por planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 43
- Figura 7** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável NTT, com média geral de 43,45 tubérculos por planta no controle (A) e de 19,08 tubérculos por planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 44
- Figura 8** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSTG, com média geral de 33,33 g/planta no controle (A) e 18,35 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 45
- Figura 9** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSTP, com média geral de 4,61 g/planta no controle (A) e 2,39 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 47
- Figura 10** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSTT, com média geral de 53,58 g/planta no controle (A) e 25,28 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 48

- Figura 11** Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PMT, com média geral de 1,58g no controle (A) e 1,18g na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 49
- Figura 12** Valores genotípicos preditos em 40 genótipos para a variável de conteúdo de clorofila no primeiro dia após o estresse (1DAE), aos 9DAE, 13DAE e 1 dia após a remoção do estresse. Pelotas, 2016. _____ 51
- Figura 13** Valores genotípicos preditos em 39 genótipos, para a variável de ajuste osmótico no primeiro dia após o estresse (1DAE) (A) e ao 14DAE (B). Pelotas, 2016. _____ 54
- Figura 14** Valores genotípicos preditos em 59 genótipos para a variável discriminação de isótopos de carbono, no controle (A) e na seca (B). Pelotas, 2016. _____ 55
- Figura 15** Dispersão de 108 genótipos de batata pela análise de componentes principais na condição hídrica controle para as variáveis morfo-agronômicas: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT) e peso médio de tubérculos (PMT). Pelotas, 2016. _____ 57
- Figura 16** Dispersão de 108 genótipos de batata pela análise de componentes principais na condição hídrica de seca para as variáveis morfo-agronômicas: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT) e peso médio de tubérculos (PMT). Pelotas, 2016. _____ 59
- Figura 17** Dispersão de 28 genótipos de batata pela análise de componentes principais para as seguintes variáveis fisiológicas: conteúdo de clorofila (CC) aos 1DAE, 9DAE, 13DAE e 1R, discriminação isotópica de carbono (DIC= ΔC) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE. Abreviatura das variáveis seguidas por 1=controle; 2=seca. Pelotas, 2016. _____ 60
- Figura 18** Correlação entre as variáveis: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos

(NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT), conteúdo de clorofila (CC) aos 1DAE, 9DAE, 13DAE E 1R, discriminação de isótopos de carbono ($DIC=\Delta C$) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE de 108 genótipos de batata. Abreviatura das variáveis seguidas por 1=controle; 2=seca. Barra de cores indica a magnitude da correlação. Pelotas, 2016._____63

2 Estrutura populacional do germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) com base em *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs)

- Figura 1** Número de subpopulações estimado pelo método de Evanno et al., (2005), utilizado na genotipagem de 155 genótipos de batata com marcadores moleculares do tipo SNPs. Pelotas, 2016._____90
- Figura 2** Estrutura populacional do painel de diversidade de batata da Embrapa composto por 155 genótipos, com base em 6086 SNPs considerando a dosagem alélica do modelo tetraplóide com $K=3$. Cada barra vertical representa um indivíduo e a porcentagem de adesão a cada subpopulação. Subpopulação I: verde; Subpopulação II: azul; Subpopulação III: vermelho. Pelotas, 2016._____91
- Figura 3** Porcentagem de adesão dos 155 genótipos avaliados em cada subpopulação, considerando um coeficiente de adesão $\geq 50\%$ e $K=3$. Pelotas, 2016._____94
- Figura 4** Estrutura populacional do painel de diversidade de batata da Embrapa composto por 155 genótipos, com base em 6086 SNPs considerando a dosagem alélica do modelo tetraplóide com $K=4$. Cada barra vertical representa um indivíduo e a porcentagem de adesão a cada subpopulação. Subpopulação I: verde; Subpopulação II: azul; Subpopulação III: vermelho. Pelotas, 2016._____95
- Figura 5** Porcentagem de adesão dos 155 genótipos avaliados em cada subpopulação, considerando um coeficiente de adesão $\geq 50\%$ e $K=4$. Pelotas, 2016._____96

Lista de Tabelas

1 Estimativa dos componentes da variância para caracteres morfo-fisiológicos e predição de valores genotípicos de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.) submetidos ao déficit hídrico.

- Tabela 1** Dados de temperatura (°C) média mensal registrada durante o período do experimento. Pelotas, 2016. _____ 23
- Tabela 2** Genealogia, ano de avaliação e origem dos genótipos de batata avaliados quanto a resposta ao déficit hídrico. Pelotas, 2016. _____ 24
- Tabela 3** Tabela com os valores dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os caracteres morfo-agronômicos e fisiológicos avaliados: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT), peso médio de tubérculos (PMT), conteúdo de clorofila (CC) nos seguintes dias após o estresse (DAE): 1DAE, 9DAE, 13DAE e na recuperação 1R, discriminação isotópica de carbono (ΔC) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE. M0: modelo simples; M1: modelo que considera a interação GxE. Pelotas, 2016 _____ 33
- Tabela 4** Estimativas dos componentes da variância, herdabilidade, acurácia e redução relativa para as variáveis: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT), conteúdo de clorofila (CC) no primeiro dia após o estresse (1DAE), no 9DAE, 13DAE e um dia após a remoção do estresse (1R), discriminação isotópica de carbono (ΔC) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE. Pelotas, 2016. _____ 35
- Tabela 5** Valores de autovetores de 11 variáveis morfo-agronômicas avaliadas no controle e de 9 variáveis avaliadas na seca. CP1= primeiro componente principal; CP2= segundo componente principal. Pelotas, 2016. _____ 58
- Tabela 6** Valores de autovetores de oito variáveis fisiológicas. Variáveis seguidas por 1=controle; variáveis seguidas por 2=seca. CP1= primeiro componente principal; CP2= segundo componente principal. Pelotas, 2016. _____ 61

2 Estrutura populacional do germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) com base em *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs)

Tabela 1 Identificação, genealogia e país de origem dos 155 genótipos de batata genotipados com SNPs. Pelotas, 2016. _____ 83

Sumário

Resumo	vii
Abstract	viii
Lista de Figuras	x
Lista de Tabelas	xiii
Introdução Geral	16
1 Estimativa dos componentes da variância para caracteres morfo-fisiológicos e predição de valores genotípicos de clones de batata (<i>Solanum tuberosum</i> L.) submetidos ao déficit hídrico	19
Resumo	19
1.1 Introdução	20
1.2 Material e Métodos	23
1.3 Resultados	32
1.4 Discussão	64
1.5 Referências	74
2 Estrutura populacional do germoplasma de batata (<i>Solanum tuberosum</i> L.) com base em <i>Single Nucleotide Polymorphism</i> (SNPs)	79
Resumo	79
2.1 Introdução	80
2.2 Material e Métodos	83
2.3 Resultados e discussão	89
2.4 Conclusões	99
2.5 Referências	100
3 Considerações finais	103
4 Referências Introdução Geral	103
5 Vitae	104
6 Apêndice	107

Introdução Geral

O déficit hídrico é um dos estresses abióticos mais devastadores, limitando a produção de alimentos (AMBROSONE et al., 2013). É considerado um dos principais desafios para a produção de batata (*Solanum tuberosum* L.) que para garantir alta produtividade, depende de um suplemento regular de água (SHI et al., 2015). De maneira geral, essa cultura consome de 300 a 800 mm de água durante todo o ciclo, dependendo principalmente, das condições meteorológicas predominantes (SILVA et al., 2013).

A batata tem sido cultivada em centenas de países. A produtividade média de batata no Brasil cresceu de 4,95 t.ha⁻¹ na década de 40 para 21,37 t.ha⁻¹, na última década, superando pela primeira vez a média mundial de 16,93 t.ha⁻¹. A produtividade média obtida na região tropical sempre foi mais alta que na subtropical, que pode ser atribuída ao maior uso de tecnologia. Nas últimas três décadas, esta diferença foi mais acentuada (SILVA, 2011). Em 2012, a produção mundial foi de 368 milhões de toneladas em uma área de 19,33 milhões de hectares, o que representa uma produtividade média de 18,9 t.ha⁻¹ (FAO, 2012). A produção brasileira de batata em 2014 foi de 3,745 milhões de toneladas, com uma área colhida de 131.538 ha, obtendo uma produtividade média de 28,47 t. ha⁻¹ (IBGE, 2015).

A batata tem sido cultivada principalmente na região Sudeste e Sul do Brasil, correspondendo a 50,7 e 40,5% da área plantada, respectivamente. Os principais Estados produtores são: Minas Gerais, Paraná, São Paulo, Rio Grande do Sul, Bahia e Goiás, correspondendo respectivamente a 32, 22, 20, 10, 8 e 5% da produção nacional (IBGE, 2015).

Um estudo sobre o efeito das alterações climáticas na produção mundial de batata foi realizado através de um modelo de simulação, utilizando os dados climáticos de 1961 a 1990. Com base nestes resultados, foram realizadas projeções das condições climáticas para os anos de 2010 a 2039. Nesta projeção, o Brasil aparece entre os países que apresentarão as maiores perdas, sendo estimado para mais de 20% a redução do potencial produtivo da batata (HIJMANS, 2003). Esse decréscimo se deve, principalmente, ao

aumento da temperatura e de episódios mais constantes de seca com potenciais consequências na segurança alimentar (MONNEVEUX et al., 2014).

Estudos em biotecnologia para melhorar a tolerância à seca dos cultivos agrícolas poderão trazer novas oportunidades nos próximos anos, mas seu impacto na agricultura irá depender principalmente do atual progresso no entendimento das bases fisiológicas e genéticas da tolerância à seca. A implementação, nos programas de melhoramento de um método eficiente de fenotipagem será essencial para garantir um impacto nas pesquisas para tolerância à seca (MONNEVEUX et al., 2014). A resposta fenotípica das plantas submetidas à seca está condicionada pelos efeitos interativos do potencial genético da planta, estágio de desenvolvimento e ambiente de cultivo (OBIDIEGWU, 2015).

Por muitos anos, nos programas de melhoramento visando maior tolerância a seca, o rendimento foi o caráter usado na seleção de genótipos (MONNEVEUX et al., 2014). Atualmente, também está se utilizando a seleção indireta para o rendimento, ou seja, seleção baseada em caracteres secundários, que são aqueles que influenciam diretamente no rendimento das plantas em um determinado ambiente (LAFITTE et al., 2003).

Durante as duas últimas décadas, estudos foram realizados com o objetivo de compreender as bases fisiológicas, bioquímicas e genéticas de tolerância à seca em batata, reduzindo, dessa forma, a subjetividade no processo de seleção. Pesquisas nas áreas de genômica, proteômica, metabolômica e os avanços da biotecnologia, complementam as estratégias de melhoramento convencional e apresentam uma via alternativa para o desenvolvimento de batatas tolerantes à seca (OBIDIEGWU, 2015). O sequenciamento do genoma da batata (THE POTATO GENOME CONSORTIUM, 2011) lançou as bases para um entendimento global das respostas moleculares aos estímulos ambientais (AMBROSONE et al., 2013). A utilização dessas informações para viabilizar o uso de seleção assistida por marcadores moleculares poderá contribuir para se obter avanços ao melhoramento genético para tolerância à seca (LEVY et al., 2013).

Associadas à caracterização molecular, as informações à respeito da estrutura populacional são de extrema importância, tanto para programas de

melhoramento através da utilização desses recursos genéticos dos bancos de germoplasma, bem como para estudos de conservação (ODONG et al., 2011).

Em batata, pouco se sabe sobre a base genética do estresse de seca (MONNEVEUX et al. 2013). Até agora, apenas três estudos foram realizados para a identificação de *locus* de características quantitativas (QTLs) ligados a tolerância à seca, sendo ambos em populações diploides de mapeamento clássico (ANITHAKUMARI et al. 2011; ANITHAKUMARI et al. 2012; KHAN et al., 2015). Porém, a maioria dos QTLs encontrados explicam apenas uma pequena porção da variação fenotípica, o que é esperado devido ao complexo caráter quantitativo como a tolerância à seca. A identificação de QTLs estáveis no germoplasma elite de batata, poderia ser utilizado para seleção assistida, visando desenvolver cultivares tolerantes à seca (KHAN et al., 2015).

Como um primeiro passo para a seleção assistida por marcadores moleculares para um caráter tão complexo, como o de tolerância à seca, torna-se essencial a caracterização do germoplasma que está sendo utilizado pelo programa de melhoramento genético de batata, tanto ao nível fenotípico, quanto genotípico.

Considerando o exposto, o objetivo deste trabalho foi de fenotipar genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) do painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa Clima Temperado, submetidos ao déficit hídrico e genotipar tal seleção com marcadores de ampla cobertura do genoma.

A tese foi dividida em dois capítulos, sendo o primeiro capítulo resultado da fenotipagem, quanto a caracteres morfo-agronômicos e fisiológicos de genótipos submetidos ao déficit hídrico, intitulado: "Estimativa dos componentes da variância para caracteres morfo-fisiológicos e predição de valores genotípicos de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.) submetidos ao déficit hídrico", e o segundo capítulo resultado do trabalho de genotipagem do germoplasma, intitulado como "Estrutura populacional do germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) com base em *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs)".

Capítulo 1

"Estimativa dos componentes da variância para caracteres morfo-fisiológicos e predição de valores genotípicos de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.) submetidos ao déficit hídrico "

Resumo

Os objetivos deste capítulo foram de estimar os componentes da variância para os caracteres morfo-fisiológicos, indicar caracteres para seleção indireta e prever os valores genotípicos de clones de batata submetidos ao déficit hídrico. Foram avaliados 108 genótipos de batata que compõem o painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa Clima Temperado, durante os anos de 2012, 2013 e 2014. Os genótipos foram submetidos a duas condições hídricas: controle e seca. No controle as plantas receberam apenas solução nutritiva, enquanto que na condição hídrica seca os genótipos foram submetidos ao déficit hídrico adicionando Polietilenoglicol 6000 na solução nutritiva, simulando um déficit hídrico de -0,129 Megapascal (MPa). Os genótipos foram avaliados quanto aos caracteres morfo-agronômicos, tais como, dias para iniciar o período de tuberação, o peso seco de parte aérea, raiz e estolão, o número e peso seco de tubérculos produzidos por planta e de caracteres fisiológicos, tais como, ajuste osmótico, conteúdo de clorofila e discriminação de isótopos de carbono. As estimativas dos componentes de variância e a predição dos valores genotípicos foram realizadas utilizando o pacote lme4 do R software. Como resultados pode-se observar que a herdabilidade, bem como a média das variáveis morfo-fisiológicas foi reduzida quando os genótipos foram submetidos ao déficit hídrico. Genótipos superiores foram identificados quando submetidos à condição de déficit hídrico. Dentre as variáveis avaliadas, destacam-se como importantes para critério de seleção direta a variável morfo-agronômica de peso seco total de tubérculos e para seleção indireta as variáveis de conteúdo de clorofila e de discriminação de isótopos de carbono, que podem ser utilizadas para avaliar tolerância à seca em batata.

Palavras chave: Estresse hídrico. REML/Blup. Caracterização. Seca.

1.1 Introdução

A batata, sob condições ideais, produz mais alimento por unidade de água do que qualquer outra cultura de importância alimentar. Para cada metro cúbico de água fornecida para a cultura, são produzidos 5.600Kcal de energia, comparado à 3.860 em milho, 2.300 em trigo e 2.000 em arroz. No entanto, é considerado uma cultura bastante sensível às condições de déficit hídrico, principalmente pelas suas raízes superficiais e baixa capacidade de recuperação após um período de seca (MONNEVEUX et al., 2013).

A seca diminui o crescimento da planta, encurta o ciclo, e reduz o número e o tamanho de tubérculos (DEBLONDE; LEDENT, 2001). A magnitude dos efeitos da seca depende do estágio fisiológico da planta, da duração e severidade do estresse (SCHAFLEITNER et al., 2007). Sendo a emergência e a tuberização, os dois períodos críticos em que o estresse hídrico de seca mais afeta a produção final de tubérculos (MARTÍNEZ; MORENO 1992).

Melhorar a produtividade sob condições limitadas de água é um dos maiores desafios enfrentados pelos melhoristas. Para este fim, a fenotipagem desempenha um papel cada vez mais relevante para a seleção de genótipos tolerantes à seca (TUBEROSA, 2012). Estudos recentes têm mostrado a resposta do efeito do estresse por seca em caracteres fisiológicos, tais como: conteúdo de clorofila (ROLANDO et al., 2015), discriminação de isótopos de carbono (ANITHAKUMARI et al., 2012) e morfo-agronômicos, tais como: biomassa de parte aérea e de raiz e na produção de tubérculos (CABELLO et al., 2014).

Entretanto, os mecanismos de tolerância à seca em batata ainda não estão totalmente esclarecidos. A resposta das plantas à seca é um caráter quantitativo com controle genético complexo, o que dificulta o processo de desenvolvimento de cultivares com maior tolerância a este estresse (MONNEVEUX et al., 2013).

Características fenotípicas desejáveis de seca devem ser geneticamente associadas ao rendimento sob estresse, altamente herdáveis, de fácil aferição, estável dentro de um mesmo período de avaliação, e não devem estar associadas à uma redução de rendimento em condições ótimas (OKOGBENIN

et al., 2013).

Estimar os parâmetros genéticos associados aos caracteres de interesse do melhoramento é de extrema importância, pois permite conhecer a estrutura e o potencial genético da população em estudo e dá aporte técnico para selecionar os indivíduos eficientemente (VENCONVSKY, 1987; RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2000), sem custo adicional aos programas de melhoramento (MISTRO, 2013).

A herdabilidade é o parâmetro genético de maior importância e aplicação nos programas de melhoramento genético de plantas (FALCONER, 1981). O que se busca são caracteres que apresentem herdabilidade alta, enquanto herdabilidade baixa dos caracteres avaliados torna o processo de seleção de plantas mais caro e lento (KHAN et al., 2015).

Além da herdabilidade, deve-se estimar os valores genotípicos, isto é, prever as respostas futuras desses genótipos e não as médias fenotípicas, as quais, mesmo que sejam obtidas no mesmo local ou região de experimentação, os efeitos de blocos e de parcelas muito provavelmente não se repetirão. Como tais efeitos estão embutidos, em alguma proporção, nas médias fenotípicas, isso demonstra que tais médias não são adequadas para a inferência sobre os valores genotípicos (RESENDE; DUARTE, 2007).

Dessa forma, torna-se imprescindível o uso dos métodos BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), desenvolvido por C. R. Henderson, na década de 1940 (BERNARDO, 2002), e REML (*Restricted Maximum Likelihood*) por Patterson e Thompson, em 1971 (RESENDE, 2002). A predição do BLUP presume o conhecimento dos valores de componentes de variância estimados via REML, ambos associados a um modelo linear misto (MARCELINO; IEMMA, 2000). Ou seja, o modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeito aleatório além do erro (RESENDE, 2004). Como vantagem desta análise, pode-se citar a estimativa dos valores genotípicos, para vários caracteres de interesse possibilitando a classificação dos genótipos (PINHO; RAMALHO, 2010; SLATER et al. 2014).

Considerando o exposto, os objetivos do presente trabalho foram:

- Estimar os componentes da variância para caracteres morfo-fisiológicos em germoplasma de batata submetidos ao déficit hídrico;
- Indicar caracteres para seleção indireta para tolerância ao déficit hídrico em batata;
- Predizer os valores genotípicos de clones de batata submetidos ao déficit hídrico.

1.2 Material e Métodos

Descrição do experimento

A fenotipagem para tolerância à seca do germoplasma de batata foi realizada com base em avaliações morfo-agronômicas e fisiológicas. Os experimentos foram conduzidos na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, Rio Grande do Sul (32°45'S e 52°30'W), altitude de 60m, durante os anos de 2012, 2013 e 2014, sendo as datas de plantio e colheita: 21 de agosto e 18 de dezembro, 14 de agosto e 29 de novembro e de 14 de agosto e 25 de novembro, respectivamente para cada ano de avaliação. As temperaturas médias, as máximas e mínimas registradas nos meses em que foram realizados os experimentos encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1 - Dados de temperatura (°C) média mensal registrada durante o período dos experimentos. Pelotas, 2016.

Ano	Agosto			Setembro			Outubro			Novembro			Dezembro		
	Méd.	Máx.	Min.	Méd.	Máx.	Min.	Méd.	Máx.	Min.	Méd.	Máx.	Min.	Méd.	Máx.	Min.
2012	17,4	23,5	12,8	16,7	21,9	12,7	19,6	24,1	16,1	20,6	27,2	15,4	24,4	30,6	19,2
2013	12,6	17,9	8,1	16,5	22,0	12,0	17,9	23,0	13,6	20,9	26,1	16,6	24,2	30,9	18,7
2014	14,5	20,1	10,1	16,5	20,9	12,8	19,4	24,2	15,9	21,4	27,0	16,7	22,5	27,4	18,6

Fonte: Laboratório de Agrometeorologia, Embrapa Clima Temperado, 2016.

Tubérculos de tamanhos uniformes foram alocados em esponjas fenólicas e após duas semanas foram transplantados para o sistema hidropônico de calhas de PVC articuladas (MEDEIROS et al., 2002) em orifícios de 25mm de diâmetro, espaçados 50cm. O delineamento adotado foi de blocos incompletos com testemunhas comuns, onde sete genótipos foram repetidos durante os três anos de avaliação (testemunhas), considerando os fatores: genótipo, com 108 níveis (Tabela 2); ano, com três níveis (2012, 2013 e 2014) e estresse hídrico, com dois níveis (controle e seca). Os experimentos foram conduzidos com quatro repetições. Cada planta individual constituiu a unidade experimental. Para submeter os genótipos à seca foi adicionado polietilenoglicol 6000, simulando um déficit hídrico de -0,129 megapascal (MPa) na solução nutritiva, seguindo metodologia descrita por Reisser et al. (2011). O déficit hídrico, na condição de seca, foi induzido no início do período de

tuberização das testemunhas, e mantido por 14 dias. Após esse período, as plantas ficaram 24h com circulação de água para limpeza do sistema hidropônico, recuperação, e posteriormente foi adicionado novamente a solução nutritiva, permanecendo nestas condições até a colheita.

O germoplasma avaliado, 108 genótipos de batata, fazem parte do painel de diversidade da Embrapa Clima Temperado, incluindo cultivares e clones avançados do banco ativo de germoplasma de batata. Em cada ano foram avaliados 36 genótipos, destes, sete foram mantidos nos três anos de avaliação (Tabela 2).

Tabela 2. Ano de avaliação, genealogia, e origem dos genótipos de batata avaliados quanto a resposta ao déficit hídrico. Pelotas, 2016

ID	Ano	Genótipo	Mãe	Pai	Origem
1	*	Agria	Quarta	Semlo	Alemanha
2	*	Yagana	Hydra	904/61	Chile
3	*	Atlantic	Wauseon	Lenape	EUA
4	*	BRS Clara	White Lady	Catucha	Brasil
5	*	BRS Camila	C1750-15-95	C1883-5-97	Brasil
6	*	Pérola	2CRI-1149-1-78	Granola	Brasil
7	*	Shepody	Bake-King	F58050	Canadá
8	2012	Pukara	Cleopatra	Yagana	Chile
9	2014	2AC999-263	?	?	Brasil
10	2014	C2519-12-06	Asterix	C1883-22-93	Brasil
11	2014	BR3	Record	Record	Brasil
12	2014	C2550-04-06	CIP391.011.17	Cristal	Brasil
13	2014	C2551-02-06	CIP391.403.8	Cristal	Brasil
14	2014	C2553-01-06	CIP391.011.17	C1740-11-95	Brasil
15	2014	C2569-01-06	CIP392.617.54	C1226-35-80	Brasil
16	2014	CL20-01-06	Caesar	Caesar	Brasil
17	2014	2CRI-11-4978	Recent	C-1086-22-75	Brasil
18	2014	F2324-06	Rioja	Eliza	Brasil
19	2014	F32-02-06	BP-1	C1730-7-94	Brasil
20	2014	F189-09-06	BP-1	C1883-22-97	Brasil
21	2014	F208-01-06	C1787-14-97	Shepody	Brasil
22	2014	F38-03-07	Rioja	2CRI-1149-1-78	Brasil
23	2014	F102-22-07	BRS Ana	Caesar	Brasil
24	2014	F22-01-08	C1730-7-94	Asterix	Brasil
25	2013	Cascata	Bintje	Baronesa	Brasil
26	2014	BRS Eliza	Edzina	Recent	Brasil
27	2014	3CRI-1316-8-82	Recent	2CRI-1149-1-78	Brasil
28	2014	MB-03	BR63-76	XY-9	Brasil
29	2012	Agata	52/72/2206	Sirco	Holanda
30	2014	Canguçu	Benedikta	Delta	Brasil
31	2014	Piratini	Delta	Colorado	Brasil
32	2014	Cerrito Alegre	Bintje	Baronesa	Brasil
33	2014	Cristal	CRI-420-12-60	CRI-368-8-60	Brasil
34	2014	9846-1	391783-6	BP88166-5	Brasil
35	2012	BRS Ana	C-1750-15-95	Asterix	Brasil

36	2012	Asterix	Cardinal	VE70-9	Holanda
37	2012	Balmoral	Ulster Dale	OP3211/6	Irlanda
38	2012	Baronesa	Loman	Loman	Brasil
39	2013	C1714-7-94	C1785-6-87	Atlantic	Brasil
40	2013	C1740-11-95	C1226-35-80	Atlantic	Brasil
41	2013	C1750-15-95	C14-85-16-87	Atlantic	Brasil
42	2013	C1883-22-97	ND860-2	XY-14	Brasil
43	2013	C1940-1-98	C1730-7-94	2CRI-1149-1-78	Brasil
44	2013	C2076-2-00	Santo Amor	C92.187	Brasil
45	2013	C2080-3-00	C91.640	88052	Brasil
46	2013	C2337-06-02	White Lady	N-140	Brasil
47	2013	C2337-15-2	White Lady	N-140	Brasil
48	2013	C2337-18-02	White Lady	N-140	Brasil
49	2012	Achirana	MPI61.375/23	B25.65	Argentina
50	2013	C2342-1-02	BP-1	N-140	Brasil
51	2013	C2346-08-02	N-263-32	2CRI-1149-1-80	Brasil
52	2013	C2357-1-02	N-263-32	Eliza	Brasil
53	2013	C2360-07-02	C1750-15-95	NYL-235-4	Brasil
54	2013	C2360-14-02	C1750-15-95	NYL-235-4	Brasil
55	2013	C2360-16-02	C1750-15-95	NYL-235-4	Brasil
56	2013	C2362-02-02	Cristal	NYL-235-4	Brasil
57	2013	C2363-06-02	C1750-15-95	NYL-235-4	Brasil
58	2014	C2364-05-02	C1226-35-80	NYL-235-4	Brasil
59	2013	C2365-05-02	C1485-16-87	NYL-235-4	Brasil
60	2013	C2397-03	NYL-235-4	Ona	Brasil
61	2013	C2398-03	NYL-235-4	Baraka	Brasil
62	2013	C2399-03	P161-3	Mirka	Brasil
63	2013	C2400-03	P161-3	Yagana	Brasil
64	2013	C2406-03	Eliza	N-140	Brasil
65	2012	Caesar	Monalisa	Ropta B1178	Holanda
66	2012	Catucha	CRI1149-1-78	C999-263-70	Brasil
67	2012	Granola	3333/60	267.04	Alemanha
68	2013	CL69-05	?	?	França
69	2013	Cota	Loman	Loman	Brasil
70	2012	Desiree	Urgenta	Depesche	Holanda
71	2012	Elvira	Cliva	6430/1020	Alemanha
72	2013	F2306-23-08	Rioja	Eliza	Brasil
73	2013	F88-01-05	Asterix	2CRI-1149-1-78	Brasil
74	2013	F98-03-05	Asterix	C1226-35-80	Brasil
75	2013	F119-01-06	Cyklamen	C1226-35-80	Brasil
76	2012	C91.640	B-71-240.2	XY.16	Peru
77	2014	F53-02-06	BP1	C1883-22-97	Brasil
78	2014	F74-23-06	White Lady	2CRI-1149-1-78	Brasil
79	2013	F85-01-06	Rioja	2CRI-1149-1-78	Brasil
80	2012	C90.170	Serrana	XY.4	Peru
81	2012	Macaca	Desconhecido		Brasil
82	2012	Monalisa	Bierma	Colmo	Holanda
83	2012	Monte Bonito	Baronesa	Hydra	Brasil
84	2012	MV329-14	?	?	Peru
85	2012	NYL-235-4	Hudson	PI310925	EUA
86	2012	Ona	Von Moreau707	3886/64	Chile
87	2012	Panda	UP0.35/17	W6858/8	Alemanha
88	2012	BRSIPR Bel	Rioja	C1740-11-95	Brasil

89	2014	R91121-17	?	?	Chile
90	2012	WA.104	LR93.120	C93.154	Peru
91	2013	Todo Ano	?	?	Brasil
92	2012	White Lady	KE.40	1-71.17/6N+B	Hungria
93	2012	Chieftain	IA-1027-18	LA1354	EUA
94	2012	Yaguarí	Daisy	92324.1	Uruguai
95	2012	Arazati	387660.10	38646.7	Uruguai
96	2012	Iporá	Achirana	7XY.1	Uruguai
97	2012	Puren	FA3541-1	Penobscot	Chile
98	2012	Karu	Yagana	Fanfare	Chile
99	2012	Pehuenche	Desiree	pólen de	Chile
100	2012	WA.077/320	CR93.221	C93.154	Peru
101	2012	Frital	Serrana	Katahdin	Argentina
102	2012	Pampeana	MPI59.789/12	Huinkul	Argentina
103	2012	Newen	B 86.573.4	Amanda	Argentina
104	2013	Spunta	BEA	USDA96-56	Holanda
105	2014	CL-02-05	?	?	França
106	2014	Cupido	W72-22-496	Estima	Holanda
107	2014	RM9825-05	?	?	Peru
108	2014	C2504-08-06	C1750-15-95	C1883-22-97	Brasil

*Genótipos avaliados nos três anos de experimento (2012, 2013 e 2014).
? Genitores desconhecidos.

Avaliações Morfo-agronômicas

Foram avaliados os dias para iniciar o período de tuberização, os caracteres relacionados à produção de biomassa da planta e caracteres relacionados à produção de tubérculos.

- *Dias para iniciar a tuberização (DIT)*: Foi contado o número de dias necessários para o início da tuberização, sendo considerado como o início da tuberização quando, no ápice do estolão, fosse identificado um tubérculo com aproximadamente 2,0mm de diâmetro;

- *Produção de biomassa*: Na colheita foram separadas as raízes, os estolões e a parte aérea, os quais foram secos em estufa com ar forçado à 65°C até atingirem peso constante, obtendo os respectivos valores de peso seco de raiz (PSR), peso seco de estolão (PSE) e peso seco da parte aérea (PSPA). As variáveis PSR e PSE foram avaliadas apenas no controle;

- *Produção de biomassa de tubérculos*: Na colheita foi contado o número total de tubérculos produzidos por cada planta (NTT). Logo após, os tubérculos

foram separados em uma peneira com malha de 2,0 cm², sendo contado o número de tubérculos acima da peneira, denominado de número de tubérculos grandes (NTG) e o número de tubérculos abaixo da peneira, denominado de número de tubérculos pequenos (NTP). Posteriormente os tubérculos foram secos em estufa com ar forçado à 65°C até atingirem peso constante, obtendo os valores de peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT) e peso médio de tubérculos (PMT), o qual foi obtido pela divisão do peso seco total de tubérculos pelo número total de tubérculos produzidos.

Avaliações Fisiológicas

Durante o período de exposição ao déficit hídrico, foram realizadas as seguintes avaliações fisiológicas: Conteúdo de clorofila, pressão osmótica e discriminação isotópica de carbono, mensuradas em dias após o estresse (DAE) e dias após a recuperação do estresse (R). As variáveis conteúdo de clorofila e pressão osmótica, foram avaliadas no ano de 2013, e a discriminação isotópica de carbono, nos anos de 2013 e 2014

- *Conteúdo de clorofila (CC)*: Para cada genótipo, foram avaliados três folíolos, seguindo metodologia descrita por Anithakumary et al. (2011). As leituras foram realizadas utilizando o medidor do conteúdo de clorofila SPAD-502 *chlorophyll meter* (Minolta Co. Ltd. Japan). Este procedimento foi realizado em três repetições biológicas, sendo realizadas nas seguintes datas: 1 DAE, 9 DAE, 13 DAE e 1R.

- *Ajuste osmótico (AO)*: Para realizar as leituras de pressão osmótica, foram coletados folíolos de uma folha bem expandida de todos os genótipos, no 1DAE e 14 DAE, sempre pela parte da manhã, acondicionadas dentro de saco plástico com papel toalha umedecido no interior. Posteriormente, estas folhas foram acondicionadas em uma câmara úmida, permanecendo até atingirem estado de turgor máximo, entre 3h a 4h após a entrada na câmara. As folhas foram coletadas, desprezando a nervura principal e armazenadas em tubos de *ependorf* em ultra freezer -80°C. Para realizar a leitura, as amostras

foram mantidas no gelo, posteriormente maceradas, centrifugadas e retirado apenas o sobrenadante para realizar a leitura da osmolalidade. As leituras de osmolalidade foram realizadas utilizando o medidor de pressão osmótica VAPRO 5520 (Wescor, Logan, UT), seguindo as recomendações do fabricante. Para calcular a pressão osmótica (Ψ) foi utilizada a equação de Van't Hoff:

$$\Psi = - MIRT$$

Onde M é o valor da osmolalidade, expressa em mmol/kg; $I= 1$, $R=0.0083$ (constante universal dos gases) e $T= (K)$ é a temperatura absoluta. Os valores encontrados na equação foram expressos em MPa. Para calcular o ajuste osmótico foi utilizada a fórmula proposta por Blum (1989), sendo a diferença de pressão osmótica do controle, subtraído da pressão osmótica da seca (AFSHARI-BEHBAHANIZADEH et al., 2014)

- *Discriminação de isótopos de carbono (ΔC)*: No 14 DAE, foi coletada a quinta folha completamente expandida de todos os genótipos, em ambas as condições hídricas, controle e seca. Para análise foi realizado um *bulk* das folhas coletadas nos blocos 1 e 2, e nos blocos 3 e 4 para cada tratamento. As folhas foram secas em estufa de ar forçado, em uma temperatura de 65°C. Posteriormente, estas folhas foram maceradas até obter um pó fino e acondicionadas em tubos de *ependorf*. Estas amostras, foram encaminhadas ao Instituto de Biociências da Universidade Estadual de São Paulo (UNESP), Botucatu, São Paulo, para análise de composição de isótopos de Carbono ($\delta^{13}C$) utilizando espectrometria de massa (DELTA-S Finnigan Mat, Bremen, Germany). Os valores de discriminação isotópica de carbono (ΔC) foram calculadas de acordo com a equação proposta por Farquar et al. (1989):

$$\Delta C = (\delta_a - \delta_p) / (1 + \delta_p / 1000)$$

Onde δ_a refere-se à composição isotópica atmosférica em -8‰ em relação ao padrão Pee Dee Belemnite (PDB), e δ_p refere-se à composição isotópica da planta.

Redução relativa (RR%)

Para todas as variáveis avaliadas foi calculada a redução relativa pela relação entre a produção no controle e na seca conforme a equação descrita por Anithakumari et al. (2012).

$$RR\% = (\text{Controle-Seca})/(\text{Controle}) * 100$$

Análise dos dados

Foram estimados os componentes de variância, herdabilidade e os valores genotípicos para todas as variáveis mensuradas. As análises foram realizadas utilizando modelos mistos com o auxílio do pacote estatístico *lme4* do software R (BATES, 2005).

Dois modelos estatísticos foram testados, para verificar qual o modelo que melhor representa os dados. O primeiro modelo testado (M0) desconsiderou a interação genótipo x ambiente, e o segundo modelo (M1), considerou a interação genótipo x ambiente (M1), sendo, respectivamente:

M0

$$Y_{ijklm} = \mu + Y_i + T_j + \underline{B}_k + \underline{L}_l + \varepsilon_{ijklm}$$

M1

$$Y_{ijklm} = \mu + Y_i + T_j + \underline{B}_k + \underline{L}_l + \underline{LT}_{jl} + \varepsilon_{ijklm}$$

Onde: Y_{ijklm} é o valor observado da variável $ijklm$; μ representa a média geral da variável resposta no experimento; Y_i é o efeito do ano; T_j é o efeito da condição hídrica (controle ou seca); B_k é o efeito do bloco; L_l é o efeito do genótipo; LT_{jl} é o efeito da interação (genótipo x condição hídrica); ε_{ijklm} é o erro residual. Os efeitos aleatórios estão sublinhados.

-Escolha do Modelo

Para a escolha do melhor modelo utilizou-se o Critério de Informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), que são baseados na razão da verossimilhança do modelo e dependem do número de observações e do número de parâmetros no modelo. Menores valores de AIC refletem um melhor ajuste global (AKAIKE, 1974). Da mesma forma, o BIC é calculado para cada modelo e aquele com menor valor é escolhido como melhor modelo (SCHWARZ, 1978).

- Acurácia

O estimador da acurácia foi calculado de acordo com a fórmula proposta por Resende (2002).

$$r^{gg} = [(\sigma^2_g)/(\sigma^2_g + \sigma^2_e/b)]^{1/2},$$

Onde r^{gg} : σ^2_g = componente da variância genotípica; σ^2_e = componente da variação ambiental; b = número de repetições.

- Herdabilidade no sentido amplo

A herdabilidade no sentido amplo dos caracteres avaliados foi calculada utilizando os componentes da variância do REML (Método da Máxima Verossimilhança Restrita), usando a fórmula citada por Fehr (1987): $h^2_a = \sigma^2_g / (\sigma^2_g + \sigma^2_e)$, onde h^2 é o valor calculado da herdabilidade no sentido amplo, σ^2_g é a variância genotípica; σ^2_e é a variância do ambiente.

Os valores de herdabilidade foram classificados de acordo com Stansfield (1974), onde, valores de herdabilidade maiores que 0,5 são considerados altos, valores compreendidos entre 0,2 e 0,5 médios, e menores que 0,2 são considerados de herdabilidade baixa.

- Ranqueamento dos Genótipos

Os genótipos foram ordenados para cada variável mensurada, de acordo com o valor genotípico estimado, com base no modelo (M0 ou M1), utilizando a

abordagem REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada).

- *Análise de Componentes Principais*

Com base no valor genotípico predito para cada genótipo, em cada condição hídrica, controle e seca, foi realizada a análise de componentes principais. Em função de ter sido avaliado um número menor de genótipos para os caracteres fisiológicos, quando comparados com os caracteres morfoagronômicos, foram realizadas duas análises distintas. 1) Análise de componentes principais para variáveis morfoagronômicas: foram avaliados 108 genótipos, com base em 11 variáveis: DIT, PSPA, PSR, PSE, NTG, NTP, NTT, PSTG, PSTP, PSTT e PMT. 2) Análise de componentes principais para variáveis fisiológicas: foram avaliados 28 genótipos com base em três variáveis: ajuste osmótico, conteúdo de clorofila e discriminação de isótopos de carbono. Para realizar estas análises foi utilizado o pacote estatístico *GenStat 11th edition*.

- *Análise de Correlações*

Com base no valor genotípico estimado para cada genótipo foi realizada a análise de correlação de Pearson, para todas as variáveis mensuradas. Para realizar estas análises foi utilizado o pacote estatístico *GenStat 11th edition*. As correlações foram classificadas em: nula ($r=0$), fraca ($0 < |r| \leq 30$), média ($30 < |r| \leq 60$), forte ($60 < |r| \leq 90$), fortíssima ($90 < |r| < 1$) e perfeita ($|r|=1$) de acordo com Carvalho et al. (2004).

1.3 Resultados

Escolha do modelo

Para todas as variáveis morfo-agronômicas mensuradas, os valores de AIC e de BIC, foram menores no modelo M1, modelo que considera a interação genótipo x ambiente (GxE), sendo dessa forma este modelo o mais adequado para a análise dos dados morfo-agronômicos. Pode-se constatar que para todos os caracteres morfo-agronômicos avaliados a interação GxE foi significativa, indicando que os genótipos avaliados apresentam resposta diferencial dependendo da condição hídrica (Tabela 3).

Considerando as avaliações fisiológicas, o modelo que mais se ajustou aos dados da avaliação do conteúdo de clorofila foi o modelo M0, modelo que desconsiderava a interação GxE. Para a variável discriminação de isótopos de carbono, o modelo que considerou a interação GxE foi o que mais se ajustou (Tabela 3). Para a variável ajuste osmótico, foi utilizado apenas o modelo simples (M0), devido ao fato de que esta variável é derivada da relação entre o controle e a seca, conforme explicado anteriormente (Tabela 3).

Tabela 3. Valores dos critérios de informação de Akaike (AIC) e Bayesiano de Schwarz (BIC), para os caracteres morfo-agronômicos e fisiológicos avaliados: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), número total de tubérculos grandes (NTG), número total de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT), peso médio de tubérculos (PMT), conteúdo de clorofila (CC) nos seguintes dias após o estresse (DAE): 1DAE, 9DAE, 13DAE e na recuperação 1R e discriminação isotópica de carbono (ΔC). M0: modelo simples; M1: modelo que considera a interação GxE. Pelotas, 2016.

	DIT		PSPA		NTG		NTP		NTT		PSTG		PSTP	
	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1
AIC	5578,7	5564,5	1784,2	1735,1	1901,9	1834,0	1800,2	1759,5	1945,9	1888,1	2380,4	2331,3	1536,7	1501,0
BIC	5612,4	5607,9	1808,5	1769,1	1936,0	1877,9	1834,2	1803,2	1980,0	1931,9	2414,3	2374,8	1570,6	1544,6
	PSTT		PMT		CC_1DAE		CC_9DAE		CC_13DAE		CC_1R		ΔC	
	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1	M0	M1
AIC	2449,0	2389,1	2119,6	2096,9	1170,3	1171,0	1167,1	1169,5	1126,0	1128,5	1153,9	1155,0	198,27	191,0
BIC	2483,1	2432,9	2153,7	2140,7	1187,4	1194,9	1184,2	1193,3	1143,1	1152,4	1171,0	1179,0	217,69	216,9

Estimativa dos componentes da variância e de herdabilidade

Os valores de herdabilidade observados no presente trabalho variaram de 0,13 à 0,67, para as variáveis de ajuste osmótico aos 14DAE, e peso seco de parte aérea, respectivamente. Com exceção da variável discriminação de isótopos de carbono (ΔC), para todas as variáveis avaliadas, os valores de herdabilidade obtiveram uma redução significativa do controle para a seca. No controle, os valores observados variaram de 0,34 a 0,67, sendo classificados como herdabilidade média a alta, para as variáveis PMT e PSPA, respectivamente. As variáveis NTG, NTP, NTT, PSTG e PSTT também apresentaram herdabilidade alta no controle, as demais variáveis apresentaram estimativas de herdabilidade classificados como de média magnitude. Na seca, com exceção da variável ΔC que apresentou herdabilidade alta (0,54), as demais apresentaram herdabilidade média, com valores entre 0,20 a 0,43 para PMT e DIT, respectivamente. Considerando a interação genótipo x ambiente, os valores de herdabilidade foram de baixa a alta magnitude, com valores entre 0,16 a 0,69, para ΔC e NTP respectivamente (Tabela 4).

As médias preditas, observadas entre o controle e a seca, também foram drasticamente reduzidas, para todas as variáveis, com exceção para as variáveis ΔC e DIT, que obtiveram reduções de apenas 0,96 e 3,75%, respectivamente. As demais variáveis tiveram reduções entre 44,95 a 73,52%, com destaque para as variáveis NTP que obteve redução na ordem de 61,86% e para a variável PSPA, que reduziu em 73,52% quando comparado o controle com a seca (Tabela 4).

Os valores de acurácia observados foram de 0,55 a 0,99, sendo considerados de moderada a alta acurácia, segundo Resende e Duarte (2007). As variáveis NTP, PSPA e NTG foram as que apresentaram os maiores valores de acurácia, já a variável com menor valor foi o ajuste osmótico (Tabela 4).

Tabela 4. Estimativas dos componentes da variância, herdabilidade, acurácia e redução relativa para as variáveis: Dias para iniciar o período de tuberização (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número total de tubérculos grandes (NTG), número total de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT), peso médio de tubérculos (PMT), conteúdo de clorofila (CC) no primeiro dia após o estresse (1DAE), no 9DAE, 13DAE e um dia após a remoção do estresse (1R), discriminação isotópica de carbono (ΔC) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE. Pelotas, 2016.

Variáveis		σ^2_G	σ^2_E	$\sigma^2_{G \times E}$	h^2_a	r^2_{gg}	Média	RR(%)
DIT	Controle	19,58	20,36		0,49	0,89	59,28	3,75
	Seca	13,18	16,88		0,43	0,87	57,05	
	Interação	27,84	19,40	2,01	0,56	0,92	58,16	
PSPA	Controle	0,53	0,27		0,67	0,94	58,26	73,52
	Seca	0,16	0,23		0,41	0,86	15,37	
	Interação	0,52	0,12	0,25	0,58	0,94	36,81	
PSR	Controle	0,16	0,17		0,49	0,89	5,37	
PSE	Controle	0,02	0,02		0,49	0,89	3,31	
NTG	Controle	0,47	0,25		0,65	0,94	15,83	46,74
	Seca	0,15	0,27		0,36	0,94	8,43	
	Interação	0,49	0,20	0,26	0,51	0,94	12,15	
NTP	Controle	0,29	0,23		0,55	0,91	27,58	61,86
	Seca	0,12	0,25		0,32	0,81	10,59	
	Interação	0,34	0,14	0,02	0,69	0,99	19,08	
NTT	Controle	0,47	0,29		0,62	0,93	43,45	56,09
	Seca	0,16	0,28		0,36	0,83	19,07	
	Interação	0,47	0,21	0,29	0,48	0,93	31,26	
PSTG	Controle	0,67	0,56		0,54	0,91	33,32	44,95
	Seca	0,16	0,48		0,25	0,76	18,35	
	Interação	0,66	0,27	0,52	0,45	0,91	25,83	
PSTP	Controle	0,18	0,26		0,41	0,86	4,60	48,20
	Seca	0,06	0,17		0,24	0,75	2,39	
	Interação	0,20	0,10	0,22	0,38	0,88	3,49	
PSTT	Controle	0,68	0,58		0,54	0,91	53,57	52,81
	Seca	0,20	0,44		0,21	0,80	25,28	
	Interação	0,69	0,33	0,51	0,45	0,92	39,27	
PMT	Controle	0,04	0,07		0,34	0,82	1,58	25,10
	Seca	0,01	0,04		0,20	0,71	1,18	
	Interação	0,19	0,30	0,05	0,35	0,86	1,29	
CC 1DAE	Interação	0,0002	0,0006	0,000093	0,32	0,77	41,59	
CC 9DAE	Interação	0,0009	0,0012	0,000037	0,431	0,84	42,85	
CC 13DAE	Interação	0,001	0,001	0,0003	0,434	0,86	39,89	
CC 1R	Interação	0,0013	0,0011	0,00039	0,462	0,88	40,86	
ΔC	Controle	0,00006	0,0001		0,41	0,76	21,20	0,96
	Seca	0,0001	0,0001		0,54	0,84	20,99	
	Interação	0,00001	0,00005	0,00005	0,16	0,66	21,10	
AO 1DAE		0,0174	0,11		0,14	0,57	0,13	
AO 14DAE		0,0412	0,28		0,13	0,55	0,03	

σ^2_G = componente da variância genotípica; σ^2_E =componente da variância ambiental; $\sigma^2_{G \times E}$ = componente da variância da interação genótipo x ambiente; r^2_{gg} = acurácia h^2_a = herdabilidade no sentido amplo (σ^2_g / σ^2_p); RR%= redução relativa

Ranqueamento dos genótipos

Variáveis Morfo-agronômicas

Os genótipos foram ranqueados, para cada variável avaliada, em cada condição hídrica, de acordo com o seu valor genotípico predito. O desmembramento, controle e seca, não foi realizado para as variáveis em que a interação GxE não foi significativa. Para as variáveis: DIT, PSPA, NTG, NTP e PSTT embora a interação GxE tenha sido significativa, os genótipos foram ranqueados na mesma ordem, tanto na condição controle, como na seca (Figuras 1, 2, 5, 6 e 10). Para as variáveis: NTT, PSTG, PSTP, PMT e ΔC dependendo da condição hídrica, controle ou seca, os genótipos foram ordenados de forma distinta (Figuras 7, 8, 9, 11 e 12).

- **Dias para iniciar o período de tuberização (DIT):** Na média, os genótipos iniciaram o período de tuberização aos 59 dias após o plantio na condição hídrica controle e aos 57 dias na seca. Para esta variável, 59 genótipos ficaram acima da média, em ambas as condições hídricas. A amplitude de variação foi de 48 a 69 dias após o plantio no controle, e na seca de 49 a 64 dias após o plantio. Em ambas as condições hídricas, o genótipo 78 (F74-23-06) foi o mais precoce e o 107 (RM9825-05) o mais tardio (Figura 1).

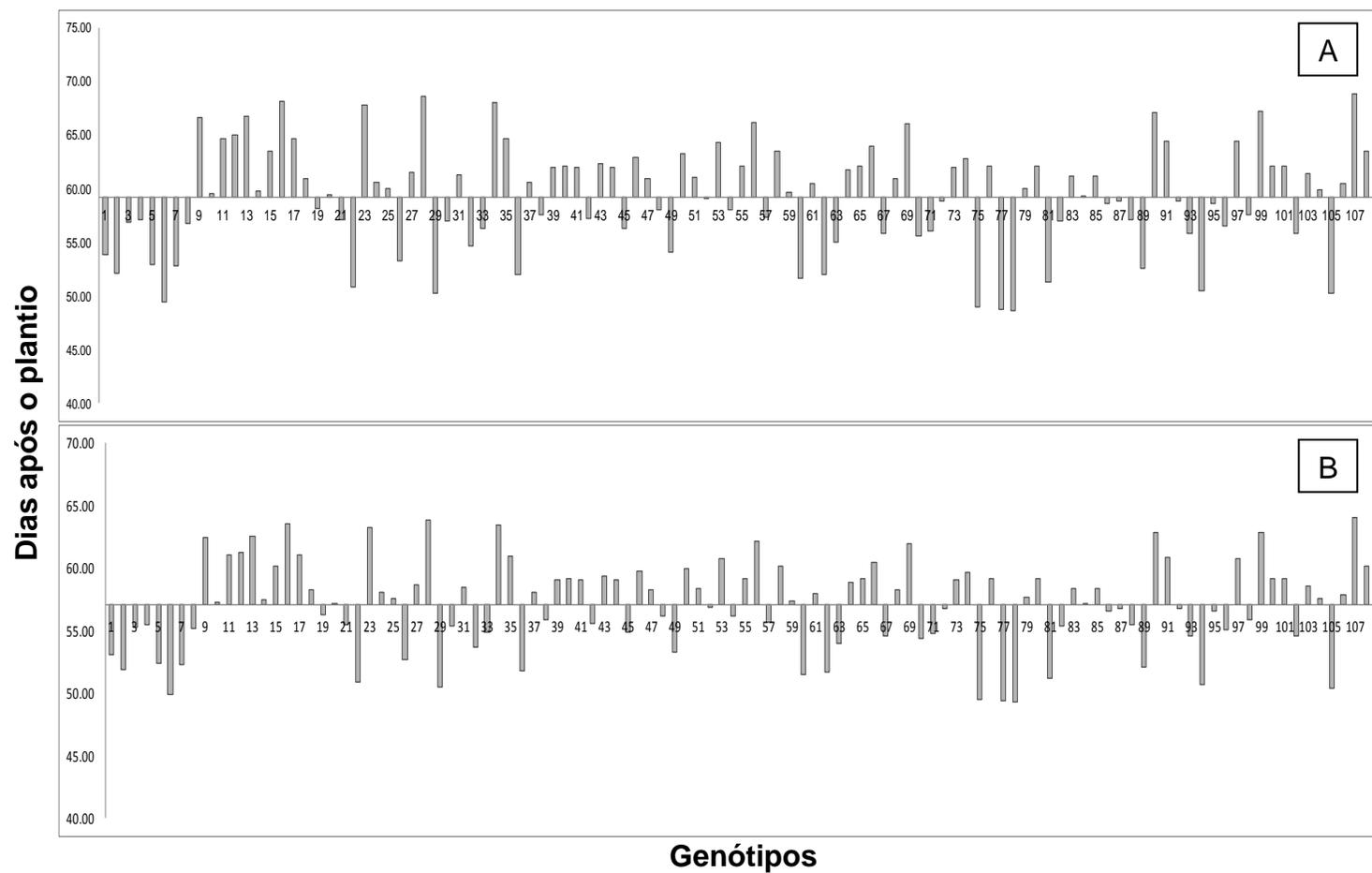


Figura 1. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos, para a variável DIT com média geral no controle de 59,28 dias após o plantio (A) e na seca de 57,06 (B). Pelotas, 2016

-Produção de biomassa:

Peso seco de parte aérea (PSPA): Na média, o PSPA foi de 58,07g na condição hídrica controle e de 15,37g na seca. A amplitude de variação foi de 10g a 187g no controle e de 7g a 38g na seca, sendo em ambas as condições hídricas o genótipo 57 (C2363-06-02) com o menor PSPA e o 46 (C2337-06-02) o com maior PSPA. Dos 108 genótipos avaliados, 44 ficaram acima da média, em ambas as condições hídricas (Figura 2).

Peso seco de raiz (PSR): Na média, o PSR foi de 5,37g na condição hídrica controle. Dos 108 genótipos avaliados, 52 ficaram acima da média. A amplitude de variação foi de 0,19g a 14,57g, para os genótipos 67 (Granola) e 13 (C2551-02-06), respectivamente (Figura 3).

Peso seco de estolão (PSE): Na média, o PSE foi de 3,31g na condição hídrica controle. Dos 108 genótipos avaliados, 32 genótipos ficaram acima da média. A amplitude de variação foi de 0,37g a 12,93g, para os genótipos 59 (C2365-05-02) e 46 (C2337-06-02), respectivamente (Figura 4).

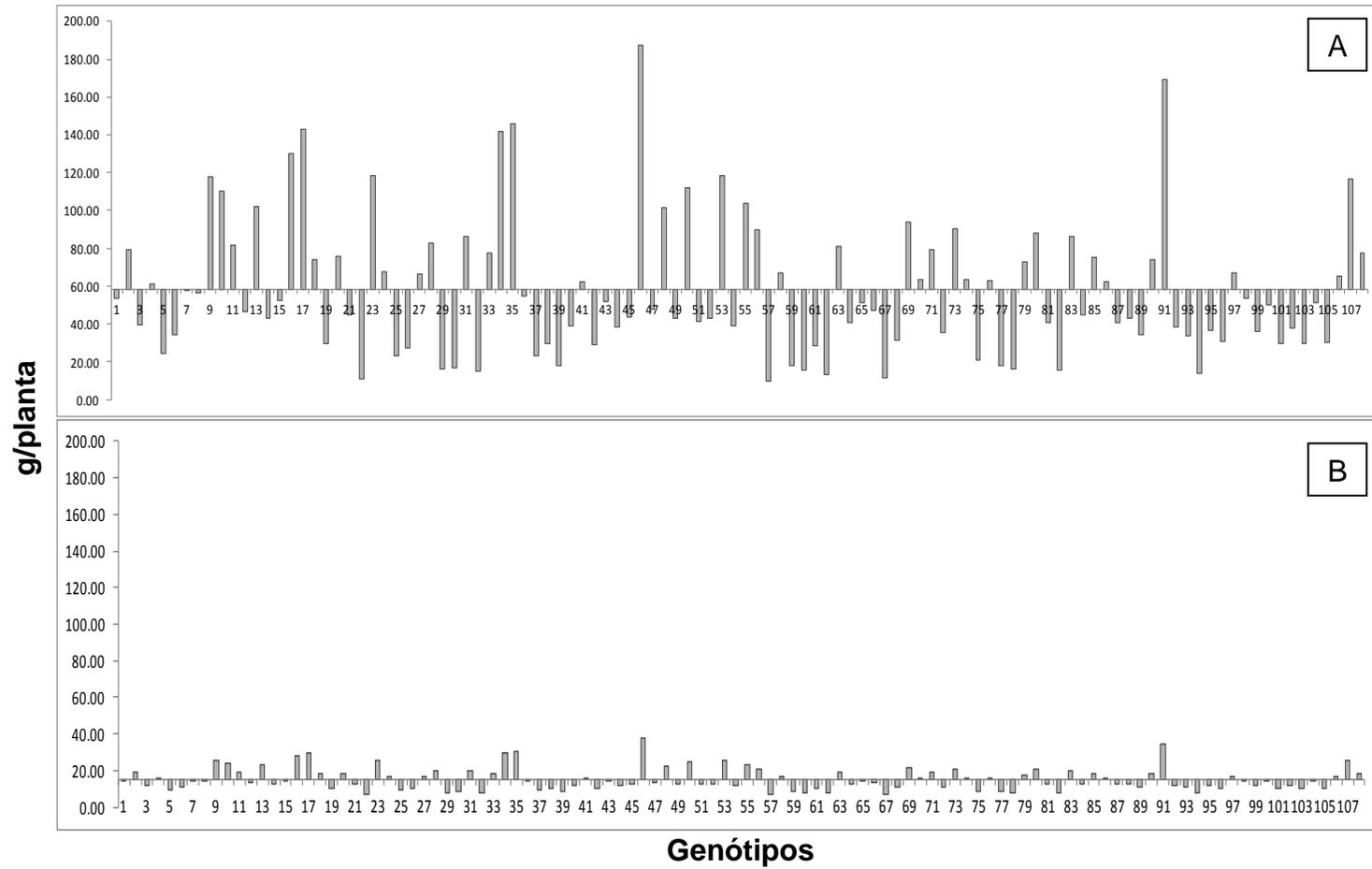


Figura 2. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSPA, com a média geral no controle de 58,07 g/planta (A), e na seca de 15,37 g/planta (B). Pelotas, 2016.

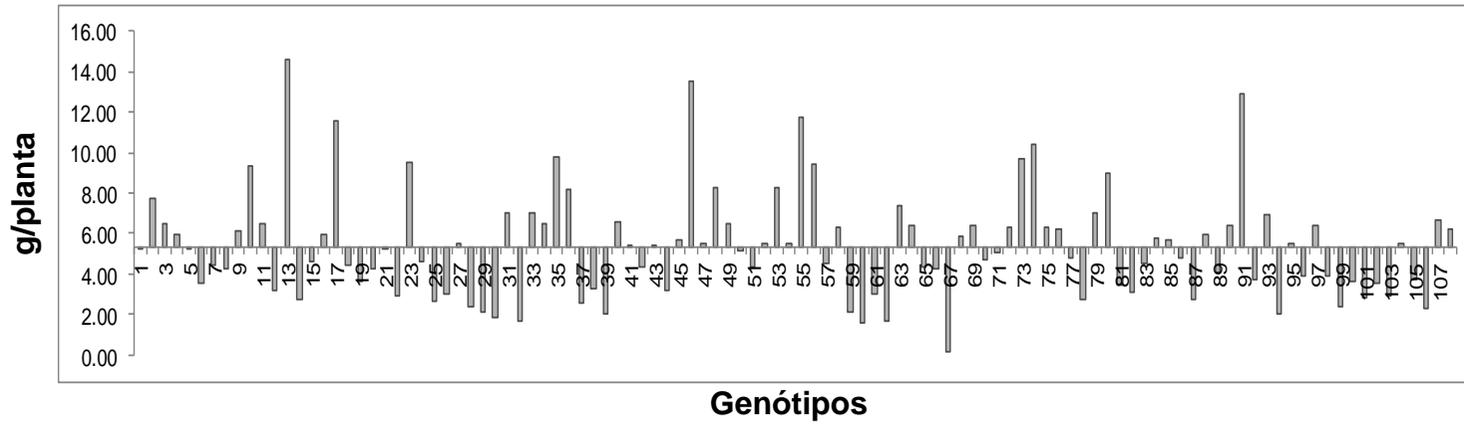


Figura 3. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSR no controle, com média geral de 5,37 g/planta. Pelotas, 2016.

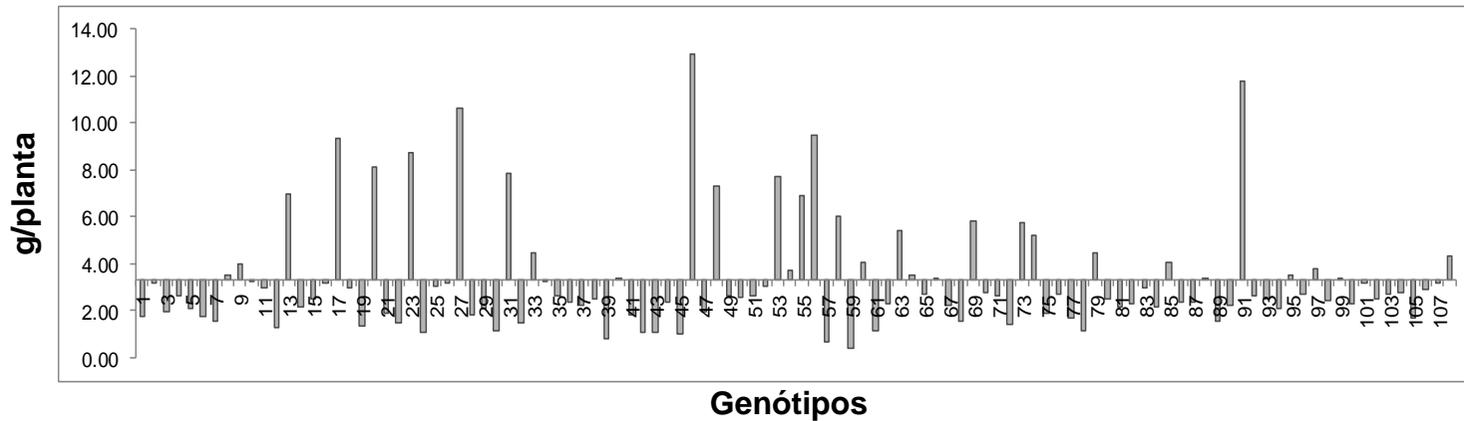


Figura 4. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSE no controle, com média geral de 3,31g/planta. Pelotas, 2016.

-Produção de biomassa de tubérculos:

Número de tubérculos grandes (NTG): Na média, o NTG na condição hídrica controle foi de 15,84, e na seca de 8,43 tubérculos por planta. Dos 108 genótipos avaliados, 55 ficaram acima da média em ambas as condições hídricas. A amplitude de variação foi de 2,38 a 37,14 tubérculos por planta no controle e de 5,11 a 13,70 na seca. Em ambas as condições hídricas, o genótipo 106 (Cupido) apresentou o menor NTG e o genótipo 48 (C2337-18-02), apresentou o maior NTG (Figura 5).

Número de tubérculos pequenos (NTP): Na média, o NTP foi de 27,79 na condição hídrica controle, e de 10,60 na seca. Dos 108 genótipos avaliados, 49 ficaram acima da média em ambas as condições hídricas. A amplitude de variação foi de 4,92 a 72,04 no controle, e de 5,97 a 19,54 na seca. Em ambas as condições os genótipos 99 (Pehuenche) e 34 (9846-1) ficaram com o menor NTP e o genótipo 21 (F208-01-06) com o maior NTP (Figura 6).

Número total de tubérculos (NTT): Na média, o NTT foi de 43,45 na condição hídrica controle e de 19,08 na seca. Dos 108 genótipos avaliados, 54 ficaram acima da média, em ambas as condições hídricas. A amplitude de variação foi de 4,96 a 98,85 na condição hídrica controle e de 10,26 a 61,64 na seca. Em ambas as condições hídricas, o genótipo 28 (MB-03) produziu o menor NTT e o genótipo 21 (F208-01-06) o maior NTT (Figura 7).

Peso seco de tubérculos grandes (PSTG): Na média, o PSTG foi de 33,33g na condição hídrica controle e de 18,35g na seca. Dos 108 genótipos avaliados, 55 ficaram acima da média no controle, e 54 na seca. A amplitude de variação foi de 6,66 a 56,03 no controle e de 9,86 a 26,17 g/planta na seca. Em ambas as condições hídricas, o genótipo 25 (Cascata) apresentou o menor PSTG e o 48 (C2337-18-02) o maior PSTG (Figura 8).

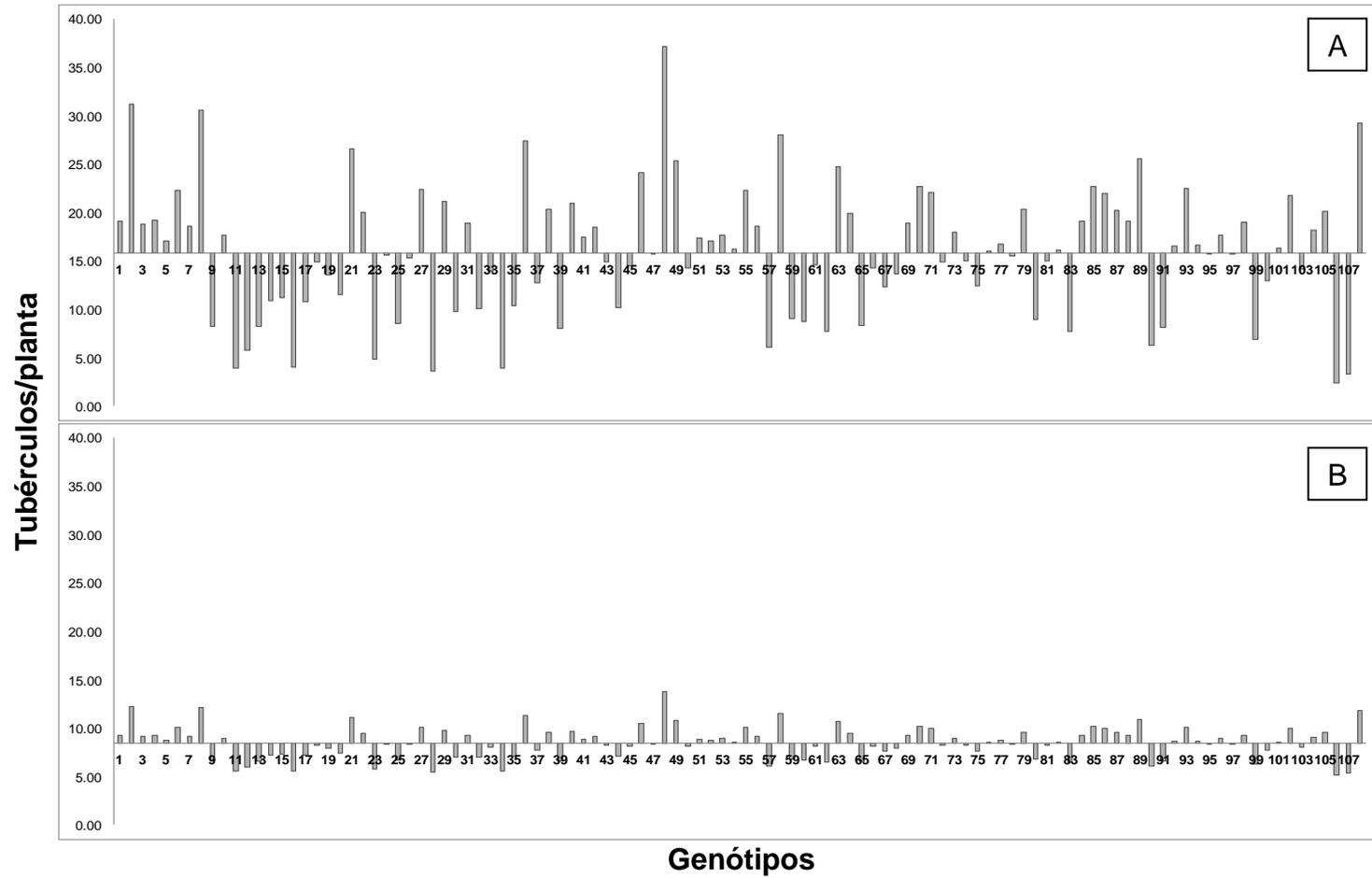


Figura 5. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável NTG, com média geral de 15,84 tubérculos por planta no controle (A) e de 8,43 tubérculos por planta na seca (B). Pelotas, 2016.

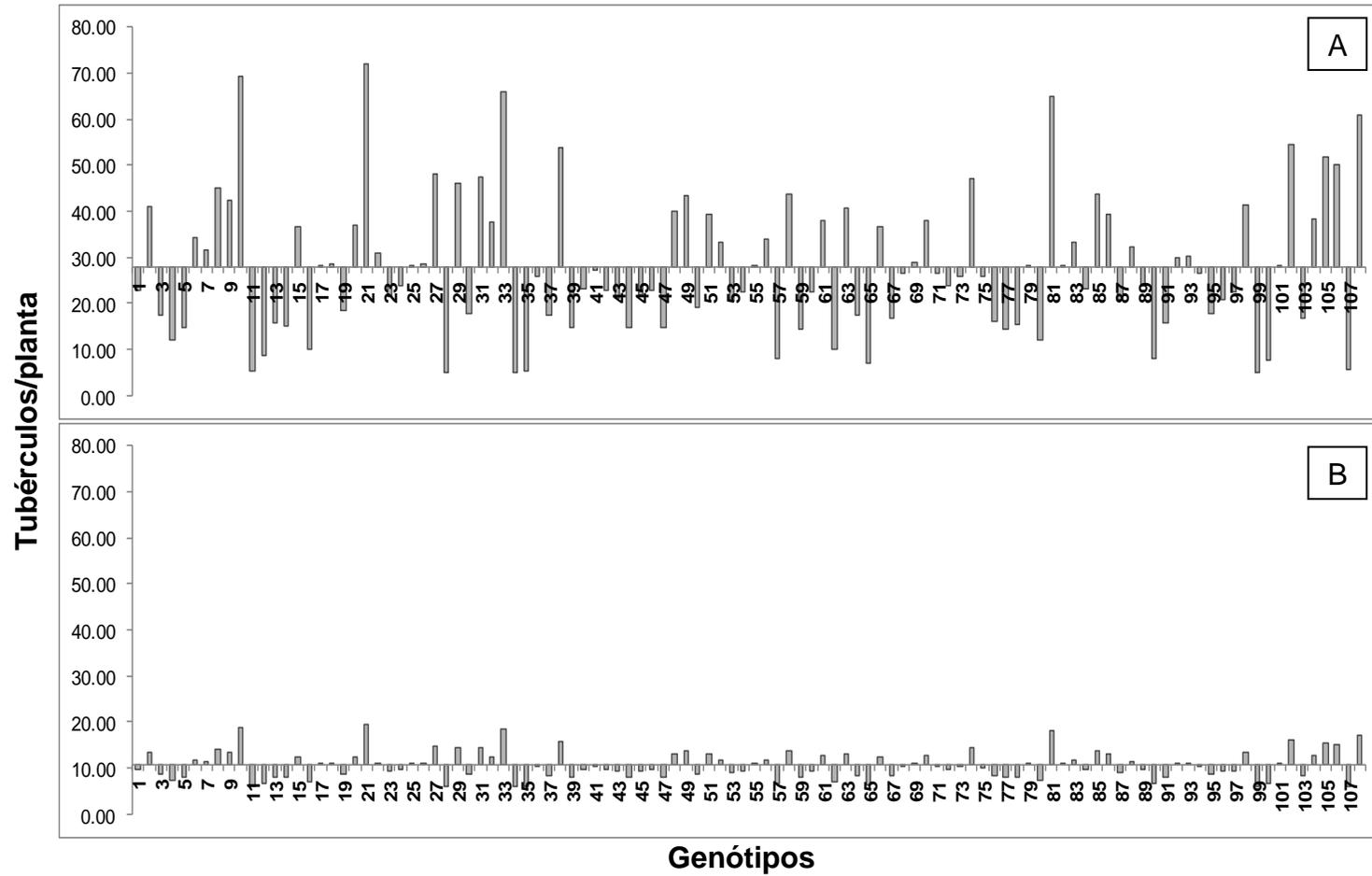


Figura 6. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável NTP, com média geral de 27,79 tubérculos por planta no controle (A) e 10,60 tubérculos por planta na seca (B). Pelotas, 2016.

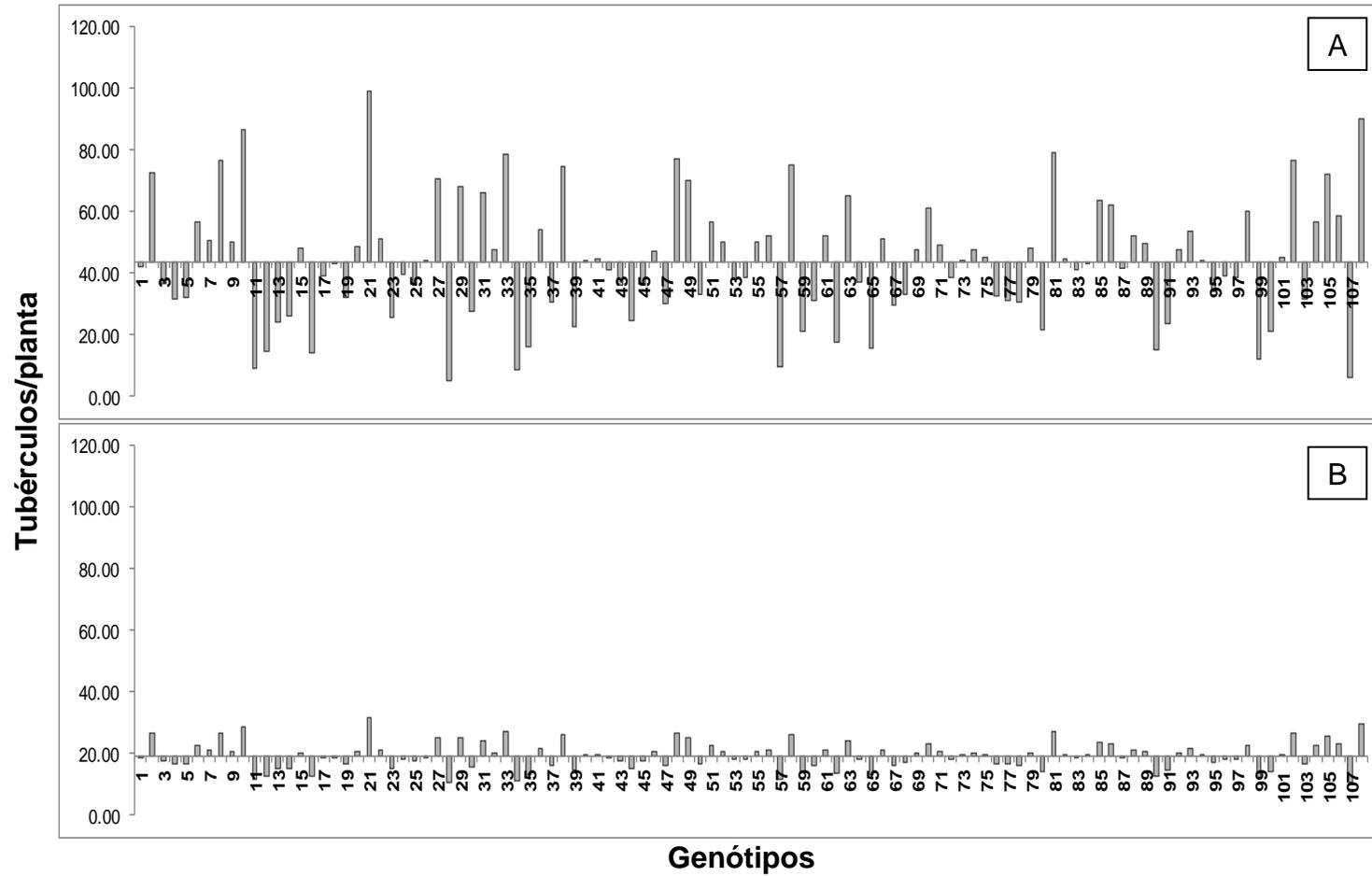


Figura 7. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável NTT, com média geral de 43,45 tubérculos por planta no controle (A) e 19,08 tubérculos por planta na seca (B). Pelotas, 2016.

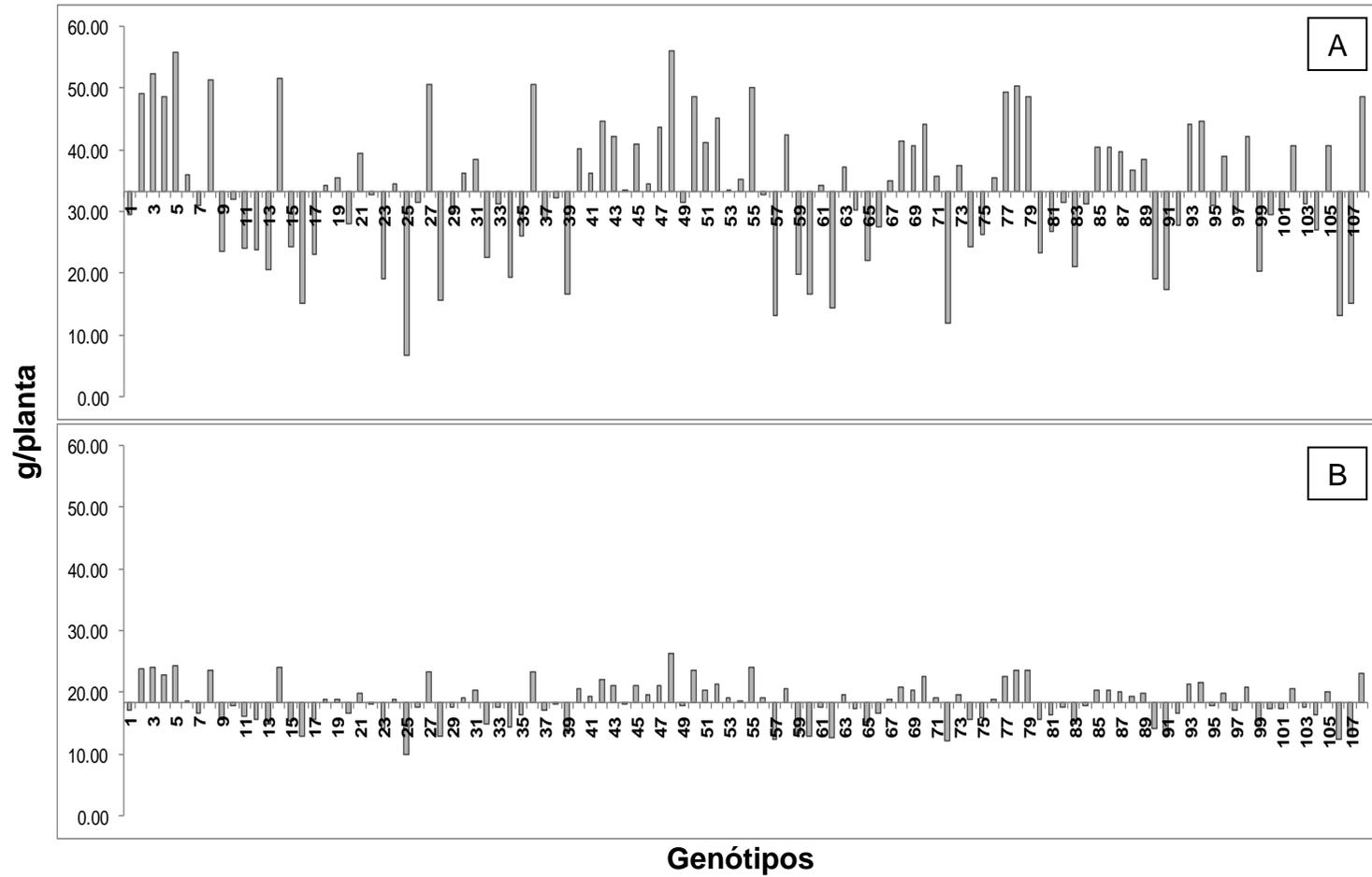


Figura 8. Valores genotípicos preditos para a variável PSTG, com média geral de 33,33 g/planta no controle (A) e 18,35 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016.

Peso seco de tubérculos pequenos (PSTP): Na média, o PSTP foi de 4,61g na condição hídrica controle e de 2,39g na seca. Dos 108 genótipos avaliados, 49 ficaram acima da média em ambas as condições hídricas. A amplitude de variação foi de 0,42 a 12,81 no controle e de 1,46 a 3,94g/planta na seca. Em ambas as condições hídricas, o genótipo 57 (C2363-06-02) produziu o menor PSTP e o 33 (Cristal) o maior PSTP (Figura 9).

Peso seco total de tubérculos (PSTT): Na média, o PSTT foi de 53,58g na condição hídrica controle e de 25,28g na seca. Dos 108 genótipos avaliados, 53 genótipos ficaram acima da média em ambas as condições hídricas. A amplitude de variação foi de 1,20g a 102,35g no controle, e de 11,20g a 37,83g na seca. Em ambas as condições hídricas, o genótipo 57 (C2363-06-02) produziu o menor PSTT e o 48 (C2337-18-02) o maior PSTT (Figura 10).

Peso médio de tubérculos (PMT): Na média, o PMT foi de 1,58g na condição hídrica controle, e de 1,18g na seca. Dos 108 genótipos avaliados, 43 ficaram acima da média no controle e 47 na seca. A amplitude de variação foi de 0,63g a 3,01g no controle, e de 0,66g a 1,97g na seca. Em ambas as condições hídricas os genótipos 61 (C2398-03) apresentou o menor PMT e o 45 (C2080-3-00) o maior PMT (Figura 11).

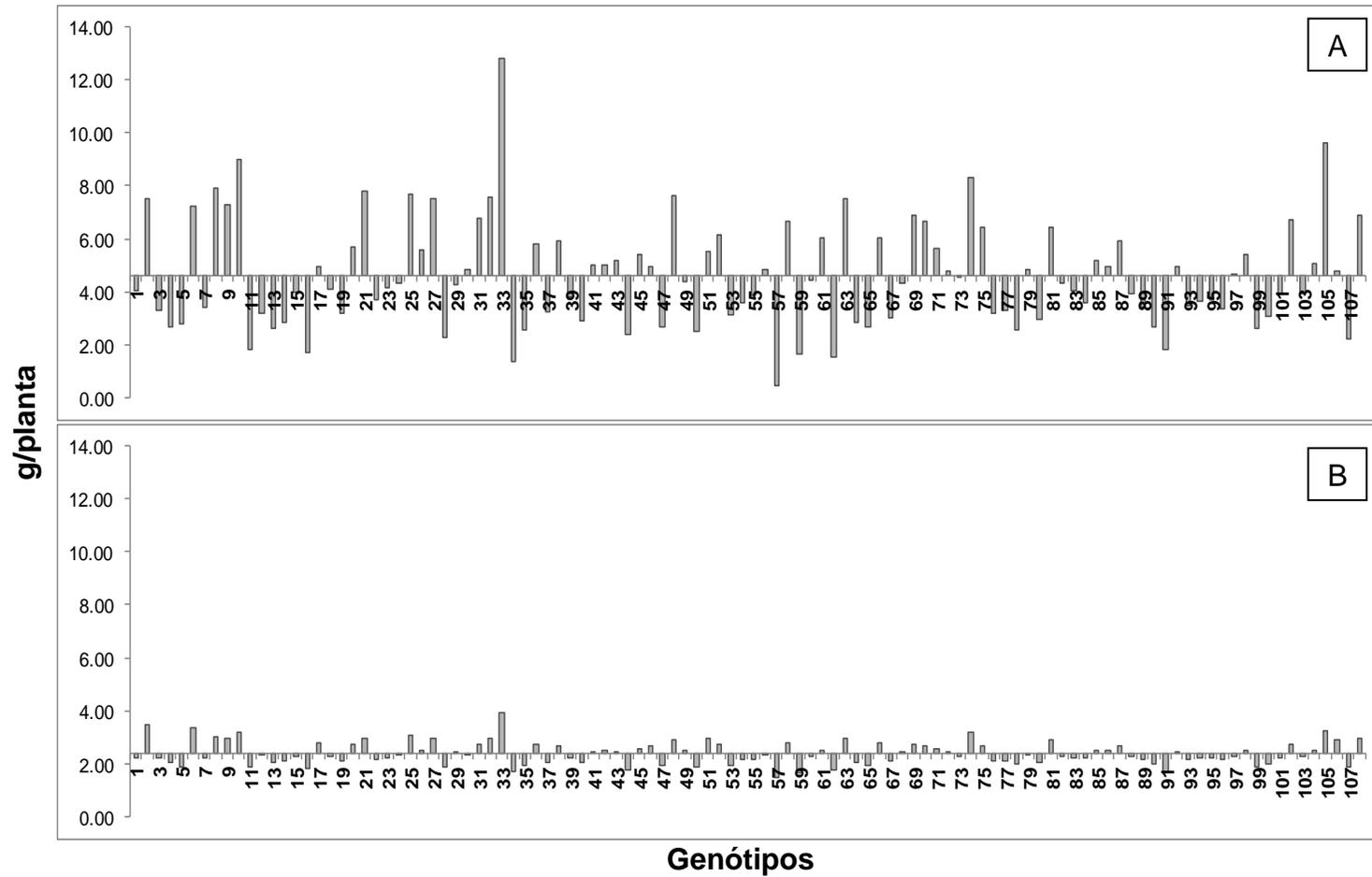


Figura 9. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSTP, com média geral de 4,61 g/planta no controle (A) e 2,39 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016.

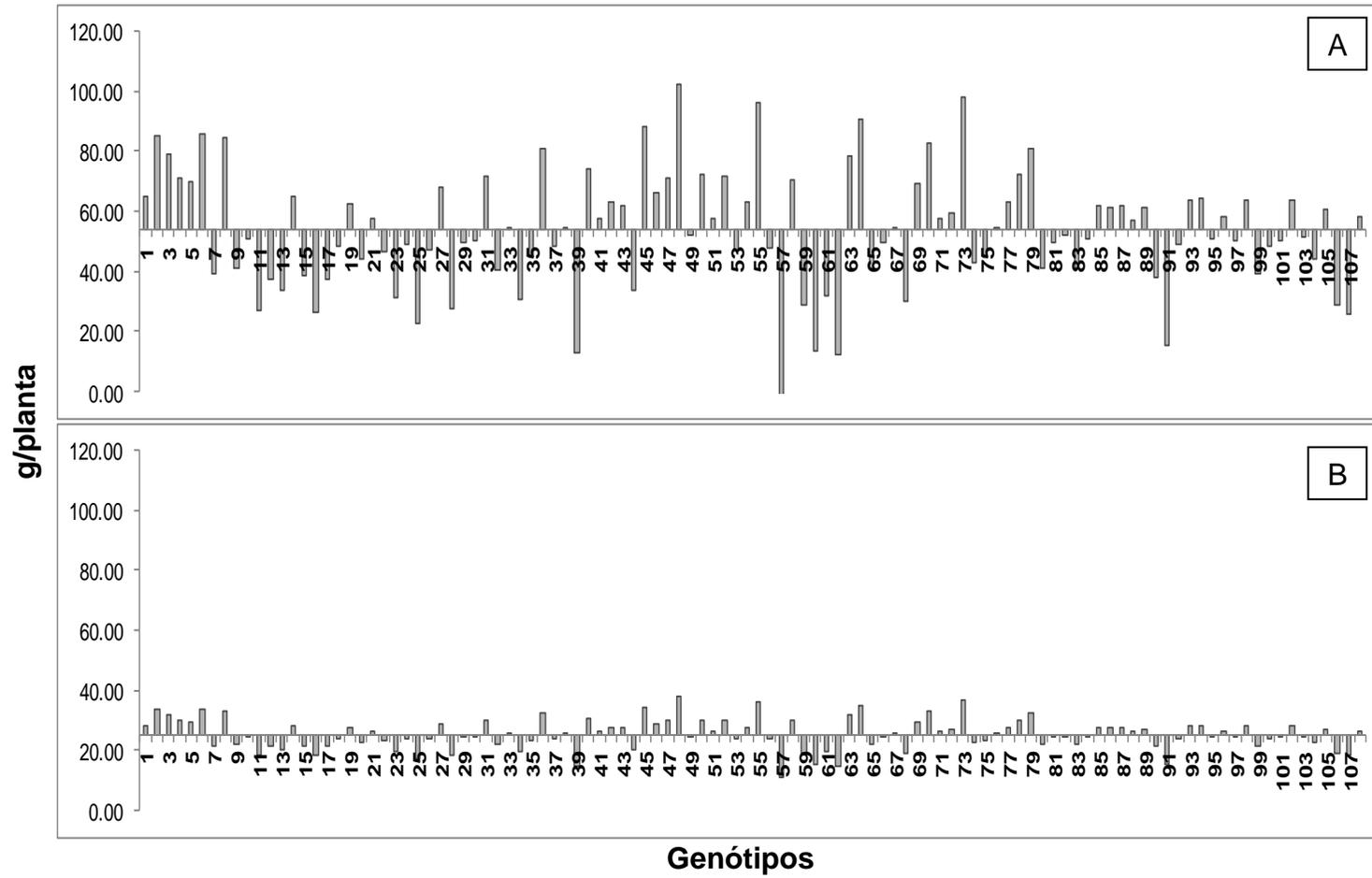


Figura 10. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PSTT com média geral de 53,58 g/planta no controle (A) e 25,28 g/planta na seca (B). Pelotas, 2016.

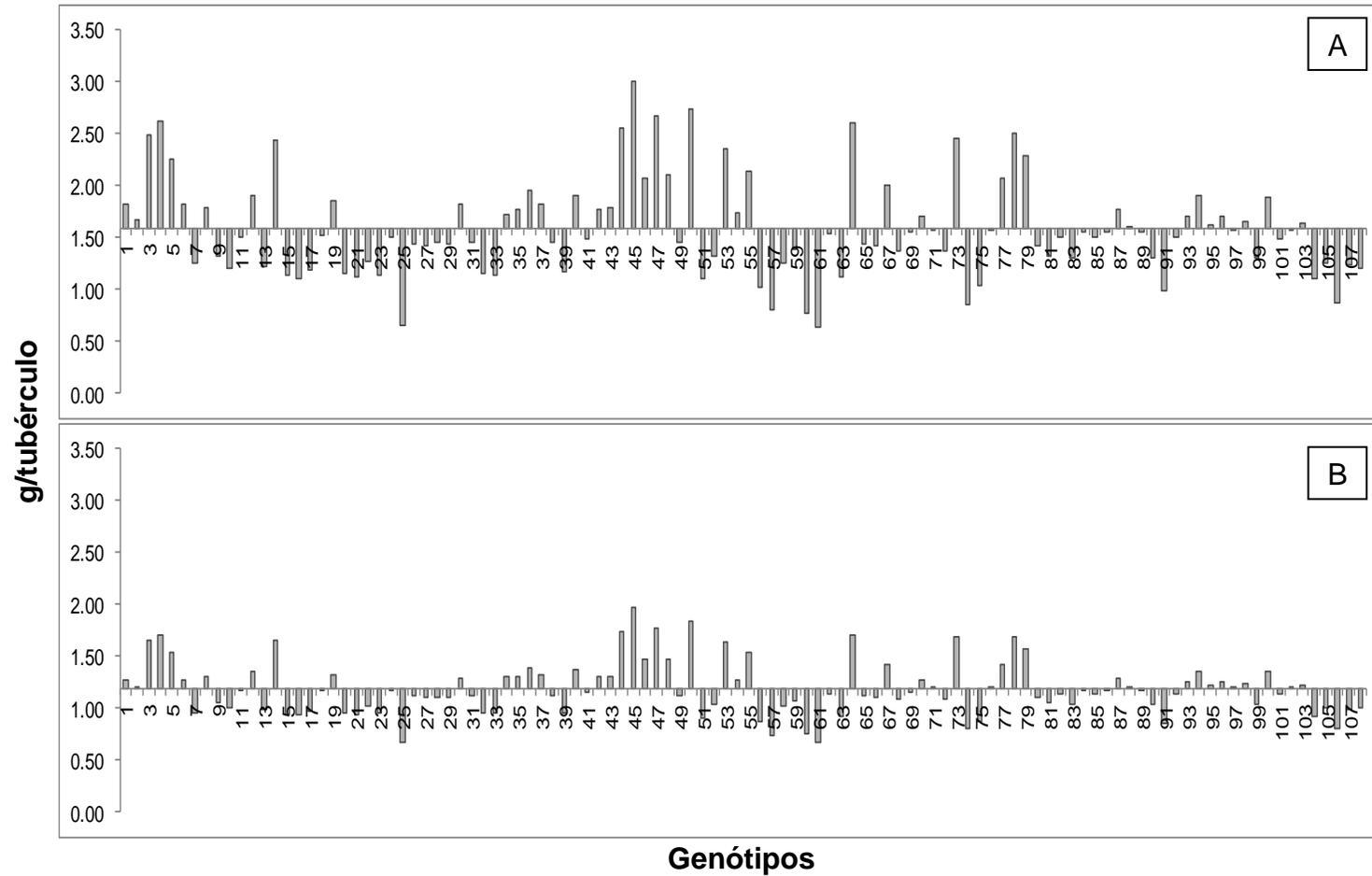


Figura 11. Valores genotípicos preditos em 108 genótipos para a variável PMT com média geral de 1,58g no controle (A) e 1,18g na seca (B). Pelotas, 2016.

Variáveis fisiológicas

Conteúdo de Clorofila (CC): Na média, o CC no primeiro dia após o estresse hídrico (1DAE) foi de 41,59. Dos 40 genótipos avaliados, 20 ficaram acima da média. A amplitude de variação foi de 36,98 a 46,30 para os genótipos 61 (C2398-03) e 41 (C17-50-15-95), respectivamente (Figura 12A).

Aos 9DAE, a média de CC foi de 42,85. Dos 40 genótipos avaliados, 20 ficaram acima da média. A amplitude de variação situa-se entre 38,83 e 47,04 para os genótipos 54 (C2360-14-02) e 73 (F88-01-05), respectivamente (Figura 12A).

Aos 13DAE a média para CC foi de 39,89. Dos 40 genótipos avaliados, 21 ficaram acima da média. A amplitude de variação situa-se entre 35,94 e 43,98 para os genótipos 2 (Yagana) e 73 (F88-01-05), respectivamente (Figura 12B).

Na avaliação um dia após a remoção do estresse (1R), a média para CC foi de 40,86. Dos 40 genótipos avaliados, 21 ficaram acima da média. A amplitude de variação situa-se entre 35,66 e 44,65 para os genótipos 54 (C2360-14-02) e 45 (C2080-3-00), respectivamente (Figura 12B).

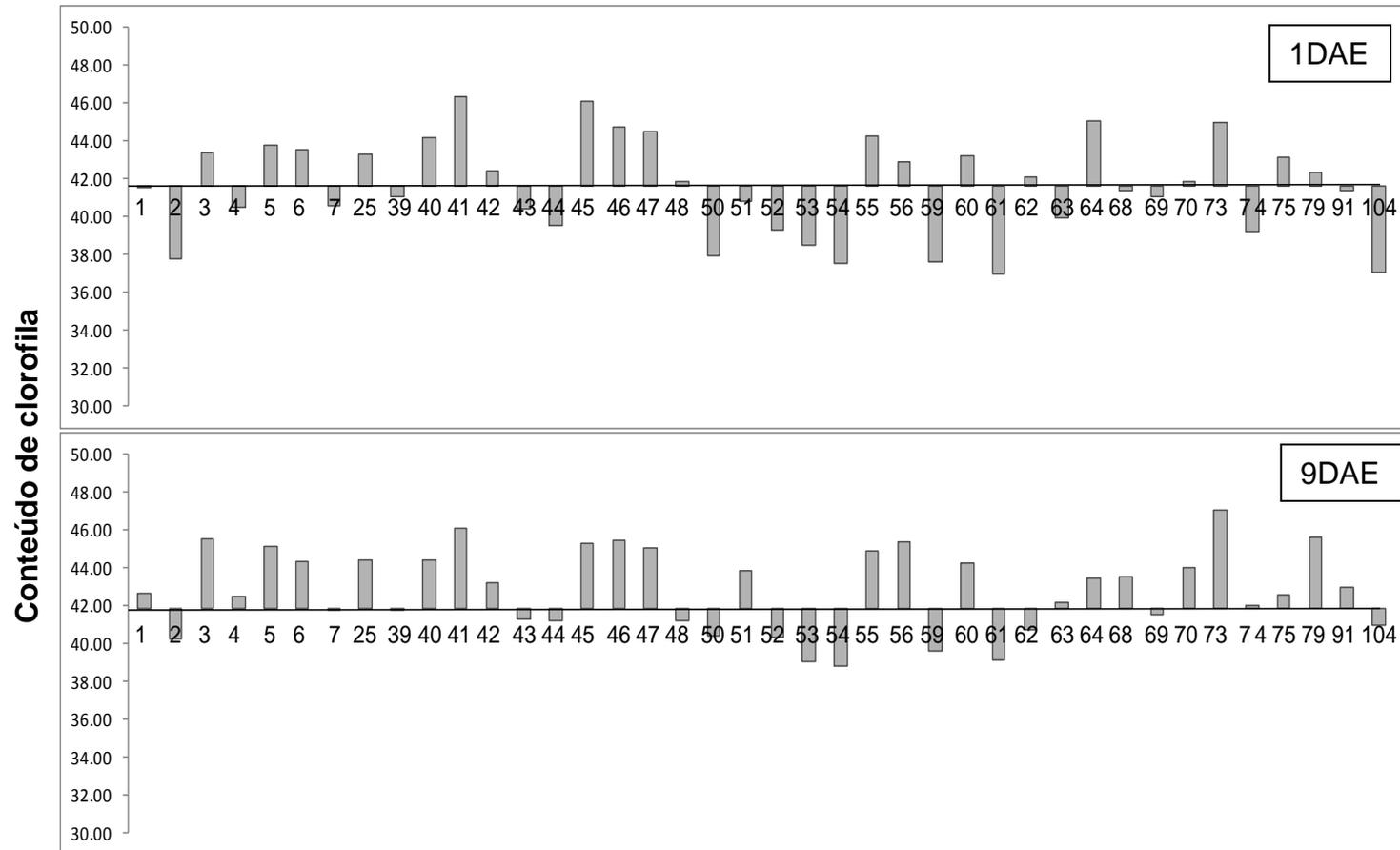


Figura 12A. Valores genotípicos preditos em 40 genótipos, para a variável de conteúdo de clorofila no primeiro dia após o estresse (1DAE) e aos 9DAE. Pelotas, 2016.

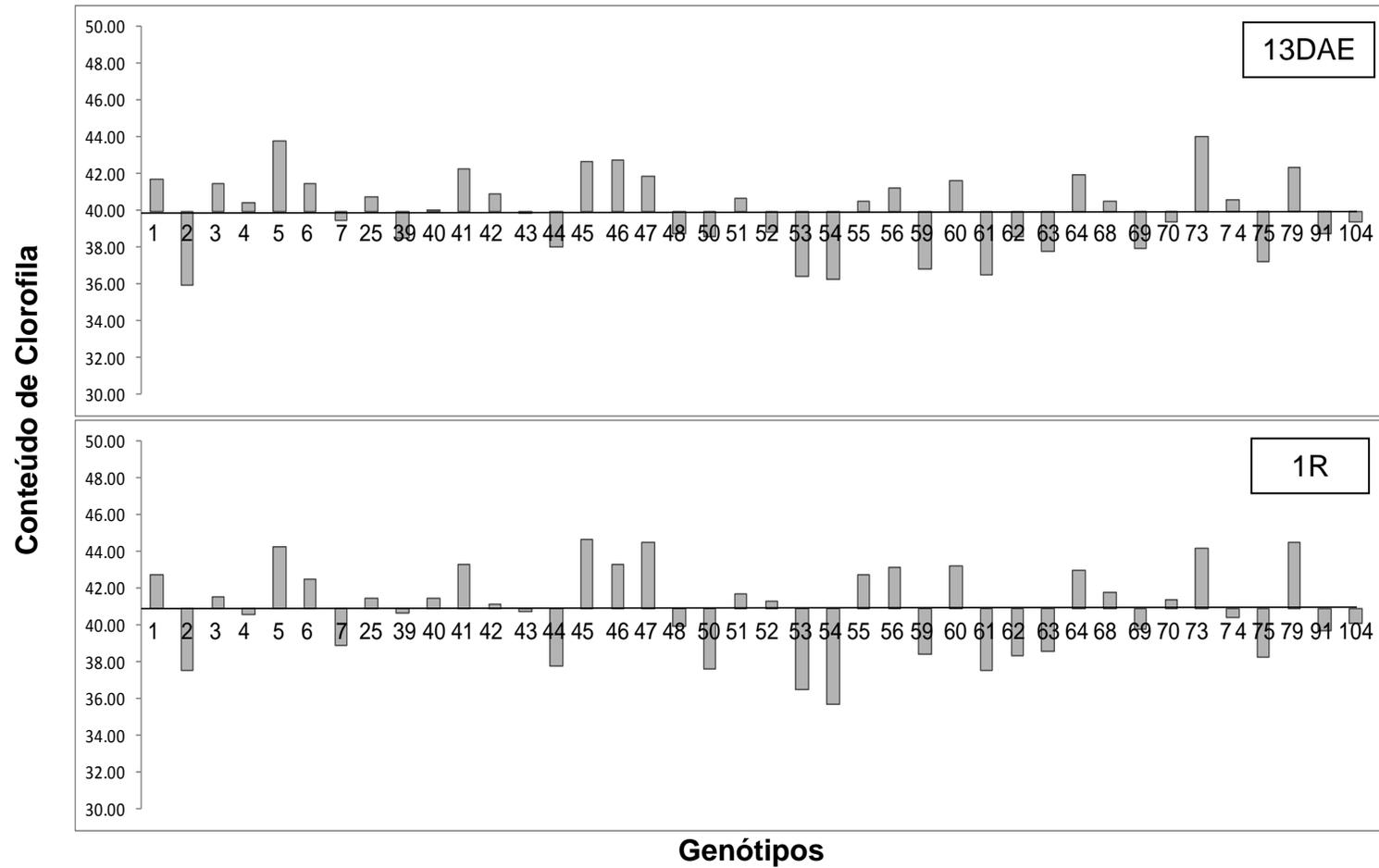


Figura 12B. Valores genotípicos preditos em 40 genótipos para a variável de conteúdo de clorofila no 13DAE e um dia após a remoção do estresse (1R). Pelotas, 2016.

Ajuste osmótico (AO): Na média, o AO 1DAE foi de 0,13, e aos 14DAE de 0,03. Dos 39 genótipos avaliados, 22 ficaram acima da média na avaliação 1DAE e 21 na avaliação 14 DAE. No 1DAE os valores de ajuste osmótico variaram de 0,08 para o genótipo 45 (C2080-3-00) a 0,17 para o genótipo 46 (C2337-06-02). Aos 14DAE os valores de ajuste osmótico variaram de -0,09 para o genótipo 62 (C2399-03) a 0,08 para o genótipo 39 (C1714-7-94) (Figura 13).

Discriminação de Isótopos de Carbono (ΔC): Na média, a ΔC foi de 21,20 na condição hídrica controle e de 20,00 na seca. Dos 59 genótipos avaliados, 29 ficaram acima da média no controle, e 28 na seca. A amplitude de variação no controle foi de 20,95 a 21,47, para os genótipos 28 (MB-03) e 75 (F119-01-06), respectivamente. Na condição hídrica de seca, a amplitude de variação foi de 20,43 a 21,62, para os genótipos 16 (CL20-01-06) e 75 (F119-01-06), respectivamente (Figura 14).

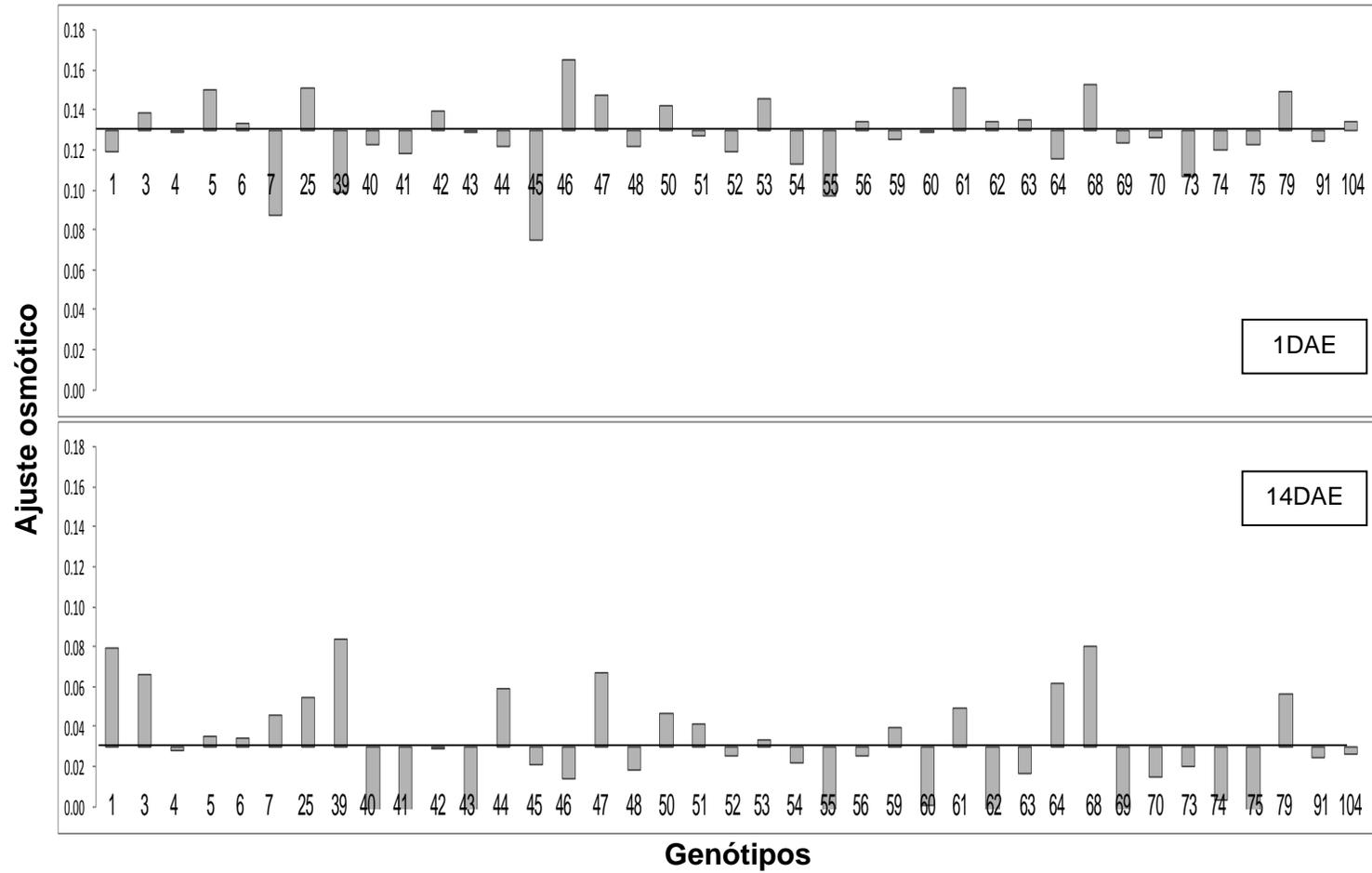


Figura 13. Valores genotípicos preditos em 39 genótipos para a variável de ajuste osmótico no primeiro dia após o estresse (1DAE) (A) e aos 14DAE (B). Pelotas, 2016.

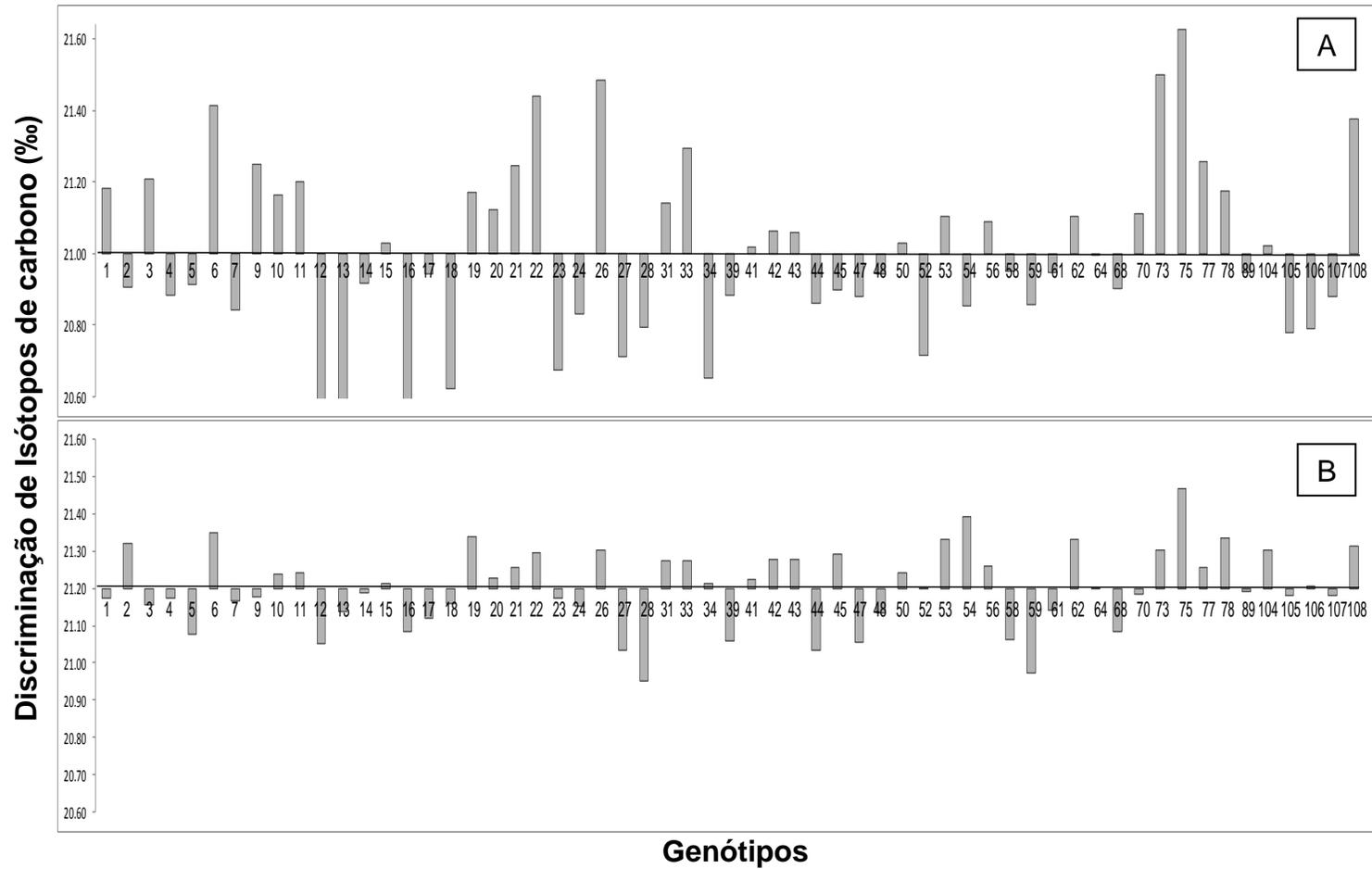


Figura 14. Valores genotípicos preditos em 59 genótipos para a variável discriminação de isótopos de carbono no controle (A) e na seca (B). Pelotas, 2016.

Análise de componentes principais

Variáveis Morfo-agronômicas - Controle

Pela análise de componentes principais dos dados morfo-agronômicos, na condição hídrica controle, os dois primeiros componentes explicaram 63,15% da variação, com 37,92% no primeiro componente e 25,23% no segundo componente (Figura 15).

As variáveis que mais contribuíram para a separação dos genótipos no primeiro componente foram NTG e NTT. No segundo componente, as variáveis que mais contribuíram para a separação dos genótipos foram PSE, PSPA e PSR (Tabela 5). Os genótipos apresentaram uma ampla distribuição nos quatro quadrantes. Os genótipos 2 (Yagana), 8 (Pukara), 21 (F208-01-06), 33 (Cristal), 36 (Asterix), 48 (C2337-18-02), 58 (C2364-05-02), 63 (C2400-03), 81 (Macaca), 89 (R91121-17) e 108 (C2504-08-06) foram os que apresentaram uma leve separação dos demais genótipos, com destaque para o genótipo 48 (C2337-18-02). Os genótipos 17 (2CRI-11-49-78), 46 (C2337-06-02) e 91 (Todo Ano) foram os que mais se separam no segundo componente (Figura 15).

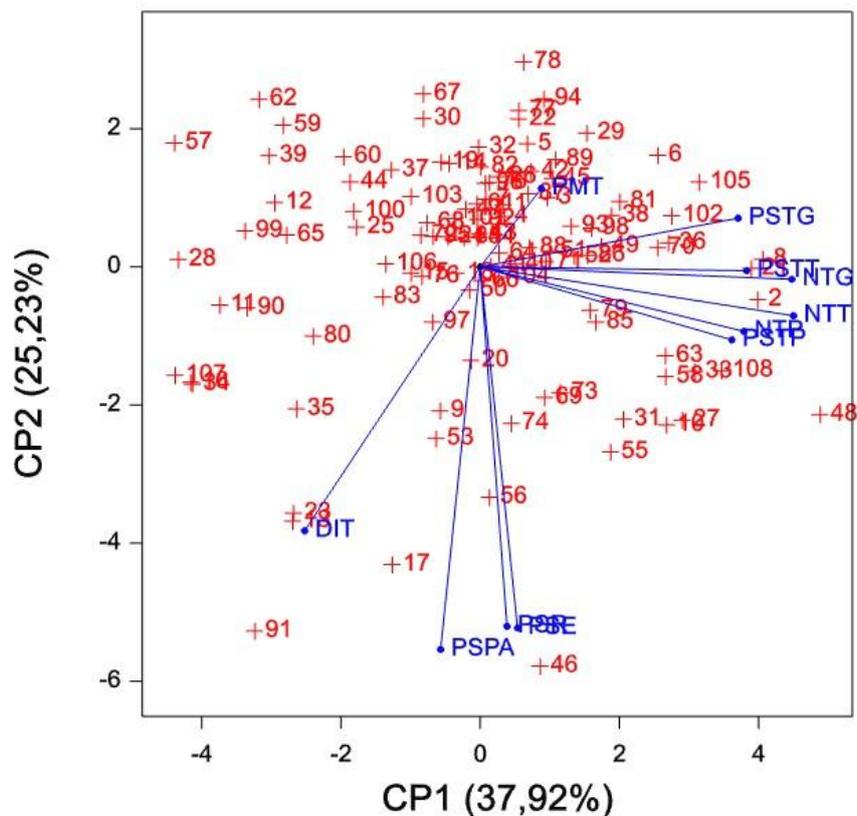


Figura 15. Dispersão de 108 genótipos de batata pela análise de componentes principais na condição hídrica controle para as variáveis morfo-agronômicas: Dias para iniciar o período de tuberação (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT) e peso médio de tubérculos (PMT). Pelotas, 2016.

Tabela 5. Valores de autovetores de 11 variáveis morfo-agronômicas avaliadas no controle e de 9 avaliadas na seca. CP1= primeiro componente principal; CP2= segundo componente principal. Pelotas, 2016.

	Controle		Seca	
	CP1	CP2	CP1	CP2
DIT	0.24720	-0.37462	0.25980	0.03342
NTG	-0.43901	-0.01769	-0.43972	-0.11098
NTP	-0.37160	-0.09160	-0.37046	0.39175
NTT	-0.44127	-0.06946	-0.44081	0.25777
PMT	-0.08618	0.11120	-0.08681	-0.61080
PSE	-0.05261	-0.51260	-	-
PSPA	0.05572	-0.54317	0.07084	0.02800
PSR	-0.03783	-0.51032	-	-
PSTG	-0.36340	0.06902	-0.36172	-0.37714
PSTP	-0.35452	-0.10366	-0.34935	0.35388
PSTT	-0.37535	-0.00550	-0.37703	-0.35402

DIT: dias para iniciar o período de tuberação; NTG: número de tubérculos grandes; NTP: número de tubérculos pequenos; NTT: número total de tubérculos; PMT: peso médio de tubérculos; PSE: peso seco de estolão; PSPA: peso seco de parte aérea; PSR: peso seco de raiz; PSTG: peso seco de tubérculos grandes; PSTP: peso seco de tubérculos pequenos; PSTT: peso seco total de tubérculos.

Variáveis Morfo-agronômicas - Seca

Pela análise de componentes principais dos dados morfo-agronômicos na condição hídrica seca, os dois primeiros componentes explicaram 70,72% da variação, com 45,93% no primeiro componente e 24,79% no segundo componente (Figura 16). As variáveis que mais contribuíram para a separação dos genótipos no primeiro componente foram NTG e NTT, já no segundo componente a variável que mais contribuiu para a separação dos genótipos foi o PMT (Tabela 5). Os genótipos 2 (Yagana), 8 (Pukara), 21 (F208-01-06), 35 (BRS Ana), 48 (C2337-18-02), 58 (C2364-05-02) e 108 (C2504-08-06) foram os

que se isolaram no primeiro componente e, em sentido oposto, os genótipos: 57 (C2363-06-02), 16 (CL20-01-06), 107 (RM9825-05), 28 (MB-03) e 34 (9846-1). No segundo componente se separam os genótipos: 45 (C2080-3-00), 50 (C2342-1-02), 47 (C2337-15-2), 44 (C2076-2-00), 4 (BRS Clara), 64 (C2406-03), 78 (F74-23-06), 73 (F88-01-05), 14 (C2553-01-06), 45 (C2080-3-00), 73 (F88-01-05), 77 (F53-02-06) e 3 (Atlantic) e, em sentido oposto, os genótipos 25 (Cascata) e 106 (Cupido).

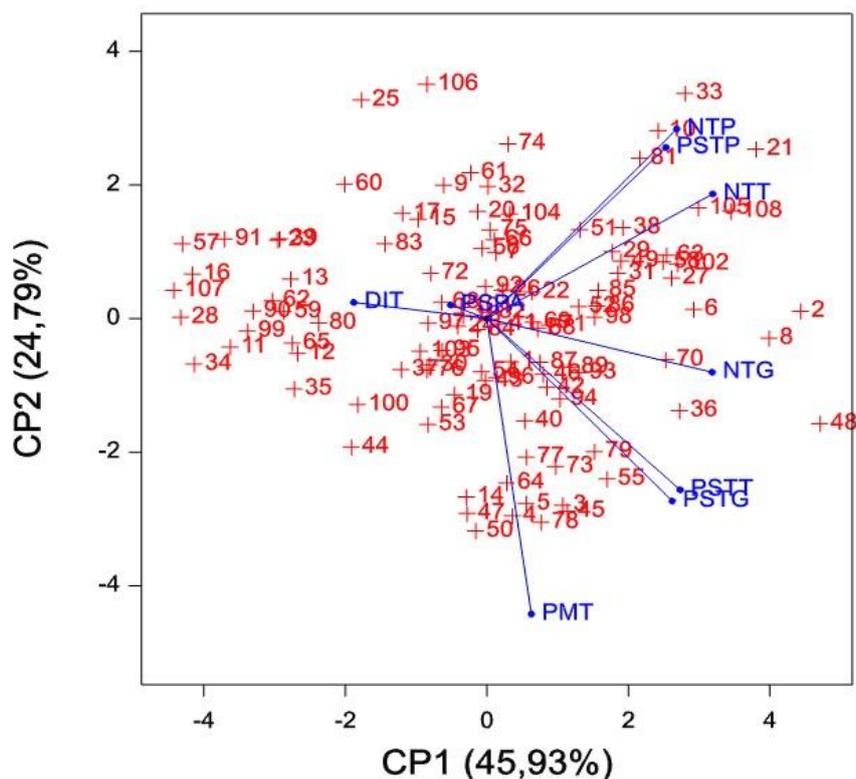


Figura 16. Dispersão de 108 genótipos de batata pela análise de componentes principais para as variáveis morfo-agronômicas na condição hídrica de seca, para as variáveis: Dias para iniciar o período de tuberação (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT) e peso médio de tubérculos (PMT). Pelotas, 2016.

Variáveis Fisiológicas

A análise de componentes principais para os dados fisiológicos explicou 72,23% da variação, sendo 46,43% no primeiro componente e 25,80% no segundo (Figura 17).

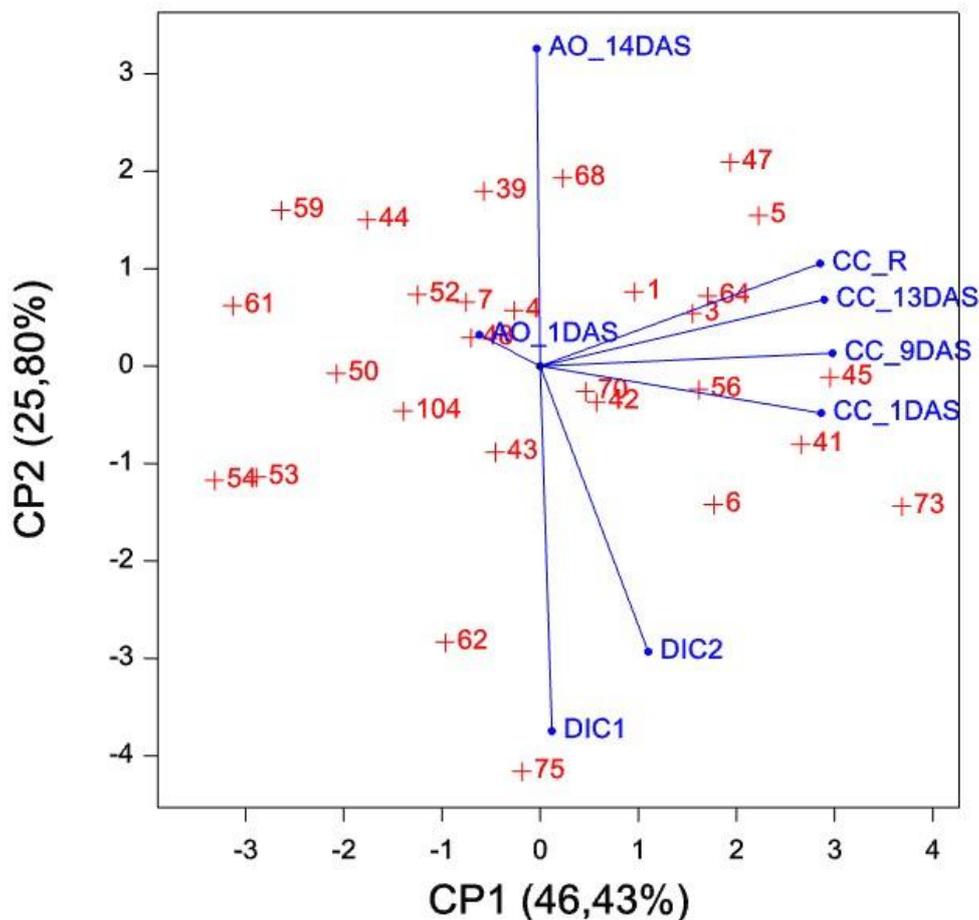


Figura 17. Dispersão de 28 genótipos pela análise de componentes principais para as variáveis fisiológicas: conteúdo de clorofila (CC) aos 1DAE, 9DAE, 13DAE e 1R, discriminação isotópica de carbono (DIC= ΔC) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE. Abreviatura das variáveis seguidas por 1=controle; 2=seca. Pelotas, 2016.

As variáveis que mais contribuíram para a separação dos genótipos no primeiro componente foram CC 13DAS, CC 1DAS, CC 9DAS e CC R. No

segundo componente as variáveis que mais contribuíram foram ΔC no controle e, em sentido oposto a variável AO 14DAS. Os genótipos apresentaram ampla variação nos quatro componentes, sendo que os genótipos 45 (C2080-3-00), 41 (C1750-15-95) e 73 (F88-01-05) apresentaram os maiores valores para CC, e se separaram dos demais no primeiro componente. E os genótipos 75 (F119-01-06) e 62 (C2399-03) que apresentaram os maiores valores para discriminação de isótopos de carbono no controle, se separaram dos demais no segundo componente (Tabela 6).

Tabela 6. Valores de autovetores das variáveis fisiológicas: ajuste osmótico (AO) no 1DAE e aos 14DAE, conteúdo de clorofila (CC) aos 1DAE, 9DAE, 13DAE e 1R e para a variável discriminação isotópica de carbono ($\Delta C = DIC$). DAE= dias após o estresse, R= remoção do estresse. Variáveis seguidas por 1=controle e seguidas por 2=seca. CP1= primeiro componente principal; CP2= segundo componente principal. Pelotas, 2016.

	CP1	CP2
AO 14DAE	-0.00583	-0.54954
AO 1DAE	-0.10447	-0.05426
CC 13DAE	0.48784	-0.11495
CC 1DAE	0.48257	0.08130
CC 9DAE	0.50205	-0.02226
CC R	0.48087	-0.17760
ΔC 1	0.02018	0.63154
ΔC 2	0.18571	0.49433

Correlações entre as variáveis

Variáveis Morfo-agronômicas: Observou-se correlação positiva e significativa entre as variáveis de produção de biomassa de parte aérea, raiz e estolão, em ambos os tratamentos, controle e seca, com correlação forte entre as variáveis: PSPA1 (1=controle) e PSPA2 (2=seca) x PSR de 0,70, PSPA1 e PSPA2 x PSE de 0,73 e PSR x PSE de 0,77.

As variáveis de produção de biomassa de tubérculos também apresentaram correlação positiva e significativa, destacando-se as variáveis NTG em ambas as condições hídricas, controle e seca, com correlação forte para PSTT (0,71), NTT (0,82) e PSTG2 (0,61). E correlação média com as variáveis NTP (0,58) e PSTG1 (0,58). A variável NTP, em ambas as condições

hídricas, apresentou correlação forte com PSTP1 (0,83) e PSTP2 (0,78) e correlação fortíssima com NTT (0,92). A variável PSTT apresentou correlação forte com PMT (0,61), PSTG1 (0,68) e PSTG2 (0,70) e correlação média com PSTP1 (0,37) e PSTP2 (0,39).

Destaca-se também as variáveis de produção de tubérculos com as variáveis de biomassa de parte aérea, raiz e estolão, com correlação média a variável PSTT e PSR (0,56), PSTT e PSPA (0,42), NTG e PSPA (0,51), PSR (0,55) e PSE (0,49), NTT e PSPA (0,41), PSR (0,44) e PSE (0,42) (Figura 17).

Variáveis Fisiológicas: As variáveis relacionadas ao conteúdo de clorofila apresentaram correlação altamente significativa entre si. A variável CC 1DAE foi fortemente correlacionada com CC 9DAE (0,88), CC 13DAE (0,89), e CC R (0,79). Da mesma forma, CC 9DAE apresentou correlação forte com CC 13DAE (0,89) e CC R (0,87). As variáveis CC 13DAE e CC R apresentaram correlação fortíssima (0,93).

A variável discriminação de isótopos de carbono no controle apresentou correlação negativa de média magnitude com o ajuste osmótico aos 14DAS (0,59) (Figura 17).

Variáveis Morfo-agronômicas x Fisiológicas: Dentre as variáveis avaliadas pode-se observar correlação positiva significativa entre a variável de produção de tubérculos (PSTT) com as variáveis de conteúdo de clorofila aos 1DAE (0,45), 9DAE (0,45), 13DAE (0,53) e CC R (0,48), sendo consideradas de média magnitude. A variável de discriminação de isótopos de carbono apresentou correlação de média magnitude com a variável de peso seco de tubérculos pequenos na condição hídrica de seca (0,38) (Figura 18).

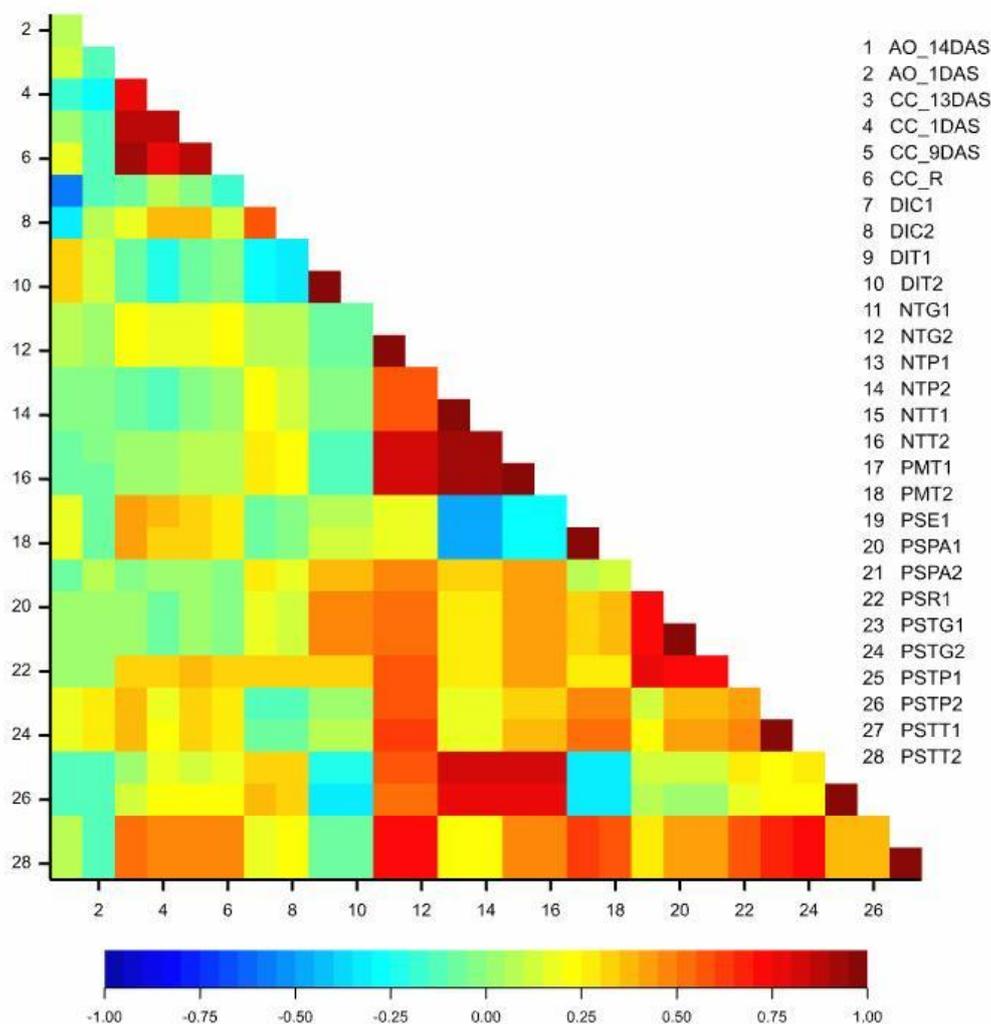


Figura 18. Correlação entre as variáveis: Dias para iniciar o período de tuberação (DIT), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raízes (PSR), peso seco de estolões (PSE), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP), peso seco total de tubérculos (PSTT), conteúdo de clorofila (CC) aos 1DAE, 9DAE, 13DAE E 1R, discriminação de isótopos de carbono (DIC= ΔC) e ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE de 108 genótipos de batata. Abreviatura das variáveis seguidas por 1=controle; 2=seca. Barra de cores indica a magnitude da correlação. Pelotas, 2016.

1.4 Discussão

Para todos os caracteres morfo-agronômicos avaliados a interação genótipo x ambiente (GxE) foi significativa, indicando que os genótipos avaliados apresentam resposta diferencial dependendo da condição hídrica. A interação GxE ocorre quando há respostas diferenciadas dos genótipos testados em diferentes ambientes (CARVALHO et al., 2001). Esta interação poderá ser um fator prejudicial na seleção caso não seja apropriadamente detectada e mensurada, o que comprometeria os resultados do programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). O propósito de estudar a interação GxE é selecionar genótipos com alta estabilidade e ampla adaptabilidade. Um genótipo estável, é aquele que manifesta pequenas oscilações na sua performance quando cultivado em diferentes ambientes (RESENDE, 2007).

Os resultados do presente trabalho indicam que a maioria dos genótipos avaliados apresentaram grandes oscilações dentro dos dois ambientes avaliados, com reduções em torno de 50% para a maioria das variáveis, quando comparado ao controle com a seca, indicando que apresentam pouca estabilidade nestas condições. Os genótipos que apresentaram maior estabilidade, em caracteres relacionados à produção de massa de tubérculos, especificamente para a variável PSTT, quando comparados o controle com a seca, foram: 25 (Cascata), 107 (RM9825-05), 16 (CL20-01-06), 11 (BR3) e 28 (MB-03) com reduções entre 20 e 30%. Entretanto, mesmo apresentando menores reduções, ou seja, sendo mais estáveis, em ambas as condições hídricas avaliadas, são genótipos que são menos produtivos quando comparado aos demais.

Resultados semelhantes de interação GxE, também foram observados em uma população diploide de batata, em que os genótipos avaliados apresentaram diferenças significativas entre o controle e o tratamento de seca para a maioria dos caracteres avaliados, sendo as diferenças genotípicas sempre dependentes da resposta ao estresse (ANITHAKUMARI et al., 2012).

Já para os caracteres fisiológicos, a interação GxE foi observada apenas para a variável discriminação de isótopos de carbono. Vale ressaltar que para

as variáveis conteúdo de clorofila e ajuste osmótico, foi avaliado um conjunto menor de genótipos podendo, desta forma, não ter sido possível observar essa interação, devido possivelmente a uma menor variabilidade intrínseca ao conjunto avaliado.

Para as variáveis morfo-agronômicas DIT e PSPA, e as variáveis relacionadas à produção de massa de tubérculos: NTG, NTP e PSTT, mesmo com a interação GxE significativa, os genótipos apresentaram o mesmo ranqueamento em ambas as condições, ou seja, independente da condição hídrica, controle ou seca, os genótipos ficaram na mesma posição, fato que indica a presença de interação do tipo simples. Segundo Carvalho et al., (2001), a interação GxE do tipo simples, ocorre quando duas cultivares respondem ao estímulo do ambiente no mesmo sentido, ou em sentido oposto, porém, com intensidade distinta. A interação do tipo simples é desejada pelo melhorista por resultar em maior estabilidade, visto que a produtividade de um genótipo ideal deve conter média a alta com comportamento relativamente estável ao longo das variações do ambiente, o que não é obtido com a interação do tipo complexa. A interação complexa denota a falta de correlação entre medidas de um mesmo genótipo em ambientes distintos e indica haver inconsistência na superioridade de genótipos com a variação ambiental (ROBERTSON, 1959), o que dificultará a seleção e recomendação destes genótipos (CARVALHO et al., 2001).

A interação do tipo complexa foi observada para as demais variáveis relacionadas à produção de massa de tubérculos: NTT, PSTG, PSTP, PMT e para a variável fisiológica ΔC , que dependendo da condição hídrica, controle ou seca, os genótipos apresentaram diferente posição no ranqueamento dos genótipos. A interação do tipo complexa pode ser dividida em interação complexa com decréscimo, e interação complexa com acréscimo. A interação complexa com decréscimo ocorre quando as cultivares respondem de forma diferenciada ao estímulo do ambiente, diminuindo o seu comportamento em consequência da mudança do ambiente, onde uma cultivar em um ambiente é superior e se torna inferior no segundo ambiente e, a cultivar inferior passa a ser superior no segundo ambiente, porém, ambas decrescem de um ambiente para o outro em produtividade. Já a interação complexa com acréscimo, as

duas cultivares respondem ao estímulo do ambiente de forma positiva, porém com intensidades distintas nos dois ambientes. Ou seja, a mudança no ambiente melhora efetivamente o comportamento de uma cultivar, no entanto, prejudica o comportamento da outra (CARVALHO et al., 2001).

Embora apresentando diferente posição no ranqueamento dos genótipos, para a maioria das variáveis relacionadas à produção de tubérculos, muitos dos genótipos que apresentaram as melhores posições na classificação, se mantiveram os mesmos, com destaque para os clones 2 (Yagana), 8 (Pukara) e 48 (C2337-18-02), fato semelhante ocorreu com os piores genótipos, em ambas as condições hídricas. Fato que evidencia que a diferença observada possa ser em função do potencial genético de uma determinada cultivar e evidenciando a presença de interação complexa com decréscimo. Outro fator importante de ressaltar é que no germoplasma avaliado, a seleção baseou-se principalmente para caracteres de produtividade, qualidade e aparência de tubérculos, além da seleção para estresses bióticos, como por exemplo para resistência à doenças. Esta seleção, baseada principalmente para caracteres relacionados a produção de tubérculos, pode justificar a manutenção dos melhores genótipos para as variáveis relacionadas a produção de biomassa de tubérculos terem sido praticamente os mesmos em ambos os ambientes avaliados, controle e seca. Este fato foi discutido em uma revisão realizada por Tardieu (2012), que sugere que o melhoramento para aumentar o rendimento sob condições ótimas, também aumenta o desempenho da cultura sob condições de déficit hídrico. Porém, segundo Cabello et al. (2014), embora a herdabilidade moderada e a alta variância genética encontradas nos caracteres de rendimento, sugerindo considerar a seleção direta para rendimento, o baixo valor de herdabilidade e de variância genética aditiva sob estresse de seca indicam que a seleção para rendimento provavelmente será baixa nestas condições, enfatizando a necessidade de usar caracteres morfo-fisiológicos relacionados à tolerância a seca como critério indireto de seleção.

A correlação entre as variáveis pode ser considerada uma importante ferramenta como critério de seleção indireta. A estimativa dos coeficientes de correlação permite ao melhorista o conhecimento das respostas que ocorrem

em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado, podendo ser positiva ou negativa (RAMALHO et al., 2000; CARVALHO; LORENCETTI; BENIN 2004). Os caracteres que apresentaram correlações negativas indicam que a seleção para uma variável conduz a uma resposta contrária da outra (CARVALHO; LORENCETTI; BENIN, 2004), como foi o caso das variáveis ΔC e AO 14DAE, especificamente para os genótipos: 75 (F119-01-06) e 62 (C2399-03).

O ajustamento osmótico reduz a sensibilidade dos processos dependentes de turgor, como o crescimento e atividade estomática, enquanto ocorre a diminuição do potencial da água (DANESHMAND et al., 2010). O alto ajustamento osmótico causa atraso no fechamento estomático e isto pode ser considerado uma vantagem para uma alta assimilação fotossintética em condições de limitações de água (ZIVCAK et al., 2009; AFSHARI-BEHBAHANIZADEH et al., 2014). As folhas que são capazes de realizar ajustamento osmótico mantêm a turgidez em potenciais hídricos mais baixos, o que lhes permite continuarem a crescer, permitindo sob determinadas condições a depender do genótipo a manutenção da abertura estomática durante mais tempo (TAIZ; ZEIGER, 2013). Fato que poderia justificar a correlação negativa entre as variáveis de AO e ΔC , que, entre outros fatores, a variável ΔC é dependente da abertura estomática para realizar fotossíntese e conseqüentemente acumular mais carbono. A diminuição do potencial osmótico em resposta ao déficit hídrico pode resultar de uma concentração passiva de solutos, como consequência da desidratação da célula, ou da acumulação ativa de solutos, mas só esta última pode ser considerada como ajuste osmótico (PATAKAS et al., 2002). Apesar de ser considerado um importante mecanismo de tolerância ao déficit hídrico, o ajuste osmótico pode não aumentar a produtividade das plantas, mas possibilita a continuação do seu desenvolvimento em condições de estresse (TAIZ; ZEIGER, 2013; SERRAJ; SINCLAIR, 2002).

Trabalhando com batata, em condição de déficit hídrico, Vos e Haverkort (2007) sugeriram que não há evidência para ajustamento osmótico, por outro lado, outros estudos têm indicado a importância desta variável no melhoramento para tolerância a seca (JEFFERIES, 1993; LEVY, 2013). Neste

trabalho, pode-se observar que alguns genótipos que apresentaram ajustamento osmótico no primeiro dia após o estresse, como 52 (C2357-1-02), 1 (Agrida), 41 (C1750-15-95), 64 (C2406-03), 54 (C2360-14-02), 73 (F88-01-05), 55 (C2360-16-02) e 45 (C2080-3-00), e os que apresentaram ajustamento osmótico aos 14DAE: 70 (Desiree), 46 (C2337-06-02), 43 (C1940-1-98), 55 (C2360-16-02), 69 (Cota), 41 (C1750-15-95), 40 (C1740-11-95), e o genótipo 55 (C2360-16-02) que apresentou um ajustamento osmótico nas duas datas de avaliação e é um dos clones que ficou na posição superior do ranqueamento para a variável PSTT, indicando, possivelmente, o AO ser um mecanismo de tolerância ao déficit hídrico.

Forte correlação foi observada nos caracteres relacionados à produção de massa de tubérculos, com destaque para os genótipos: 48 (C2337-18-02), 73 (F88-01-05), 55 (C2360-16-02), 64 (C2406-03), 45 (C2080-3-00) e 6 (Pérola) que apresentaram os maiores valores para um grande número de variáveis relacionadas a produção de tubérculos. As variáveis relacionadas à produção de biomassa de parte aérea, raiz e estolão, apresentaram correlação significativa entre elas, com destaque para os genótipos: 46 (C2337-06-02), 91 (Todo Ano), 17 (2CRI-11-4978), 23 (F-102-22-07) e 53 (C2360-07-02).

Pode-se observar que os genótipos que apresentaram os maiores valores quanto à produção de biomassa de parte aérea, raiz e estolões foram aqueles genótipos tardios para o início do período de tuberização, com destaque para os genótipos: 34 (9846-1), 16 (CL20-01-06), 23 (F-102-22-07), 9 (2AC999-263) e 107 (RM9825-05). Da mesma forma, genótipos que começaram precocemente a produção de tubérculos (DIT) foram os que apresentaram os menores valores de caracteres relacionados à produção de biomassa de parte aérea, raiz e estolão, com destaque para os genótipos: 29 (Ágata), 78 (F74-23-06), 60 (C2397-03), 94 (Yaguari) e 22 (F-38-02-07).

Embora a correlação entre PSTT e ΔC não tenha sido significativa, alguns genótipos que ficaram entre as melhores posições para PSTT também apresentaram os melhores resultados para a variável de discriminação de isótopos de carbono, como por exemplo o genótipo (73) F88-01-05 em ambas as condições, e os genótipos 2 (Yagana) no controle e 6 (Pérola) na seca. Da mesma forma, alguns genótipos que apresentaram os piores desempenhos

para PSTT, também obtiveram os menores valores de ΔC como foi o caso dos genótipos 16 (CL20-01-06), 28 (MB-03) e 39 (C1714-7-94).

A discriminação isotópica de carbono consiste em uma importante ferramenta na seleção de genótipos contrastantes para uma melhor eficiência no uso da água em condições de déficit hídrico para plantas com metabolismo C_3 . Em condições de estresse hídrico os valores de ΔC devem ser menores, como resultado do fechamento estomático, levando assim a uma menor produtividade, podendo a discriminação isotópica ser associada com a eficiência do uso da água (FARQUHAR et al., 1989). E assim, desse modo, ser usada em programas de melhoramento como critério para seleção de genótipos tolerantes a seca (HENDERSON et al., 1998).

Também vale destacar a correlação positiva significativa das variáveis peso seco total de tubérculos com as avaliações de conteúdo de clorofila, destacando-se os genótipos 73 (F88-01-05), 45 (C2080-3-00), 64 (C2406-03), 55 (C2360-16-02) e 6 (Pérola) que ficaram na posição superior do ranqueamento tanto para peso seco total de tubérculos, como nas avaliações de conteúdo de clorofila. Esse resultado está de acordo com demais trabalhos realizados na cultura da batata, onde os autores evidenciaram um mecanismo de *stay-green* relacionados à produção de tubérculos (JENSEN et al., 2010; YACTAYO et al., 2013; RAMÍREZ et al., 2014; ROLANDO et al., 2015). As clorofilas são pigmentos que refletem a cor verde e estão diretamente associadas com o potencial da atividade fotossintética. A alta eficiência fotossintética pode levar ao incremento de produtividade agrícola, e essa relação está diretamente relacionada com o aproveitamento da radiação disponível por esses pigmentos (BERNARDES, 1987).

Pode-se observar, neste trabalho, que os genótipos que apresentaram os melhores valores para caracteres relacionados à massa de tubérculos não são os mesmos que apresentaram os melhores valores de biomassa de parte aérea, raízes e estolões, alguns inclusive com as melhores classificações para PSPA apresentaram os piores desempenhos quanto à produção de tubérculos, indicando um direcionamento diferencial da biomassa, em que a planta a qual investe muito em produção de parte aérea para tolerar à seca acaba por produzir menos tubérculos, com destaque para o genótipo 91 (Todo Ano) para

as variáveis PSPA, PSE e PSR, e o genótipo 105 (CL20-01-06) apenas para PSPA, que ficaram entre as melhores posições para estas variáveis e os menores valores para PSTT. As variáveis de produção de biomassa de parte aérea, raiz e estolão e de massa de tubérculos também estiveram correlacionadas com o ciclo, porém em sentidos opostos. Ou seja, aqueles genótipos precoces quanto ao início do período de tuberização foram os que mais produziram tubérculos e menos parte aérea, ao passo que genótipos tardios foram os que apresentaram os melhores valores para caracteres de biomassa de parte aérea, raiz e estolão e os piores desempenhos para biomassa de tubérculos, com destaque para os genótipos: precoces, que apresentam alto valor de PSTT: 6 (Pérola), 45 (C2080-3-00), 48 (C2337-18-02) e 70 (Desiree) e para os genótipos tardios para início do período de tuberização e baixo valor de PSTT: 28 (MB-03), 34 (9846-1) e 106 (Cupido). Fato que está de acordo com Tardieu (2012) em que o desenvolvimento de cultivares com ciclo precoce de maturidade tem sido uma estratégia bem sucedida para que a cultivar consiga completar o seu ciclo antes que seja prejudicada pelo déficit hídrico, funcionando como um mecanismo de escape. Simulações *in silico* e experiências agronômicas mostram que o ciclo longo tende a melhorar o rendimento das cultivares em condições ótimas, isto porque aumenta a quantidade de luz interceptada (MONTEITH, 1977). Por outro lado, em condições de estresse hídrico de seca, há um decréscimo na produtividade, porque ocorre um esgotamento de água no solo antes do fim do ciclo da cultura (TARDIEU, 2012). Dessa forma, destaca-se no presente trabalho, a importância da variável de início do período de tuberização, que está negativamente relacionada aos caracteres de produção de massa de tubérculos. A importância do conhecimento da associação entre caracteres nos trabalhos de melhoramento se dá principalmente em caracteres de baixa herdabilidade. Assim, o caráter correlacionado com outro de alta herdabilidade e de fácil mensuração pode ser mais conveniente e conduzir a progressos mais rápidos para o melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Os resultados de decréscimo de herdabilidade apresentados neste trabalho de tese, com valores de reduções em torno de 50% para as variáveis de produção de massa de tubérculos estão de acordo com o trabalho realizado

por Cabello et al. (2014) com cultivares do grupo *Andigena*, em que os autores encontraram valores de herdabilidade moderados na condição de controle de 0,41 e 0,68, e estes valores foram drasticamente reduzidos quando submetidos à seca, sendo observados valores de apenas 0,06 e 0,18. Demais trabalhos encontraram resultados semelhantes, onde a herdabilidade para rendimento de tubérculos apresentou decréscimo quando submetido ao déficit hídrico (BLUM 1988; ROSIELLE; HAMBLIN 1981; BOLAÑOS; EDMEADES, 1996).

Os baixos valores de herdabilidade observados no presente trabalho, para a variável fisiológica de ajuste osmótico também foi observada por (WEHNER et al., 2015) trabalhando com cevada, onde os autores observaram valores de herdabilidade variando de 0 no controle e 0,27 no estresse. A herdabilidade para a variável conteúdo de clorofila foi similar aos resultados observadas por Anithakumary (2012), diferindo significativamente apenas no início do estresse. Dentre as avaliações fisiológicas, a variável discriminação de isótopos de carbono foi a que apresentou maior herdabilidade, sendo o valor observado na seca maior do que no controle.

A herdabilidade varia de acordo com o *background* genético dos genótipos investigados, as condições sobre quais eles estão sendo avaliados e a acurácia e precisão dos dados fenotípicos. A acurácia dos caracteres secundários avaliados está relacionada com a precisão e repetibilidade com que próximas avaliações irão mostrar o mesmo resultado ou similar (TUBEROSA, 2012). No presente trabalho, embora para algumas variáveis os valores de herdabilidade tenham ficado baixos, os valores de acurácia encontrados foram de moderada a muito alta acurácia. A acurácia é um dos parâmetros mais relevantes para a avaliação da qualidade de um experimento, pois tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico da cultivar (RESENDE 2002). Tal parâmetro não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, mas também da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação (RESENDE; DUARTE, 2007).

Com a realização deste trabalho de fenotipagem de 108 genótipos de batata do painel de diversidade do Programa de Melhoramento genético de

batata da Embrapa através dos valores genotípicos preditos foi possível fazer o ranqueamento dos melhores e dos piores genótipos para todos os caracteres avaliados neste estudo, e pode-se constatar que para a maioria das variáveis avaliadas os melhores genótipos se mantêm os mesmos em ambas as condições hídricas avaliadas, com destaque para os genótipos: 48 (C2337-18-02), 73 (F88-01-05), 45 (C2080-3-00), 64 (C2406-03), 2 (Yagana), 8 (Pukara) e 6 (Pérola), pois estes genótipos apresentaram os melhores valores para um conjunto maior de variáveis, logo, recomenda-se os mesmos para serem utilizados em estudos de tolerância à seca, bem como, podem ser utilizados como genitores nos blocos de cruzamento visando o melhoramento genético para tolerância à seca. Em relação às variáveis avaliadas, destacam-se a variável morfo-agronômica PSTT que pode ser utilizada para avaliar a resposta de seleção direta de genótipos submetidos ao déficit hídrico e as variáveis fisiológicas de discriminação de isótopos de carbono e de conteúdo de clorofila podem ser utilizadas como caracteres indiretos de seleção para tolerância à seca.

Conclusões

- As estimativas dos componentes da variância obtiveram redução significativa do controle para a seca. Da mesma forma a herdabilidade, que para todos os caracteres avaliados têm os valores reduzidos quando submetidos ao déficit hídrico, com exceção da variável discriminação de isótopos de carbono que apresenta herdabilidade alta em condição de déficit hídrico;
- A variável resposta peso seco total de tubérculos pode ser utilizada como critério direto de seleção e as variáveis de conteúdo de clorofila e de discriminação de isótopos de carbono como critério de seleção indireta para estudos de tolerância à seca em batata;
- Com a estimativa dos valores genotípicos para todos os genótipos avaliados nas duas condições hídricas, é possível identificar os genótipos que apresentam maior estabilidade em ambos os ambientes bem como fazer o ranqueamento dos mesmos para todos os caracteres, podendo dessa forma identificar os genótipos que se destacam para cada caráter.

1.5 Referências

- AFSHARI-BEHBAHANIZADEH, S.; A. AKBARI, G.; SHAHBAZI, M.; ALAHDADI, I. Relations Between Barley Root Traits and Osmotic Adjustment Under Terminal Drought Stress. **Journal of Agricultural Science**, v. 6, p. 112–119, 2014.
- AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, v. 19, p. 716–723, 1974.
- AMBROSONE, A.; GIACOMO, M. DI; LEONE, A.; GRILLO, M. S.; COSTA, A. Identification of early induced genes upon water deficit in potato cell cultures by cDNA-AFLP. **Journal of Plant Research**, v. 126, p. 169–178, 2013.
- ANITHAKUMARI, A. M. et al. Genetic dissection of drought tolerance and recovery potential by quantitative trait locus mapping of a diploid potato population. **Molecular Breeding**, v. 30, p. 1413-1429, 2012.
- ANITHAKUMARI, A. M. **Genetic dissection of drought tolerance in potato**. Thesis (Doctor in plant breeding). 2011. 152f. Wageningen University, Wageningen, 2011.
- BATES, D. Fitting linear mixed models in R. Using the lme4 package. **R News**, v. 5, p. 27–30, 2005.
- BERNARDES, M. S. Fotossíntese no dossel das plantas cultivadas. In: _____. *Ecofisiologia da produção agrícola*. Piracicaba: POTAFOS, 1987. p. 13-48.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plant**. Woodbury: Stemma Press, 2002.
- BLUM, A. Osmotic Adjustment and Growth of Barley Genotypes under Drought Stress. **Crop Science**, v. 29, p. 230-233, 1989.
- BLUM, A. **Plant breeding for stress environments**. BocaRaton: CRC Press. 1988.
- BOLAÑOS, J.; G.O. EDMEADES. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, v. 48, p. 269–286, 1996
- CABELLO, R.; MONNEVEUX, P.; BONIERBALE, M.; KHAN, M. A. Heritability of Yield Components Under Irrigated and Drought Conditions in Andigenum Potatoes. **American Journal of Potato Research**, v. 91, p. 492-499, 2014.
- CARVALHO, F.I.F.; SILVA, S.A.; KUREK, A.J.; MARCHIORO, V.S. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: UFPel, 2001. 99p.
- CARVALHO, F.I.F; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: UFPel, 2004. 142p.

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 480p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, O. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.
- DANESHMAND, F.; ARVIN, M. J.; KALANTARI, K. M. Physiological responses to NaCl stress in three wild species of potato in vitro. **Acta Physiologiae Plantarum**, v.32, p. 91-101, 2010.
- DEBLONDE, P. M. K.; LEDENT, J. F. Effects of moderate drought conditions on green leaf number, stem height, leaf length and tuber yield of potato cultivars. **European Journal of Agronomy**, v.14, p. 31-41, 2001.
- FALCONER, D. S. 1981. **Introduction to quantitative genetics**, 2nd ed. London: Longmans Green.
- FARQUHAR, G. D.; EHLERINGER, R.; HUBICK, K. T. Carbon Isotope Discrimination and Photosynthesis. **Annual Review Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, v. 40, p. 503–537, 1989.
- FEHR, W. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Macmillan, 1987. 536 p.
- HENDERSON, S.; CAEMMERER, S. V.; FARQUHAR, G.D.; WADE, L.; HAMMER, G. Correlation between carbon isotope discrimination and transpiration efficiency in lines of the C₄ species Sorghum bicolor in the glasshouse and the field. **Australian Journal of Plant Physiology**, v. 25, p. 111–123, 1998.
- JEFFERIES, R. A. Responses of potato genotypes to drought. I. Expansion of individual leaves and osmotic adjustment. **Annals Applied Biology**, v. 122, p. 93-104, 1993.
- KHAN, M. A.; SARAVIA, D.; MUNIVE, S.; LOZANO, F.; FARFAN, E.; EYZAGUIRRE, R.; BONIERBALE, M. Multiple QTLs Linked to Agro-Morphological and Physiological Traits Related to Drought Tolerance in Potato. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 33, p. 1286–1298, 2015.
- LEVY, D.; COLEMAN, W. K.; VEILLEUX, R. E. Adaptation of Potato to Water Shortage : Irrigation Management and Enhancement of Tolerance to Drought and Salinity. v. 90, p. 186-206 , 2013.
- MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, v. 57, p. 109-117, 2000.
- MEDEIROS, C. A. B.; ZIEMER, A. H.; DANIELS, J.; PEREIRA, A. S. Produção de sementes pré-básicas de batata em sistemas hidropônicos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, p. 110-114, 2002.

MISTRO, Júlio César. **Estimativas de parâmetros genéticos visando o melhoramento do café robusta** (*Coffea canephora* Pierre). 2013. 152f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.

MONNEVEUX, P.; RAMÍREZ, D. A; PINO, M.T. Drought tolerance in potato (*S. tuberosum* L.): Can we learn from drought tolerance research in cereals? **Plant science**, v. 205, p. 76-86, 2013.

MONTEITH, J. L. Climate and the efficiency of crop production in Britain. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London Biological Sciences**, v. 281, p. 277–294, 1977.

OKOGBENIN, E.; SETTER, T.L.; FERGUSON, M.; MUTEKI, R.; CEBALLOS, H.; OLASANMI, B.; FREGENE, M. Phenotypic approaches to drought in cassava: review. **Frontiers in Physiology**, v. 4, p. 1-15, 2013.

PATAKAS, A.; NIKOLAOU, N.; ZIOZIOIU, E.; RADOGLU, K.; NOITSAKIS, B. The role of organic solute and ion accumulation in osmotic adjustment in drought-stressed grapevines. **Plant Science**, v. 163, p. 361-367, 2002.

PINHO, G. VON; RAMALHO, M. A P. XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 2010, Goiânia: Associação Brasileira de Milho e Sorgo. CD-Rom 87. In Vivo, n. 1, p. 87–89, 2010.

RAMALHO, M.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.B. **Genética na Agropecuária**. 7. ed. São Paulo: Editora Globo, 2000. 359 p.

RAMÍREZ, D. A.; YACTAYO, W.; GUTIÉRREZ, R.; MARES, V.; MENDIBURU, F. DE; POSADAS, A.; QUIROZ, R. Chlorophyll concentration in leaves is an indicator of potato tuber yield in water-shortage conditions. **Scientia Horticulturae**, v. 168, p. 202–209, 2014.

REISSER, J. C.; CASTRO, C. M.; MEDEIROS, C. A. B.; CARVALHO, G. C.; PEREIRA, A. da S. Methods for selection to drought tolerance in potatoes. **Acta Horticulturae**, v. 889, p. 391-396, 2011.

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. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. (Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen–REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2002. (Documentos, 77).

RESENDE, M.D.V.; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

ROBERTSON, A. Experimental design in the evaluation of genetic parameters. **Biometrics**, v. 15, p. 219-226, 1959.

ROLANDO, J. L.; RAMÍREZ, D. A.; YACTAYO, W.; MONNEVEUX, P.; QUIROZ, R. Leaf greenness as a drought tolerance related trait in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Environmental and Experimental Botany**, v. 110, p. 27–35, 2015.

ROSIELLE, A. A.; HAMBLIN, J. Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. **Crop Science**, v. 21, p. 943–946, 1981.

SCHAFLEITNER, R.; GUTIERREZ, R.; ESPINO, R.; GAUDIN, A.; PÉREZ, J.; MARTÍNEZ, M.; DOMÍNGUEZ, A.; TINCOPA, L.; ALVARADO, C.; NUMBERTO, G.; BONIERBALE, M. Field Screening for Variation of Drought Tolerance in *Solanum tuberosum* L. by Agronomical, Physiological and Genetic Analysis. **Potato Research**, v. 50, p. 71–85, 2007.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **Annals of Statistics**, v. 6, p. 461-464, 1978.

SERRAJ, R.; SINCLAIR, T. R. Osmolyte accumulation: can it really help increase crop yield under drought conditions? **Plant, Cell & Environment**, v. 25, p. 333-341, 2002.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958 p

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia Vegetal**. Tradução: Armando Molina Divan Junior et al., 5.ed. Porto Alegre: Artmed, 2013. 918p.

TARDIEU, F. Any trait or trait-related allele can confer drought tolerance: just design the right drought scenario. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, p. 25–31, 2012.

TUBEROSA, R. Phenotyping for drought tolerance of crops in the genomics era. **Frontiers in Physiology**, v. 3, p. 1–26, 2012.

SLATER, A. T.; WILSON, G. M.; COGAN, N. O. I.; FORSTER, J. W.; HAYES, B. J. Improving the analysis of low heritability complex traits for enhanced genetic gain in potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, p. 809–820, 2014.

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

VOS, J.; HAVERKORT, A.J. Water availability and potato crop performance. In: _____. **Potato Biology and Biotechnology: Advances and Perspectives**. Elsevier, 2007, p. 333–351.

WEHNER, G. G.; BALKO, C. C.; ENDERS, M. M.; HUMBECK, K. K.; ORDON, F. F. Identification of genomic regions involved in tolerance to drought stress and drought stress induced leaf senescence in juvenile barley. **BMC Plant Biology**, v. 15, p. 1-15, 2015.

YACTAYO, W.; RAMÍREZ, D. A.; GUTIÉRREZ, R.; MARES, V.; POSADAS, A.; QUIROZ, R. Effect of partial root-zone drying irrigation timing on potato tuber

yield and water use efficiency. **Agricultural Water Management**, v. 123, p. 65–70, 2013.

ZIVCAK, M.; REPKOVA, J.; OLSOVSKA, K.; BRESTIC, M. Osmotic adjustment in winter wheat varieties and its importance as a mechanism of drought tolerance. **Cereal Research Communications**, v. 37, p. 569-572, 2009.

Capítulo 2

Estrutura populacional do germoplasma de batata (*Solanum tuberosum* L.) do programa de melhoramento genético da Embrapa com base em *Single Nucleotide Polymorphism* (SNPs)

Resumo

O objetivo deste capítulo foi identificar a estrutura populacional do germoplasma que compõe o painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa. Foram genotipados 155 genótipos, entre cultivares e clones avançados. Para a caracterização molecular foi utilizado um chip com 8303 SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) da plataforma de genotipagem da *Illumina Infinium Array*. A dosagem alélica de cada SNP para cada genótipo foi estimada utilizando o pacote fitTetra, onde 73% dos SNPs avaliados foram considerados de boa qualidade, correspondendo a 6086 SNPs. Com base na informação de dosagem alélica foi identificada a estrutura genética do germoplasma avaliado, utilizando o software Structure. A análise identificou três sub-populações: I) genótipos diploides, pertencentes ao grupo Phureja; II) genótipos oriundos da cultivar Atlantic, com aptidão para processamento em forma de chips; III) germoplasma introduzido da Europa, englobando também as cultivares e clones avançados do programa de melhoramento da Embrapa e de instituições do Cone Sul, com genótipos que apresentam aptidão para consumo *in natura* e para processamento na forma de palitos.

Palavras chave: Estrutura de população. Dosagem alélica. Genotipagem.

2.1 Introdução

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é a terceira cultura alimentar mais importante no mundo, após o arroz e trigo, com uma produção anual global de cerca de 300 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2014). A batata cultivada *Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* é um autotetraplóide ($2n=4x=48$) com herança tetrassômica. Nos autotetraplóides cada gene está representado quatro vezes, possibilitando a formação de cinco genótipos distintos em função do número de alelos dominantes: bbbb (nuliplex), Bbbb (simplex), BBbb (duplex), BBBb (triplex) e BBBB (quadriplex) (BRADSHAW, 1994; MASSA et al., 2015).

Com o lançamento do genoma da batata (POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM, 2011), e o desenvolvimento de ferramentas genômicas, como a plataforma de genotipagem com SNPs (HAMILTON et al., 2011; FELCHER et al., 2012, DOUCHES et al., 2014) possibilitou se avaliar de forma sistemática a diversidade genética na batata cultivada para identificar regiões genômicas que contribuam para características agrônômicas de interesse e para o desenvolvimento de marcadores moleculares para serem utilizados na seleção assistida (HIRSCH et al., 2013).

O melhoramento genético tem sido um dos grandes responsáveis pelos avanços na agricultura, com o desenvolvimento de cultivares superiores com maior produtividade e melhor adaptação aos ambientes adversos. O sucesso de qualquer programa de melhoramento genético depende, fundamentalmente, da variabilidade genética presente no germoplasma a fim de se obter progresso na seleção artificial. Como passo inicial do melhoramento é importante a caracterização da diversidade genética do germoplasma disponível (GUERRA; NODARI, 2001; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Uma das formas de estimar a variabilidade genética presente no germoplasma é através da sua caracterização e, com posse dessa informação, realizar estudos com marcadores moleculares e de estrutura populacional. O conhecimento da estrutura de população do germoplasma também é de extrema importância em trabalhos de mapeamento associativo, em que inicialmente se examina a estrutura genética intrínseca da população para que,

somente após a correção para o efeito de grupo intra-populacional, sejam testadas as associações entre o marcador molecular e o caráter fenotípico (PRITCHARD et al., 2000).

Entre as metodologias genético-estatísticas para inferência de estrutura de população, o método proposto por Pritchard et al. (2000) e implementado no software Structure é um dos mais usados em humanos, animais e plantas (KAEUFFER et al., 2000). Aplicações desse método já foram utilizadas em demais estudos de estrutura genética de batata (D'HOOP et al., 2010; HIRSCH et al., 2013).

Ferramentas biotecnológicas podem contribuir na caracterização do germoplasma utilizado pelos programas de melhoramento, bem como na escolha dos genitores. Desde o surgimento dos marcadores moleculares, as metodologias para a exploração dos polimorfismos de DNA têm sido alvo de grandes avanços, porém a maioria dessas aplicações tem sido desenvolvidas em espécies de plantas diploides em que a fundamentação teórica para análise e interpretação dos dados já está bem estabelecida (COMAI, 2005). Já em poliplóides, estas ferramentas são menos desenvolvidas, aliado ao fato de que muitos dos marcadores não permitem estimar o número de cópias de cada alelo em um determinado *locus* (GARCIA et al., 2013).

Atualmente, com as novas plataformas de genotipagem, que permitem aos pesquisadores a identificação de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), considerados como marcadores moleculares de alta eficiência, pois podem detectar a dosagem alélica, sendo dessa forma, mais informativos para estudos em poliplóides se comparados a marcadores que apenas detectam a presença/ausência de alelos. Entretanto, para explorar o potencial destas tecnologias, o primeiro passo é o desenvolvimento de métodos estatísticos para inferir sobre o número de cópias de cada alelo (SERANG et al., 2012).

Em diploides, como apenas três classes genotípicas são possíveis, torna-se mais fácil definir a dosagem alélica, mesmo quando uma classe genotípica não ocorre. Entretanto, com tetraploides este problema é mais complexo, pois pode ocorrer até cinco classes genotípicas o que torna a separação em classes de acordo com a dosagem alélica mais difícil (VOORIPS et al., 2011).

Com o aumento da disponibilidade de marcadores cobrindo todo o genoma, torna-se essencial implementar um método de interpretação dos dados da genotipagem que possam caracterizar eficientemente a dosagem alélica em poliploides (CUENCA et al., 2013). Novos métodos estatísticos devem ser desenvolvidos para permitir uma melhor análise e compreensão dos dados neste novo cenário de genotipagem em larga escala que permitem a avaliação de SNPs no genoma (GARCIA et al., 2013).

Alguns programas estatísticos foram desenvolvidos para a identificação da dosagem alélica em poliploides, como por exemplo o SuperMASSA (SERANG et al., 2012; GARCIA et al., 2013) e do fitTetra que permite fazer inferência das cinco classes genóticas possíveis em indivíduos tetraploides, como é o caso da batata, que podem variar de nuliplex a quadriplox (VOORIPS et al., 2011). Até então, não era possível diferenciar o heterozigoto, ou seja, genótipos simplex (AAAB), duplex (AABB), e triplex (ABBB) em tetraploides eram todos lidos em uma única classe como AB (HAMILTON et al., 2011).

O uso da informação da dosagem alélica em poliploides, aliados com a de estrutura populacional do germoplasma, e com o recente desenvolvimento de um pacote estatístico (GWASpoly) destinado para estudos de seleção genômica ampla, considerando a informação gerada pelas plataformas de genotipagem de SNPs (ROSYARA et al. 2016), irá impulsionar os estudos em espécies autoploiploides.

Considerando o exposto, o objetivo do presente trabalho foi identificar a estrutura populacional do germoplasma que compõe o painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa com base na informação de dosagem alélica oriunda da genotipagem com SNPs.

2.2 Material e Métodos

Germoplasma

Foram analisados 151 genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) que compõem o painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa. O painel é composto por genótipos selecionados com base em dados de genealogia e de características morfológicas e agrônômicas de interesse do programa de melhoramento genético de batata. Dos 151 genótipos, 20 são cultivares desenvolvidas por programas de melhoramento Nacionais, 25 são cultivares oriundas de outros países, sendo cinco da Alemanha, quatro da Argentina, uma do Canadá, seis do Chile, duas do Peru, três do Uruguai, três dos Estados Unidos, sete da Holanda, duas da Hungria e uma da Irlanda. Além dessas cultivares, compõem o painel 89 clones avançados do programa de melhoramento da Embrapa e sete clones avançados desenvolvidos por programas de outros países, sendo dois da França, dois do Peru, um do Chile, um dos EUA, um do México e uma variedade local (Todo Ano).

Para a análise, foram incluídos dois genótipos da *Michigan State University* para balizar os dados, sendo duas amostras da cultivar Atlantic e duas do clone DM1-3 516 R44 (referida como DM) que foi utilizado no sequenciamento do genoma da batata (THE POTATO GENOME CONSORTIUM, 2011), sendo este pertencente ao grupo Phureja (*Solanum tuberosum* spp *phureja*), totalizando 155 genótipos (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação, genealogia e país de origem dos 155 genótipos de batata genotipados com SNPs. Pelotas, 2016

ID	Genótipo	Mãe	Pai	Classificação	Ano de lançamento	Origem
1	R91121-17	?	?	CA		Chile
2	Achirana	MPI61.375/23	B25.65	C	desconhecido	Argentina
3	Agria	Quarta	Semlo	C	1985	Alemanha
4	Agata	52/72/2206	Sirco	C	1990	Holanda
5	All Blue	desconhecida		C	desconhecido	EUA
6	Arazati	387660.1	386464.7	C	Desconhecido	Uruguai

7	Asterix	Cardinal	VE70-9	C	1991	Holanda
8	Atlantic	Wauseon	Lenape	C	1976	EUA
9	Atlantic	Wauseon	Lenape	C	1976	EUA
10	Atlantic	Wauseon	Lenape	C	1976	EUA
11	B137	MB03	Monalisa	CA		Brasil
12	BR3	Record	Record	CA		Brasil
13	Balmoral	Ulster Dale	OP3211/6	C	1989	Irlanda
14	Baronesa	Loman	Loman	C	1955	Brasil
15	BRS Ana	C1750-15-95	Asterix	C	2007	Brasil
16	BRS Clara	White Lady	Catucha	C	2010	Brasil
17	C1226-35-80	Monte Bonito	AC-999-263-70	CA		Brasil
18	C1311-11-82	Recent	Herta	CA		Brasil
19	C1485-06-87	2CRI-1149-1-78	A-876-5-79	CA		Brasil
20	C1485-16-87	2CRI-1149-1-78	A-876-5-79	CA		Brasil
21	C1714-7-94	C1785-6-87	Atlantic	CA		Brasil
22	C1730-07-94	F58050	ND860-2	CA		Brasil
23	C1740-11-95	C1226-35-80	Atlantic	CA		Brasil
24	C1750-15-95	C1485-16-87	Atlantic	CA		Brasil
25	C1786-7-96	Atlantic	C1226-35-80	CA		Brasil
26	C1883-22-97	ND860-2	XY-14	CA		Brasil
27	C1940-1-98	C1730-7-94	2CRI-1149-1-78	CA		Brasil
28	C2076-2-00	Santo Amor	C92.187	CA		Brasil
29	C2080-3-00	C91.640	88052	CA		Brasil
30	C2337-06-02	White Lady	N-140	CA		Brasil
31	C2337-15-2	White Lady	N-140	CA		Brasil
32	C2337-18-02	White Lady	N-140	CA		Brasil
33	C2342-1-02	BP-1	N-140	CA		Brasil
34	C2346-08-02	N-263-32	2CRI-1149-1-80	CA		Brasil
35	C2357-1-02	N-263-32	Eliza	CA		Brasil
36	C2360-07-02	C1750-15-95	NYL-235-4	CA		Brasil
37	C2360-14-02	C1750-15-95	NYL-235-4	CA		Brasil
38	C2360-16-02	C1750-15-95	NYL-235-4	CA		Brasil
39	C2362-02-02	Cristal	NYL-235-4	CA		Brasil
40	C2363-06-02	C1750-15-95	NYL-235-4	CA		Brasil
41	C2364-05-02	C1226-35-80	NYL-235-4	CA		Brasil
42	C2365-05-02	C1485-16-87	NYL-235-4	CA		Brasil
43	C2397-03	NYL-235-4	Ona	CA		Brasil
44	C2398-03	NYL-235-4	Baraka	CA		Brasil
45	C2399-03	P161-3	Mirka	CA		Brasil
46	C2400-03	P161-3	Yagana	CA		Brasil
47	C2403-03	N-140	2CRI-1149-1-78	CA		Brasil
48	C2406-03	BRS Eliza	N-140	CA		Brasil
49	C2504-08-06	C1750-15-95	C1883-22-97	CA		Brasil

50	C2514-05-06	C1786-9-96	C1890-1-97	CA		Brasil
51	C2519-12-06	Asterix	C1883-22-93	CA		Brasil
52	C2524-03-06	C1786-9-96	C1883-22-97	CA		Brasil
53	C2530-04-06	C1750-15-95	C1890-1-97	CA		Brasil
54	C2550-04-06	CIP391.011.17	Cristal	CA		Brasil
55	C2551-02-06	CIP391.403.8	Cristal	CA		Brasil
56	C2553-01-06	CIP391.011.17	C1740-11-95	CA		Brasil
57	C2569-01-06	CIP392.617.54	C1226-35-80	CA		Brasil
58	C90.170	Serrana	XY.4	CA		Peru
59	C91.640	B71240.2	XY.16	CA		Peru
60	Cerrito Alegre	Bintje	Baronesa	C	1976	Brasil
61	Caesar	Monalisa	Ropta B1178	C	1990	Holanda
62	Chieftain	IA-1027-18	LA1354	C	1966	EUA
63	CL-02-05	?	?	CA		França
64	CL20-01-06	Caesar	Caesar	CA		Brasil
65	CL69-05	?	?	CA		França
66	Canguçu	Benedikta	Delta	C	1957	Brasil
67	Cota	Santo Amor	Santo Amor	C	2008	Brasil
68	Cristina	true potato seed CIP		C		Brasil
69	Cristal	CRI-420-12-60	CRI-368-8-60	C	1996	Brasil
70	Cruza_148	Desconhecida		CA		México
71	Cascata	Bintje	Baronesa	C	1976	Brasil
72	Catucha	CRI1149-1-78	C999-263-70	C	1995	Brasil
73	Cupido	W72-22-496	Estima	C	1995	Holanda
74	Desiree	Urgenta	Depesche	C	1962	Holanda
75	DM1-3 516 R44					
76	DM1-3 516 R44					
77	Eliza	Edzina	Recent	C	2002	Brasil
78	Elvira	Cliva	6430/1020	C	1981	Alemanha
79	F-102-22-07	BRS Ana	Caesar	CA		Brasil
80	F110-01-07	Asterix	C1883-22-97	CA		Brasil
81	F119-01-06	Cyklamen	C1226-35-80	CA		Brasil
82	F131-06-08	BRS Ana	Caesar	CA		Brasil
83	F131-26-08	BRS Ana	Caesar	CA		Brasil
84	F156-19-07	C1730-7-94	58.97-1	CA		Brasil
85	F158-08-01	C2389-01-02	C1730-7-94	CA		Brasil
86	F161-02-07	Rioja	C1786-9-96	CA		Brasil
87	F183-08-01	BRS Ana	C2372-02-02	CA		Brasil
88	F189-09-06	BP-1	C1883-22-97	CA		Brasil
89	F208-01-06	C1787-14-97	Shepody	CA		Brasil
90	F21-09-07	White Lady	C1750-15-95	CA		Brasil
91	F22-01-08	C1730-7-94	Asterix	CA		Brasil

92	F2306-23-08	Rioja	BRS Eliza	CA		Brasil
93	F23-11-06	Rioja	BRS Eliza	CA		Brasil
94	F2324-06	Rioja	BRS Eliza	CA		Brasil
95	F31-05-08	Rioja	C1316-8-82	CA		Brasil
96	F-32-02-06	BP-1	C1730-7-94	CA		Brasil
97	F-38-03-07	Rioja	2CRI-1149-1-78	CA		Brasil
98	F80-03-06	White Lady	C1750-2-95	CA		Brasil
99	F81-01-06	Asterix	C1750-15-95	CA		Brasil
100	F82-02-07	BRS Eliza	5873-35	CA		Brasil
101	F85-01-06	Rioja	2CRI-1149-1-78	CA		Brasil
102	F88-01-05	Asterix	2CRI-1149-1-78	CA		Brasil
103	F97-07-08	Eliza	Pukara	CA		Brasil
104	F98-03-05	Asterix	C1226-35-80	CA		Brasil
105	Frital	Serrana	Katahdin	C	1993	Argentina
106	Yagana	Hydra	904/61	C	1983	Chile
107	Granola	3333/60	267.04	C	1975	Alemanha
108	Yaguari	Daisy	92324.1	C	desconhecido	Uruguai
109	Ibituacu	Jacy	G5264	C	desconhecido	Brasil
110	Rioja	KE.7	1-71.17/6N+B	C	1999	Hungria
111	Ipora	Achirana	7XY.1	C	desconhecido	Uruguai
112	Karu	Yagana	Fanfare	C	2002	Chile
113	Ludmilla	Diana	Innovator	C	2012	Alemanha
114	RM9825-05	?	?	CA		Brasil
115	MB-03	BR63-76	XY-9	CA		Brasil
116	MB-120-08	MB9846-01	MB-03	CA		Brasil
117	MB-195-10	MB-03	384.515-01	CA		Brasil
118	MB-51-01	MB9846-01	Baraka	CA		Brasil
119	MB-51-02	MB9846-01	Baraka	CA		Brasil
120	MB-52A-30	MB9846-01	Baraka	CA		Brasil
121	MB-57-32	MB9846-01	Baraka	CA		Brasil
122	MB-66-12	MB9846-01	Baraka	CA		Brasil
123	MB-84-02	MB-03	Baraka	CA		Brasil
124	MB-84-09	MB-03	Baraka	CA		Brasil
125	MB-90-02	MB9846-01	Asterix	CA		Brasil
126	MB-90-10	MB9846-01	Asterix	CA		Brasil
127	MB-90-46	MB9846-01	Asterix	CA		Brasil
128	Macaca	?	?	C	desconhecido	Brasil
129	Monalisa	Bierma	Colmo	C	1982	Holanda
130	Monte Bonito	Baronesa	Hydra	C	1985	Brasil
131	MV329-14	?	?	CA		Brasil
132	Newen	B 86.573.4	Amanda	C	desconhecido	Argentina
133	NYL2354	Hudson	PI310925	CA		EUA

134	Ona	Von Moreau707	3886/64	C	1990	Chile
135	BRSIPR Bel	Rioja	C1740-11-95	C	2012	Brasil
136	Pehuenche	Desiree	Mistura de pólen	C	1990	Chile
137	Piratini	Delta	Colorado	C	1957	Brasil
138	Pampeana	MPI59.789/12	Huinkul	C	1987	Argentina
139	Panda	UP0.35/17	W6858/8	C	1986	Alemanha
140	Perola	2CRI-1149-1-78	Granola	C	2000	Brasil
141	Pukara	Cleopatra	Yagana	C	1993	Chile
142	Puren	FA3541-1	Penobscot	C	1993	Chile
143	Shepody	Bake-King	F58050	C	1980	Canadá
144	Santo Amor	Konsuragis	Baronesa	C	1957	Brasil
145	Santa Silvana	Baronesa	Baronesa	C	1976	Brasil
146	Spunta	BEA	USDA96-56	C	1968	Holanda
147	Todo Ano	?		C	desconhecido	Brasil
148	Trapeira	Baronesa	Baronesa	C	1985	Brasil
149	WA.077/320	CR93.221	C93.154	C	desconhecido	Peru
150	WA.104	LR93.120	C93.154	C	desconhecido	Peru
151	White Lady	KE.40	1-71.17/6N+B	C	1994	Hungria
152	2AC999-263	?	?	CA		Brasil
153	2CRI-1149-1-78	Recent	C-1086-22-75	CA		Brasil
154	3CRI-1316-8-82	Recent	2CRI-1149-1-78	CA		Brasil
155	9846-1	391783-6	BP88166-5	CA		Brasil

? = genealogia desconhecida

Extração de DNA

O DNA foi extraído de folhas jovens coletadas individualmente de cada genótipo utilizando o kit de extração da Qiagen® (DNeasy Plant Mini Kits) seguindo as recomendações do fabricante. A quantificação das amostras foi realizada utilizando o espectrofotômetro NanoVue, sendo consideradas amostras de boa qualidade aquelas com concentração entre 50-100 ng/ml.

Genotipagem

O DNA extraído foi enviado para o laboratório do programa de melhoramento genético de batata da Universidade do Estado de Michigan (*MSU - Potato Breeding and Genetics Program*). A genotipagem foi realizada com marcadores moleculares do tipo SNPs (*Single nucleotide polymorphisms*)

utilizando o *Illumina iScan system*. Foram avaliados 8303 SNPs da plataforma de genotipagem de SNPs da *Illumina Infinium Array* com cobertura de cerca de 77% do genoma da batata. O chip de SNPs foi desenvolvido de acordo com o trabalho desenvolvido por Hamilton et al. (2011), com base no transcriptoma de seis cultivares de batata (Atlantic, Premier Russet, Snowden, Bintje, Kennebec e Shepody) e validados com duas populações de mapeamento diploide (FELCHER et al., 2012) que foram comparados com o genoma de referência da batata (THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM, 2011).

Discriminação da dosagem alélica - Modelo Tetraplóide

Com os dados de leitura de intensidade de sinal, resultante da genotipagem, foi utilizado um modelo de misturas para a discriminação da dosagem alélica dos 8303 SNPs avaliados pela *Potato Illumina BeadChip*, utilizando o algoritmo implementado no pacote fitTetra (VOORRIPS et al., 2011).

A análise de dados para o *SNP calling* foi realizada no Laboratório de Genética e Estatística da Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz' da Universidade de São Paulo (Esalq/USP).

Estrutura de população

Após a determinação da dosagem alélica de cada SNP em cada genótipo pelo pacote fitTetra, foi realizada a análise de estrutura populacional, utilizando o software Structure v. 2.3.4 (PRITCHARD et al., 2000). O número de populações testadas foi de 1 a 7, com 200.000 interações, 20.000 de burn-in e com 10 repetições. Para determinar o número de subpopulações em que se divide o germoplasma avaliado utilizou-se o critério proposto por Evanno et al. (2005), através do programa Structure Harvester (EARL; VONHOLD, 2012)

2.3 Resultados e discussão

Da genotipagem dos 155 genótipos com o chip de 8303 SNPs, e utilizando o modelo de misturas para discriminação em cinco classes genotípicas com o uso do pacote estatístico fitTetra, 6086 SNPs foram considerados de boa qualidade, o que representa 73% dos SNPs avaliados. O algoritmo implementado no pacote fitTetra foi desenvolvido para a chamada genotípica de indivíduos tetraploides genotipados com marcadores bialélicos, como é o caso dos SNPs, a partir de valores de intensidade de sinal. O pacote, internamente, estabelece padrões de confiabilidade para cada marcador, eliminando assim SNPs de baixa qualidade e indivíduos cuja a intensidade do sinal não seja confiável (VOORRIPS et al., 2011).

Resultados da genotipagem do germoplasma da América do Norte, em um conjunto de 250 genótipos de batata, utilizando o mesmo chip de SNPs usado neste trabalho (*Infinium 8303 Potato Array*) e analisando os dados de intensidade de sinal utilizando o GenomaStudio software (Illumina, San Diego, CA), foram encontrados valores de SNPs de boa qualidade muito inferiores ao do presente trabalho considerando o modelo tetraplóide. Na genotipagem do germoplasma Norte Americano, os autores utilizaram duas abordagens, ambas utilizando o programa GenomaStudio, uma assumindo o modelo diploide, com três classes genotípicas para cada SNP (AA, AB e BB) e outra utilizando um modelo para tetraploides, considerando a dosagem alélica com as cinco classes genotípicas para cada SNP (AAAA, AAAB, AABB, ABBB e BBBB). A filtragem dos dados foi realizada para obtenção dos SNPs de boa qualidade, eliminando aqueles de baixa qualidade, ou seja, aqueles genótipos em que não foi possível determinar corretamente a que classe genotípica pertenciam, seja por baixa intensidade de sinal, porcentagem de dados perdidos maior que 20%, ou pela dificuldade de distinguir entre as três classes de heterozigotos (AAAB, AABB, ABBB) nos tetraploides. Após a filtragem, dos 8303 SNPs, permaneceram 6373 SNPs, considerando o modelo diploide e apenas 3763, considerando a dosagem alélica, correspondendo a apenas 45% dos SNPs avaliados (HIRSCH et al., 2013). Comparando o presente trabalho ao da avaliação do germoplasma Norte Americano, a utilização do pacote fitTetra

mostrou-se extremamente eficiente na discriminação da dosagem alélica, pois como relatado anteriormente, dos 8303 SNPs avaliados, 6086 foram considerados de boa qualidade correspondendo a 73% dos SNPs avaliados.

Com base na informação da dosagem alélica foi realizado o estudo de estrutura de população. Das sete populações testadas a análise Bayesiana mostrou que o número ideal de subpopulações, representado pelo valor de delta K, é de três subpopulações (Figura 1).

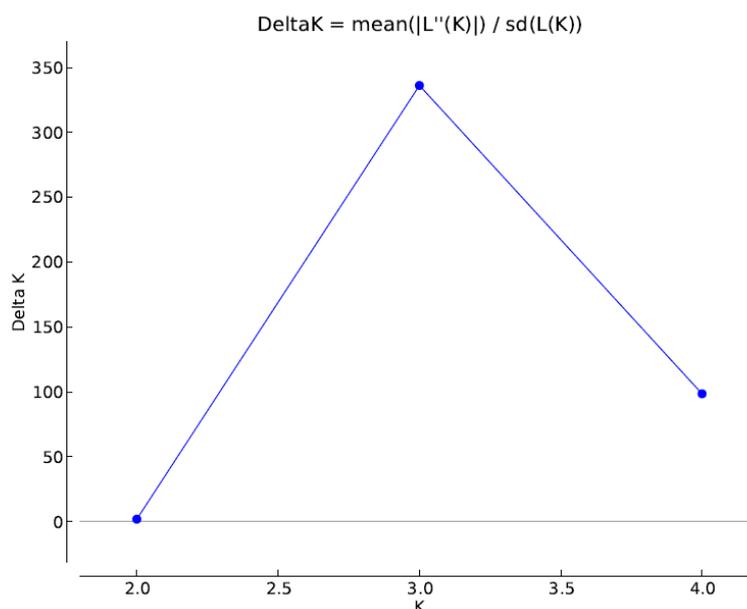


Figura 1. Número de subpopulações estimado pelo método de Evanno et al. (2005), com base na genotipagem de 155 genótipos de batata com 6086 marcadores moleculares do tipo SNPs. Pelotas, 2016.

Considerando o $K=3$, foi possível identificar as subpopulações da seguinte forma: I) genótipos diploides, pertencentes ao grupo Phureja; II) genótipos oriundos da cultivar Atlantic, destinados para processamento na forma de chips; III) germoplasma introduzido da Europa, com aptidão para o mercado *in natura* e de processamento na forma de palitos, englobando as cultivares e clones avançados do programa de melhoramento de melhoramento de batata da Embrapa e de instituições do Cone Sul (Figura 2).

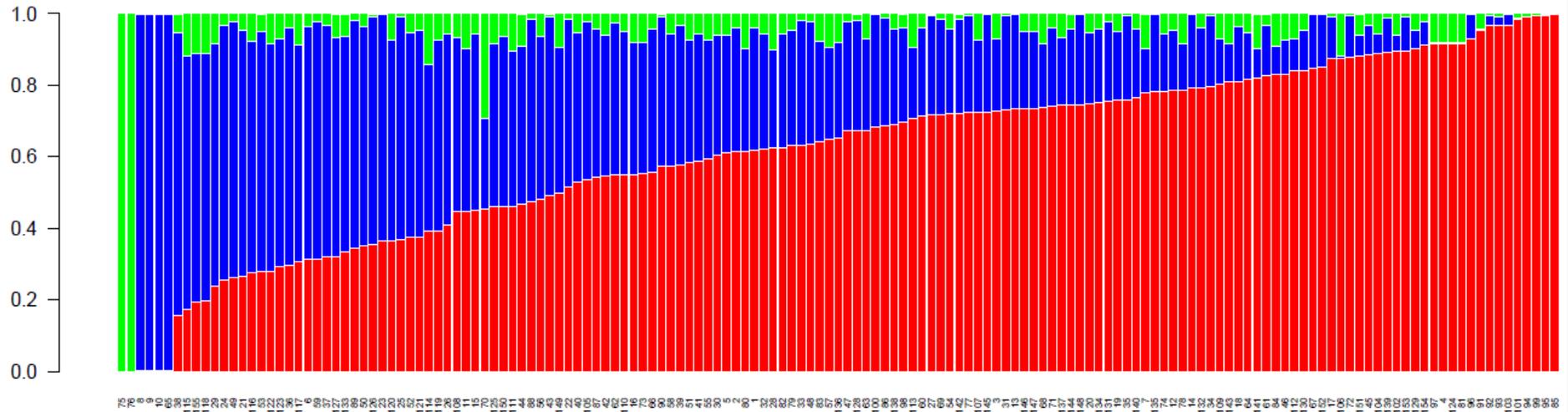


Figura 2. Estrutura populacional do painel de diversidade de batata da Embrapa composto por 155 genótipos, com base em 6086 SNPs considerando a dosagem alélica do modelo tetraplóide com $K=3$. Cada barra vertical representa um indivíduo e a porcentagem de adesão a cada subpopulação. Subpopulação I: verde; Subpopulação II: azul; Subpopulação III: vermelho. Pelotas, 2016.

A subpopulação I foi composta exclusivamente pelas amostras 75 e 76, DM1-3 516 R44 (DM). O clone DM é diploide e pertence ao grupo Phureja (THE POTATO CONSORTIUM GENOME, 2011). Com exceção das duas amostras DM, os demais genótipos avaliados são do grupo Tuberosum (*Solanum tuberosum* spp *tuberosum*). No germoplasma, que inclui cultivares e clones avançados, a maioria apresenta um certo grau de introgressão deste germoplasma silvestre. Destes, 18 apresentam uma introgressão muito pequena, com valores entre 0,1 e 0,2%, sendo as três amostras de Atlantic (8, 9 e 10), juntamente com as cultivares: 145 (Santa Silvana), 13 (Balmoral), 148 (Trapeira), 135 (BRSIPR Bel), 14 (Baronesa) e 67 (Cota) e os clones avançados: 23 (C17401195), 100 (F82-02-07), 23 (C1740-11-95), 85 (F158-08-01), 152 (2AC999-263), 95 (F31-05-08), 96 (F-32-02-06), 103 (F97-07-08). Por outro lado, alguns dos genótipos avaliados apresentaram maior introgressão do grupo Phureja, com valores entre 10 e 29%, sendo os genótipos: 28 (C2076-2-00), 111 (Ipora), 155 (9846-1), 118 (MB-51-01), 115 (MB-03), 106 (Yagana), 114 (RM9825-05) e 70 (Cruza_148).

A subpopulação II foi formada pela cultivar Atlantic e por alguns clones avançados desenvolvidos pelo programa de melhoramento de batata da Embrapa, que apresentam em sua genealogia algum grau de introgressão da cultivar Atlantic, entre eles o 21 (C1714-7-94), 23 (C1740-11-95), 24 (C1750-15-95), 25 (C1786-7-96), 36 (2360-07-02), 37 (C2360-14-02), 38 (C2360-16-02), 49 (C2504-08-06) e 53 (C2530-04-06). A cultivar Atlantic é a mais plantada no mundo para processamento na forma de chips. É uma cultivar americana (USDA) resultado do cruzamento Wauseon x Lenape. A cultivar Lenape tem sido utilizada em cruzamentos visando cultivares com aptidão para processamento em forma de chips, pois apresenta resistência ao acúmulo de açúcares redutores quando armazenadas, derivada de espécie silvestre *Solanum chacoense* (AKELEY et al., 1968; HIRSCH et al., 2013). A espécie silvestre *Solanum chacoense* presente na genealogia de Atlantic é a fonte genética que está contribuindo para a estruturação da subpopulação II. Esta subpopulação também é composta por clones avançados que apresentam resistência a murcha bacteriana, entre eles o 115 (MB-03), 116 (MB-120-08),

117 (MB-195-10), 118 (MB-51-01), 122 (MB-66-12), 123 (MB-84-02), 126 (MB-90-10) e 127 (MB-90-46).

A subpopulação III concentra a grande maioria do germoplasma avaliado (69%), sendo composta por genótipos que apresentam em sua genealogia grande introgressão de germoplasma da Europa. Nesta subpopulação, encontram-se todas as cultivares lançadas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa como a: Baronesa (14), BRS Clara (16), Cerrito Alegre (60), Cota (67), Cristal (69), Cascata (71), Catucha (72), Eliza (77), Macaca (128), Monte Bonito (130), BRSIPR Bel (135), Piratini (137), Pérola (140), Santo Amor (144), Santa Silvana (145), Todo Ano (147), Trapeira (148), e a maioria dos clones avançados desenvolvidos pelo programa de melhoramento de batata da Embrapa.

As cultivares de origem europeia, se destacam tanto para mercado fresco em função da aparência do tubérculo como a cultivar Agata (4), de origem Holandesa, que é cultivar mais plantada no Brasil, pois apresenta elevado rendimento, precocidade e boa aparência de tubérculos (PINTO et al., 2010; FERNANDES et al., 2011), como a cultivar Asterix, também Holandesa usada para processamento na forma de palito, sendo a principal cultivar usada no Brasil na indústria de palito pré-frito congelado. Também compõem a subpopulação II as cultivares da Argentina: Achirana (2), Frital (105), Newen (132) e Pampeana (138), assim como do Chile: R91121-17 (1), Yagana (106), Karu (112), Ona (134), Pehuenche (136), Pukara (141) e Puren (142).

Esses resultados mostram que os programas nacionais de melhoramento genético de batata do Brasil, assim como dos países do Cone Sul (Brasil, Argentina e Chile), compartilham a mesma base genética.

Conforme mencionado anteriormente, a maioria dos genótipos avaliados encontram-se na subpopulação III. Isso se justifica pelo fato de que a produção de batata no Brasil é voltada principalmente para o mercado *in natura*, que requer tubérculos de boa aparência externa (POPP, 2005), justificando a maioria dos genótipos avaliados terem sido agrupados nessa subpopulação, ou seja, por muito tempo o melhoramento baseou-se numa seleção visando o mercado *in natura*, bem como pela utilização de germoplasma de origem europeia nos cruzamentos, logo, a maioria dos clones avançados

desenvolvidos pelo programa de melhoramento ficaram como pertencentes a esta subpopulação. Por outro lado, a demanda por batata processada, principalmente na forma de pré-fritas congeladas está aumentando, isso se deve as mudanças no hábito alimentar e pela necessidade de obter comida semipronta e de boa qualidade. A ampliação da indústria de processamento de batata está limitada pela quantidade e qualidade da matéria prima (PEREIRA et al., 2003; BISOGNIN, 2012).

Considerado um coeficiente de adesão $\geq 50\%$, dos 155 genótipos avaliados, dois genótipos ficaram na subpopulação I, 34 genótipos na subpopulação II (22%) e 107 ficaram agrupados na subpopulação III, correspondendo a 69% do germoplasma avaliado e doze genótipos foram considerados não estruturados (12%), ou seja, estes genótipos podem ser considerados uma mistura de subpopulações (Figura 3).

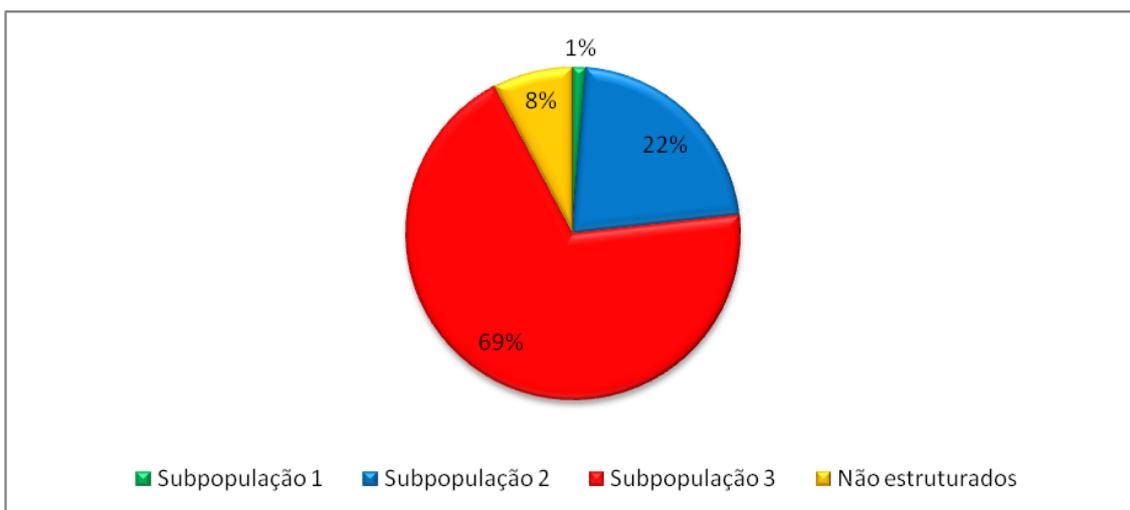


Figura 3. Porcentagem de adesão dos 155 genótipos avaliados em cada subpopulação, considerando um coeficiente de adesão $\geq 50\%$ e $K=3$. Pelotas, 2016.

Também foi avaliado o $K=4$ na tentativa de identificar alguma tendência de estruturação do grande grupo de base europeia. Considerando o $K=4$, que foi o segundo melhor valor de delta K pelo Método de Evanno (Figura 1), pode-se observar que as subpopulações I e II permanecem as mesmas do $K=3$. Já a subpopulação III, dividiu-se em duas subpopulações subpopulação III e IV (Figura 4).

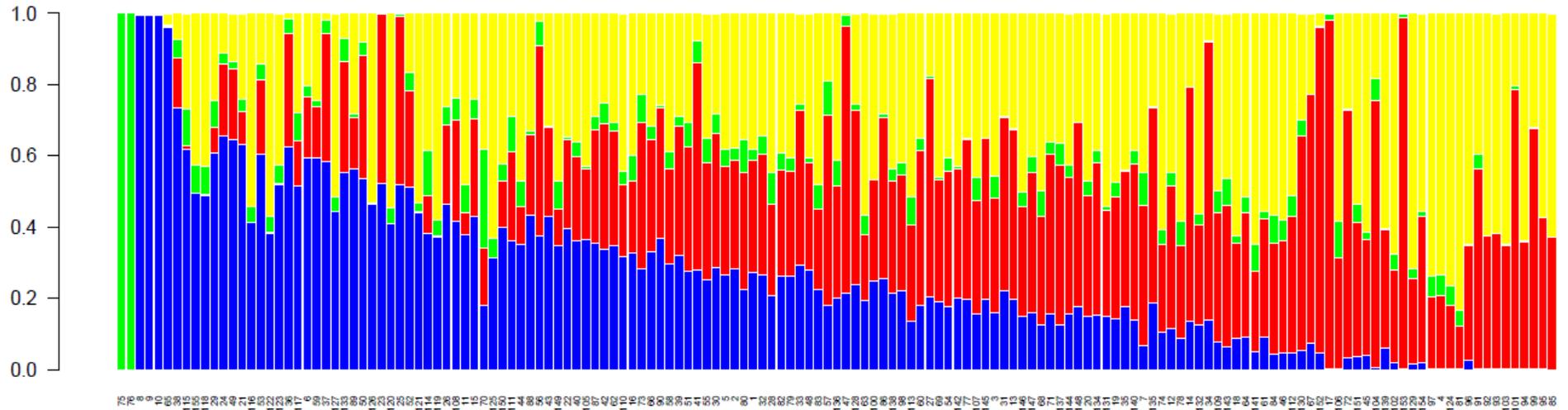


Figura 4. Estrutura populacional do painel de diversidade de batata da Embrapa composto por 155 genótipos, com base em 6086 SNPs considerando a dosagem alélica do modelo tetraplóide com $K=4$. Cada barra vertical representa um indivíduo e a porcentagem de adesão a cada subpopulação. Subpopulação I: verde; Subpopulação II: azul; Subpopulação III: vermelho. Pelotas, 2016.

Considerando uma porcentagem de adesão $\geq 50\%$, dos 155 genótipos avaliados, dois ficaram na subpopulação I (verde), 23 (15%) na subpopulação II (azul), 19 (12%) na subpopulação III (vermelho), 40 (26%) na subpopulação IV (amarelo) e 71 genótipos, que corresponde a 46% do germoplasma avaliado ficaram não estruturados.

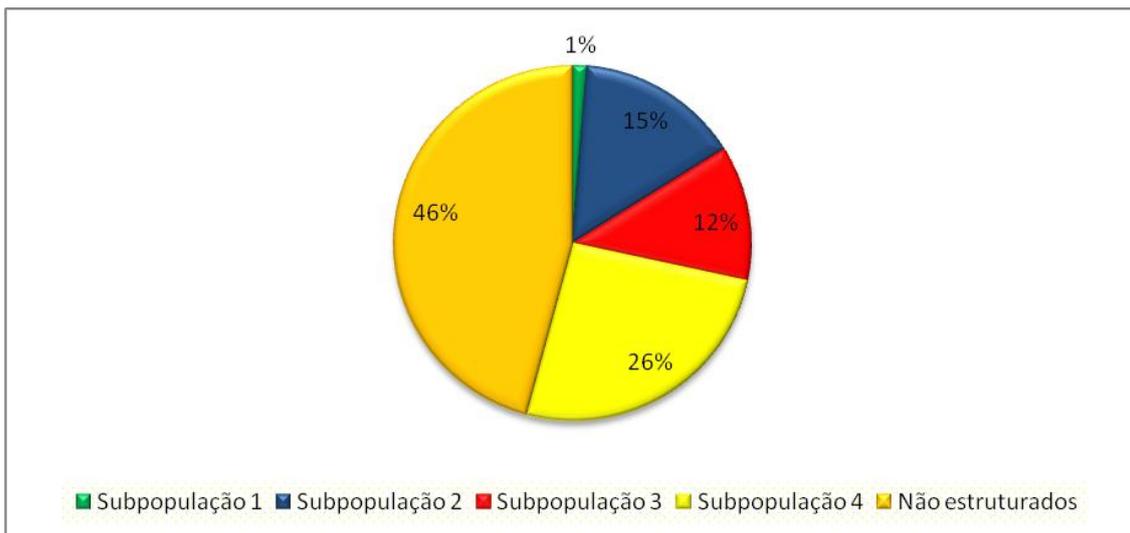


Figura 5. Porcentagem de adesão dos 155 genótipos avaliados em cada subpopulação, considerando um coeficiente de adesão $\geq 50\%$ e $K=4$. Pelotas, 2016.

Com a subdivisão do germoplasma em quatro subpopulações pode-se confirmar que a grande maioria do germoplasma avaliado é não estruturado.

Estudos prévios, com um conjunto em comum do germoplasma avaliado neste trabalho de tese, embora com outra classe de marcadores moleculares, (SSR) e uma menor cobertura do genoma da batata, os resultados observados foram semelhantes, não havendo uma estrutura definida do germoplasma de batata utilizado pelo programa de melhoramento da Embrapa (ROHR, 2012).

Resultados semelhantes foram encontrados por diferentes grupos de pesquisa ao redor do mundo, na América do Norte um estudo com um painel de diversidade de 250 genótipos de batata, composto por espécies silvestres, *genetic stocks*, e cultivares de batata com data de lançamento de 1857 a 2011, avaliados com o mesmo conjunto de SNPs do presente trabalho, os autores observaram a presença de quatro subpopulações no germoplasma avaliado,

sendo um grande grupo com as cultivares tetraploides, o outro grupo de cultivares tetraploides com genótipos que apresentavam aptidão para a produção de chips (indústria/processamento), grupo formado pelas *genetic stocks* e um grupo formado pelas espécies silvestres e diploides e genetic stocks (HIRSCH et al., 2013).

Outro estudo de estrutura de população, de germoplasma de batata proveniente do Quênia, da Europa, do Peru e também de origem desconhecida, não houve a formação de sub-grupos, não havendo estrutura no germoplasma avaliado (LUNG'AHO et al. 2011). Da mesma forma, o trabalho desenvolvido por Gebhardt et al. (2004), que ao avaliarem um conjunto de 600 cultivares e clones avançados de batata não encontraram evidências de estrutura genética na população avaliada e sugerem que no melhoramento de batata, o número de gerações meióticas é insuficiente para permitir uma subdivisão no germoplasma.

Na Holanda, também não foi observada estrutura populacional significativa ao analisarem uma coleção de germoplasma representativa da variabilidade genética de batata utilizada pelos programas de melhoramento. Apenas foram observados fragmentos individuais, formando subgrupos, em proximidade a algum *locus* de introgressão para alguma fonte de resistência, a base do grupo Phureja (D'HOOP et al. 2010).

Todos esses trabalhos citados, estão de acordo com o presente trabalho, ou seja, não se pode observar uma estrutura definida da população, apenas a formação de subpopulação entre os genótipos avaliados com aptidão para processamento em forma de chips ou para o mercado *in natura*. Isto se deve, em grande parte, ao estreitamento da base genética da cultura, e ao fato de que muitos caracteres são considerados na seleção de novas cultivares de batata, sendo um desafio identificar genótipos com características superiores. Conjuntamente a isso, vale ressaltar que os atuais esforços do melhoramento genético da batata são baseados quase que exclusivamente na seleção fenotípica de populações desenvolvidas para os mercados *in natura* e de processamento, além de introgressões de germoplasma silvestre e de manipulações quanto ao nível de ploidia. Devido à depressão endogâmica, fenótipos superiores são selecionados na geração F1, e os clones são

avaliados por cerca de 10 a 15 anos. Logo, a recombinação genética ocorrida durante a meiose é fixada sem oportunidade de nova recombinação genética ou de grandes mudanças durante os subsequentes anos de avaliação (HIRSCH et al., 2013).

Com a realização deste trabalho foi possível verificar a estrutura da população do painel de diversidade do programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, onde verificou-se que o germoplasma avaliado dividiu-se em três subpopulações: subpopulação I: formado por genótipos do grupo Phureja, representando a potencial fonte de resistência a estresses bióticos e abióticos. Subpopulação II: representando o germoplasma para processamento na forma de chips com grande influência da espécie *Solanum chacoense*. Subpopulação III: com a grande maioria do germoplasma, com predominância do germoplasma europeu.

Com os resultados da genotipagem do painel de diversidade do programa de melhoramento de batata da Embrapa, foi possível determinar a estrutura de população que levou em conta a dosagem alélica. Esta informação será útil, para futuramente realizar trabalhos de seleção genômica ampla neste painel. Visto que, recentemente foi desenvolvido um software para fazer inferência a esse nível, que considera a dosagem alélica em espécies autopoliplóides, o *GWASpoly*, pacote implementado no R, tem a habilidade de diferenciar os tipos de ação gênica, incluindo aditividade e dominância (ROSYARA et al., 2016).

Muitos avanços já foram realizados, na busca de compreender a base genética de poliploides, e considerando a inferência da dosagem alélica a nível de SNPs, bem como o desenvolvimento de novas tecnologias de avaliação dessa informação, associadas a uma robusta fenotipagem, muitos avanços poderão ser feitos nos próximos anos, em espécies poliplóides como é o caso da batata.

2.4 Conclusão

O painel de diversidade avaliado divide-se em três subpopulações, uma com o grupo Phureja, outra subpopulação com germoplasma para processamento na forma de chips com grande influencia da espécie silvestre *Solanum chacoense* e a maioria do germoplasma avaliado compõem a subpopulação III, composto por germoplasma de base europeia destinado ao mercado *in natura* e para processamento na forma de palito pré-frito.

2.5 Referências

AKELEY, R.; MILLS, W.; CUNNINGHAM, C.; WATTS, J.; Lenape: a new potato variety high in solids and chipping quality. **American Journal Potato Research**, v. 45, p.142–145, 1968.

BATES, D. Fitting linear mixed models in R. The newslate of the R project, v.5, p.27-30. May 2005. Disponível em: <http://faculty.lagcc.cuny.edu/tnagano/research/r/docs/Bates2005a.pdf>. Acesso em: 20 de março de 2016.

BISOGNIN, D.A. Desenvolvimento de novas cultivares de batata para processamento. **Horticultura brasileira**, v. 30, p. 1- 10, 2012

BRADSHAW, J. E. Potato-Breeding Strategy In: _____. **Potato Biology and Biotechnology. Advances and Perspectives**. Amsterdã: Elsevier, 2007, p. 157-177.

BRADSHAW, J. E; MACKAY, G.R. **Potato genetics**. CAB International, Wallingford, 1994.

COMAI, L. The advantages and disadvantages of being polyploid. **Nature Reviews Genetics**, v. 6, p. 836-846, 2005.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620 p.

CUENCA, J.; ALEZA, P.; NAVARRO, L.; OLLITRAULT, P. Assignment of SNP allelic configuration in polyploids using competitive allele-specific PCR: Application to citrus triploid progeny. **Annals of Botany**, v. 111, p. 731–742, 2013.

D'HOOP, B; PAULO, M. J; KOWITWANICH, K; SENGERS, M; VISSER, R. F. Population structure and linkage disequilibrium unraveled in tetraploid potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.1151–1170, 2010.

DOUCHES, D.; HIRSCH, C. N.; MANRIQUE-CARPINTERO, N. C.; MASSA, A. N.; COOMBS, J.; HARDIGAN, M.; BISOGNIN, D.; JONG, W. DE; BUELL, C. R. The Contribution of the Solanaceae Coordinated Agricultural Project to Potato Breeding. **Potato Research**, v. 57, p. 215-224, 2014.

EARL, D. A.; VONHOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources**, v. 4, p. 359–361, 2012.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. **Molecular Ecology**, v. 14, p. 2611–2620, 2005.

FAOSTAT. The agricultural production domain covers. Disponível em: <<http://www.fao.org/crop/statistics.html>>. Acesso: 20 jul. 2014.

FELCHER, K. J.; COOMBS, J. J.; MASSA, A. N.; HANSEY, C. N.; HAMILTON, J. P.; VEILLEUX, R. E.; BUELL, C. R.; DOUCHES, D. S. Integration of two diploid potato linkage maps with the potato genome sequence. **PloS One**, v. 7, p. 1-11, 2012.

FERNANDES AM; SORATTO RP; EVANGELISTA RM; SILVA BL; SOUZA-SCHLICK GD. Produtividade e esverdeamento pós-colheita de tubérculos de cultivares de batata produzidos na safra de inverno. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, p. 502-508, 2011.

GALITSKI, T.; SALDANHA, A J.; STYLES, C. A; LANDER, E. S.; FINK, G. R. Ploidy regulation of gene expression. **Science**, v. 285, p. 251–254, 1999.

GARCIA, A. A F.; MOLLINARI, M.; MARCONI, T. G.; SERANG, O. R.; SILVA, R. R.; VIEIRA, M. L. C.; VICENTINI, R.; COSTA, E. A; MANCINI, M. C.; GARCIA, M. O. S.; PASTINA, M. M.; GAZAFFI, R.; MARTINS, E. R. F.; DAHMER, N.; SFORÇA, D. A; SILVA, C. B. C.; BUNDOCK, P.; HENRY, R. J.; SOUZA, G. M.; SLUYS, M.-A. VAN; LANDELL, M. G. A; CARNEIRO, M. S.; VINCENTZ, M. A G.; PINTO, L. R.; VENCOVSKY, R.; SOUZA, A. P. SNP genotyping allows an in-depth characterisation of the genome of sugarcane and other complex autopolyploids. **Scientific reports**, v. 3, p.1-10, 2013.

GEBHARDT, C.; BALLVORA, A.; WALKEMEIER, B.; OBERHAGEMANN, P.; SCHULER, K. Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: a case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type. **Molecular Breeding**, v. 13, p. 93-102, 2004.

GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Biodiversidade: aspectos biológicos, geográficos, legais e éticos. In: _____. **Farmacognosia: da planta ao medicamento**. Porto Alegre/Florianópolis: UFRGS e UFSC, 2001. p.13-26.

HAMILTON, J. P.; HANSEY, C. N.; WHITTY, B. R.; STOFFEL, K.; MASSA, A. N.; DEYNZE, A. VAN; JONG, W. S. DE; DOUCHES, D. S.; BUELL, C. R. Single nucleotide polymorphism discovery in elite North American potato germplasm. **BMC genomics**, v. 12, p. 1-11, 2011.

HIRSCH, C. N.; HIRSCH, C. D.; FELCHER, K.; COOMBS, J.; ZARKA, D.; DEYNZE, A. VAN; JONG, W. DE; VEILLEUX, R. E.; JANSKY, S.; BETHKE, P.; DOUCHES, D. S.; BUELL, C. R. Retrospective view of North American potato (*Solanum tuberosum* L.) breeding in the 20th and 21st centuries. **G3: Genes|Genomes|Genetics**, v. 3, p. 1003–1013, 2013.

LUNG' AHO, C.; CHEMINING, A.; WA, G. N.; FU, Y. B.; SHIBAIRO, S. I.; HUTCHINSON, M. J.; PANIAGUA, H. G. Genetic Diversity of Kenyan Potato Germplasm Revealed by Simple Sequence Repeat Markers. **American Journal of Potato Research**, v. 88, p. 424–434, 2011.

MASSA, A. N.; MANRIQUE-CARPINTERO, N. C.; COOMBS, J. J.; ZARKA, D. G.; BOONE, A. E.; KIRK, W. W.; HACKETT, C. A.; BRYAN, G. J.; DOUCHES, D. S. Genetic Linkage Mapping of Economically Important Traits in Cultivated Tetraploid Potato (*Solanum tuberosum* L.). **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 5 p. 2357-2364, 2015.

PEREIRA, A. S; SOUZA, Z. da S; CHOER, E. Principais cultivares. In: _____. **O cultivo da batata na Região Sul do Brasil**, p.143-153. Brasília: Embrapa, 2003. 568p.

PINTO CABP; TEIXEIRA AL; NEDER DG; ARAÚJO RR; SOARES ARO; RIBEIRO GHMR; LEPRE AL. Potencial de clones elite de batata como novas cultivares para Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, v. 28, p. 399-405, 2010.

POPP, P. Processamento de batata: variedades de aptidão industrial. In: Seminário mineiro sobre processamento de batatas, 2005, Pouso Alegre, **Anais...** Pouso Alegre: s.n, 2005.

THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. **Nature**, v. 475, n. 7355, p. 189–95, 2011.

PRITCHARD, J. K; STEPHENS, M; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, p. 945–959, 2000.

ROHR, Angela. **Variabilidade genética e tolerância ao déficit hídrico em genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.)**. 2012. 64 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia). Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel. Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2012.

ROSYARA, U. R.; JONG, W. S. DE; DOUCHES, D. S.; ENDELMAN, J. B. Software for genome-wide association studies in autopolyploids and its application to potato. **Plant Genome**, p. 1–33, 2016.

SERANG, O.; MOLLINARI, M.; GARCIA, A. A. F. Efficient exact maximum a posteriori computation for Bayesian SNP genotyping in polyploids. **PLoS ONE**, v. 7, p. 1–13, 2012.

SILVA, G. O.; STOKER, G.; PONIJALEKI, R.; PEREIRA, A. S. Rendimento de tubérculos de três cultivares de batata sob condições de estiagem. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p. 216-219, 2013.

THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. **Nature**, v. 475, p. 189-195, 2011.

VOORRIPS, R. E.; GORT, G.; VOSMAN, B. Genotype calling in tetraploid species from bi-allelic marker data using mixture models. **BMC bioinformatics**, v. 12, p. 1-11, 2011.

3 Considerações finais

A realização deste trabalho de caracterização de genótipos submetidos ao déficit hídrico contribuiu para o fortalecimento do Programa de melhoramento genético de batata da Embrapa, pois pela primeira vez foi avaliado um conjunto tão grande de genótipos submetidos ao déficit hídrico. Com estas informações de caracterização tanto ao nível morfo-agronômico quanto fisiológico do germoplasma e a estimação dos valores genotípicos preditos que, conforme explicado anteriormente, é um valor considerado livre de outras influências que não seja a genotípica, logo, caso estes genótipos sejam avaliados futuramente, estes resultados poderão se repetir.

Dessa forma, os genótipos considerados tolerantes, ou genótipos que apresentaram os melhores resultados quando avaliados na condição de déficit hídrico, neste trabalho, poderão ser utilizados como genitores para comporem os blocos de cruzamento visando o desenvolvimento de cultivares que apresentem tolerância à seca.

Outra consideração importante a se fazer, é quanto à presença de variabilidade genética dentro do germoplasma avaliado, isto pode ser observado pela grande amplitude de variação observada nos caracteres avaliados para tolerância à seca. Dentre os caracteres avaliados, destaca-se a variável morfo-agronômica de peso seco total de tubérculos que está diretamente relacionada com a produção de tubérculos e as variáveis de conteúdo de clorofila e de discriminação de isótopos de carbono que podem ser utilizadas como critério para seleção indireta para tolerância a seca.

O segundo capítulo revelou a estrutura genética do germoplasma de batata da Embrapa considerando a informação da dosagem alélica utilizando o modelo tetraplóide. A inferência da dosagem alélica a nível de SNPs, aliado ao desenvolvimento de novas tecnologias de avaliação dessa informação, associadas a uma robusta fenotipagem, muitos avanços poderão ser feitos nos próximos anos, logo, neste trabalho de tese um importante passo foi dado para avançar nos estudos de tolerância à seca e implementar essa informação no programa de melhoramento genético de batata, visando a tolerância à seca.

4 Referências Introdução Geral

AMBROSONE, A.; GIACOMO, M. DI; LEONE, A.; GRILLO, M. S.; COSTA, A. Identification of early induced genes upon water deficit in potato cell cultures by cDNA-AFLP. **Journal of Plant Research**, v. 126, p. 169–178, 2013.

ANITHAKUMARI, A. M.; DOLSTRA, O.; VOSMAN, B.; VISSER, R. G. F.; LINDEN, C. G. VAN DER. In vitro screening and QTL analysis for drought tolerance in diploid potato. **Euphytica**, v. 181, p. 357–369, 2011.

ANITHAKUMARI, A. M.; NATARAJA, K. N.; VISSER, R. G. F.; LINDEN, C. G. VAN DER. Genetic dissection of drought tolerance and recovery potential by quantitative trait locus mapping of a diploid potato population. **Molecular breeding : new strategies in plant improvement**, v. 30, p. 1413–1429, 2012.

FAOSTAT. The agricultural production domain covers. Disponível em: <<http://www.fao.org/crop/statistics.html>>. Acesso: 20 jul. 2011.

HIJMANS, R. J. The effect of climate change on global potato production. **American Journal of Potato Research**, v. 80, p. 271-280, 2003.

IBGE. Sistema IBGE de Recuperação Automática - SIDRA. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/prevsaf/default.asp?z=t&o=26&i=P>>. Acesso: 17 de julho de 2015.

KHAN, M. A.; SARAVIA, D.; MUNIVE, S.; LOZANO, F.; FARFAN, E.; EYZAGUIRRE, R.; BONIERBALE, M. Multiple QTLs Linked to Agro-Morphological and Physiological Traits Related to Drought Tolerance in Potato. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 33, p. 1286–1298, 2015.

LAFITTE, H. R.; BLUM, A.; ATLIN, G. Using secondary traits to help identify drought-tolerant genotypes. In: _____. **Breeding rice for drought-prone environments**. IRRI, Los Baños, 2003, p. 37–48

LEVY, D.; COLEMAN, W. K.; VEILLEUX, R. E. Adaptation of Potato to Water Shortage : Irrigation Management and Enhancement of Tolerance to Drought and Salinity. v. 90, p. 186-206 , 2013.

MONNEVEUX, P.; RAMÍREZ, D. A; PINO, M.T. Drought tolerance in potato (*S. tuberosum* L.): Can we learn from drought tolerance research in cereals? **Plant science**, v. 205, p. 76-86, 2013.

MONNEVEUX, P.; RAMÍREZ, D. A.; KHAN, M. A.; RAYMUNDO, R. M.; LOAYZA, H.; QUIROZ, R. Drought and Heat Tolerance Evaluation in Potato (*Solanum tuberosum* L.). **Potato Research**, v. 57, p. 225–247, 2014.

OBIDIEGWU, J. E. Coping with drought: stress and adaptive responses in potato and perspectives for improvement. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, p. 1–23, 2015.

ODONG, T. L.; HEERWAARDEN, J. VAN; JANSEN, J.; HINTUM, T. J. L. VAN; EEUWIJK, F. A. VAN. Determination of genetic structure of germplasm collections: are traditional hierarchical clustering methods appropriate for molecular marker data? **TAG. Theoretical and applied genetics**, v. 123, p. 195–205, 2011.

SHI, S.; FAN, M.; IWAMA, K.; LI, F.; ZHANG, Z.; JIA, L. Physiological basis of drought tolerance in potato grown under long-term water deficiency. **International Journal of Plant Production**, v. 9, p. 305-320, 2015.

PEREIRA, A. S. **A evolução da batata no Brasil**. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, Horticultura Brasileira, v.29, n.2 Viçosa, 2011. CD-ROM.

THE POTATO GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. **Nature**, v. 475, p. 189–195, 2011.

5 VITAE

Angela Rohr, filha de Irineu Antonio Rohr e Ivete Rüdell Rohr, nascida em 13 de fevereiro de 1988, em Ibirubá, Rio Grande do Sul. Completou o Ensino Fundamental na Escola Municipal de Ensino Fundamental Alfredo Brenner, em Ibirubá - RS e o Ensino Médio na Escola Estadual Dom Pedro I em Quevedos - RS. Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade de Cruz Alta – Unicruz, sendo o trabalho de conclusão de curso intitulado como “Influência de fatores meteorológicos nas características físico-químicas dos grãos de trigo em três locais do Rio Grande do Sul” sob orientação da Dra. Tânea Maria Bisognin Garlet e do Dr. Vanderlei Doneda Tonon. Durante a graduação realizou estágio no laboratório de Qualidade Industrial de Trigo da Fundacep – CCGL Tec, e trabalhou como auxiliar de pesquisa do Programa de Melhoramento Genético de Trigo da mesma empresa. Em março de 2010, ingressou no mestrado pelo Programa de Pós-graduação em Agronomia na área de concentração em Fitomelhoramento, com o trabalho de dissertação intitulado: "Variabilidade genética e tolerância ao déficit hídrico em genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.)". Em março de 2012 ingressou no doutorado pelo mesmo programa, com período sanduiche na *Michigan State University*, junto ao grupo de pesquisa do Dr. David Douches. Durante o período de Pós-Graduação, participou das atividades de pesquisa do Programa de Melhoramento Genético de batata da Embrapa Clima Temperado, atuando principalmente nas atividades de caracterização de genótipos de batata quanto a tolerância à seca e no laboratório de Biologia Molecular, sob orientação da Dra. Caroline Marques Castro e do Dr. Arione da Silva Pereira.

6 Apêndice

Tabela 1. Médias preditas e ranqueamento dos genótipos quanto ao início do período de tuberização (DIT) e para as variáveis relacionadas com a produção de biomassa: peso seco da parte aérea (PSPA), de peso seco de raiz (PSR) e peso seco de estolão (PSE). Variável seguida por 1= controle; 2=seca. Pelotas, 2016.

ID	DIT1	DIT2	Ordem	PSPA1	PSPA2	Ordem	PSR1	Ordem	PSE1	Ordem
1	53.86	53.09	91	53.63	14.61	48	5.36	53	1.78	87
2	52.12	51.82	96	79.39	19.03	25	7.74	16	3.20	37
3	56.83	55.26	78	39.38	12.17	69	6.50	26	1.98	81
4	57.12	55.48	73	61.12	15.89	44	5.92	40	2.61	56
5	52.88	52.38	93	24.19	9.56	91	5.29	54	2.07	80
6	49.39	49.82	105	34.10	11.26	78	3.59	80	1.75	88
7	52.75	52.28	94	57.73	15.31	45	4.46	66	1.54	92
8	56.69	55.17	79	56.19	15.05	46	4.27	70	3.51	27
9	66.68	62.47	9	117.65	25.59	9	6.12	37	3.96	23
10	59.51	57.23	57	110.45	24.35	12	9.32	11	3.29	33
11	64.67	61.00	13	81.56	19.40	23	6.53	24	2.99	42
12	64.97	61.22	12	46.81	13.44	57	3.21	84	1.30	98
13	66.74	62.51	8	102.18	22.93	14	14.57	1	6.97	11
14	59.76	57.40	55	43.11	12.81	62	2.76	92	2.17	75
15	63.49	60.13	20	52.59	14.43	50	4.61	61	2.47	63
16	68.19	63.57	3	129.89	27.69	6	6.00	38	3.20	35
17	64.67	61.00	14	142.68	29.88	4	11.53	5	9.35	5
18	60.93	58.26	47	73.79	18.07	32	4.47	65	2.95	44
19	58.17	56.24	66	29.53	10.48	87	3.67	78	1.34	97
20	59.44	57.17	58	75.52	18.36	29	4.24	71	8.15	7
21	57.09	55.46	74	44.71	13.08	58	5.21	55	1.88	84
22	50.77	50.83	101	10.82	7.27	107	2.92	89	1.46	94
23	67.76	63.25	5	118.67	25.76	7	9.54	9	8.74	6
24	60.61	58.03	49	67.56	17.00	34	4.59	62	1.06	104
25	59.96	57.55	53	23.09	9.37	93	2.64	95	3.02	41
26	53.24	52.64	92	26.99	10.04	90	3.00	87	3.20	38
27	61.46	58.65	39	66.51	16.82	37	5.47	50	10.61	3
28	68.62	63.89	2	82.97	19.64	22	2.42	97	1.82	85
29	50.26	50.46	103	16.04	8.17	99	2.15	100	2.12	78
30	57.00	55.39	77	16.92	8.32	98	1.82	104	1.11	101
31	61.24	58.49	41	86.41	20.23	21	7.06	18	7.87	8

32	54.65	53.67	89	14.79	7.95	103	1.69	105	1.46	95
33	56.25	54.84	81	77.25	18.66	28	7.00	20	4.48	18
34	68.04	63.46	4	141.70	29.71	5	6.44	27	3.26	34
35	64.65	60.99	15	145.81	30.42	3	9.75	7	2.63	53
36	51.97	51.71	97	54.46	14.75	47	8.15	15	2.36	67
37	60.64	58.05	48	23.44	9.43	92	2.61	96	2.21	73
38	57.58	55.82	69	29.63	10.50	86	3.28	83	2.52	59
39	61.97	59.02	36	17.85	8.48	96	2.01	103	0.83	106
40	62.15	59.15	27	39.01	12.10	70	6.60	23	3.34	31
41	61.97	59.02	35	62.38	16.11	43	5.44	51	1.81	86
42	57.25	55.57	72	29.29	10.44	88	4.37	67	1.09	102
43	62.39	59.33	26	51.70	14.28	51	5.43	52	1.08	103
44	61.97	59.02	37	38.58	12.03	73	3.19	85	2.35	68
45	56.23	54.82	82	43.84	12.93	60	5.69	43	1.02	105
46	62.97	59.75	24	187.42	37.55	1	13.54	2	12.93	1
47	60.94	58.27	46	47.52	13.56	55	5.54	45	1.96	82
48	58.00	56.12	67	101.17	22.76	15	8.30	13	7.33	10
49	54.04	53.22	90	42.93	12.78	63	6.52	25	2.66	52
50	63.28	59.98	23	112.19	24.65	11	5.12	56	2.56	58
51	61.10	58.39	44	41.49	12.53	65	4.34	69	2.61	55
52	59.02	56.87	60	43.12	12.81	61	5.49	49	3.03	40
53	64.31	60.73	18	118.51	25.74	8	8.28	14	7.73	9
54	58.00	56.12	68	38.83	12.07	71	5.50	47	3.70	25
55	62.11	59.13	33	103.67	23.19	13	11.70	4	6.93	12
56	66.21	62.12	10	89.86	20.82	18	9.43	10	9.44	4
57	57.38	55.67	71	9.55	7.05	108	4.56	63	0.63	107
58	63.49	60.13	21	67.01	16.91	36	6.31	32	6.01	13
59	59.66	57.33	56	17.80	8.47	97	2.09	101	0.37	108
60	51.60	51.44	99	15.53	8.08	102	1.62	107	4.05	22
61	60.47	57.93	50	28.48	10.30	89	2.97	88	1.14	99
62	51.93	51.68	98	13.37	7.71	105	1.67	106	2.26	71
63	55.02	53.94	88	81.03	19.31	24	7.36	17	5.44	16
64	61.76	58.87	38	40.56	12.37	68	6.43	28	3.53	26
65	62.13	59.14	30	51.36	14.22	52	4.35	68	2.69	50
66	63.91	60.44	19	47.36	13.54	56	4.22	72	3.35	30
67	55.79	54.50	86	11.65	7.41	106	0.19	108	2.24	72
68	60.97	58.29	45	31.27	10.78	81	5.86	41	1.53	93
69	66.02	61.98	11	93.79	21.50	16	6.39	31	5.80	14
70	55.59	54.36	87	63.41	16.29	39	4.75	60	2.76	47
71	56.07	54.71	83	79.26	19.01	26	5.03	57	2.60	57
72	58.88	56.76	61	35.30	11.47	77	6.28	33	1.41	96

73	61.97	59.02	34	90.39	20.91	17	9.68	8	5.76	15
74	62.80	59.63	25	63.38	16.28	40	10.37	6	5.20	17
75	48.95	49.50	106	20.92	9.00	94	6.27	34	1.91	83
76	62.13	59.14	29	62.86	16.19	41	6.26	35	2.71	49
77	48.75	49.36	107	18.14	8.53	95	4.82	58	1.66	90
78	48.57	49.22	108	15.98	8.16	100	2.74	93	1.13	100
79	60.05	57.62	52	72.59	17.86	33	7.04	19	4.45	19
80	62.13	59.14	31	88.18	20.53	19	9.00	12	2.48	62
81	51.22	51.16	100	40.61	12.38	67	3.47	82	2.16	76
82	57.01	55.40	76	15.71	8.11	101	3.09	86	2.27	70
83	61.11	58.39	43	86.41	20.23	20	4.52	64	2.95	43
84	59.34	57.10	59	44.70	13.08	59	5.77	42	2.15	77
85	61.11	58.39	42	75.08	18.29	30	5.66	44	4.06	21
86	58.59	56.55	65	62.53	16.14	42	4.79	59	2.37	65
87	58.86	56.75	63	40.97	12.44	66	2.72	94	2.37	66
88	57.09	55.45	75	42.79	12.75	64	5.95	39	3.32	32
89	52.51	52.10	95	34.00	11.25	79	4.11	73	1.58	91
90	67.15	62.81	7	73.98	18.10	31	6.42	29	2.19	74
91	64.44	60.83	16	169.31	34.45	2	12.93	3	11.79	2
92	58.86	56.75	62	38.62	12.04	72	3.74	76	2.62	54
93	55.79	54.50	84	33.59	11.17	80	6.93	21	2.51	60
94	50.47	50.61	102	13.71	7.77	104	2.04	102	2.10	79
95	58.59	56.55	64	36.58	11.69	75	5.53	46	3.48	28
96	56.54	55.05	80	30.62	10.67	82	3.93	74	2.68	51
97	64.38	60.78	17	67.13	16.93	35	6.41	30	3.80	24
98	57.56	55.80	70	53.53	14.59	49	3.88	75	2.40	64
99	67.19	62.84	6	36.31	11.64	76	2.42	98	3.36	29
100	62.13	59.14	32	50.22	14.03	54	3.59	79	2.29	69
101	62.13	59.14	28	29.72	10.51	84	2.86	91	3.20	36
102	55.79	54.50	85	37.72	11.88	74	3.53	81	2.50	61
103	61.38	58.59	40	29.69	10.51	85	2.90	90	2.72	48
104	59.94	57.54	54	51.02	14.16	53	5.49	48	2.79	46
105	50.17	50.39	104	30.17	10.59	83	3.69	77	1.71	89
106	60.42	57.89	51	65.38	16.63	38	2.26	99	2.91	45
107	68.80	64.02	1	116.74	25.43	10	6.65	22	3.14	39
108	63.45	60.10	22	77.44	18.69	27	6.19	36	4.35	20
Média	59.28	57.06		58.07	15.37		5.37		3.31	

Tabela 2. Médias preditas e ranqueamento dos genótipos das variáveis relativas à produção de tubérculos: número de tubérculos grandes (NTG); número de tubérculos pequenos (NTP) e número total de tubérculos (NTT). Variável seguida por 1= controle; 2=seca. Pelotas, 2016.

ID	NTG1	NTG2	Ordem	NTP1	NTP2	Ordem	NTT1	Ordem	NTT2	Ordem
1	19.08	9.24	30	22.92	9.61	63	42.09	57	18.70	57
2	31.16	12.22	2	41.13	13.29	20	72.38	11	26.24	9
3	18.79	9.16	36	17.60	8.54	78	36.53	69	17.67	69
4	19.19	9.26	29	12.13	7.43	94	31.50	79	16.41	78
5	16.99	8.72	48	14.77	7.97	90	31.90	78	16.28	79
6	22.29	10.03	16	34.11	11.87	32	56.54	24	22.21	25
7	18.59	9.11	37	31.46	11.34	37	50.29	33	21.05	28
8	30.57	12.07	3	45.04	14.08	14	76.30	8	26.44	7
9	8.18	6.54	92	42.42	13.55	18	49.75	36	20.49	36
10	17.65	8.88	44	69.18	18.96	2	86.33	3	28.52	3
11	3.90	5.48	104	5.38	6.07	104	9.16	105	11.49	104
12	5.70	5.93	101	8.74	6.75	98	14.31	101	12.55	101
13	8.18	6.54	93	15.76	8.16	85	23.89	91	15.08	88
14	10.84	7.20	81	15.05	8.02	87	25.79	88	15.07	89
15	11.20	7.29	80	36.76	12.41	30	47.82	41	20.17	41
16	3.97	5.50	103	9.94	6.99	97	13.72	102	12.34	102
17	10.76	7.18	82	28.06	10.65	45	38.86	63	18.59	59
18	14.89	8.20	64	28.56	10.75	43	43.32	55	19.05	55
19	13.54	7.87	74	18.61	8.74	75	32.11	77	16.59	76
20	11.47	7.35	79	37.07	12.47	29	48.59	39	20.44	37
21	26.59	11.09	7	72.04	19.54	1	98.85	1	31.64	1
22	20.03	9.47	27	30.80	11.20	38	50.83	32	20.82	33
23	4.82	5.71	102	21.39	9.30	69	25.51	89	14.82	90
24	15.57	8.37	59	24.01	9.83	57	39.54	61	18.12	63
25	8.46	6.61	90	27.87	10.61	48	36.01	71	17.39	71
26	15.32	8.31	61	28.68	10.78	42	43.94	51	18.86	56
27	22.38	10.05	15	47.99	14.68	10	70.37	13	25.01	14
28	3.53	5.39	106	4.99	5.99	106	4.96	108	10.26	108

29	21.16	9.75	21	46.17	14.31	13	67.89	15	24.76	15
30	9.71	6.92	86	17.88	8.59	76	27.52	87	15.38	87
31	18.89	9.19	35	47.31	14.54	11	66.22	16	24.18	16
32	10.01	6.99	85	37.48	12.55	28	47.29	45	19.86	45
33	13.95	7.97	72	65.86	18.29	3	78.76	5	26.87	5
34	3.88	5.48	105	4.92	5.97	107	8.59	106	11.11	106
35	10.35	7.08	83	5.22	6.04	105	15.86	98	12.82	98
36	27.35	11.28	6	25.91	10.22	54	54.02	26	21.41	26
37	12.69	7.66	76	17.53	8.52	79	30.51	83	16.07	83
38	20.32	9.54	23	53.68	15.83	7	74.41	10	25.92	11
39	8.04	6.51	95	14.78	7.97	89	22.41	93	14.34	93
40	20.89	9.68	22	23.18	9.67	60	43.89	52	19.29	49
41	17.45	8.83	45	27.05	10.45	50	44.29	50	19.20	50
42	18.43	9.07	39	22.84	9.60	64	41.02	60	18.50	60
43	14.85	8.19	66	21.17	9.26	70	35.80	72	17.29	72
44	10.12	7.02	84	14.86	7.98	88	24.65	90	14.69	91
45	14.43	8.09	68	21.87	9.40	68	36.10	70	17.47	70
46	24.07	10.47	11	22.95	9.62	62	46.91	46	20.27	39
47	15.68	8.40	57	14.60	7.93	91	30.05	85	15.91	86
48	37.14	13.70	1	39.84	13.03	22	77.25	6	26.67	6
49	25.37	10.79	9	43.39	13.75	17	70.00	14	25.16	13
50	14.28	8.05	69	19.07	8.83	74	33.06	74	16.66	75
51	17.33	8.80	46	39.37	12.94	24	56.68	23	22.36	23
52	17.03	8.73	47	33.15	11.68	35	50.02	34	20.54	35
53	17.65	8.88	43	20.57	9.14	73	37.96	67	17.79	66
54	16.19	8.52	53	22.33	9.49	67	38.24	66	17.89	65
55	22.21	10.01	17	28.04	10.65	46	49.97	35	20.63	34
56	18.53	9.10	38	34.04	11.86	33	52.15	29	20.92	30
57	6.04	6.01	100	8.16	6.63	99	9.20	104	11.21	105
58	27.97	11.43	5	43.59	13.79	15	74.84	9	26.05	10
59	9.03	6.75	87	14.30	7.87	93	20.90	95	13.82	95
60	8.72	6.67	89	22.54	9.54	65	30.87	82	16.17	82
61	14.54	8.11	67	37.98	12.66	27	52.19	28	20.84	31
62	7.71	6.43	96	9.98	7.00	96	17.30	97	13.29	97

63	24.76	10.64	10	40.57	13.18	21	65.23	17	24.09	17
64	19.88	9.43	28	17.40	8.50	80	37.17	68	17.70	68
65	8.28	6.57	91	7.03	6.40	102	15.53	99	12.76	99
66	14.25	8.04	70	36.63	12.38	31	51.21	31	20.84	32
67	12.33	7.57	78	16.68	8.35	82	29.37	86	15.94	85
68	13.66	7.90	73	26.66	10.37	51	32.90	75	16.87	73
69	18.91	9.19	34	28.73	10.79	41	47.54	43	19.92	43
70	22.72	10.13	12	38.11	12.68	26	60.90	20	22.94	21
71	22.10	9.98	18	26.54	10.34	53	49.14	38	20.21	40
72	14.86	8.19	65	23.84	9.80	59	38.38	65	17.91	64
73	17.90	8.94	41	25.89	10.21	55	43.50	54	19.17	52
74	14.92	8.21	63	46.92	14.46	12	47.62	42	19.82	46
75	12.44	7.59	77	25.73	10.18	56	45.16	47	19.53	47
76	15.97	8.47	55	16.16	8.25	83	32.55	76	16.56	77
77	16.76	8.66	49	14.40	7.89	92	31.12	81	16.25	80
78	15.51	8.35	60	15.30	8.07	86	30.30	84	15.99	84
79	20.29	9.53	24	27.87	10.61	49	47.88	40	20.12	42
80	8.95	6.73	88	12.01	7.41	95	21.26	94	14.15	94
81	14.93	8.21	62	64.90	18.10	4	78.82	4	26.99	4
82	16.13	8.51	54	28.00	10.64	47	44.55	49	19.15	53
83	7.71	6.42	97	33.19	11.69	34	41.11	59	18.42	61
84	19.03	9.22	32	23.09	9.65	61	42.75	56	19.09	54
85	22.63	10.11	13	43.55	13.78	16	63.60	18	23.68	18
86	21.95	9.94	19	39.38	12.94	23	61.89	19	23.17	20
87	20.18	9.51	25	20.80	9.18	72	41.53	58	18.67	58
88	19.06	9.23	31	32.24	11.50	36	51.83	30	21.00	29
89	25.49	10.82	8	23.92	9.81	58	49.57	37	20.33	38
90	6.25	6.07	99	8.15	6.63	100	14.72	100	12.64	100
91	8.08	6.52	94	15.82	8.18	84	23.66	92	14.55	92
92	16.55	8.61	51	29.80	11.00	40	47.33	44	19.87	44
93	22.47	10.07	14	30.20	11.08	39	53.28	27	21.29	27
94	16.59	8.62	50	26.60	10.36	52	43.66	53	19.19	51
95	15.81	8.43	56	17.75	8.57	77	33.95	73	16.85	74
96	17.68	8.89	42	20.93	9.21	71	39.13	62	18.14	62

97	15.66	8.39	58	22.42	9.51	66	38.46	64	17.72	67
98	18.93	9.20	33	41.35	13.34	19	59.98	21	22.54	22
99	6.88	6.22	98	4.92	5.97	108	12.01	103	11.84	103
100	12.90	7.71	75	7.66	6.53	101	20.90	96	13.81	96
101	16.28	8.54	52	28.18	10.68	44	44.90	48	19.35	48
102	21.74	9.89	20	54.34	15.96	6	76.48	7	26.31	8
103	14.10	8.00	71	16.76	8.37	81	31.25	80	16.24	81
104	18.20	9.02	40	38.20	12.70	25	56.36	25	22.31	24
105	20.09	9.48	26	51.85	15.46	8	71.84	12	25.35	12
106	2.38	5.11	108	49.95	15.08	9	58.36	22	23.19	19
107	3.31	5.34	107	5.82	6.16	103	5.79	107	10.51	107
108	29.23	11.74	4	60.83	17.27	5	90.27	2	29.64	2
	15.84	8.43		27.79	10.60		43.45		19.08	

Tabela 3. Médias previstas e ranqueamento dos genótipos das variáveis relativas à produção de tubérculos: peso seco de tubérculos grandes (PSTG) e peso seco de tubérculos pequenos (PSTP). Variável seguida por 1= controle; 2=seca. Pelotas, 2016.

ID	PSTG1	Ordem	PSTG2	Ordem	PSTP1	Ordem	PSTP2	Ordem
1	29.42	73	17.15	73	4.05	60	2.23	63
2	49.22	11	23.85	6	7.50	12	3.45	2
3	52.26	3	24.09	4	3.32	76	2.19	71
4	48.67	13	22.71	14	2.67	91	2.02	88
5	55.74	2	24.38	2	2.77	89	1.89	97
6	35.87	44	18.63	53	7.24	14	3.37	3
7	31.04	66	16.62	77	3.42	73	2.21	66
8	51.30	5	23.64	7	7.94	5	3.03	8
9	23.56	86	15.71	83	7.28	13	2.97	11
10	31.94	59	17.89	59	8.98	3	3.16	6
11	23.96	84	16.00	81	1.80	103	1.85	101
12	23.85	85	15.57	86	3.17	80	2.31	52
13	20.66	92	14.95	90	2.60	95	2.04	86
14	51.68	4	23.98	5	2.83	87	2.10	79
15	24.20	83	15.43	88	4.00	61	2.26	58
16	14.99	103	12.97	100	1.73	104	1.79	102
17	23.12	88	15.60	85	4.94	41	2.77	21
18	34.29	52	18.79	52	4.09	58	2.25	60
19	35.45	46	18.89	50	3.16	81	2.11	78
20	28.08	75	16.70	75	5.68	29	2.73	27
21	39.44	35	19.84	38	7.80	6	2.98	10
22	32.61	57	18.06	56	3.68	68	2.14	76
23	19.10	97	14.17	96	4.17	57	2.23	64
24	34.41	51	18.84	51	4.32	54	2.30	53
25	6.66	108	9.86	108	7.67	7	3.05	7
26	31.61	60	17.67	63	5.58	31	2.52	35
27	50.51	6	23.37	11	7.54	10	2.93	15
28	15.69	101	12.95	101	2.25	100	1.85	99
29	29.96	70	17.55	67	4.29	56	2.43	45
30	36.25	42	19.00	46	4.82	45	2.35	51
31	38.52	37	20.25	31	6.76	17	2.74	22
32	22.43	89	14.93	91	7.58	9	2.96	12
33	31.21	65	17.58	66	12.81	1	3.94	1
34	19.25	95	14.28	94	1.38	107	1.72	105
35	26.11	81	16.41	78	2.53	97	1.90	95
36	50.51	7	23.20	12	5.81	28	2.73	24
37	28.95	74	17.21	71	3.24	78	2.05	84
38	32.16	58	18.04	57	5.90	27	2.65	31
39	16.52	100	13.29	98	3.83	66	2.20	70
40	40.06	33	20.59	27	2.88	86	2.03	87
41	36.12	43	19.38	42	5.01	38	2.44	43
42	44.62	17	22.12	17	5.00	39	2.48	40

43	42.05	24	21.13	21	5.16	35	2.43	44
44	33.39	55	18.29	55	2.37	99	1.78	103
45	40.96	27	20.98	23	5.42	34	2.56	33
46	34.44	50	19.53	41	4.92	43	2.69	28
47	43.56	21	21.09	22	2.68	90	1.91	94
48	56.03	1	26.17	1	7.60	8	2.89	17
49	31.56	61	17.95	58	4.37	52	2.48	41
50	48.69	12	23.64	8	2.50	98	1.85	100
51	41.18	26	20.32	30	5.52	32	2.98	9
52	45.26	16	21.37	19	6.12	23	2.73	25
53	33.50	54	18.96	47	3.13	82	1.95	92
54	35.24	48	18.58	54	3.58	70	2.16	72
55	50.06	9	24.11	3	3.87	65	2.13	77
56	32.85	56	19.02	44	4.82	46	2.37	49
57	13.18	105	12.35	106	0.42	108	1.46	108
58	42.37	22	20.61	26	6.66	20	2.81	19
59	19.75	94	13.47	97	1.66	105	1.65	107
60	16.64	99	12.87	102	4.46	51	2.26	57
61	34.22	53	17.67	65	6.05	25	2.52	36
62	14.37	104	12.52	104	1.53	106	1.75	104
63	37.10	40	19.65	39	7.51	11	2.94	14
64	30.17	69	17.26	69	2.82	88	2.05	85
65	22.16	90	15.16	89	2.66	92	1.94	93
66	27.54	77	16.66	76	6.06	24	2.80	20
67	34.95	49	18.94	48	3.02	84	2.08	82
68	41.42	25	20.90	24	4.33	53	2.39	48
69	40.61	30	20.22	32	6.86	16	2.73	26
70	44.06	20	22.54	16	6.68	19	2.66	30
71	35.63	45	19.00	45	5.64	30	2.53	34
72	11.98	107	12.17	107	4.77	48	2.40	47
73	37.35	39	19.60	40	4.57	50	2.30	54
74	24.31	82	15.71	84	8.28	4	3.17	5
75	26.16	80	15.87	82	6.44	21	2.64	32
76	35.38	47	18.91	49	3.20	79	2.08	81
77	49.43	10	22.65	15	3.27	77	2.09	80
78	50.45	8	23.50	10	2.58	96	1.97	91
79	48.66	14	23.63	9	4.86	44	2.36	50
80	23.26	87	15.51	87	2.93	85	2.06	83
81	26.78	79	16.39	79	6.40	22	2.88	18
82	31.45	62	17.67	62	4.31	55	2.27	56
83	21.07	91	14.75	92	4.06	59	2.20	68
84	31.31	63	17.77	60	3.55	71	2.22	65
85	40.42	31	20.21	33	5.15	36	2.47	42
86	40.41	32	20.32	29	4.96	40	2.48	38
87	39.77	34	20.19	34	5.92	26	2.68	29
88	36.75	41	19.38	43	3.92	64	2.25	59
89	38.39	38	19.87	36	3.40	74	2.15	73

90	19.15	96	14.23	95	2.66	93	2.00	89
91	17.41	98	13.03	99	1.80	102	1.70	106
92	27.73	76	16.72	74	4.93	42	2.42	46
93	44.16	19	21.36	20	3.49	72	2.15	74
94	44.55	18	21.47	18	3.62	69	2.21	67
95	31.00	67	17.73	61	3.69	67	2.23	62
96	38.88	36	19.86	37	3.37	75	2.15	75
97	29.65	71	17.19	72	4.62	49	2.29	55
98	42.18	23	20.74	25	5.43	33	2.48	39
99	20.25	93	14.54	93	2.61	94	1.89	96
100	29.58	72	17.24	70	3.05	83	1.98	90
101	30.37	68	17.41	68	3.94	62	2.20	69
102	40.79	28	20.52	28	6.71	18	2.74	23
103	31.25	64	17.67	64	3.94	63	2.24	61
104	26.94	78	16.37	80	5.07	37	2.51	37
105	40.74	29	20.17	35	9.62	2	3.26	4
106	13.18	106	12.36	105	4.80	47	2.90	16
107	15.02	102	12.82	103	2.19	101	1.88	98
108	48.54	15	22.93	13	6.90	15	2.94	13
Média	33.33		18.35		4.61		2.39	

Tabela 4. Médias previstas e ranqueamento dos genótipos das variáveis relativas à produção de tubérculos: peso seco total de tubérculos (PSTT) e peso médio de tubérculos (PMT). Variável seguida por 1= controle; 2=seca. Pelotas, 2016.

ID	PSTT1	PSTT2	Ordem	PMT1	Ordem	PMT2	Ordem
1	64.73	28.15	26	1.82	27	1.27	33
2	85.12	33.40	7	1.66	39	1.20	42
3	78.77	31.76	12	2.48	8	1.66	10
4	70.97	29.76	19	2.62	4	1.71	5
5	69.54	29.39	22	2.25	13	1.53	14
6	85.99	33.62	6	1.82	25	1.27	34
7	39.18	21.58	85	1.24	83	0.95	89
8	84.63	33.27	8	1.79	30	1.30	26
9	41.00	22.05	81	1.31	76	1.05	74
10	51.07	24.64	57	1.20	87	0.99	83
11	26.68	18.37	100	1.49	57	1.17	50
12	37.33	21.10	90	1.90	22	1.35	22
13	33.39	20.09	92	1.21	85	0.99	85
14	64.66	28.13	27	2.43	10	1.66	9
15	38.45	21.39	87	1.14	92	0.93	94
16	26.51	18.32	101	1.10	97	0.93	95
17	37.54	21.16	89	1.19	88	0.97	87
18	48.50	23.98	69	1.51	53	1.16	52
19	62.66	27.62	35	1.85	24	1.32	25
20	44.01	22.82	77	1.15	90	0.95	91
21	57.48	26.29	46	1.12	95	0.92	96
22	46.46	23.45	74	1.26	80	1.01	80
23	30.97	19.47	94	1.13	94	0.95	90
24	48.85	24.07	66	1.51	54	1.16	53
25	22.72	17.35	103	0.66	107	0.66	107
26	46.88	23.56	72	1.43	67	1.11	64
27	68.10	29.02	24	1.41	69	1.10	70
28	27.44	18.56	99	1.45	62	1.10	68
29	49.85	24.33	63	1.43	66	1.11	66
30	50.20	24.41	62	1.82	26	1.28	32
31	71.94	30.01	17	1.46	61	1.12	61
32	40.25	21.86	84	1.15	91	0.95	92
33	54.03	25.40	52	1.14	93	0.95	93
34	30.53	19.36	95	1.72	35	1.30	27
35	44.61	22.98	76	1.76	33	1.30	28
36	81.09	32.36	10	1.95	19	1.38	19
37	48.19	23.90	70	1.81	28	1.32	24
38	54.12	25.42	51	1.44	64	1.12	62
39	12.64	14.76	106	1.17	89	0.96	88
40	73.96	30.53	14	1.91	20	1.37	20
41	57.45	26.28	47	1.49	59	1.15	55
42	62.98	27.70	32	1.77	32	1.30	29

43	62.04	27.46	36	1.79	29	1.30	30
44	33.89	20.22	91	2.55	6	1.74	4
45	88.12	34.17	5	3.01	1	1.97	1
46	66.08	28.50	25	2.06	17	1.46	15
47	70.83	29.72	20	2.67	3	1.77	3
48	102.35	37.83	1	2.09	15	1.46	16
49	52.04	24.89	54	1.45	63	1.12	63
50	72.24	30.08	16	2.73	2	1.84	2
51	57.73	26.35	45	1.10	98	0.89	99
52	71.81	29.97	18	1.32	74	1.03	79
53	46.86	23.56	73	2.35	11	1.64	11
54	62.82	27.66	34	1.74	34	1.26	36
55	96.46	36.31	3	2.14	14	1.53	13
56	47.83	23.80	71	1.01	101	0.87	100
57	-1.20	11.20	108	0.80	105	0.73	106
58	70.60	29.66	21	1.26	81	1.01	81
59	29.00	18.96	97	1.38	71	1.06	73
60	13.48	14.97	105	0.76	106	0.74	105
61	31.63	19.64	93	0.63	108	0.66	108
62	12.05	14.60	107	1.53	52	1.13	59
63	78.17	31.61	13	1.11	96	0.92	97
64	90.84	34.87	4	2.60	5	1.70	6
65	40.83	22.01	83	1.43	65	1.11	65
66	49.61	24.26	64	1.42	68	1.10	69
67	54.01	25.39	53	2.00	18	1.41	18
68	29.75	19.16	96	1.37	72	1.09	71
69	69.49	29.38	23	1.55	51	1.16	54
70	82.84	32.81	9	1.70	37	1.27	35
71	57.30	26.24	48	1.57	46	1.19	47
72	59.51	26.81	42	1.36	73	1.07	72
73	97.80	36.66	2	2.45	9	1.68	8
74	43.03	22.57	79	0.84	104	0.80	103
75	44.63	22.98	75	1.04	100	0.86	101
76	54.64	25.56	50	1.57	47	1.19	45
77	62.90	27.68	33	2.06	16	1.42	17
78	72.54	30.16	15	2.50	7	1.69	7
79	80.72	32.26	11	2.29	12	1.56	12
80	40.86	22.01	82	1.41	70	1.10	67
81	49.34	24.19	65	1.32	75	1.05	75
82	51.83	24.83	55	1.49	56	1.13	58
83	41.21	22.10	80	1.29	79	1.03	78
84	50.96	24.61	58	1.56	48	1.17	51
85	61.69	27.37	38	1.50	55	1.14	57
86	61.48	27.32	39	1.56	49	1.17	49
87	61.79	27.39	37	1.77	31	1.29	31
88	56.73	26.09	49	1.59	43	1.19	44
89	60.97	27.19	40	1.55	50	1.18	48

90	37.87	21.24	88	1.30	78	1.04	76
91	15.37	15.46	104	0.98	102	0.85	102
92	48.71	24.03	67	1.49	58	1.14	56
93	63.75	27.90	29	1.71	36	1.24	37
94	64.29	28.04	28	1.90	21	1.35	23
95	50.75	24.56	59	1.61	42	1.21	41
96	58.35	26.51	43	1.70	38	1.24	38
97	50.30	24.44	61	1.58	45	1.19	46
98	63.61	27.86	30	1.65	40	1.23	39
99	38.86	21.50	86	1.31	77	1.03	77
100	48.65	24.02	68	1.88	23	1.36	21
101	50.37	24.46	60	1.48	60	1.13	60
102	63.54	27.85	31	1.58	44	1.19	43
103	51.27	24.69	56	1.63	41	1.21	40
104	43.84	22.78	78	1.09	99	0.91	98
105	60.57	27.08	41	1.25	82	1.00	82
106	28.44	18.82	98	0.87	103	0.80	104
107	25.94	18.18	102	1.23	84	0.99	86
108	58.25	26.49	44	1.21	86	0.99	84

Tabela 5. Médias preditas e ranqueamento dos genótipos em relação as variáveis fisiológicas: conteúdo de clorofila (CC) aos 1DAE, 9DAE, 13DAE e R, ajuste osmótico (AO) aos 1DAE e 14DAE. Pelotas, 2016.

ID	CC_1 DAE	Ordem	CC_9 DAE	Ordem	CC_13 DAE	Ordem	CC_ R	Ordem	AO_1 DAE	Ordem	AO_14 DAE	Ordem
1	41.58	21	42.62	21	41.67	9	42.70	12	0.12	31	0.08	3
2	37.76	36	40.27	36	35.94	40	37.52	38	0.11	35	-	-
3	43.35	11	45.53	4	41.44	12	41.56	16	0.14	11	0.07	5
4	40.47	28	42.47	23	40.41	20	40.59	24	0.13	18	0.03	19
5	43.75	9	45.17	8	43.75	2	44.28	4	0.15	5	0.03	15
6	43.55	10	44.37	13	41.48	11	42.50	13	0.13	16	0.03	16
7	40.53	27	41.78	27	39.40	23	38.87	30	0.09	39	0.05	12
25	43.32	12	44.41	11	40.72	15	41.45	18	0.15	3	0.05	9
39	41.02	24	41.84	26	38.47	31	40.67	23	0.10	37	0.08	1
40	44.17	8	44.40	12	40.00	21	41.46	17	0.12	26	-0.04	38
41	46.30	1	46.06	2	42.23	6	43.32	6	0.12	32	-0.03	36
42	42.43	16	43.22	19	40.92	14	41.11	21	0.14	10	0.03	18
43	40.37	29	41.27	29	39.87	22	40.71	22	0.13	17	0.00	33
44	39.54	31	41.20	31	38.03	32	37.77	35	0.12	28	0.06	7
45	46.10	2	45.31	7	42.67	4	44.65	1	0.08	40	0.02	25
46	44.74	5	45.43	5	42.72	3	43.27	7	0.17	1	0.01	30
47	44.50	6	45.07	9	41.85	8	44.52	2	0.15	7	0.07	4
48	41.87	20	41.23	30	38.70	28	39.88	27	0.12	27	0.02	27
50	37.91	35	40.36	34	38.58	29	37.58	36	0.14	9	0.05	11
51	40.82	26	43.87	16	40.61	16	41.71	15	0.13	20	0.04	13
52	39.26	32	40.30	35	38.82	26	41.32	20	0.12	30	0.02	22
53	38.49	34	39.07	39	36.39	38	36.44	39	0.15	8	0.03	17
54	37.51	38	38.83	40	36.26	39	35.66	40	0.11	34	0.02	24
55	44.26	7	44.93	10	40.45	19	42.72	11	0.10	38	0.00	34
56	42.89	15	45.39	6	41.20	13	43.09	9	0.13	15	0.03	21
59	37.63	37	39.59	37	36.80	36	38.41	32	0.13	22	0.04	14
60	43.22	13	44.22	14	41.60	10	43.23	8	0.13	19	0.00	32
61	36.98	40	39.08	38	36.45	37	37.55	37	0.15	4	0.05	10
62	42.10	18	40.73	33	38.55	30	38.35	33	0.13	13	-0.09	39
63	39.90	30	42.17	24	37.73	34	38.59	31	0.14	12	0.02	28
64	45.03	3	43.46	18	41.89	7	42.95	10	0.12	33	0.06	6
68	41.39	22	43.53	17	40.50	18	41.77	14	0.15	2	0.08	2
69	41.01	25	41.50	28	37.90	33	39.79	28	0.12	24	-0.01	35
70	41.88	19	44.02	15	39.39	24	41.34	19	0.13	21	0.01	29
73	44.96	4	47.04	1	43.98	1	44.16	5	0.11	36	0.02	26
74	39.18	33	42.04	25	40.55	17	40.38	25	0.12	29	0.00	31
75	43.09	14	42.53	22	37.18	35	38.24	34	0.12	25	-0.04	37
79	42.35	17	45.61	3	42.31	5	44.52	3	0.15	6	0.06	8
91	41.39	23	42.95	20	38.75	27	39.64	29	0.12	23	0.02	23
104	37.07	39	40.96	32	39.38	25	40.08	26	0.13	14	0.03	20
Média	41.59		42.85		39.89		40.86		0.13		0.03	

Tabela 6. Médias preditas e ranqueamento dos genótipos em relação a variável fisiológica discriminação de isótopos de carbono, no controle ($\Delta C1$) e na seca ($\Delta C2$). Pelotas, 2016.

ID	$\Delta C1$	Ordem	$\Delta C2$	Ordem
1	21.18	38	21.18	13
2	21.32	8	20.90	37
3	21.16	43	21.21	11
4	21.17	39	20.88	40
5	21.08	51	20.91	36
6	21.35	3	21.41	5
7	21.17	41	20.84	47
9	21.18	37	21.25	9
10	21.24	24	21.16	16
11	21.24	22	21.20	12
12	21.05	55	20.45	57
13	21.14	46	20.44	58
14	21.19	33	20.92	35
15	21.21	27	21.03	26
16	21.09	49	20.43	59
17	21.12	48	20.94	33
18	21.16	42	20.62	56
19	21.34	4	21.17	15
20	21.23	25	21.12	18
21	21.25	21	21.25	10
22	21.29	13	21.44	4
23	21.17	40	20.67	54
24	21.15	44	20.83	48
26	21.30	10	21.49	3
27	21.03	57	20.71	53
28	20.95	59	20.79	49
31	21.28	17	21.14	17
33	21.28	18	21.29	7
34	21.21	28	20.65	55
39	21.06	53	20.88	41
41	21.23	26	21.02	28
42	21.28	15	21.06	23
43	21.28	16	21.06	24
44	21.04	56	20.86	44
45	21.29	14	20.90	39
47	21.06	54	20.88	43
48	21.13	47	20.94	34
50	21.24	23	21.03	25
52	21.20	31	20.71	52
53	21.33	7	21.10	21
54	21.39	2	20.85	46
56	21.26	19	21.09	22
58	21.06	52	20.95	30
59	20.97	58	20.86	45
61	21.14	45	20.95	31

62	21.33	6	21.10	20
64	21.20	30	21.00	29
68	21.08	50	20.90	38
70	21.18	34	21.11	19
73	21.30	11	21.50	2
75	21.47	1	21.62	1
77	21.26	20	21.26	8
78	21.34	5	21.18	14
89	21.19	32	20.95	32
104	21.30	12	21.02	27
105	21.18	35	20.78	51
106	21.21	29	20.79	50
107	21.18	36	20.88	42
108	21.31	9	21.38	6
Média	21.20		21.00	

	AO_14DAE	AO_1DAE	CC_13DAE	CC_1DAE	CC_9DAE	CC_R	ΔC 1	ΔC 2	DIT1	DIT2	NTG1	NTG2	NTP1	NTP2	NTT1	NTT2	PMT1	PMT2	PSE1	PSPA1	PSPA2	PSR1	PSTG1	PSTG2	PSTP1	PSTP2	PSTT1	PSTT2
AO_14DAE -																												
AO_1DAE	0.77	-																										
CC_13DAE	0.58	0.58	-																									
CC_1DAE	0.40	0.20	<0.01	-																								
CC_9DAE	0.89	0.55	<0.01	<0.01	-																							
CC_R	0.44	0.52	<0.01	<0.01	<0.01	-																						
ΔC 1	<0.01	0.53	0.74	0.62	0.94	0.40	-																					
ΔC 2	0.10	0.71	0.33	0.07	0.06	0.58	<0.01	-																				
DIT1	0.11	0.48	0.72	0.29	0.66	0.92	0.17	0.08	-																			
DIT2	0.11	0.48	0.72	0.29	0.66	0.92	0.17	0.08	<0.01	-																		
NTG1	0.73	0.95	0.23	0.33	0.32	0.26	0.66	0.63	0.64	0.64	-																	
NTG2	0.73	0.95	0.23	0.33	0.32	0.26	0.66	0.63	0.64	0.64	<0.01	-																
NTP1	0.86	0.88	0.68	0.55	0.98	0.92	0.24	0.47	0.86	0.86	0.00	0.00	-															
NTP2	0.86	0.88	0.68	0.55	0.98	0.92	0.24	0.47	0.86	0.86	0.00	0.00	<0.01	-														
NTT1	0.77	0.81	0.89	0.90	0.68	0.66	0.17	0.28	0.52	0.52	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	-													
NTT2	0.76	0.75	0.87	0.89	0.67	0.67	0.15	0.26	0.47	0.47	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	-												
PMT1	0.32	0.66	0.03	0.07	0.12	0.16	0.70	0.88	0.62	0.62	0.38	0.38	0.01	0.01	0.18	0.17	-											
PMT2	0.33	0.72	0.03	0.07	0.12	0.18	0.69	0.88	0.48	0.48	0.41	0.41	0.01	0.01	0.18	0.17	<0.01	-										
PSE1	0.64	0.66	0.94	0.91	0.82	0.88	0.20	0.43	0.04	0.04	0.01	0.01	0.12	0.12	0.03	0.03	0.66	0.60	-									
PSPA1	0.85	0.89	0.84	0.77	0.90	0.82	0.37	0.60	0.01	0.01	0.00	0.00	0.14	0.14	0.03	0.03	0.09	0.06	<0.01	-								
PSPA2	0.85	0.89	0.84	0.77	0.90	0.82	0.37	0.60	0.01	0.01	0.00	0.00	0.14	0.14	0.03	0.03	0.09	0.06	<0.01	<0.01	-							
PSR1	0.90	0.97	0.07	0.12	0.04	0.12	0.11	0.11	0.10	0.10	0.00	0.00	0.14	0.14	0.02	0.02	0.15	0.13	<0.01	<0.01	<0.01	-						
PSTG1	0.32	0.16	0.05	0.36	0.12	0.12	0.51	0.50	0.86	0.86	<0.01	<0.01	0.43	0.43	0.08	0.09	0.01	0.01	0.45	0.06	0.06	0.02	-					
PSTG2	0.39	0.18	0.06	0.31	0.10	0.12	0.64	0.62	0.65	0.65	<0.01	<0.01	0.37	0.37	0.06	0.07	0.01	0.01	0.26	0.02	0.02	0.01	<0.01	-				
PSTP1	0.46	0.56	0.86	0.44	0.45	0.36	0.07	0.10	0.29	0.29	0.00	0.00	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	0.08	0.08	0.48	0.57	0.57	0.19	0.20	0.16	-			
PSTP2	0.59	0.50	0.52	0.30	0.30	0.22	0.04	0.08	0.12	0.12	0.00	0.00	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	0.11	0.11	0.73	0.87	0.87	0.33	0.27	0.24	<0.01	-		
PSTT1	0.69	0.47	0.00	0.02	0.01	0.01	0.35	0.27	0.70	0.70	<0.01	<0.01	0.25	0.25	0.01	0.01	<0.01	<0.01	0.17	0.02	0.02	0.00	<0.01	<0.01	0.05	0.04	-	
PSTT2	0.69	0.47	0.00	0.02	0.01	0.01	0.35	0.27	0.70	0.70	<0.01	<0.01	0.25	0.25	0.01	0.01	<0.01	<0.01	0.17	0.02	0.02	0.00	<0.01	<0.01	0.05	0.04	<0.01	-

Figura 1. Nível de significância da análise de correlação para as variáveis: de ajuste osmótico (AO) aos 14DAE, 1DAE, conteúdo de clorofila (CC) aos 13DAE, 1DAE, 9DAE e CC_R, discriminação de isótopos de carbono (DIC), dias para iniciar o período de tuberização (DIT), número de tubérculos grandes (NTG), número de tubérculos pequenos (NTP), número total de tubérculos (NTT), peso médio de tubérculos (PMT), peso seco de estolão (PSE), peso seco de parte aérea (PSPA), peso seco de raiz (PSR), peso seco de tubérculos grandes (PSTG), peso seco de tubérculos pequenos (PSTP) e peso seco total de tubérculos (PSTT). Variáveis seguidas por 1= controle, seguidas por 2 = seca. Pelotas, 2016.

Tabela 7. Porcentagem de adesão em cada subpopulação dos 155 genótipos genotipados com SNPs considerando K=3. Pelotas, 2016

ID	Genótipo	Subpopulação1	Subpopulação 2	Subpopulação3
1	R91121-17	0.038	0.344	0.618
2	Achirana	0.042	0.345	0.614
3	Agria	0.07	0.204	0.727
4	Agata	0.079	0.005	0.916
5	All Blue	0.059	0.331	0.61
6	Arazati	0.036	0.651	0.313
7	Asterix	0.098	0.121	0.78
8	Atlantic	0.001	0.998	0.001
9	Atlantic	0.001	0.998	0.001
10	Atlantic	0.001	0.998	0.001
11	B137	0.097	0.455	0.448
12	BR3	0.048	0.166	0.786
13	Balmoral	0.002	0.265	0.733
14	Baronesa	0.002	0.206	0.792
15	BRS Ana	0.058	0.491	0.451
16	BRS Clara	0.082	0.367	0.551
17	C1226-35-80	0.009	0.117	0.874
18	C1311-11-82	0.036	0.153	0.811
19	C1485-06-87	0.049	0.191	0.76
20	C1485-16-87	0.052	0.199	0.749
21	C1714-7-94	0.045	0.69	0.265
22	C1730-07-94	0.015	0.47	0.516
23	C1740-11-95	0.001	0.635	0.364
24	C1750-15-95	0.032	0.714	0.254
25	C1786-7-96	0.008	0.622	0.37
26	C1883-22-97	0.056	0.535	0.409
27	C1940-1-98	0.005	0.276	0.718
28	C2076-2-00	0.1	0.275	0.625
29	C2080-3-00	0.084	0.677	0.239
30	C2337-06-02	0.059	0.336	0.605
31	C2337-15-2	0.006	0.264	0.73
32	C2337-18-02	0.058	0.321	0.621
33	C2342-1-02	0.019	0.349	0.632
34	C2346-08-02	0.004	0.201	0.795
35	C2357-1-02	0.005	0.235	0.76
36	C2360-07-02	0.039	0.666	0.295
37	C2360-14-02	0.033	0.648	0.319
38	C2360-16-02	0.052	0.792	0.155
39	C2362-02-02	0.032	0.392	0.577

40	C2363-06-02	0.053	0.42	0.528
41	C2364-05-02	0.056	0.357	0.587
42	C2365-05-02	0.062	0.392	0.547
43	C2397-03	0.009	0.497	0.493
44	C2398-03	0.09	0.442	0.467
45	C2399-03	0.033	0.083	0.884
46	C2400-03	0.072	0.097	0.831
47	C2403-03	0.024	0.303	0.673
48	C2406-03	0.025	0.34	0.636
49	C2504-08-06	0.023	0.716	0.261
50	C2514-05-06	0.036	0.613	0.352
51	C2519-12-06	0.074	0.341	0.585
52	C2524-03-06	0.053	0.573	0.374
53	C2530-04-06	0.05	0.67	0.279
54	C2550-04-06	0.043	0.235	0.722
55	C2551-02-06	0.074	0.332	0.594
56	C2553-01-06	0.064	0.455	0.481
57	C2569-01-06	0.094	0.259	0.648
58	C90.170	0.057	0.368	0.575
59	C91.640	0.025	0.661	0.315
60	Cerrito Alegre	0.041	0.245	0.714
61	Caesar	0.03	0.141	0.828
62	Chieftain	0.027	0.424	0.549
63	CL-02-05	0.069	0.257	0.674
64	CL20-01-06	0.052	0.132	0.816
65	CL69-05	0.003	0.994	0.003
66	Canguçu	0.042	0.402	0.556
67	Cota	0.001	0.153	0.846
68	Cristina	0.084	0.179	0.738
69	Cristal	0.015	0.266	0.719
70	Cruza_148	0.293	0.253	0.454
71	Cascata	0.04	0.218	0.742
72	Catucha	0.004	0.119	0.877
73	Cupido	0.082	0.364	0.554
74	Desiree	0.057	0.159	0.784
75	DM_MSU_1	1	0	0
76	DM_MSU_2	1	0	0
77	Eliza	0.005	0.271	0.724
78	Elvira	0.083	0.13	0.787
79	F-102-22-07	0.045	0.324	0.631
80	F110-01-07	0.098	0.287	0.615
81	F119-01-06	0.083	0.001	0.917
82	F131-06-08	0.058	0.316	0.626

83	F131-26-08	0.078	0.281	0.641
84	F156-19-07	0.091	0.08	0.829
85	F158-08-01	0.002	0.001	0.998
86	F161-02-07	0.012	0.301	0.687
87	F183-08-01	0.044	0.413	0.544
88	F189-09-06	0.016	0.508	0.476
89	F208-01-06	0.018	0.636	0.346
90	F21-09-07	0.009	0.417	0.573
91	F22-01-08	0.043	0.003	0.954
92	F2306-23-08	0.005	0.03	0.966
93	F23-11-06	0.008	0.026	0.966
94	F2324-06	0.009	0.001	0.99
95	F31-05-08	0.002	0.004	0.995
96	F-32-02-06	0.002	0.069	0.93
97	F-38-03-07	0.08	0.006	0.915
98	F80-03-06	0.04	0.263	0.696
99	F81-01-06	0.005	0.001	0.994
100	F82-02-07	0.002	0.315	0.684
101	F85-01-06	0.013	0.001	0.986
102	F88-01-05	0.059	0.045	0.896
103	F97-07-08	0.002	0.032	0.966
104	F98-03-05	0.059	0.055	0.887
105	Frital	0.022	0.442	0.536
106	Yagana	0.119	0.005	0.876
107	Granola	0.074	0.203	0.724
108	Yaguari	0.066	0.488	0.446
109	Ibituacu	0.069	0.127	0.804
110	Rioja	0.05	0.4	0.55
111	Ipóra	0.106	0.433	0.461
112	Karu	0.071	0.09	0.84
113	Ludmilla	0.093	0.198	0.709
114	RM9825-05	0.141	0.468	0.391
115	MB-03	0.117	0.708	0.175
116	MB-120-08	0.077	0.646	0.277
117	MB-195-10	0.089	0.604	0.307
118	MB-51-01	0.112	0.692	0.196
119	MB-51-02	0.074	0.534	0.392
120	MB-52A-30	0.072	0.562	0.366
121	MB-57-32	0.046	0.58	0.374
122	MB-66-12	0.084	0.636	0.28
123	MB-84-02	0.07	0.638	0.292
124	MB-84-09	0.081	0.003	0.916
125	MB-90-02	0.084	0.457	0.46

126	MB-90-10	0.008	0.636	0.355
127	MB-90-46	0.067	0.61	0.322
128	Macaca	0.017	0.309	0.673
129	Monalisa	0.046	0.053	0.901
130	Monte_Bonito	0.045	0.113	0.842
131	MV329-14	0.021	0.224	0.755
132	Newen	0.041	0.165	0.794
133	NYL2354	0.063	0.602	0.334
134	Ona	0.042	0.205	0.753
135	PCDAG-03-11	0.001	0.217	0.782
136	Pehuenche	0.081	0.266	0.653
137	Piratini	0.067	0.187	0.746
138	Pampeana	0.044	0.267	0.689
139	Panda	0.011	0.097	0.892
140	Perola	0.043	0.192	0.765
141	Pukara	0.097	0.083	0.819
142	Puren	0.014	0.263	0.722
143	Shepody	0.084	0.107	0.809
144	Santa Amor	0.042	0.211	0.746
145	Santa Silvana	0.002	0.272	0.726
146	Spunta	0.051	0.214	0.735
147	Todo Ano	0.049	0.216	0.735
148	Trapeira	0.001	0.253	0.746
149	WA.077/320	0.096	0.406	0.499
150	WA.104	0.065	0.475	0.46
151	White Lady	0.059	0.057	0.883
152	2AC999-263	0.001	0.148	0.851
153	2CRI-11-4978	0.007	0.096	0.897
154	3CRI-1316-8-82	0.023	0.064	0.913
155	9846-1	0.111	0.697	0.193
