CAPÍTULO 23

CARACTERIZAÇÃO DE CLONES DE BATATA-DOCE MANTIDOS NO BANCO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA HORTALIÇAS

Rosa Maria de Deus de Sousa
Dra. Engenheira de Alimentos
Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, programa de pós-graduação em agronegócio- Propaga. Brasília-DF, Brasil

Geovani Bernardo Amaro
Dr. Melhoramento de Plantas
Centro Nacional de Pesquisas em Hortaliças -Embrapa CNPH, Brasília, DF, Brasil

José Ricardo Peixoto
Dr. Professor, pesquisador
Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília-DF, Brasil

Michelle Sousa Vilela
Dra. Professora pesquisadora
Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília-DF, Brasil

Paula Andreia Osorio Carmona
Dra. Engenheira de Alimentos
Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília-DF, Brasil.

Karim Marini Thomé
Dr. Professor, pesquisador
Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, programa de pós-graduação em agronegócio- Propaga. Brasília-DF, Brasil.

Iriane Rodrigues Maldonade
Dra. Ciência e Tecnologia de Alimentos, Pesquisadora
Centro Nacional de Pesquisas em Hortaliças -Embrapa CNPH, Brasília, DF, Brasil.

RESUMO: Estudos de determinação de divergência genética entre genótipos são ferramentas de grande importância em programas de melhoramento, auxiliando na identificação de genitores com considerável potencial produtivo. No entanto, pouco ainda se sabe sobre a capacidade combinatória de acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) e sobre a adaptação a diferentes regiões do Brasil. O objetivo deste trabalho foi avaliar características agronômicas de clones de batata-doce mantidos no Banco de Germoplasma da Embrapa Hortaliças. O experimento foi instalado utilizando o delineamento em blocos aumentados, com 100 tratamentos regulares e dois tratamentos comuns. Foram mensuradas 17 características morfoagronômicas das raízes. O caráter produção total das raízes correlacionou-se positivamente com número total de raízes (0,96); número total de raízes com peso das raízes comerciais (0,79). Os 102 clones analisados apresentaram ampla variabilidade genética para as diferentes características avaliadas, principalmente para o

formato das raízes.

PALAVRAS-CHAVE: Parâmetros genéticos, descritores agronômicos, *Ipomoea batatas* L., caracterização agronômica.

CHARACTERIZATION OF SWEET POTATO CLONES FROM THE GERMPLASM BANK OF EMBRAPA HORTALIÇAS

ABSTRACT: Studies on the determination of genetic divergence among genotypes are important tools in breeding programs, contributing to the identification of genitors with considerable productive potential. However, little is known about the combinatorial capacity of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) accessions and about its adaptation to the different regions from Brazil. The objective of this study was to evaluate the morphoagronomic characteristics from sweet potato clones from the Germplasm Bank of Embrapa Hortaliças. The experiment was laid out as an augmented block design comprised of 100 regular treatments and two common treatments. 17 root characteristics were measured using descriptors for the respective roots. There was a positive correlation between total root yield and total number of roots (0.96) and between total number of roots and marketable root weight (0.79). The 102 clones analyzed presented broad genetic variability for the different characteristics evaluated, especially for root shape.

KEYWORDS: Genetic parameters, agronomic descriptors, *Ipomoea batatas* L., agronomic characterization.

1 I INTRODUÇÃO

No Brasil, a batata-doce é cultivada na maioria das vezes por pequenos agricultores, podendo ser considerada uma das culturas mais antigas usadas na alimentação humana (MARCHESE et al., 2010). Devido ao seu elevado nível de ploidia, a batata-doce cultivada no território nacional apresenta grande diversidade fenotípica e genotípica, que precisa ser preservada e estudada para contribuir com futuros programas de melhoramento genético (DAROS et al., 2002).

Estudos sobre divergência genética entre acessos de uma cultura são importantes para analisar a variabilidade genética existente na coleção do melhorista, identificar materiais genéticos muito próximos ou duplicados e fornecer parâmetros para a escolha de genitores geneticamente diferentes que, ao serem cruzados, possibilitem maior efeito heterótico (OLIVEIRA et al., 2000).

A batata-doce possui um alto valor nutritivo, sendo um alimento energético devido ao elevado teor de amido. Algumas cultivares são ricas em carotenoides (NASCIMENTO et al., 2013).

É uma cultura considerada rústica devido à significativa resistência a determinados insetos e pragas, responde bem ao uso de fertilizantes, mas produz até mesmo em solos de baixa fertilidade e, muitas vezes, degradados. Desta forma,

o conhecimento da diversidade genética presente entre os acessos tem grande importância econômica, para o manejo e também para possibilitar o uso de materiais existentes em bancos de germoplasma, aplicando nos programas de melhoramento genético das espécies (GUEDES, 2004; SOBRAL et al., 2012; MANTOVANI et al., 2013).

A caracterização morfológica de acessos de um banco de germoplasma é normalmente a forma mais acessível de quantificar a diversidade genética. O incremento das atividades de coleta, de caracterização e de avaliação deve ser prioridade entre as estratégias de abordagem e de manejo dos recursos genéticos no Brasil (DAROS et al., 2002; RITSCHEL et al., 2002; HUAMÁN; 1992; MOULIN et al., 2014).

O presente trabalho teve por objetivo caracterizar, com base em descritores morfoagronômicos, e estimar a divergência genética de clones de batata-doce mantidos no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças em Brasília - DF.

2 I MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos nos campos experimentais da Embrapa Hortaliças, localizada na BR-060, km 09, Brasília-DF. A área está localizada na latitude de 15º56'31" S, na longitude de 48º8'55" O e a uma altitude de 997 m sobre o nível do mar. Os experimentos foram plantados em solo latossolo vermelho-escuro.

Foram avaliados cem acessos e duas testemunhas pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças, Brasília-DF.

A análise química de fertilidade do solo, apresentou os seguintes resultados: pH (H_2O) = 4,8; $H^{++} + Al^{+++}$ = 4,2 $cmol_c$ dm^{-3}; Ca^{++} = 1,8 $cmol_c$ dm^{-3}; Mg^{++} = 1,1 $cmol_c$ dm^{-3}; P (Mehlich) = 1,1 mg dm^{-3}; K^+ = 122 mg dm^{-3} ou 0,31 $cmol_c$ dm^{-3}; matéria orgânica = 26 g dm^{-3}; CTC = 7,43 $cmol_c$ dm^{-3} e V = 43,5 %. Para a correção do solo foi realizada uma calagem com aplicação de 1,8 t ha^{-1} de calcário dolomítico três meses antes do plantio e incorporado por meio de uma aração. O preparo do solo para o plantio foi realizado por meio de duas gradagens e a construção de leiras com 0,60 m de largura e 0,40 m de altura. As adubações de plantio foram realizadas com a distribuição e incorporação do equivalente a 600 kg ha^{-1} da formulação NPK 4-30-16, nas leiras de plantio.

Delineamento experimental

O experimento foi instalado utilizando-se o delineamento em blocos aumentados de Federer (FEDERER, 1995), com cem tratamentos regulares (Tabela 1, de 1 a 100) e dois tratamentos comuns, as cultivares Beauregard e Brazlândia Roxa. Cada parcela constituiu-se de doze plantas, no espaçamento de 0,90 m x 0,30 m. A cultivar Beauregard foi utilizada como bordadura externa do experimento.

O plantio das mudas obtidas no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças, foi realizado manualmente a partir de estacas vegetativas com três gemas cada uma, plantadas em bandejas de poliestireno expandido de 72 células (120 mL/célula), preenchidas com substrato comercial e mantidas em casa de vegetação. Uma semana após o plantio, efetuou-se o replantio das estacas mortas com o enterrio da metade da rama. A capina manual nas linhas de plantio foi realizada 30 dias após o plantio. Nas semanas em que a precipitação pluviométrica foi ausente ou insuficiente para o pleno desenvolvimento da cultura, foram realizadas irrigações por aspersão convencional com lâmina de 15 mm semanais.

Os experimentos foram conduzidos entre os meses de setembro a março, iniciando com o plantio nas bandejas, e finalizando com a colheita após seis meses de plantio no campo experimental da Embrapa Hortaliças

Foram considerados 17 descritores das raízes (agronômicos). As avaliações ocorreram no momento da colheita, foram escolhidas com base no trabalho de Huamán (1991, 1992), que apresenta os descritores morfológicos mínimos necessários para o registro institucional de cultivares de batata-doce.

Na avaliação das raízes, foram selecionadas três raízes por planta. Para se obter o peso das ramas, foram cortadas rente ao solo todas as ramas da parcela e pesadas, o que foi feito da mesma forma com as raízes. Para se obter a informação do peso da produção total, dos cem acessos e das duas testemunhas em cada um dos dez blocos, pesou-se todas as raízes e os valores expressos em t h^{-1}. Foram calculadas as médias das testemunhas de todos os blocos sendo apresentado a média das 20 repetições (100 genótipos mais a média das repetições das duas testemunhas nos dez blocos = 102 Tratamentos).

O diâmetro médio da raiz (DMR) foi obtido pela mensuração transversal da parte central da raiz, utilizando um paquímetro digital (Digimess®). O comprimento médio da raiz (CMR) foi obtido medindo-se o eixo longitudinal da raiz com o uso de uma régua plástica graduada, as leituras expressas em centímetros (cm).

Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise de variância para cada caráter e as médias foram agrupadas por meio do teste de Tukey, a 5% de probabilidade. As análises de correlação linear de Pearson, entre as variáveis, basearam-se na significância de seus coeficientes. Com a utilização dos caracteres quantitativos foram efetuadas análises de diversidade entre os acessos por meio de medidas baseadas na distância Euclidiana. Para o agrupamento hierárquico (AAH) foi obtido o dendrograma para os pares ordenados pela média aritmética não ponderada (UPGMA).

As análises estatísticas foram realizadas através do software R Core Team (2013). A partir dos componentes da variância, foram estimados os parâmetros genéticos de herdabilidade no sentido amplo (ha^2) e os coeficientes de variação genética e ambiental para os caracteres estudados, utilizando-se o programa GENES

(CRUZ, 2013).

3 I RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados dos parâmetros genéticos referentes às raízes dos 102 genótipos de batata-doce encontram-se na Tabela 1.

Em relação à herdabilidade genética no sentido amplo (TABELA 1), os valores variaram de 27,59 (°Brix) a 91,19 (cor secundária da polpa), valores considerados de baixos a altos. Foi observada para a característica produção total de raízes em toneladas por hectare uma herdabilidade média de 86,11.

Conforme os resultados, pode-se afirmar que estes valores indicam existir influência ambiental, o que dificulta o processo de seleção. No estudo realizado por Vieira et al. (2009), foram encontrados valores de herdabilidade semelhantes a esta pesquisa: 0,94 para a característica comprimento da raiz de cenouras. Estes valores são considerados altos, indicando avanços significativos na seleção de material genético para este caractere. Amaro et al. (2017) argumentam que caracteres com baixa herdabilidade tendem a dificultar o processo de seleção, devido à grande influência do ambiente.

Analisando o coeficiente de herdabilidade (h_a^2) das características agronômicas consideradas importantes para a batata-doce, tais como cor predominante da raiz, cor predominante da polpa, formato da raiz e comprimento da raiz, pode-se constatar que estes descritores obtiveram herdabilidade acima de 60%. Desta forma, pode-se afirmar que a variação de ordem genética predominou sobre a ambiental para a maioria dos caracteres estudados (Tabela 3). Segundo Allard (1971) e Cruz & Regazzi (1994), as estimativas de herdabilidade, juntamente com o coeficiente de variação genética, oferecem uma melhor visão sobre o avanço genético a ser esperado com a seleção.

O valor da herdabilidade é obtido pela razão entre as variâncias genética e fenotípica e oscila entre zero e um. Se igual ao valor de uma unidade, o genótipo determina o fenótipo completamente e o ambiente não afeta a sua expressão. No entanto, se igual a zero, a causa da variabilidade fenotípica observada no caráter em seleção é decorrente do ambiente e não dos efeitos genéticos, sem ocorrência de correlação entre o valor genético e o valor fenotípico, desfavorecendo a seleção (RAMALHO et al., 2012).

Parâmetros	°Brix	CMR	CPP	CPR	CSP	DSR	DMR
h_a^2 (%)	27,59	64,16	68,85	64,89	91,19	60,34	70
CVg (%)	21,42	23,51	25,00	25,71	7,45	10,43	17,99
CVe (%)	18,62	16,56	20,36	23,36	8,08	11,23	21,99
CVg/CVe	1,15	1,41	1,22	1,10	0,92	0,93	0,82

Parâmetros	FR	ICP	NTR	PRC	PT	NRC
h_a^2 (%)	69,61	70	71	82,84	86,11	75,51
CVg (%)	18,05	22,99	12,99	10,26	14,69	9,37
CVe (%)	20,81	21,99	20,99	15,38	11,78	10,24
CVg/CVe	0,87	1,05	0,62	0,67	1,25	0,91

CMR - comprimento da raiz; CPP - cor predominante da polpa; CPR - cor predominante da raiz; CSP - cor secundária da polpa; DSR – defeito na superfície da raiz; DMR – diâmetro da raiz; FR - formato da raiz; ICP - intensidade da cor predominante; NTR - número total de raízes; PCMR – peso das raízes comerciais (t ha); PT - produtividade total (t ha^{-1}); NRC - número de raízes comerciais.

Tabela 1. Parâmetros genéticos das características agronômicas de 102 clones de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa Hortaliças. Brasília-DF, 2018.

Resultados similares foram verificados por Cavalcante et al. (2009), que encontraram valores variando de 5,0 a 6,7 cm. Entretanto, estes autores caracterizaram apenas onze acessos de batata-doce.

Sabe-se que a classificação da batata-doce no mercado atacadista é caracterizada pela cor da casca, pela polpa, pela sua massa e pela sua qualidade e, geralmente, não se leva em consideração o comprimento e o diâmetro da raiz.

Seguindo o modelo sugerido por Shimakura & Ribeiro Júnior (2009), os valores das correlações podem ser interpretados como muito fracos quando os valores estiverem entre 0,00 e 0,19, fracos entre 0,20 e 0,39, moderados entre 0,40 e 0,69, fortes entre 0,79 e 0,89 ou muito fortes com valores entre 0,90 e 1,0. Esta classificação tem se mostrado mais adequada para avaliar as magnitudes das correlações.

Conforme dados apresentados na matriz de correlação de Pearson (TABELA 2), o caráter produção total das raízes correlacionou-se positivamente com número total de raízes (0,96); número total de raízes com peso das raízes comerciais (0,79); peso das raízes comerciais com produção total de raízes, comprimento das raízes e produção total (0,57). Os caracteres cor secundária da polpa e intensidade da cor predominante (0,54) correlacionaram-se moderadamente, assim como comprimento da raiz correlacionou-se moderadamente com produção total de raízes (0,57), número total de raízes (0,46) e com peso de raízes comerciais (0,52). Foram observadas correlações negativas entre algumas características: foi negativamente correlacionado entre o °Brix e o diâmetro da raiz (-0,28), notas de pragas e defeitos na superfície. Para o caráter notas de pragas, foram constatadas correlações negativas entre a maioria dos caracteres estudados, exceto para cor predominante da polpa e distribuição da cor secundária da polpa (TABELA 2). Este fato indica que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta não será eficiente com as demais que são negativas.

Segundo Cruz & Carneiro (2003) em experimentos agrícolas, e particularmente

em programas de melhoramento de plantas, a mensuração de diversos caracteres é um procedimento comum. Para eles, estudos individuais dos caracteres e suas inter-relações poderão fornecer informações significativas, especialmente na identificação de caracteres para seleção indireta.

	PR	PT	NTR	PRC	NRC	CMR	DMR	FR	DSR	CPR	ICP	CSP	CPP	CSP	DCS	NP	°Brix
PR	1	0.45*	0.52*	0.53*	0.48*	0.28	0.19	0.07	0.04	-0.07	0.12	-0.05	-0.07	0.08	0.17	-0.38*	-0.18
PT		1	0.96*	0.75*	0.35	0.57*	-0.07	-0.12	0.09	0.47*	-0.08	-0.38	0.22	-0.06	0.21	-0.08	0.23
NTR			1	0.79*	0.57*	0.46*	0.08	-0.03	0.13	0.39*	0.12	-0.20	0.19	-0.02	0.18	-0.19	0.14
PRC				1	0.75*	0.52*	0.21	0.06	0.19	0.18	0.11	-0.11	-0.02	-0.04	0.08	-0.17	0.01
NRC					1	0.12	0.51*	0.26	0.25	-0.10	0.51*	0.36*	-0.11	0.07	0.01	-0.36	-0.22
CMRC						1	0.05	0.13	0.05	0.21	-0.20	-0.36*	-0.12	-0.11	0.02	-0.15	0.29
DMR							1	0.04	0.40*	-0.23	0.38*	0.40*	-0.25	0.13	-0.06	-0.08	-0.28
FR								1	0.05	-0.23	0.23	0.24	0.06	0.17	0.10	-0.42	0.08
DSR									1	0.01	0.10	0.06	-0.13	0.01	-0.03	0.21	-0.16
CPR										1	-0.06	-0.18	0.35	0.11	0.21	0.03	0.25
ICP											1	0.54*	0.06	0.08	-0.04	-0.33	-0.15
CSP												1	-0.16	0.06	-0.14	-0.21	-0.41
CPP													1	0.37	0.44*	-0.19	0.29
CSP														1	0.74*	-0.24	0.08
DCS															1	-0.11	0.18
NP																1	-0.08
°Brix																	1

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste t; PR- produção de ramas (t ha-1); PT produtividade total (t ha-1); NTR - número total de raízes; PRC - peso das raízes comerciais; NRC - número de raízes comerciais; CMR - comprimento das raízes (cm); DMR- diâmetro das raízes (cm); FR- formato das raízes; DSR - defeitos na superfície das raízes; CPR - cor predominante da raiz; ICP - intensidade da cor predominante; CPP - cor predominante da película; CSP – cor secundária da polpa; NP- notas de pragas das raízes de batata-doce.

Tabela 2. Matriz de correlação de Pearson entre as variáveis morfológicas das raízes de clones de batata-doce. Embrapa Hortaliças. Brasília-DF, 2018.

Segundo Amaro et al. (2014), as estimativas dos coeficientes de correlação são úteis no entendimento de um caráter complexo, como a produção, mas elas não determinam a importância relativa das influências diretas e indiretas dos outros caracteres na produção. Isso porque a correlação entre duas características mede a associação entre ambas. De acordo com Barbetta et al. (2004), a força, a intensidade ou o grau de relação linear, entre duas variáveis aleatórias, podem ser medidos por meio do coeficiente de correlação linear de Pearson (r).

O coeficiente de correlação linear de Pearson, obtido a partir de amostras grandes, como foi neste estudo (102 clones), não necessariamente precisa apresentar alta magnitude (próximo de 1) para ser significativo, um coeficiente de correlação de Pearson próximo de zero pode ser considerado significativo; porém, pode não ser uma relação importante entre os caracteres, do ponto de vista prático. Alves et al. (2003), ao encontrarem coeficientes de determinação superiores a 0,5 para descritores de cupuaçuzeiro, afirmaram que esses valores reforçam a confiabilidade dos descritores. Segundo Amaro et al. (2017), para fins de melhoramento, é importante identificar, dentre as características de alta correlação com a variável básica, aquelas de maior efeito direto, no sentido favorável à seleção, de tal forma que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente.

Conforme os resultados obtidos na análise de agrupamento realizada (FIGURA 1), foi constatada a formação de 16 grupos distintos, a presença de mais de um clone no mesmo grupo e foram verificados, em apenas um dos grupos, 62 clones,

considerando o ponto de corte (37,6), de acordo com as médias das distâncias, isso leva a concluir que existe uma grande possibilidade de existência de acessos duplicados entre o conjunto de materiais analisados. Pode-se inferir que a realização de cruzamentos entre estes clones pertencentes ao mesmo grupo pode reduzir a variabilidade genética para os caracteres quantitativos e qualitativos, o que é indesejável do ponto de vista do profissional melhorista.

No entanto, segundo Martins et al. (2012), os genótipos pertencentes aos grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser considerados promissores na escolha de progenitores para cruzamentos artificiais, com grande possibilidade de obter populações segregantes superiores. Os clones selecionados devem apresentar alta variabilidade e boa capacidade de combinação em razão da considerável distância genética, além de características interessantes para o melhoramento genético da batata-doce.

A utilização da distância genética por meio de caracteres típicos representa uma técnica auxiliar de grande importância nos programas de melhoramento genético de plantas, fornecendo informações úteis na caracterização, na conservação e na utilização dos recursos genéticos disponíveis. Na discussão dos resultados referentes a 17 características de 102 clones de batata-doce, tendo como base a média das distâncias, foi constatada a formação de quatro grupos com apenas um clone cada: primeiro grupo (CNPH852); segundo grupo (CNPH 769); terceiro grupo (CNPH774); e quarto grupo (CNPH1262). Três grupos com dois clones: quinto grupo (CNPH953 e CNPH1387); sexto grupo (CNPH959 e CNPH1390); e oitavo grupo (CNPH1282 e CNPH1389). Três grupos com três clones cada: sétimo grupo (CNPH1366, T2 e CNPH942); nono grupo (CNPH1284, CNPH1397 e CNPH768); e décimo primeiro grupo (CNPH916, CNPH1265 e CNPH965). Cinco grupos com quatro clones cada: décimo grupo (CNPH877, CNPH959, CNPH906 e CNPH837); décimo segundo grupo (CNPH1277, CNPH829, CNPH887 e CNPH871), décimo terceiro grupo (CNPH948, CNPH1395, CNPH876 e CNPH904); e décimo quarto grupo (CNPH869, CNPH 1010, CNPH 947 e CNPH 1369). Um grupo contemplando cinco clones, o décimo quinto grupo (CNPH1261, CNPH878, CNPH908 e CNPH961) e, por fim, um grande grupo, o décimo sexto, contemplando o restante dos 63 clones:, CNPH1283, CNPH1403, CNPH1132, CNPH813, CNPH952, CNPH826, CNPH865 CNPH932, CNPH896, T1, CNPH1285, CNPH874, CNPH900, CNPC872, CNPH825, CNPH1377, CNPH834, CNPH796, CNPH773, CNPH895, CNPH889, CNPH858, CNPH809, CNPH832 CNPH1370, CNPH893, CNPH 899, CNPH962, CNPH888, CNPH801, CNPH909, CNPH857, CNPH964, CNPH946, CNPH867, CNPH901, CNPH936, CNPH1027, CNPH886, CNPH850, CNPH803, CNPH798, CNPH848, CNPH1401, CNPH845, CNPH797, CNPH804 CNPH790, CNPH823, CNPH786, CNPH806, CNPH824, CNPH1163, CNPH799, CNPH777, CNPH787, CNPH817, CNPH948, CNPH969, CNPH949, CNPH785, CNPH894 e CNPH789 (FIGURA 4). Esta distribuição indica que a maioria dos acessos apresentou níveis de similaridade muito grande e que,

para maximizar a heterose, os componentes dentro de cada grupo não poderiam ser cruzados entre si (LUTHRA et al., 2005).

Segundo Dias (1998), o agrupamento dos itens é importante para resumir as informações contidas em uma matriz de distâncias. Martins et al. (2012), analisando a variabilidade fenotípica e a divergência genética em cinquenta clones de batata-doce no estado do Tocantins, identificaram oito grupos geneticamente disjuntos.

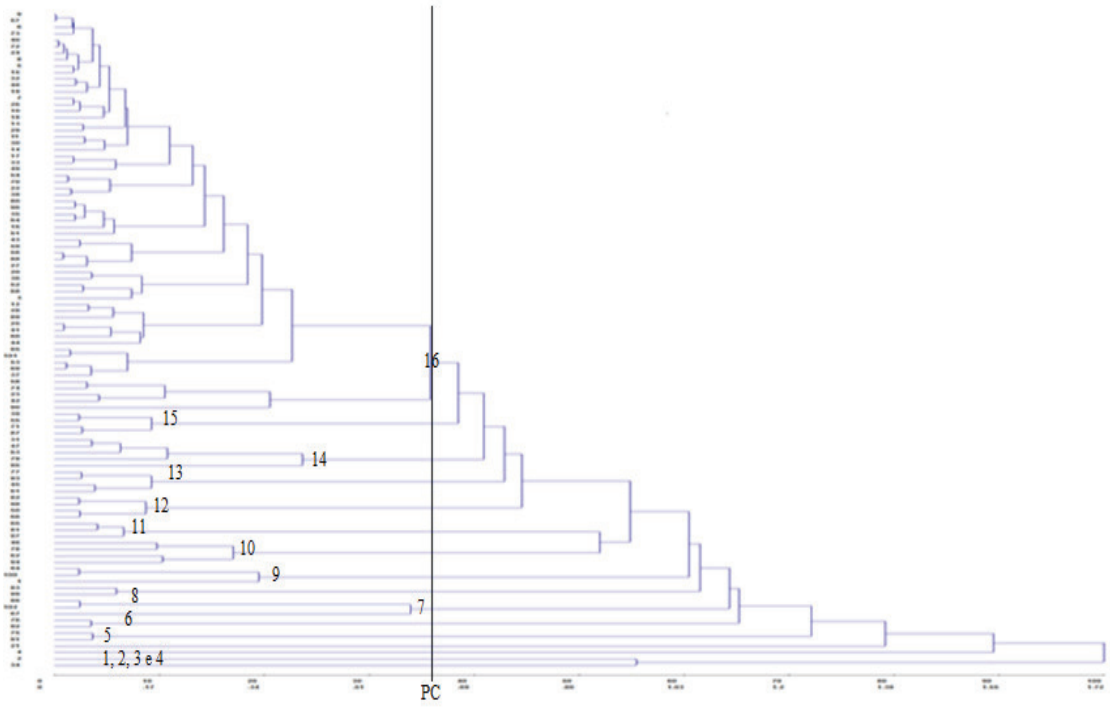

Figura 1. Dendograma de dissimilaridade de 102 clones de batata-doce, estabelecido pelo método UPGMA, utilizando-se a distância Euclidiana, com base em quinze descritores morfoagronômicos das raízes. Números de 1 a 16 = grupos formados, PC-Ponto de Corte.

Silva et al. (2015), avaliando a diversidade de onze acessos de batata-doce do banco de germoplasma da Embrapa hortaliças, obtiveram, após a análise, a formação de três grupos um com apenas um acesso, outro com dois acessos e um grande grupo com nove acessos representando um alto nível de similaridade genética, respectivamente. Entretanto, Moulin et al., (2014), avaliando a diversidade fenotípica de variedades de batata-doce através de descritores morfológicos, com análise de agrupamento, empregando-se o coeficiente de Jaccard e o método glomerativo UPGMA, não observou a formação de grupos definidos.

Nesta pesquisa, foi verificada variabilidade genética entre alguns dos genótipos estudados, sendo a distância genética menor correspondente ao genótipo CNPH 968 (0.51) e a maior observada entre os clones CNPH 789 e CNPH 1400, uma distância de 0,66 (FIGURA 1). A caracterização morfoagronômica constitui-se em tarefa de grande importância para a cultura da batata-doce, para que o produtor conheça bem o material genético que esteja utilizando, incluindo o potencial produtivo do

genótipo, além de evitar o plantio de formas genômicas semelhantes e o consequente estreitamento genético da espécie, apesar da propagação comercial ser efetuado de forma vegetativa.

Oliveira et al. (2000) constataram elevada divergência genética entre 51 clones de batata-doce originários de várias regiões brasileiras e observaram que os caracteres que contribuíram para maior diversidade foram: a distribuição da cor secundária da polpa, o formato da raiz tuberosa e os defeitos na superfície da raiz. Os resultados da análise de similaridade entre os acessos foram significativos, quando utilizadas características morfológicas e agronômicas, indicando que os métodos de caracterização tiveram efeito positivo na resolução e na distinção dos acessos.

4 I CONCLUSÕES

A caracterização morfoagronômica foi eficiente para estimar a diversidade genética existente entre os acessos de batata-doce mantidos no Banco de Germoplasma da Embrapa Hortaliças.

Os 102 clones analisados apresentaram ampla variabilidade genética para as diferentes características avaliadas, apesar da ocorrência de alguns acessos muito próximos, evidenciando a possibilidade de duplicatas na coleção, uma vez que a batata-doce é uma cultura comercialmente propagada vegetativamente por meio de ramas de diversos acessos. Apesar de terem sido coletados em diferentes locais, podem apresentar o mesmo genótipo.

Além disso, as avaliações fornecem importantes informações para seleção de clones com características morfológicas e agronômicas desejáveis para o mercado, com potencial de serem recomendados como novas cultivares ou para serem utilizados como progenitores em cruzamentos controlados dentro de programas de melhoramento genético.

REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios do Melhoramento Genético das Plantas**. São Paulo: Ed. Edgard Blucher Ltda., 1971.

ALVES, R. M.; GARCIA, A. A. F.; CRUZ, E. D.; FIGUEIRA, A. **Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília DF, v.38, n.7, p.807-818, 2003.

AMARO, G. B.; CARMONA, P. A. O.; FERNANDES, F. R.; SILVA, G. O.; PEIXOTO, J. R. **Desempenho de cultivares de batata doce a partir de mudas de alta qualidade fitossanitária em Ceilândia-DF.** Horticultura Brasileira v. 31, n. 2, 2014.

AMARO, G. B.; FERNANDES, F. R.; SILVA, G. O.; MELLO, A. F. S.; CASTRO, L. A. S. **Desempenho de cultivares de batata doce na região do Alto Paranaíba- MG.** Horticultura Brasileira, v.35, p.286-291, 2017.

BARBETTA, P. A.; REIS, M. M.; BORNIA, A. C**. Estatística para cursos de engenharia e informática**. São Paulo, Atlas, 410 p. 2004.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P. V.; PAIXÃO, S. L.; COSTA, J. G.; PEREIRA, R. G.; MADALENA, J. A. S. **Potenciais produtivo e genético de clones de batata-doce**. Rede de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal Acta Scientiarum. Agronomy Maringá, v. 31, n. 3, p. 421-426, 2009.

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

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético,** v 2. Viçosa, UFV. 585 p. 2003.

DAROS, M.; AMARAL J.R., A.T.; PEREIRA, T.N.S.; LEAL, N.R.; FREITAS, S.P.; SEDIYAMA, T. **Caracterização morfológica de acessos de batata doce**. Horticultura Brasileira, Brasília DF, v. 20, n.1, p. 43-47, 2002.

DIAS, L. A. S. **Análises multidimensionais**. In: ALFENAS, A. C. ed. Eletroforese de isoenzimase proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos. Viçosa: UFV, p. 401-475, 1980.

ELAMEEN, A.; LARSEN, A.; KLEMSDAL, S. S.; FJELLHEIM, S.; SUNDHEIM, L.; MSOLLA, S.; MASUMBA, E.; ROGNLI, O**. A. Phenotypic diversity of plant morphological and root descriptor traits within a sweet potato, *Ipomoea batatas*** (L.), germplasm collection from Tanzania. Genetic Resources and Crop Evolution, v. 58, p.397-407, 2011.

FEDERER, W. T**. Experimental design**. New York: Mac Millan. 544p. 1995.

GUEDES, M. C. do. **Antocianinas: pigmento natural ou remédio**. Revista Científica do IMAPES, p. 71-73, 2004.

HUAMÁN, Z. **Descriptors for sweet potato. Rome:** International Board for Genetic Resources/Centro Internacional de la Papa/Asian Vegetable Research and Development Center, 134 p., 1991.

HUAMÁN, Z. **Morphologic identification of duplicates in collections of *Ipomoea batatas***. Lima: International Potato Center, 28 p. 1992.

LUTHRA, S. K.; GOPAL, J; SHARNA, P. C. **Genetic divergence and its relationship with heterosis in potato**. Indian Potato Journal. v. 32:p. 37- 42, 2005.

MANTOVANI, E. C.; DELAZARI, F. T.; DIAS, L. E.; ASSIS, I. R.; VIEIRA, G. H. S.; LANDIM, F. M. **Eficiência no uso da água de duas cultivares de batata-doce em resposta a diferentes lâminas de irrigação**. Horticultura Brasileira. v.31, p. 602-606, 2013.

MARTINS, E. C. A; PELUZIO, J. M.; COIMBRA, R. R.; JUNIOR, W. P. O. **Variabilidade fenotípica e divergência genética em clones de batata-doce no estado do Tocantins.** Revista Ciência Agronômica. v. 43, p 691-697, 2012.

MARCHESE, A., MALUF, W. R., GONÇALVES NETO, A. C., GONÇALVES, R. J. S., MASSAROTO, J. A.; GOMES, L. A. A.; MALUF, W. R.; SILVA, R. R.; GOMES, A. R. V. A. **Reação de clones de batata-doce ao *Meloidogyne incognita* raça 1**. Revista de Ciências Agro-Ambientais, Alta Floresta, v.8, n.1, p.1- 8, 2010.

MOULIN, M.M.; BENTO, C.S.; SANTOS JÚNIOR, A.C.; RODRIGUES, R. **Caracterização de acessos de batata-doce baseado em características morfológicas**. Perspectiva. v. 13, p. 23-36, 2014.

NASCIMENTO, V.T. **Knowledge and Use of Wild Food Plants in Areas of Dry Seasonal Forests in Brazil**. Ecology of Food and Nutrition, v. 52, n. 4, p. 317-343, 2013.

.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C, D. **Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados.** Acta Scientiarum, v. 22, p. 895-900, 2000.

RAMALHO, M. A. P.; TOLEDO, F. H. R. B.; SOUZA, J. C.; TEIXEIRA, R. A. **Competências em melhoramento genético de plantas no Brasil**. Viçosa: ARKA Editora, 104, p. 2012.

RITSCHEL, P.S., HUAMÁN, Z. **Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa-Centro Nacional de Pesquisas de Hortaliças**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília DF, v. 37, p. 485-492, 2002.

SILVA, G. O.; SUINAGA, F. A.; PONIJALEKI, R.; AMARO, G. B.; **Desempenho de cultivares de batata-doce para caracteres relacionados com o rendimento de raiz.** Viçosa MG. Rev. Ceres, v.,62, n..4, 2015.

SHIMAKURA, S. E.; RIBEIRO-JUNIOR, P, J. **Estatística**. Disponível em www.est.ufpr.br/paulojus/CE003/ce003.html. Acessado em 10 de janeiro de 2019.

SOBRAL, K. M. B.; RAMOS, S. R. R.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; ARAGÃO, W. M. **Variabilidade genética entre acessos de coqueiro-anão utilizando técnicas de análise multivariada**. Magistra, v. 24, p. 348-359, 2012.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no melhoramento**. Ribeirão Preto, SBG. 496 p. 1978.

VIEIRA, J. V.; SILVA, G. O.; BOITEUX, L. S.; SIMON, P. **Divergência genética entre acessos de cenoura pertencentes a grupos varietais distintos utilizando caracteres morfológicos**. Horticultura Brasileira, v. 27, p. 468-472, 2009.