

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE MEIO-IRMÃOS DE BATATA-DOCE COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS



Revista
Desafios

Artigo Original
Original Article
Artículo Original

Genetic similarity between half-sib progenies of sweet potato based on agronomic traits

Similaridad genética entre progênies de médios-hermanos de camote com base em caracteres agronômicos

Jucielle Cardoso da Silva¹, Aline Torquato Tavares^{*1}, Francielly Quitéria¹, Guimarães Alves¹, Jéssika Coelho Vaz¹, Valéria Gomes Momenté¹, Ildon Rodrigues do Nascimento¹

¹ Laboratório de Melhoramento de Plantas, Universidade Federal do Tocantins, Gurupi, Tocantins, Brasil.

*Correspondência: Rua Badejós, lote 07, Chácara 69 e 72, Caixa Postal 66, Gurupi/TO - CEP: 77402-970.
E-mail alinet4t@hotmail.com.

Artigo recebido em 30/06/2017 aprovado em 20/10/2017 publicado em 27/10/2017.

RESUMO

O trabalho teve por objetivo avaliar a similaridade genética entre progênies de meio-irmãos de batata-doce com potencial para produção de etanol com base em caracteres agronômicos. Foram avaliadas 96 progênies de meios-irmãos obtidas de campo de policruzamento de 10 cultivares (Ana Clara, Amanda, Duda, Carolina Vitória, Júlia, Bárbara, Lívia, Marcela, Izabela e Beatriz) com aptidão para produção de etanol e quatro cultivares testemunhas ('Marcela', 'Júlia', 'Ana Clara' e 'Carolina Vitória'). A colheita foi realizada 150 dias após o plantio e os caracteres avaliados foram: produtividade total e massa média das raízes; teor de massa seca e incidência de danos provocados por insetos do solo. As progênies BDFMI#35, BDFMI#51, BDFMI#49, BDFMI#58, BDFMI#76 e BDFMI#10 foram superiores em produtividade (médias entre 63,2 t ha⁻¹ e 46,0 t ha⁻¹), sendo recomendadas para exploração *per se* na região alvo do estudo. Houve a formação de onze grupos de dissimilaridade, o que evidencia variabilidade genética entre as progênies avaliadas. Por serem dissimilares, os cruzamentos BDFMI#35 x BDFMI#51, BDFMI#35 x BDFMI#49, BDFMI#35 x BDFMI#58, BDFMI#35 x BDFMI#76 e BDFMI#35 x BDFMI#10 são os mais indicados para integrar programas de melhoramento genético. Dano causado por insetos de solo foi o caráter que mais contribuiu para divergência genética.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; desempenho produtivo; agrupamento

ABSTRACT

The study aimed to assess the genetic similarity between half-sib progenies of sweet potato with potential for ethanol production based on agronomic characters. Were evaluated 96 progenies of the sweet potato obtained botanical seeds from field polycross of 10 cultivars (Ana Clara, Amanda, Duda, Carolina Victoria, Julia, Barbara, Livia, Marcela, Izabela and Beatriz) suitability for production of ethanol and four cultivars ('Marcela', 'Julia', 'Ana Clara' and 'Carolina Victoria'). Plants were harvested 150 days after planting, and those traits were assessed: total and average mass of roots, dry matter content and incidence of damage from soil insects. Progenies BDFMI#35, BDFMI#51, BDFMI#49, BDFMI#58, BDFMI#76 and BDFMI#10 were higher productivity (average between 63.2 t ha⁻¹ and 46.0 t ha⁻¹), and recommended for exploitation *per se* in the target region of the study. There was the formation of eleven groups of dissimilarity, which shows genetic variability among progenies. Because they are dissimilar, the crossings BDFMI#35 x BDFMI#51; BDFMI#35 x BDFMI#49; BDFMI#35 x BDFMI#49; BDFMI#35 x BDFMI#58; BDFMI#35 x BDFMI#76 and BDFMI#35 x BDFMI#10 are the most suitable for integrate genetic improvement programs. The damage caused by soil insects was the character who most contributed to genetic divergence.

Keywords: *Ipomoea batatas*; morphological divergence; grouping.

RESUMEN

El trabajo tuvo como objetivo evaluar la similaridad genética entre progenies de medios-hermanos de camote con potencial para producción de etanol con base en caracteres agronómicos. Fueron evaluados 96 progenies de medios-hermanos obtenidos en campo de policruzamiento de diez variedades (Ana Clara, Amanda, Duda, Carolina Vitória, Júlia, Bárbara, Lívia, Marcela, Izabela y Beatriz) con aptitud para la producción de etanol y cuatro variedades testimonias (Marcela, Júlia, Ana Clara y Carolina Vitória). La colecta fue realizada 150 días después de la siembra y los caracteres evaluados fueron: productividad total y masa media de las raíces; contenido de masa seca e incidencia de daños provocados por insectos del suelo. Las progenies BDFMI#35, BDFMI#51, BDFMI#49, BDFMI#58, BDFMI#76 y BDFMI#10 fueron superiores en productividad (medias entre 63.2 t ha^{-1} y 46.0 t ha^{-1}), siendo recomendadas para explotación per se en la región de estudio. Hubo la formación de once grupos de disimilitud, lo que evidencio la variabilidad genética entre las progenies evaluadas. Por ser disimilares, los cruzamientos BDFMI#35 x BDFMI#51, BDFMI#35 x BDFMI#49, BDFMI#35 x BDFMI#58, BDFMI#35 x BDFMI#76 y BDFMI#35 x BDFMI#10 son los más indicados para integrar programas de mejoramiento genético. Daño causado por insectos de suelo fue el carácter que más contribuyo para la divergencia genética.

Descriptors: *Ipomoea batatas*; divergencia morfológica; agrupamiento

INTRODUÇÃO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma espécie autohexaplóide ($2n=6x=90$), originária da América tropical e propagada comercialmente por via assexuada, por meio ramas sementes. Possui autoincompatibilidade (Azevedo et al., 2015), que conduz à polinização cruzada, favorecendo a variabilidade genotípica desta cultura. A produção de sementes só ocorre quando há polinização cruzada, quase sempre feita por insetos, entre plantas de genótipos diferentes.

Esses fatores têm feito com que a batata-doce cultivada apresente grande variabilidade fenotípica e genotípica quando se utiliza a propagação por sementes botânicas. A alta variabilidade genética ocorre também devido ao alto nível de ploídia.

No melhoramento, a existência de variabilidade genética é de extrema importância. Porém, em batata-doce, o fato de predominar comercialmente a propagação assexuada pode ter contribuído para reduzir a variabilidade genética

dessas populações, é sendo comum encontrar uma mesma cultivar com nomes diferentes ou diferentes cultivares com o mesmo nome em uma mesma região ou regiões distintas (Santos et al., 2009).

A caracterização de genótipos de batata-doce pode ser feita por características morfoagronômicas ou, então, pela utilização de marcadores moleculares. As características morfoagronômicas são influenciadas pelo ambiente, desse modo, os dados devem ser provenientes de mesma colheita, mesma densidade de plantio e em condições propícias ao desenvolvimento (Carmona, 2015).

A produtividade de uma cultura depende de vários fatores, como a temperatura, fotoperíodo e radiação solar incidente, resultando na interação entre genótipos e ambientes, afetando diretamente o crescimento, desenvolvimento, tamanho e, conseqüentemente, o rendimento (Barreto et al., 2011; Erpen et al., 2013).

Os fatores climáticos, como radiação solar, temperatura e regime hídrico são os mais importantes.

Se essas condições são as ideais, o potencial produtivo de uma cultura é maior quanto mais adaptado o genótipo for às condições de cultivo. Quando o objetivo é a produção de etanol combustível, maiores produtividades são desejáveis, pois potencialmente se esperaria maior rendimento de etanol por unidade de área cultivada. Estimativas apontam que produtividades superiores a 50 t ha⁻¹ é uma condição primordial para tornar a batata-doce matéria-prima promissora para produção de etanol fino (Silveira et al., 2008).

O alto teor de massa seca é benéfico por proporcionar maior rendimento de extração de amido. A batata-doce destaca-se por ser um alimento energético e apresentar altos valores nutricionais na sua composição. Após a colheita, no estado in natura, apresenta cerca de 30% de matéria seca que contém em média 85% de carboidratos, cujo componente principal é o amido (Lopes, 2013). Vale ressaltar que o acréscimo que ocorre na massa seca total tem uma relação direta com o rendimento das raízes tuberosas. Portanto, a produtividade das raízes tuberosas é, principalmente, em função do acúmulo da massa seca das raízes (Hahn, 1977).

A disponibilidade de genótipos adaptados às condições edafoclimáticas regionais depende da caracterização, identificação e seleção de genótipos com potencial para o cultivo e melhoramento, visando o aumento do rendimento e da qualidade da cultura (Moreira et al., 2009). Observa-se que o índice de produtividade tem sido crescente nos últimos anos revelando que o sistema de produção tem sofrido mudanças que indicam uma evolução do nível tecnológico, embora muitas tecnologias disponíveis ainda sejam raramente aplicadas nessa cultura (Embrapa, 2008).

No entanto, a baixa produtividade da cultura da batata-doce no Brasil pode ser atribuída principalmente, à utilização de materiais genéticos obsoletos (Figueiredo et al., 2012) acrescentando-se outros fatores como uso de tecnologia de produção inadequada (Rós et al., 2013; Rós et al., 2014).

Nesse contexto, o desenvolvimento e a avaliação de genótipos melhorados, obtidos principalmente pela recombinação de genótipos de uma região, são etapas essenciais para programas de melhoramento (Cavalcante et al., 2009). Na seleção de genitores, um dos parâmetros que pode ser utilizado nos programas de melhoramento é a divergência genética, quantificada, em geral, por métodos estatísticos multivariados, como a distância generalizada de Mahalanobis (Miranda et al., 1988). Em geral, isto é seguido de análise de agrupamento, como o método de otimização de Tocher (Cavalcante et al., 2008; Cruz et al., 2011).

O conhecimento da variabilidade genética disponível é de grande importância em programas de melhoramento da batata-doce, sobretudo em procedimentos que envolvam hibridações, por evitar recombinações gênicas semelhantes, o que pode reduzir os ganhos genéticos em gerações futuras sob seleção (Carmona et al., 2015; Martins et al., 2012).

O trabalho teve por objetivo avaliar a similaridade genética entre progênies de meio-irmãos de batata-doce com potencial para produção de etanol a partir de características agrônômicas.

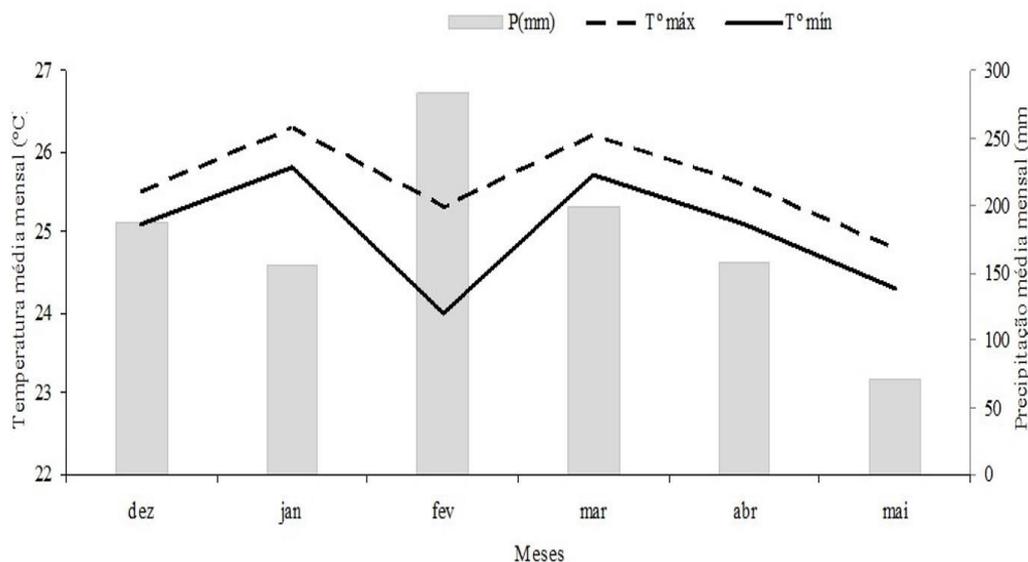
MATERIAIS E MÉTODOS

O trabalho foi realizado na Estação Experimental do Campus Universitário de Gurupi da Universidade Federal do Tocantins (UFT), localizada

na latitude sul 11°43'45" e longitude oeste 49°04'07", com altitude média de 280 m. O experimento foi conduzido no período de dezembro de 2008 a junho de 2009. A precipitação média anual da região é de

cerca de 1600 mm ano⁻¹ e temperatura máxima de 26°C e mínima de 24°C (Figura 1). O solo foi classificado como Latossolo Vermelho Amarelo.

Figura 1. Temperaturas máximas e mínimas e precipitação média durante o período de realização do ensaio. Gurupi-TO, 2009.



Foram avaliadas 96 progênies de meio-irmãos de batata-doce oriundos de sementes botânicas obtidas de campo de policruzamento de 10 cultivares (Ana Clara, Amanda, Duda, Carolina Vitória, Júlia, Bárbara, Lívia, Marcela, Izabela e Beatriz) do Programa de Melhoramento de Batata-doce pertencente à Universidade Federal do Tocantins com aptidão para produção de etanol e quatro cultivares testemunhas (‘Marcela’, ‘Júlia’, ‘Ana Clara’ e ‘Carolina Vitória’).

O experimento foi instalado em delineamento tipo látice simples com três repetições.

A unidade experimental foi formada por seis plantas, com espaçamento de 0,45 m x 1,00 m (entre plantas dentro de cada leira e entre leiras, respectivamente), sendo utilizadas nas avaliações quatro plantas centrais.

O plantio foi realizado em leiras de 0,30 m de altura. Foram utilizadas ramas selecionadas e padronizadas (com cerca de 0,30 m de comprimento). Os tratos culturais (capinas e irrigações) e adubação de base e cobertura foram feitos sempre que necessários conforme recomendação da cultura, de acordo com a análise química de solo (Tabela 1).

Tabela 1. Características químicas do solo onde foi conduzido ensaio de genótipos de batata-doce em 2008/2009 em amostras coletadas de 0-20 cm de profundidade. Gurupi-TO, 2009.

pH (Ca Cl ₂)	MO	P	K	Ca	Mg	Al	H + Al	Ca+Mg	V
(g/ dm ³)	(mg dm ³)	(mg dm ⁻³)	-----cmol dm ³ -----				(%)		
6,2	16,9	1,8	47,8	1,3	0,4	0,0	3,0	1,7	37,6

A colheita foi realizada 150 dias após o plantio e as variáveis avaliadas foram: produtividade total de raízes (PT): obtido pela pesagem das raízes das quatro plantas centrais das parcelas, convertido em t ha⁻¹; massa média das raízes (MM): obtida pela divisão da produção total de raiz tuberosa pelo número total de raízes tuberosa da parcela; teor de massa seca (TMS): determinado de acordo com a metodologia proposta por AOAC (1975); e incidência de danos provocados por insetos do solo [especialmente larva alfinete (Crisomelídeos: *Diabrotica* spp.) e larva arame (Elaterídeos: *Conoderus* spp.)],

(IDIS): determinada conforme escala de nota proposta por França (1995), com adaptações e variação de 1 a 5, em que: 1: raízes livres de danos causados por insetos; 2: raízes com poucos e quase imperceptíveis danos; 3: raízes com danos em maior intensidade e facilmente visualizados; 4: raízes com muitos danos mas ainda apta para o consumo e/ou processamento; e 5: raízes inaceitáveis para consumo e até mesmo para processamento industrial.

As características analisadas foram submetidas à análise de variância considerando delineamento em blocos casualizados (pois o delineamento látice não se mostrou eficiente). Foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis, sendo os genótipos agrupados pela metodologia proposta por Tocher Cruz e Regazzi (2001). Foi estimada também a contribuição relativa de cada característica, de acordo com o método proposto por Singh (1981). Essas análises foram realizadas utilizando-se o programa Genes (Cruz, 2006).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A produtividade média de raízes entre os genótipos variou de 23,15 a 63,22 t ha⁻¹, destacando-se os genótipos BDFMI#35, BDFMI#51, BDFMI#49, BDFMI#58, BDFMI#76 e BDFMI#10, com produtividades de raízes de 63,22 t ha⁻¹; 55,65 t ha⁻¹; 51,26 t ha⁻¹; 46,94 t ha⁻¹; 46,32 t ha⁻¹ e 46,00 t ha⁻¹ de raízes, que foram superiores as testemunhas utilizadas (Tabela 2).

Tabela 2. Médias para produtividade total de raízes (PT em t ha⁻¹) e massa média (MM em gramas) de 96 progênies de quatro cultivares de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.). Gurupi-TO, 2009.

Genótipos	PT	MM	Genótipos	PT	MM
BDFMI#01 ¹	30,15 D	311,89 a	BDFMI#51	55,65 b	519,36 a
BDFMI#02	32,63 D	139,63 b	BDFMI#52	28,39 d	117,86 b
BDFMI#03	39,76 C	293,26 a	BDFMI#53	30,58 d	111,51 b
BDFMI#04	44,26 C	426,60 a	BDFMI#54	23,15 d	308,50 a
BDFMI#05	41,82 C	314,73 a	BDFMI#55	25,54 d	56,58 b
BDFMI#06	27,22 D	84,67 b	BDFMI#56	32,40 d	120,25 b
BDFMI#07	25,61 D	83,46 b	BDFMI#57	35,03 d	133,54 b
BDFMI#08	37,57 C	340,54 a	BDFMI#58	46,94 c	357,79 a
BDFMI#09	40,90 C	282,10 a	BDFMI#59	39,30 c	129,28 b
BDFMI#10	46,00 C	315,09 a	BDFMI#60	30,90 d	198,03 b

BDFMI#11	39,09	C	302,54	a	BDFMI#61	44,55	c	305,00	a
BDFMI#12	31,59	D	262,47	a	BDFMI#62	37,26	c	248,62	a
BDFMI#13	30,20	D	287,36	a	BDFMI#63	33,49	d	69,67	b
BDFMI#14	31,55	D	96,10	b	BDFMI#64	42,27	c	270,67	a
BDFMI#15	28,91	D	331,40	a	BDFMI#65	31,35	d	208,30	a
BDFMI#16	43,26	c	303,61	a	BDFMI#66	28,59	d	91,20	b
BDFMI#17	29,27	d	245,52	a	BDFMI#67	24,18	d	233,40	a
BDFMI#18	45,85	c	337,42	a	BDFMI#68	32,75	d	148,33	b
BDFMI#19	32,61	d	166,88	b	BDFMI#69	31,69	d	117,02	b
BDFMI#20	33,23	d	146,89	b	BDFMI#70	42,57	c	293,40	a
BDFMI#21	34,30	d	280,46	a	BDFMI#71	29,26	d	79,33	b
BDFMI#22	28,19	d	127,75	b	BDFMI#72	31,28	d	211,29	a
BDFMI#23	27,35	d	113,69	b	BDFMI#73	34,75	d	129,65	b
BDFMI#24	29,86	d	160,11	b	BDFMI#74	51,53	c	271,00	a
BDFMI#25	31,67	d	225,63	a	BDFMI#75	26,44	d	107,50	b
BDFMI#26	27,16	d	99,02	b	BDFMI#76	46,32	c	136,16	b
BDFMI#27	25,92	d	182,99	b	BDFMI#77	31,15	d	163,60	b
BDFMI#28	28,26	d	113,17	b	BDFMI#78	41,39	c	271,29	a
BDFMI#29	29,65	d	137,34	b	BDFMI#79	41,36	c	215,04	a
BDFMI#30	29,04	d	141,17	b	BDFMI#80	24,73	d	116,56	b
BDFMI#31	25,57	d	72,80	b	BDFMI#81	25,37	d	85,48	b
BDFMI#32	30,27	d	180,54	b	BDFMI#82	36,03	d	223,31	a
BDFMI#33	38,72	c	297,34	a	BDFMI#83	29,50	d	59,99	b
BDFMI#34	49,74	c	439,39	a	BDFMI#84	28,18	d	67,23	b
BDFMI#35	63,22	a	253,88	a	BDFMI#85	38,55	c	128,16	b
BDFMI#36	41,02	c	265,54	a	BDFMI#86	28,47	d	98,80	b
BDFMI#37	30,48	d	157,76	b	BDFMI#87	28,35	d	257,68	a
BDFMI#38	46,18	c	309,48	a	BDFMI#88	41,72	c	265,30	a
BDFMI#39	36,66	d	229,23	a	BDFMI#89	44,49	c	289,21	a
BDFMI#40	42,02	c	319,42	a	BDFMI#90	37,21	c	145,16	b
BDFMI#41	27,20	d	74,46	b	BDFMI#91	29,24	d	93,42	b
BDFMI#42	31,96	d	158,21	b	BDFMI#92	26,09	d	64,16	b
BDFMI#43	29,66	d	79,12	B	BDFMI#93	41,10	c	383,95	a
BDFMI#44	30,40	d	262,19	A	BDFMI#94	31,48	d	238,36	a
BDFMI#45	17,43	d	169,32	B	BDFMI#95	34,81	d	162,23	b
BDFMI#46	29,39	d	91,24	B	BDFMI#96	26,74	d	96,10	b

BDFMI#47	30,47 d	89,82 B	Marcela	33,04 d	264,40 a
BDFMI#48	30,32 d	122,00 B	Júlia	31,17 d	132,17 b
BDFMI#49	51,26 c	291,65 A	Ana Clara	31,10 d	139,90 b
BDFMI#50	41,93 c	264,65 A	C. Vitória	28,65 d	84,82 b
C.V. (%)	18,32	40,65	C.V. (%)	18,32	40,65

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ($p \leq 0,05$).

¹BDFMI: Indica Família de Meio-Irmão de batata-doce.

A amplitude de variação da produtividade demonstra que existe variabilidade genética, evidenciando uma situação bastante favorável ao melhoramento, quando o objetivo for a seleção de genótipos superiores.

Martins et al. (2012) em trabalho de avaliação de clones de genótipos de batata-doce em Palmas, estado do Tocantins, encontraram para produtividade de raízes, produtividade variando de 45,77 a 4,41 t ha⁻¹, onde esse mesmo material que teve a maior produtividade alcançou o maior rendimento de etanol e um dos maiores de teores de amido evidenciando essa correlação, em média, uma tonelada de batata-doce leva a uma produção de até 150 L de álcool (Machado e Abreu, 2006).

Em outro trabalho, Amorin et al. (2011) em estudo com batata-doce oriundos de sementes botânicas na região sul do estado do Tocantins utilizando 22 genótipos, observou produtividades médias de 29 a 48 t ha⁻¹. Gonçalves et al. (2010), em estudo do potencial produtivo de clones de batata-doce oriundos de famílias de meio-irmãos, obtiveram produtividade de 82 t ha⁻¹.

O genótipo BDFMI#51, com massa média de raízes igual a 519,4g destacou-se entre os genótipos avaliados (Tabela 2), superando os valores relatados por Silva et al. (2015) de 470 g, no ano de

2012, e de 440 g, em 2013; valores pouco acima do tamanho ideal para o comércio, que seria entre 200 a 400 g, indicando que, a data de colheita poderia ser adiantada, muito embora o tamanho ideal possa variar conforme as exigências do mercado.

Para um maior rendimento da batata-doce como matéria-prima para produção de amido e, conseqüentemente obtenção de etanol, é necessário o aumento da massa média das raízes colhidas. Isso facilitaria a colheita e o beneficiamento dessas raízes, que por armazenar maior quantidade de energia na forma de amido, melhoraria seu aproveitamento, resultando também em menor volume de subproduto resultante do beneficiamento. Sobre esse aspecto podem ser considerados ideais, genótipos com elevada capacidade produtiva de raízes com massa média variando de 200 a 500 g.

O teor de massa seca das raízes de batata-doce tem correlação direta com o teor de amido das raízes (Roesler, et al., 2008). Apesar do teor de massa seca das raízes tuberosas nos genótipos não diferirem estatisticamente entre si ($p < 0,05$) (Tabela 3). Esses resultados podem ser explicados pelo fato dos genótipos avaliados terem sido obtidos de um campo de policruzamento de genótipos anteriormente selecionados para alto teor de massa seca, o que demonstra que os ganhos foram significativos.

Tabela 3. Médias do teor de massa seca (TMS, em %) e notas para incidência de danos causados por insetos de solo (IDIS) em progênies de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) oriundos de sementes botânicas. Gurupi-TO, 2009.

Genótipos	TMS	IDIS	Genótipos	TMS	IDIS
BDFMI#01 ¹	32,67 a	3,00 a	BDFMI#51	34,82 a	2,00 b
BDFMI#02	33,78 a	2,67 a	BDFMI#52	35,91 a	2,67 a
BDFMI#03	34,74 a	2,00 b	BDFMI#53	34,64 a	3,00 a
BDFMI#04	35,03 a	3,00 a	BDFMI#54	36,06 a	2,67 a
BDFMI#05	33,75 a	2,33 b	BDFMI#55	37,10 a	2,67 a
BDFMI#06	35,18 a	2,33 b	BDFMI#56	28,03 a	2,67 a
BDFMI#07	40,64 a	3,00 a	BDFMI#57	34,89 a	3,00 a
BDFMI#08	34,37 a	2,67 a	BDFMI#58	32,81 a	2,00 b
BDFMI#09	33,92 a	2,33 b	BDFMI#59	32,19 a	3,00 a
BDFMI#10	34,04 a	2,33 b	BDFMI#60	31,57 a	2,67 a
BDFMI#11	34,14 a	2,67 a	BDFMI#61	32,99 a	3,00 a
BDFMI#12	33,11 a	3,00 a	BDFMI#62	33,89 a	2,67 a
BDFMI#13	33,96 a	3,00 a	BDFMI#63	36,63 a	3,00 a
BDFMI#14	30,13 a	2,67 a	BDFMI#64	34,17 a	2,67 a
BDFMI#15	31,91 a	2,67 a	BDFMI#65	32,55 a	3,00 a
BDFMI#16	32,85 a	3,00 a	BDFMI#66	39,63 a	2,33 b
BDFMI#17	35,35 a	3,00 a	BDFMI#67	31,85 a	2,33 b
BDFMI#18	33,67 a	2,50 b	BDFMI#68	38,56 a	2,67 a
BDFMI#19	31,95 a	2,67 a	BDFMI#69	33,20 a	2,67 a
BDFMI#20	34,72 a	3,00 a	BDFMI#70	33,84 a	2,33 b
BDFMI#21	35,19 a	2,33 b	BDFMI#71	30,79 a	2,67 a
BDFMI#22	35,28 a	3,00 a	BDFMI#72	33,51 a	3,67 a
BDFMI#23	32,99 a	2,00 b	BDFMI#73	35,23 a	1,67 b
BDFMI#24	27,38 a	3,00 a	BDFMI#74	34,07 a	2,33 b
BDFMI#25	36,68 a	2,67 a	BDFMI#75	33,21 a	2,33 b
BDFMI#26	31,62 a	3,00 a	BDFMI#76	29,77 a	3,00 a
BDFMI#27	37,38 a	3,00 a	BDFMI#77	32,05 a	2,67 a
BDFMI#28	36,82 a	3,00 a	BDFMI#78	32,88 a	3,00 a
BDFMI#29	37,15 a	2,50 b	BDFMI#79	32,26 a	2,33 b
BDFMI#30	36,57 a	2,33 b	BDFMI#80	31,86 a	3,00 a
BDFMI#31	33,82 a	2,67 a	BDFMI#81	32,55 a	2,00 b
BDFMI#32	31,55 a	3,50 a	BDFMI#82	34,32 a	3,00 a
BDFMI#33	34,33 a	3,00 a	BDFMI#83	35,98 a	2,67 a

BDFMI#34	33,23 a	3,33 a	BDFMI#84	34,82 a	1,33 b
BDFMI#35	32,70 a	2,33 b	BDFMI#85	34,37 a	2,67 a
BDFMI#36	32,50 a	2,33 b	BDFMI#86	35,44 a	3,00 a
BDFMI#37	34,71 a	3,00 a	BDFMI#87	27,09 a	3,33 a
BDFMI#38	34,08 a	2,67 a	BDFMI#88	33,87 a	3,00 a
BDFMI#39	33,97 a	2,33 b	BDFMI#89	34,75 a	2,33 b
BDFMI#40	32,27 a	3,33 a	BDFMI#90	34,44 a	2,00 b
BDFMI#41	35,65 a	2,33 b	BDFMI#91	30,69 a	2,67 a
BDFMI#42	33,35 a	3,00 a	BDFMI#92	34,23 a	2,33 b
BDFMI#43	31,60 a	3,00 a	BDFMI#93	34,87 a	2,00 b
BDFMI#44	34,24 a	3,00 a	BDFMI#94	29,18 a	3,00 a
BDFMI#45	44,18 a	2,00 b	BDFMI#95	28,94 a	2,67 a
BDFMI#46	34,06 a	3,00 a	BDFMI#96	36,15 a	2,00 b
BDFMI#47	35,66 a	3,00 a	Marcela	35,13 a	2,33 b
BDFMI#48	33,39 a	2,67 a	Júlia	33,94 a	2,67 a
BDFMI#49	31,07 a	2,33 b	Ana Clara	34,88 a	2,00 b
BDFMI#50	33,34 a	2,67 a	C. Vitória	35,93 a	2,67 a
C.V. (%)	8,58	17,22	C.V. (%)	8,58	17,22

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ($p \leq 0,05$).

¹BDFMI: Indica Família de Meio-Irmão de batata-doce.

Foram observadas variações consideráveis no grau de resistência dos genótipos a incidência de danos causados por insetos de solo. Os genótipos que mais se destacaram, proporcionando um grau de tolerância maior às pragas de solo foram: BDFMI#84 (1,33) e BDFMI#73 (1,67), inferiores a cultivar Ana Clara, com média igual a 2,00 (Tabela 3). Carmona et al. (2015) em avaliação similar, observaram que todos os genótipos apresentaram nota inferior a 3,0 (73,91% dos materiais analisados). No entanto o genótipo com maior rendimento apresentou nota não desejável (3,83). Andrade Júnior et al. (2012) verificaram diferenças significativas entre os genótipos para resistência a insetos do solo.

No entanto, os genótipos apresentaram grau de resistência similar aos genótipos deste trabalho. Em seus resultados, o maior nível de resistência foi apresentado pelos genótipos Princesa e Coquinho, 1,93 e 1,09, respectivamente. De acordo com Carmona et al. (2015) fatores ambientais e constituintes genéticos, como a quantidade de compostos fenólicos produzida nos tecidos, podem promover a resistência a insetos de solo.

Os danos provocados por insetos de solo prejudicam a qualidade da raiz e conseqüentemente, a produtividade. Todavia, nenhum dos genótipos que apresentaram tolerância aos danos causados por insetos, está entre os genótipos que se destacaram na produtividade.

Segundo a Embrapa (2008), a batata-doce exerce efeito de antibiose, por meio da produção de fitoalexinas, látex, terpenóides e ainda possui grande capacidade de compensação, cicatrizando feridas, repondo áreas atacadas e produzindo tecido vascular secundário quando a medula da haste é danificada. Por isso, embora seja hospedeira de diversas espécies fitófagas, são poucas as pragas capazes de causarem danos severos. Além disso, boa parte dos danos é de efeito visual, como ferimentos ou galerias superficiais na casca, que não reduzem a proporção de aproveitamento do produto, em especial quando sua utilização é destinada a obtenção de etanol combustível.

Pelo método de otimização de Tocher foram formados onze grupos distintos entre os genótipos de batata-doce avaliados (Tabela 4). O grupo I foi formado por 39 genótipos, entre os quais as cultivares Marcela e Júlia. Já o grupo II foi composto por 26 genótipos; os grupos III, V e VI foram constituídos cada um por cinco genótipos; o grupo IV foi formado por sete genótipos, dos quais a cultivar Ana Clara. Os grupos VII, VIII e IX cada um foram compostos por três genótipos. No grupo IX, um dos genótipos é a cultivar Carolina Vitória. Os grupos X e XI foram formados por apenas dois genótipos.

Tabela 4. Agrupamento de cem progênies de batata-doce, pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis, envolvendo os caracteres produtividade de raízes tuberosas, massa média de raízes, teor de massa seca de raízes e incidência de danos causados por insetos do solo. Gurupi-TO, 2009.

Grupo	Genótipos
I	15; 74; 98 ¹ ; 20; 25; 39; 59; 5; 10; 79; 1; 49; 69; 88; 93; 44; 54; 64; 6; 30; 97 ¹ ; 63; 24; 34; 11; 53; 38; 78; 48; 29; 16; 87; 9; 92; 83; 21; 58; 96; 4
II	40; 52; 13; 18; 33; 47; 23; 35; 86; 67; 42; 72; 45; 28; 37; 3; 31; 50; 57; 8; 82; 62; 91; 77; 26; 55
III	19; 43; 68; 73; 14
IV	94; 99 ¹ ; 89; 84; 90; 80; 75
V	12; 27; 17; 81; 46
VI	61; 71; 66; 36; 95
VII	5; 7; 51
VIII	65; 70; 60
IX	32; 85; 100 ¹
X	22; 56
XI	41; 76

¹Cultivares: 97- Marcela; 98 - Júlia; 99 - Ana Clara; 100 - Carolina Vitória.

Na análise de agrupamento é de se esperar resultados satisfatórios nos cruzamentos entre os genótipos do grupo I e os demais grupos ou

cruzamentos entre genótipos de grupos diferentes que possuem características de interesse, o aumento da base genética e obtenção de características

agronômicas desejáveis se torna viável com a cooperação de fontes genéticas (Carrer et al., 2010)

Segundo Cavalcante et al. (2008) a formação de grupos distintos é essencial na seleção dos genitores, quando o objetivo é o cruzamento intergrupos, uma vez que as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades e no potencial *per se* desses genitores. Em trabalhos futuros de melhoramento deverão ser utilizados genótipos de grupos diferentes por apresentarem pouca similaridade entre si.

Nesse sentido, reunindo a análise de comparação de médias, com o agrupamento estabelecido pelo método de Tocher, é possível identificar quais os cruzamentos são mais promissores e também os que poderão resultar em aumento da variabilidade restrita nas gerações segregantes. Entre os mais promissores para futuras hibridações, destacaram-se os cruzamentos entre BDFMI#35 x BDFMI#51; BDFMI#35 x BDFMI#49; BDFMI#35 x BDFMI#58; BDFMI#35 x BDFMI#76; BDFMI#35 x BDFMI#10, pois são dissimilares (Tabela 4) e possuem médias *per se* elevada para características avaliadas, em especial produtividade (Tabela 2).

Em campo de policruzamentos a utilização desses materiais podem resultar em um maior número de genótipos recombinantes com características desejáveis, que podem ter uso direto, ou então serem utilizados em programas de melhoramento para obtenção de constituições genéticas superiores.

Avaliando a divergência genética em 11 clones de batata doce pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças, Silva et al. (2012) detectaram formação de 3 grupos distintos, um grupo maior composto por oito dos 11 acessos avaliados, e dois grupamentos menores, um composto por dois acessos '1228' e '051-1' e outro formado por apenas um acesso '1270'. Indicando que em relação aos caracteres avaliados, a maioria dos acessos apresentaram níveis elevados de similaridade.

Em trabalho de caracterização morfológica de sessenta e cinco acessos de batata-doce oriundos do banco de germoplasma da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Neiva et al. (2011) observaram que houve a formação de dois grupos distintos com subdivisões. Divergência genética para produtividade, teor de massa seca e teor de amido também foi relatada entre acessos de batata-doce por Martins et al. (2012).

A característica que mais contribuiu para divergência genética entre os cem genótipos de batata-doce foi o dano ocasionado por insetos (82,2%), mostrando-se superior em relação às outras características (Tabela 5).

Tabela 5. Contribuição relativa (%) na divergência genética da produtividade e da massa média de raízes, incidência de danos por insetos do solo e teor de massa seca de raízes em 100 progênies de batata-doce, segundo o método proposto por Singh (1981), em ordem decrescente de importância. Gurupi-TO, 2009.

Características	S.J.	Valor em %
Incidência de danos por insetos do solo	1206,48	82,18
Massa média (g)	246,02	16,75
Produtividade (t ha ⁻¹)	15,25	1,03
Teor de massa seca (g)	0,20	0,01

A segunda característica em importância na contribuição da variabilidade genética foi a massa média das raízes (16,75%). Apesar da grande amplitude de variação encontrada para produtividade média de raízes, essa característica só contribuiu com 1,03% da variação total. Assim para os genótipos considerados, a incidência de danos causados por insetos de solo deve ser priorizada, pois foi a característica mais eficiente em explicar a dissimilaridade entre os genótipos em programas de melhoramento.

Atualmente, os objetivos dos programas de melhoramento referem-se à obtenção de alta produtividade e, de acordo com Silva et al. (2011) é imprescindível a existência de variabilidade genética no germoplasma disponível para o melhoramento. E a partir dessa variabilidade é possível programar a seleção para as mais variadas características, buscando o desenvolvimento de linhagens para a formação de híbridos ou a obtenção de variedades.

Contudo, a escolha de genótipos baseadas apenas na divergência genética, sem considerar seus próprios desempenhos, pode não ser boa estratégia. Por isso, além dos dados resultantes da análise de divergência genética, os acessos devem ser recomendados com base características de importância agrônômica, dessa forma contribuindo para o sucesso do mesmo (Neitzke et al., 2010).

CONCLUSÃO

As progênies de meio-irmãos de batata-doce BDFMI#35; BDFMI#51; BDFMI#49; BDFMI#58; BDFMI#76 e BDFMI#10 são as mais produtivas sendo recomendados para exploração *per se* na região;

Com a formação de onze grupos de dissimilaridade, evidencia-se a existência de variabilidade entre os genótipos de batata-doce avaliados;

Por serem dissimilares, os cruzamentos BDFMI#35 x BDFMI#51; BDFMI#35 x BDFMI#49; BDFMI#35 x BDFMI#49; BDFMI#35 x BDFMI#58; BDFMI#35 x BDFMI#76 e BDFMI#35 x BDFMI#10 são os mais indicados para integrar programas de melhoramento genético;

Os materiais com potencial produtivo são os que tiveram as maiores produtividades, pois consequentemente terão os maiores teores de amido e rendimento de etanol.

O dano causado por insetos de solo é a característica que mais contribui para divergência genética.

Todos os autores declararam não haver qualquer potencial conflito de interesses referente a este artigo.

REFERÊNCIAS

ADUR OUTDOOR ACTIVITIES CENTRE (AOAC). **Official methods of analysis of the Association of Official Analytical Chemists**. 12 ed. Washington: Agricultural Handbook, 1975. p. 1094.

AMORIN, B.S.C.; OLIVEIRA, G.I.S.; SILVEIRA, M.A.; NASCIMENTO, I.R.; FERREIRA, T.A. Adaptabilidade fenotípica de genótipos de batata-doce oriundos de sementes botânicas na região Sul do Estado do Tocantins. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**. v. 4, n. 3, p.31-50. 2011.

ANDRADE JÚNIOR, V.C.; VIANA, D.J.S.; PINTO, N.A.V.D.; RIBEIRO, K.G.; PEREIRA, R.C.; NEIVA, I.P.; AZEVEDO, A.M.; ANDRADE, P.C. R. Características produtivas e qualitativas de ramas e raízes de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 4, p. 584-589. 2012.

AZEVEDO, A.M.; JUNIOR, V.C.; FIGUEIREDO, J.A.; PEDROSA, C.E.; VIANA, D.J.S.; LEMOS, V.T.; NEIVA, I.P. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. v.10, n.3, p.479-484, 2015.

BARRETO, H.G.; SANTOS, L.B.; OLIVEIRA, G.I.S.; SANTOS, G.R.; FIDELIS, R.R.; SILVEIRA, M.A.; NASCIMENTO, I.R.do. Estabilidade e adaptabilidade da produtividade e da reação a insetos de solo em genótipos experimentais e comerciais de batata-doce. **Bioscience Journal**, v. 27, n. 5, p. 739-747, 2011.

CARRER, H.; BARBOSA, A.L.; RAMIRO, D.A. **Biociência na agricultura. Estudos avançados**, v.24, n. 70, São Paulo, 2010.

CARMONA, P.A.O. Caracterização morfoagronômica, físico-química e tolerância ao nematoide-das-galhas de genótipos de batata-doce avaliados no Distrito Federal. Brasília. **Tese de Doutorado**. Universidade de Brasília, 2015.

CARMONA, P.A.O.; PEIXOTO, J.R.; AMARO, G.B.; MENDONÇA, M.A. Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando descritores morfoagronômicos das raízes. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 2, p. 241-250. 2015.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P.V.; PAIXÃO, S.L.; MADALENA, J.A.S.; PEREIRA, R.G. Caracterização e divergência genética da batata-doce

por meio de marcadores morfológicos. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 4, p. 89-95, 2008.

CAVALCANTE, M.; FERREIRA, P.V.; PAIXÃO, S.L.; COSTA, J.G.; PEREIRA, R.G.; MADALENA, J.A.S. Potenciais produtivos e genéticos de clones de batata-doce. **Acta Scientiarum, Agronomy**, Maringá, v. 31, n. 3, p. 421-426, 2009.

CRUZ, C.D; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. rev. Viçosa: UFV. 2001. 390p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa: Editora UFV, 2006. 175p.

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

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Batata doce (*Ipomoea batatas*). **Embrapa Hortaliças**, Brasília, DF. 2008.

ERPEN, L.; STRECK, N.A.; UHLMANN, L.O.; FREITAS, C.P.O.; ANDRIOLO, J.L. Tuberação e produtividade de batata-doce em função de datas de plantio em clima subtropical. **Bragantia**. v. 72, n. 4, p. 396-402, 2013.

FIGUEIREDO, J.A.; ANDRADE JUNIOR V.C.; PEREIRA, R.C.; RIBEIRO, K.G.; VIANA, D.J.S.; NEIVA, I.P. Avaliação de silagens de ramas de batata-doce. **Horticultura Brasileira**. v. 30, n. 4, p. 708-712. 2012.

FRANÇA, F.H. Pragas e seu controle. In: SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MIRANDA, J.E.C.; FRANÇA, F.H.; CARRIJO, O.A.; SOUZA, A.F. **Cultivo de batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.]** 3.ed. Brasília: Embrapa-CNPq, 1995. p.14-16. (Embrapa-CNPq. Instruções Técnicas, 70).

GONÇALVES, R.J.S.; CARVALHO, R.C.; GONÇALVES NETO, A.C.; MALUF, W.R.; LASMAR, A.; GOMES, M.S. Potencial produtivo de clones de batata-doce oriundos de famílias de meio-irmãos. **Horticultura Brasileira**. v.28, n. 2, p.2379-2384. 2010.

HAHN, S.K. Sweet potato. In: ALVIM, P.T. de; KOZLOWSKI, T.T. (eds). **Ecophysiology of tropical crops**. New York: Academic Press, p. 237-248. 1977.

LOPES, A.C. Produção de álcool de batata-doce em função do meio fermentativo. Paraná. **Dissertação de Mestrado**. Universidade Estadual do Centro Oeste, Paraná, 2013.

MACHADO, C.M.M.; ABREU, F.R. Produção de álcool combustível a partir de carboidratos. **Revista Política Agrícola**, v. 15, n. 3, p. 64-78, 2006.

MARTINS, E.C.A.; PÉLUZIO, J.M.; COIMBRA, R.R.; OLIVEIRA JUNIOR, W.P.O. Variabilidade fenotípica e divergência genética em clones de batata doce no estado do Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 4, p. 691-697, out-dez, 2012.

MIRANDA, J.E.C. CRUZ, C.D.; PEREIRA, A. S. Análise de trilha e divergência genética de cultivares e clones de batata-doce. **Revista Brasileira de Genética**, v.11, n.4, p. 881-892, 1988.

MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M.; TAKAHASHI, L.S.A.; VANCONCELOS, M.E.C.; GEUS, L.C.; BOTTI, L. Potencial agrônomico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v.30, n.1, p.1051-1060, 2009.

NEITZKE, R.S.; BARBIERI, R.L.; RODRIGUES, W.F.; CORRÊA, I.V.; CARVALHO, F.I.F. 2010. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, v.28, p.47-53. 2010.

NEIVA, I.P.; ANDRADE JÚNIOR, V.C de; VIANA, D.J.S.; FIGUEIREDO, J.A.; MENDONÇA FILHO, C.V.; PARRELLA, R.A.; SANTOS, J.B. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, Diamantina. **Horticultura Brasileira**, v.29, p. 537-541, 2011.

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

RÓS, A.B.; FILHO, J.T.; BARBOSA, G.M. de; Produtividade da cultura da batata-doce em diferentes sistemas de preparo do solo. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p.140-145, 2013.

RÓS, A.B.; NARITA, N.; HIRATA, A.C.S. Produtividade de batata-doce e propriedades físicas e químicas de solo em função de adubação orgânica e mineral. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 1, p. 205-214, 2014.

SANTOS, J.F.; BRITO, L.M.P.; OLIVEIRA, M.M.; OLIVEIRA, M.E.C.; SANTOS, M.C.C. A. Produtividade de batata-doce em função de cultivares e sistema de plantio. **Tecnologia e Ciência Agropecuária**, v.3, n.2, p.27-30, 2009.

SILVA, A.V.C.; SANTOS, A.R.F.; WICKERT, E.; SILVA JUNIOR, J.F.; COSTA, T.S. Divergência genética entre acessos de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes). **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, n. 4, p. 572-578. 2011.

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

SILVA, G.O. da; SUINAGA, F.A.; PONIJALEKI, R.; AMARO, G.B. Desempenho de cultivares de batata-doce para caracteres relacionados com o rendimento de raiz. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, n.4, p. 379-383, 2015.

SILVEIRA, M.A.; DIAS, L.E.; ALVIM, T.C. A cultura de bata-doce como fonte de matéria prima para etanol. Boletim Técnico. LASPER – UFT, 2008. Palmas-TO.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, New Delhi v.41, n.2, p.237-245, 1981.