

ANDRÉ DUTRA SILVA JUNIOR

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE CLONES SUPERIORES DE BATATA-DOCE

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Carlos Nick Gomes

Coorientadores: André Ricardo Zeist
Pablo Forlan Vargas

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2023**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

S586e
2023
Silva Junior, André Dutra, 1996-
Estimativa de parâmetros genéticos e utilização de índices
de seleção na identificação de clones superiores de batata-doce /
André Dutra Silva Junior. – Viçosa, MG, 2023.
1 dissertação eletrônica (75 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Carlos Nick Gomes.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2023.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2023.656>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Ipomoea batatas*. 2. Batata-doce - Melhoramento
genético. 3. Clonagem. 4. Pragas agrícolas. I. Gomes, Carlos
Nick, 1979-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento
de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia.
III. Título.

CDD 22. ed. 635.22

ANDRÉ DUTRA SILVA JUNIOR

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE CLONES SUPERIORES DE BATATA-DOCE

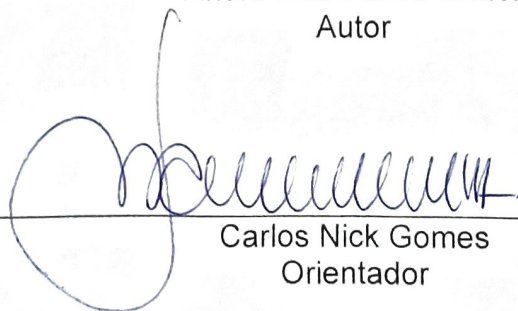
Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 28 de julho de 2023.

Assentimento:



André Dutra Silva Junior
Autor



Carlos Nick Gomes
Orientador

Aos meus pais André Dutra e Marlene
Aos meus irmãos Alan Vinicius e Ellen Cristine
A minha namorada Carolaine Marques
Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por ter me concedido força, foco necessário e principalmente saúde para concluir mais essa etapa em minha vida.

Ao programa de Pós-Graduação em Fitotecnia pela oportunidade de cursar o mestrado, Lídia e Tatiani pela paciência e atenção.

As agências de fomento de bolsa CAPES, FAPEMIG e principalmente CNPq pela concessão da bolsa.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

Ao Professor Carlos Nick Gomes, pela orientação, ensino, dedicação, amizade, paciência e por todo aprendizado.

Ao meu coorientador André Ricardo Zeist, pela coorientação, paciência, atenção, amizade e por seus ensinamentos pessoais e profissionais.

Ao meu coorientador Pablo Forlan Vargas, pela atenção e pelas valiosas sugestões.

Aos meus pais André Dutra Raimundo, Marlene da Silva e aos meus Irmãos Alan Vinicius Silva Dutra, Ellen Cristine Silva Dutra e a minha namorada Carolaine Marques da Silva, por todo o apoio, força, confiança e pelo amor e carinho incondicionais.

Aos meus amigos dos grupos CEOFOP/NEOSC/GPEMHort, por todos os conselhos e amizade durante os últimos anos.

Aos meus amigos que conheci em Viçosa por todo apoio, amizade, conselhos e paciência que tiveram durante o meu mestrado.

Aos amigos do Agro que mesmo de longe estão presentes em minha vida.

Aos funcionários da Unidade de ensino, pesquisa e extensão (UEPE) horta velha pela amizade, apoio e dedicação.

E a todos os demais, que de alguma forma contribuíram para conclusão deste trabalho.

Muito obrigado!

“A lógica pode levar você de A a B, mas a imaginação pode levar você a qualquer lugar.”

(Albert Einstein)

RESUMO

JUNIOR, André Dutra Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2023. **Estimativa de parâmetros genéticos e utilização de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata-doce.** Orientador: Carlos Nick Gomes. Coorientadores: André Ricardo Zeist e Pablo Forlan Vargas.

A batata-doce é uma planta cultivada em diversas regiões do mundo e conhecida pela sua facilidade de cultivo, sua rusticidade e versatilidade de uso. No Brasil, a produtividade média é de 14,6 t ha⁻¹, valor que está abaixo do potencial da espécie, que pode ser superior a 40 t ha⁻¹. O desenvolvimento de novos cultivares é fundamental para que esta produtividade seja alcançada. Em função da poliploidia da espécie, a variabilidade nas gerações segregantes pode ser explorada com a geração de um elevado número de indivíduos com as mais variadas combinações genotípicas. Para uma seleção mais acurada, a utilização de índice de seleção é uma ferramenta valiosa, para identificação das combinações alélicas mais promissoras agronomicamente. Com isso, objetivou-se neste trabalho, estimar parâmetros genéticos e selecionar, por meio de diferentes índices de seleção, indivíduos superiores de batata-doce com base em características agrônômicas e físicas das raízes. Avaliou-se 1.223 indivíduos advindos de dez clones resultantes do cruzamento entre cultivares previamente selecionadas. Os ensaios foram conduzidos em condições de campo com os clones dispostos no delineamento experimental de blocos aumentados com testemunhas intercaladas. Características agrônômicas, resistência a pragas de solos e coloração de polpa foram mensuradas. Dos 966 indivíduos avaliados quanto à produção de raízes tuberosas, houve superioridade média em relação às testemunhas e variabilidade genética para as variáveis avaliadas. Foram obtidas estimativas de herdabilidade de elevada magnitude para todas as características avaliadas. O índice de seleção Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI) resultou ganhos superiores quando comparados aos índices dos ranks de Mulamba e Mock (1978) e ao clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), foram selecionados 90 indivíduos de batata-doce com características agrônômicas relacionadas às raízes aprimoradas, incluindo a polpa colorida. No segundo experimento, avaliamos 90 clones previamente selecionados na primeira fase de triagem. Utilizamos delineamento experimental de blocos casualizados, composto por dois blocos, cada um contendo 10 leiras, com cinco plantas por genótipo em cada

leira. No total, foram testados 100 tratamentos, abrangendo os 90 genótipos previamente escolhidos e mais dez testemunhas. Durante essa fase, avaliamos diversas características agronômicas, resistência a pragas de solo e a coloração da polpa, além de conduzirmos avaliações pós-colheita, incluindo o teor de sólidos solúveis (SS), a espessura da casca (ST) e a porcentagem de matéria seca (DM). Os resultados revelaram diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) em todas as características avaliadas, com os 90 clones superando consistentemente as dez testemunhas em todos os aspectos avaliados. Destaca-se que o índice de seleção MGIDI demonstrou ser mais eficaz na obtenção de ganhos do que os índices clássicos normalmente empregados. Como da segunda seleção, identificamos e selecionamos 15 clones de batata-doce que exibiram características agronômicas e físicas superiores às das testemunhas. Esses clones demonstram grande potencial para o desenvolvimento de futuras cultivares comerciais de destaque no mercado.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*. Melhoramento genético. Clones de meios-irmãos. Polpa alaranjada. Polpa roxa. pragas de solo.

ABSTRACT

JUNIOR, André Dutra Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2023. **Estimation of genetic parameters and the use of selection indices in the identification of superior sweet potato clones.** Adviser: Carlos Nick Gomes. Co-advisers: André Ricardo Zeist and Pablo Forlan Vargas.

The sweet potato is a widely cultivated plant in various regions of the world, renowned for its ease of cultivation and resilience. In Brazil, the average productivity of sweet potato stands at 14.6 t ha^{-1} , a value that falls below the species' potential, which can reach up to 40 t ha^{-1} . The development of new cultivars is crucial for achieving this level of productivity. However, due to the species' polyploidy, the variability in segregating generations can be easily utilized. Given the high number of individuals with diverse genotypic combinations generated, the use of selection indices becomes a valuable tool for identifying the best genotypes. Therefore, the goal of this study was to estimate genetic parameters and select superior sweet potato clones based on agronomic and physical root characteristics. We evaluated a total of 1,223 clones resulting from ten individuals derived from crosses between previously selected cultivars. Field trials were conducted using an augmented block design with interspersed checks. Agronomic traits, soil pest resistance, and flesh color were measured. Out of the 966 individuals evaluated for storage root production, there was a significant average superiority compared to the checks and genetic variability for the evaluated variable. High heritability estimates were obtained for all evaluated characteristics. The Modified Genetic Index of Dominance and Intergenotypic Dissimilarity (MGIDI) selection index resulted in superior gains compared to the Mulamba and Mock (1978) rank-based indices and the classic Smith (1936) and Hazel (1943) indices, 90 sweet potato individuals with improved root-related agronomic characteristics, including colored flesh, were selected. In the second experiment, we evaluated 90 clones previously selected in the first screening phase. We employed a randomized block experimental design, consisting of two blocks, each containing 10 rows, with five plants per genotype in each row. In total, 100 treatments were tested, encompassing the 90 pre-selected genotypes and an additional ten control subjects. During this phase, we assessed various agronomic traits, resistance to soil-borne pests, pulp coloration, and conducted post-harvest evaluations, including soluble solids content (SS), peel thickness (ST), and dry matter percentage (DM). The results

unveiled highly significant differences ($P < 0.01$) across all evaluated traits, with the 90 clones consistently outperforming the ten control subjects in every aspect examined. Notably, the MGIDI selection index proved to be more effective in achieving gains compared to the classical indices typically employed. From this second selection, we identified and selected 15 sweet potato clones that exhibited superior agronomic and physical characteristics in comparison to the control subjects. These clones demonstrate significant potential for the development of future commercial cultivars that stand out in the market.

Keywords: *Ipomoea batatas*. Genetic Breeding. Half-sibling clones. Orange flesh. Purple flesh. Soil pests.

Sumário

1. INTRODUÇÃO GERAL	12
2. REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1 Origem e a disseminação da batata-doce pelo mundo	14
2.2 Aspectos botânicos	15
2.3 Importância da batata-doce	16
2.4 Aspectos de clima e solo	18
2.5 Variabilidade genética da batata-doce	18
2.6 Melhoramento genético da batata-doce	19
2.7 Estimação de parâmetros genéticos	20
2.8 Índices de seleção	21
3. REFERÊNCIAS	23
4. CAPÍTULO 1 - ARTIGO: ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE CLONES SUPERIORES DE BATATA-DOCE	30
5. INTRODUÇÃO	33
6. MATERIAL E MÉTODOS	34
6.1 Local de condução dos experimentos e material vegetal	34
6.2 Cruzamentos e obtenção das sementes	35
6.3 Escarificação química e produção de mudas	36
6.4 Manejo das unidades experimentais	37
6.5 Fenotipagem	37
6.5.1 Avaliações 1° e 2° experimentos	37
6.5.2 Avaliações extras 2° experimento	38
6.6 Análises estatísticas	38
6.6.1. Experimento 1	38
6.6.2. Experimento 2	39
6.7 Correlações fenotípicas	39
6.8 Índices de seleção	39
6.8.1. Primeira seleção	39
6.8.2. Segunda seleção	41
7. RESULTADOS	41
7.1 Experimento 1	41
7.1.1 Análise de variância e parâmetros genéticos	41
7.1.2 Correlação fenotípica	44
7.1.3 Índices de seleção	45

7.1.4 Genótipos selecionados por meio do índice MGIDI (1ª seleção)	48
7.1.5 Triagem dos melhores genótipos por meio de índice de seleção MGIDI (1ª seleção).....	52
7.2 Experimento 2.....	53
7.2.1 Análise de Variância e Parâmetros Genéticos	53
7.2.2 Correlação fenotípica	56
7.2.3 Índice de seleção MGIDI	57
7.2.4 Genótipos selecionados por meio do índice MGIDI (2ª seleção)	57
7.2.5 Triagem dos melhores genótipos por meio de índice de seleção MGIDI (2ª seleção).....	59
8. DISCUSSÃO.....	60
8.1 Teste F e estimativas de parâmetros genéticos (Experimento 1)	60
8.2 Correlações fenotípicas entre as características	62
8.3 Índices de seleção.....	63
8.4 Teste F e estimativas de parâmetros genéticos (Experimento 2)	65
8.5 Correlações fenotípicas entre as características	66
8.6 Segunda seleção	67
9. CONCLUSÃO.....	68
10. REFERÊNCIAS	69

1. INTRODUÇÃO GERAL

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam) é uma planta rústica, fenotipicamente plástica, adaptável a diversas condições edafoclimáticas e de baixo custo de produção, o que contribui para sua ampla disseminação global (KATAYAMA et al., 2017). Além de sua importância como alimento para os seres humanos, as raízes tuberosas de batata-doce e suas folhas têm sido amplamente exploradas na alimentação animal e na produção de etanol (KATAYAMA et al., 2017). Além disso, a cultura é utilizada na indústria, como matéria-prima para a produção de fécula, flocos, farinhas, amido e bebidas alcoólicas (BACH et al., 2021).

Do ponto de vista nutricional, as raízes da batata-doce são fontes de provitamina A, vitaminas do complexo B, vitamina C; minerais, tais como ferro, cálcio, potássio, enxofre e magnésio; e, elevados níveis de carboidratos, principalmente o amido que é uma importante fonte de energia (ABONUUSUM et al., 2021). Além disso, a batata-doce possui raízes tuberosas com polpas coloridas, que apresentam compostos bioativos específicos, como antocianinas e carotenoides, os quais conferem cores vibrantes às raízes e são conhecidos por suas propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias (MAFRA et al., 2021). Esses compostos têm sido associados à prevenção de doenças crônicas, como câncer, doenças cardiovasculares e neurodegenerativas (WU et al., 2018).

Em 2021, 88,8 milhões de toneladas foram colhidas em todo o mundo, em uma área de 7,4 milhões de hectares, proporcionando uma produtividade média de 11,99 t ha⁻¹. A China é a maior produtora mundial com 47.621.146 toneladas. No Brasil, a batata-doce é a quarta hortaliça mais cultivada com aproximadamente 824 mil toneladas, em uma área de aproximadamente 56 mil hectares, com produtividade média de 14,6 t ha⁻¹ (IBGE, 2021).

A produtividade nacional é considerada baixa se comparada à de outros países, o que pode estar relacionado ao baixo nível tecnológico empregado na produção, entre eles a utilização de cultivares obsoletos que são conservados pelos produtores (LEAL et al., 2021). Em condições tropicais, a produtividade pode ser superior a 40 t ha⁻¹ (KARAKAS et al., 2021). Essas variedades demonstram limitada capacidade de resposta às técnicas agrotecnológicas contemporâneas, conforme relatado por Oliveira et al., 2022, e Zeist et al., 2022. Além disso, são plantas suscetíveis a pragas e doenças do solo, tais como crisomelídeos, larva alfinete, broca-

da-raiz e nematoides do gênero *Meloidogyne* (LEAL et al., 2021). Essa suscetibilidade resulta em raízes de qualidade visual inferior e, conseqüentemente, uma produtividade limitada, conforme observado em Oliveira et al., 2022.

Estudos que visem incremento na produtividade dessa espécie são imprescindíveis, em especial pesquisas na área de melhoramento genético (RAMALHO et al., 2012; NEUNFELD et al., 2022). No entanto, para a cultura da batata-doce, pesquisas na área de melhoramento genético vegetal são incipientes, o que resulta em materiais disponíveis no mercado com baixa produtividade, formato de raízes fora do padrão comercial e alta suscetibilidade a artrópodes-praga (MASSAROTO et al., 2014).

A batata-doce é hexaploide e de polinização cruzada, o que faz com que grande parte das características tenham grande variação (ZEIST et al., 2022). Por ser altamente heterozigota, há ampla variabilidade dentro da espécie, (MOHANTY et al., 2016; SHARAVATI et al., 2018). Adicionalmente, por ser de propagação vegetativa, após obtenção dos novos genótipos por meio de cruzamentos e seleção dos mais promissores, esses podem ser facilmente propagados sem perda das características (LEAL et al., 2021).

Em um programa de melhoramento genético, a seleção de genótipos superiores deve considerar atributos favoráveis que resultem em melhor desempenho produtivo e atendam às demandas do mercado. Nesse caso, as estimativas de parâmetros genéticos e o uso de um índice de seleção são estratégias promissoras para a seleção de genótipos (SSALI et al., 2019). Estimativas de parâmetros genéticos, são essenciais para escolher métodos de seleção que permitam inferências de ganhos previstos a partir da seleção (GRÜNEBERG et al., 2015). Além disso, ao empregar os índices de seleção para diversos caracteres simultâneos, há uma maior probabilidade de adquirir genótipos mais produtivos e adaptados, com diversas características desejadas (OLIVOTO et al., 2020).

Dessa forma, os objetivos deste estudo foram iniciar um Programa de Melhoramento de batata-doce na Universidade Federal de Viçosa por meio da seleção de progênies de meios-irmãos advindas de cruzamentos dirigidos, bem como desenvolver, e por meio de índices de seleção, identificar indivíduos de batata-doce superiores, com base em características agrônômicas e físicas das raízes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Origem e a disseminação da batata-doce pelo mundo

A batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] é uma planta originária da América Central, desde a península de Yucatán no México até a Colômbia. Atualmente é cultivada em todas as regiões tropicais e subtropicais do mundo. Há relatos do uso da cultura há mais de dez mil anos, comprovados por raízes tuberosas secas encontradas em cavernas no Peru e evidências em escritos arqueológicos encontradas na América Central (CARMONA et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2017). Na América do Sul estima-se que a batata-doce foi domesticada a cerca de 5.000 anos (MU & LI, 2019).

A sua origem botânica, no entanto, permanece incerta (ROULLIER et al., 2013; MU & LI, 2019). A mais recente proposta de origem botânica da batata-doce é a autoploidie com *Ipomoea trifida* como único parente (MUÑOZ-RODRÍGUEZ et al., 2018). Outra hipótese propõe que *I. batatas* seja um alo-autohexaploide ($2n = 6x = 90$), com uma composição do genoma $B_1 B_1 B_2 B_2 B_2 B_2$ resultantes de cruzamento inicial entre um ancestral tetraploide e um progenitor diplóide seguido por um evento de duplicação completa do genoma (MAGOON et al., 1970; YANG et al., 2016). Também foi proposto que a batata-doce se originou da hibridização por gametas não reduzidos de *I. trifida*, diplóide e um tetraploide *I. batatas* ou que a espécie é derivada de *I. trifida* e *I. triloba* (WADL et al., 2018).

Independentemente de sua origem, o genoma da batata-doce é hexaploide e altamente heterozigoto, e essa complexidade genética retardou o sequenciamento, montagem e anotação do genoma nos últimos dez anos. No entanto, os recursos moleculares disponíveis para a batata-doce estão se expandindo rapidamente e incluem transcriptomas montados *de novo* da batata-doce e vários de seus parentes de tipo silvestres previstos (PONNIAH et al., 2017; SOLIS et al., 2014).

A partir da descoberta da América Central pelos espanhóis a batata-doce foi introduzida na Europa e difundida a partir de então para a África, Índia e China, sendo levada para China e Japão entre 1597 e 1609 e, então espalhada por várias partes do mundo (KATAYAMA et al., 2017). Atualmente é cultivada em mais de 100 países, entre as latitudes 42°N e 35°S, desde o nível do mar até 3.000 metros de altitude e nos mais diversos climas, como Cordilheira dos Andes, região Amazônica e até mesmo regiões desérticas como na costa do Pacífico (ALAM et al., 2016; JANSSON & RAMAN, 2019).

2.2 Aspectos botânicos

A batata-doce é uma planta dicotiledônea que faz parte da família *Convolvulaceae* e do gênero *Ipomoea*. Ela se destaca como a única entre mais de 1.000 espécies desse gênero a possuir valor comercial. Além disso, é notável por ser o único membro hexaploide, com uma contagem cromossômica de $2n = 6x = 90$ (KATAYAMA et al., 2017; MU & LI, 2019).

O crescimento das ramas pode ser ereto ou intermediário e geralmente rasteiro, dependendo do cultivar e da disponibilidade de água e nutrientes no solo. É uma espécie alógama auto incompatível, de baixa habilidade de florescimento e produção de sementes. Essas características e a poliploidia tornam a batata-doce uma espécie de alta heterozigosidade e variabilidade genética (KATAYAMA et al., 2017; CHEN et al., 2020; SWANCKAERT et al., 2021).

O plantio da cultura em lavouras comerciais é realizado por propagação assexuada, sendo utilizado o caule da planta, caracterizado como rastejante, que também é conhecido como ramas-sementes, as quais favorecem o rápido enraizamento no solo. Recomenda-se, para o plantio, à utilização de ramas com tamanho 30 a 40 cm, retiradas das partes mais novas da planta matriz, por favorecer o enraizamento mais rápido e por estarem menos contaminadas por pragas (SANTANA et al., 2015; MARKOS & LOHA, 2016). Ramas velhas possuem paredes lignificadas e menor número de células meristemáticas, dificultando o enraizamento (RAVI et al., 2014).

A cultura é uma espécie perene cultivada como anual, que atinge até três metros de comprimento, exibindo folhas com pecíolos longos, apresenta alta eficiência na captação da energia solar possuindo capacidade de produção de matéria seca mesmo em solos pouco férteis e com baixo pH (NABUBUYA et al., 2017).

As flores da batata-doce são solitárias ou em grupos que crescem nas axilas das folhas. Cada flor abre apenas uma vez logo após o nascer do sol e começa a murchar ao meio-dia, sua polinização pode ser realizada manualmente ou por insetos, método mais eficiente, resultando em cápsulas que podem conter até quatro sementes (SHEN et al., 2016). No entanto, flores de polinização manual geralmente produzem cápsulas com apenas duas sementes. As sementes de grande tamanho germinam mais rapidamente do que as menores (MWANGA et al., 2017). Essas sementes são marrons ou pretas, glabras, angulares e medem aproximadamente 2–

3 mm de comprimento, e precisam ser submetidas a condições de quebra de dormência para germinação (MANI et al., 2014; KATAYAMA et al., 2017).

O sistema radicular possui dois tipos de raízes, as fibrosas, que são responsáveis pela absorção de água, nutrientes e fixa a planta no solo, e as tuberosas que representam a parte comercial, nas quais há o acúmulo de reservas (produtos da fotossíntese), podendo variar quanto às cores de película externa e polpa, formatos e tamanhos (SANTANA & CARDOSO, 2008). As cores da polpa e o teor dos compostos bioativos nas raízes de batata-doce exibem uma ampla variação devido a influências que incluem a diversidade genética, o estágio de maturação, as condições de cultivo, o armazenamento pós-colheita e a estação do ano (ECHER et al., 2015).

A raiz tuberosa da batata-doce é facilmente localizada no solo por possuir espessura maior, o seu crescimento se dá desde a fase inicial do desenvolvimento da planta, apresenta formatos variados, redondo, elíptico-redondo, elíptico, oval, oboval, oblongo, oblongo-longo, elíptico-longo, longo irregular, fusiformes ou alongados (CEAGESP, 2020). Além disso, algumas raízes podem apresentar pele rugosa ou lisa, veias e dobras na sua parte externa, esses fatores podem acontecer pela estrutura do solo e presença de torrões, pedras e camadas compactadas, sendo que as raízes que apresentam essas características são rejeitadas pelos consumidores (GALVAO, 2019).

2.3 Importância da batata-doce

A batata-doce tem grande importância nutricional, social e econômica. Nutricionalmente, as raízes possuem elevado teor de carboidratos, principalmente amido, o qual é uma importante fonte de energia para os consumidores (ROSETO et al., 2022). Na alimentação humana, as raízes podem ser consumidas das mais diversas maneiras e empregadas como ingrediente em diferentes alimentos processados. (KITAHARA et al., 2017). Ao mesmo tempo, o potencial das folhas para serem utilizadas para alimentação humana vem sendo estudado por serem ricas em vitamina B, beta-caroteno, ferro, cálcio, zinco e proteína, além de açúcares e compostos fenólicos e flavonoides, (FAGUNDES, 2020).

A deficiência de micronutrientes é um problema que afeta pessoas no mundo inteiro, demonstrado que uma parte da população não está ingerindo vitaminas, minerais ou determinados nutrientes de maneira correta, devido à má alimentação que ocorre em determinadas regiões, principalmente as subdesenvolvidas (LOCKYER et

al., 2018). A batata-doce apresenta, em sua composição, substâncias importantes na formação de compostos nutricionais como beta-caroteno e antocianinas que são benéficas à saúde humana (KATAYAMA et al., 2017). Estudos mostram que trabalhos com biofortificação de batata-doce ajudaram na melhoria do consumo de vitamina A de crianças em países africanos (PRAKASH et al., 2017). A batata-doce tem potencial para ser utilizada em diversos fins além de alimento básico, entretanto ainda carece de estudos que contribuam para seu maior fortalecimento (KITAHARA et al., 2017).

A biofortificação é a melhora da composição nutricional de um vegetal por meio de melhoramento genético, com o propósito de abordar carências de elementos essenciais na dieta (LAURIE et al., 2015). Trata-se de um processo promissor para melhorar a alimentação de populações, pois tem potencial para melhorar nutricionalmente alimentos básicos como a batata-doce em países mais pobres (ZEIST et al., 2022). Nesse sentido, se carece do desenvolvimento de genótipos de batata-doce que possuam raízes com polpa de coloração laranja e roxa e que devido às características químicas dessas raízes sejam biofortificados.

Além do emprego das raízes na alimentação humana, as raízes e ramos da batata-doce são utilizadas na alimentação animal possuindo grande potencial na produção de ramos, podendo ser utilizadas em forma de silagem ou consumidas frescas (VARGAS et al., 2017). As raízes da cultura possuem alta fonte de energia e baixo teor de fibra, podendo ser usadas frescas para várias espécies de animais, como suínos e bovinos. A produção de matéria seca (MS) varia na maioria das variedades de 2 a 4 toneladas por hectare para as ramos e de 4,3 a 6 toneladas por hectare para as raízes tuberosas, respectivamente. As ramos de genótipos de alto rendimento pode ser colhidas até três vezes por ano, com uma produção de até 125 t ha⁻¹ de biomassa fresca (~16 t MS) (KATAYAMA et al., 2017; GAKIGE et al., 2020).

Outra característica importante da batata-doce é sua capacidade para produção de etanol, podendo alcançar 170 litros de etanol por tonelada de raiz, de genótipos com produtividades de 40 a 60 t ha⁻¹, podendo obter rendimentos de 6.800 a 10.200 L/ha. Comparativamente com a cultura da cana-de-açúcar, a batata-doce se destaca por possuir ciclo curto de produção (que varia de 4 a 5 meses) e algumas cultivares, superem a produção de etanol em índice de produção etílica por hectare (ANDRADE et al., 2018). A utilização da batata-doce para produção de etanol poderia ser uma alternativa para usinas e agricultores em épocas posteriores para cultivar a cana de açúcar (GONÇALVES et al., 2011).

2.4 Aspectos de clima e solo

A cultura da batata-doce é altamente adaptável e tolerante a diferentes condições climáticas, o que permitiu seu cultivo em regiões com climas adversos como a Cordilheira dos Andes, Rio Grande do Sul, Amazônia e até em solos desérticos, como por exemplo costa do Pacífico (RAYMUNDO et al., 2014; MOTSA et al., 2015).

O desenvolvimento da cultura é favorecido em locais ou épocas com temperatura média e superior a 24°C, seu crescimento é retardado em temperaturas abaixo de 15°C, e sua produção é comprometida com a ocorrência de geadas. Recomenda-se o cultivo em regiões subtropicais, nos períodos de primavera e verão, favorecendo seu crescimento devido a temperaturas elevadas e alta radiação solar. A pluviosidade anual ideal para a cultura é de 750–1000 mm, com um mínimo de 500 mm na estação de cultivo para alcançar boas produtividades (DIACONU et al., 2016; TRUONG et al., 2018; OLAH, 2019).

A rusticidade da cultura da batata-doce permite seu cultivo em qualquer tipo de solo, desde francos, argilosos e até os arenosos. No entanto, solos bem estruturados, permeáveis, bem drenados, soltos com boa aeração e com fertilidade média a alta, são considerados ideais para alcançar ótimas produtividades de raízes comerciais. O pH ideal está na faixa de 5,6 a 6,5, porém a planta se desenvolve com pH 4,5 a 7,0 (MOHAMMED et al., 2015; OLAH, 2019). Solos argilosos, mal drenados, que têm alagamentos frequentes e pouca aeração, impedem o crescimento de raízes de reserva, reduzindo seu tamanho e rendimento. O alagamento nos estágios iniciais de crescimento impede o estabelecimento de raízes e em estágios posteriores de crescimento causa o apodrecimento das raízes tuberosas (ESAN & OMILANI, 2018).

2.5 Variabilidade genética da batata-doce

A batata-doce é uma cultura altamente heterozigótica e de polinização cruzada, na qual muitas das características apresentam variação contínua. Há ampla variabilidade dentro da espécie, que está disponível para exploração por melhoristas de plantas (SHARAVATI et al., 2018), isso implica na seleção e identificação de variantes promissoras para o desenvolvimento de híbridos. Existem milhares de cultivares de batata-doce disponíveis em todo o mundo (SHARAVATI et al., 2018). No entanto, apenas algumas são selecionadas, cruzadas ou destacadas para comercialização como fonte de alimento devido ao alto rendimento, resistência a pragas e doenças ou alta adaptabilidade às condições locais ou aos atributos

especiais que possui. No Brasil, existe um número elevado de cultivares que possuem uma enorme diversidade genética entre elas, o país é conhecido como um dos centros secundários da espécie, devido à grande variabilidade genética encontrada nos bancos de germoplasma. Como praticamente em todos os municípios brasileiros existem cultivares locais, é comum encontrar uma mesma cultivar com nomes diferentes ou diferentes cultivares com o mesmo nome (VIZZOTTO et al., 2017).

A batata-doce apresenta uma expressiva variedade de cores de polpa e casca. A batata-doce de polpa branca a creme é comum no Pacífico Sul, na África, no Caribe e na maioria dos outros países em desenvolvimento. Em contraste, a batata-doce comumente encontrada nos Estados Unidos e em outros países desenvolvidos, normalmente tem polpa amarela a laranja (YANG et al., 2017). No Brasil encontramos raízes tuberosas com diferentes formas e com a película externa e a polpa de colorações variadas. Essas variações de cores (branca, laranja e roxa) indicam diferentes concentrações de compostos bioativos, principalmente, compostos polifenólicos, beta-caroteno, antocianinas, fibras, vitaminas e minerais. A composição nutricional da batata-doce varia muito de acordo com fatores genéticos e ambientais (ZEIST et al., 2022).

2.6 Melhoramento genético da batata-doce

A batata-doce por ser uma cultura de propagação vegetativa favorece o melhoramento genético de novos genótipos. Devido a sua grande variabilidade genética o desenvolvimento de uma única planta híbrida com superioridade agrônômica é o suficiente, podendo replicar plantas iguais pelo método vegetativo (OLIVEIRA et al., 2022). No entanto, a batata-doce tem dificuldade em florescer, sendo necessário induzir o florescimento para que ocorra a polinização e produção de sementes (KATAYAMA et al., 2017). Cada fruto da batata-doce produz no máximo quatro sementes, o que leva a necessidade de grande número de cruzamentos para obtenção de sementes.

Usualmente para obter-se genótipos superiores efetua-se o policruzamento, com o intuito de recombinar acessos e, posteriormente, realizar a seleção para proporcionar a concentração de alelos favoráveis. Esse processo envolve o cruzamento entre diferentes acessos genéticos para promover a recombinação e a ampla diversidade genética (LEAL et al., 2021). Com vista a uma maior competitividade dos novos genótipos, as primeiras etapas da seleção requerem o

máximo aproveitamento dos parâmetros agronômicos e físicos das raízes. Assim, a produtividade, o formato do fuso da raiz e a qualidade visual, são parâmetros importantes a serem avaliados em novos genótipos de batata-doce (YANG et al., 2017). Adicionalmente, a cor da polpa do ponto de vista nutricional também é relevante, pois raízes coloridas contêm compostos antioxidantes e carotenoides que conferem mais benefícios para a saúde do que as de polpa branca ou creme (KATAYAMA et al., 2017). Esses tipos de batata-doce têm potencial comercial para produtores que desejam explorar novos mercados e aumentar a diversidade de produtos oferecidos, a fim de atender às necessidades dos produtores e aos elevados níveis de exigência dos consumidores (ZEIST et al., 2022).

O empenho de programas de melhoramento no Brasil poderá produzir cultivares mais adaptadas e equilibradas, proporcionando um aumento da produtividade, melhor sanidade dos cultivos, melhores características nutricionais, aumento da renda e genótipos de variadas colorações de polpa. O desenvolvimento de cultivares de batata-doce de polpas variadas é uma estratégia também para incentivar novos produtores a realizar o cultivo, bem como contribuir para evitar o êxodo rural e fortalecer os sistemas de cultivo de base familiar. No entanto, para que sejam obtidas novas cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras de clima tropical, é necessário o empenho em equipe.

2.7 Estimação de parâmetros genéticos

No melhoramento genético da batata-doce, os caracteres de importância agrônômica são de natureza quantitativa e qualitativa, como produtividade de raízes tuberosas comerciais, teor de amido, formato fuso das raízes, coloração de polpa, resistência a pragas e doenças e qualidade nutricional (KATAYAMA et al., 2017). Esses caracteres são influenciados por múltiplos genes e interações complexas com o ambiente, assim, a estimação de parâmetros genéticos é fundamental para entender o controle genético desses caracteres e direcionar os esforços de melhoramento (SSALI et al., 2019).

A estimação dos componentes da variância genética na batata-doce permite avaliar a proporção de variabilidade fenotípica herdada pelas próximas gerações (OLIVEIRA et al., 2014; SLONECKI et al., 2023). Essa informação é fundamental para os melhoristas, pois possibilita a seleção de genótipos superiores e a predição do sucesso dos programas de melhoramento (ABE et al., 2019). Além disso, a

herdabilidade (h^2), que representa a proporção da variação fenotípica devida a causas genéticas, têm um papel crucial na identificação de caracteres com maior potencial de resposta à seleção (HALLAUER et al., 2014).

Estudos de Silva et al. (2020) demonstraram que a estimação da herdabilidade em diferentes caracteres da batata-doce pode variar significativamente de acordo com o método de estimação, a estrutura genética das populações avaliadas e as condições ambientais consideradas. Portanto, é essencial realizar análises cuidadosas e considerar múltiplos fatores para obter estimativas precisas e confiáveis dos parâmetros genéticos (VALADARES et al., 2022).

Além da herdabilidade, outros parâmetros genéticos são relevantes no contexto do melhoramento genético da batata-doce. O ganho de seleção (GS), por exemplo, representa a alteração direcionada da média de um caráter em uma população através da seleção (GRÜNEBERG et al., 2015). Conforme observado por Mwanga et al. (2021), altos ganhos genéticos aliados a estimativas de herdabilidade mais elevadas podem oferecer melhores condições para a seleção de genótipos superiores e acelerar o processo de melhoramento.

Em suma, o melhoramento genético da batata-doce desempenha um papel crucial na busca por variedades superiores, adaptadas a diferentes condições e necessidades dos produtores (SSALI et al., 2019). A estimação de parâmetros genéticos, como a herdabilidade e o ganho de seleção, é fundamental para compreender o controle genético dos caracteres de interesse e direcionar estratégias eficientes de seleção (GRÜNEBERG et al., 2015). No entanto, é importante considerar a variabilidade das estimativas e os fatores que influenciam esses parâmetros para obter resultados mais precisos e confiáveis (ANDRADE et al., 2019).

2.8 Índices de seleção

Nos programas de melhoramento genético, é comum medir vários caracteres com o objetivo de realizar a seleção simultânea de alguns deles. No entanto, a seleção de linhagens superiores pode ser uma tarefa trabalhosa, pois os caracteres de importância, geralmente quantitativos, apresentam um comportamento complexo devido à influência do ambiente e às suas inter-relações. A seleção de um caractere pode resultar em mudanças em outros (CRUZ & CARNEIRO, 2012). Nesse sentido, surge como uma ferramenta para facilitar nesse processo os índices de seleção (ZEIST et al., 2022).

Os índices de seleção são uma ferramenta que combina diferentes características desejáveis em um único valor, proporcionando melhorias simultâneas em múltiplos caracteres, independentemente de sua correlação entre si (MAFRA et al., 2021). Esses índices representam um caráter adicional resultante da combinação de características desejadas, permitindo a obtenção de genótipos com melhores padrões agrônômicos em um tempo menor do que a seleção sequencial para cada caráter individualmente (MULAMBA & MOCK, 1978; OLIVOTO & NARDINO, 2020). Embora a seleção baseada em um único caráter possa resultar em uma resposta superior para aquela característica específica, a seleção por índices oferece a vantagem de atingir níveis adequados para todas as características consideradas no índice de seleção, resultando em genótipos mais promissores (ZEIST et al., 2022).

Existem diferentes índices de seleção que oferecem abordagens distintas para a seleção de múltiplos caracteres. Um exemplo é o índice de Mulamba e Mock (1978), que leva em consideração as médias, as variâncias e as correlações genéticas entre as características desejáveis. Esse índice visa encontrar genótipos superiores que se destaquem em todas as características relevantes ao mesmo tempo. Outro índice conhecido é o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), que é baseado em pesos atribuídos a cada característica desejada. Esses pesos são determinados com base na importância relativa de cada característica para o objetivo de seleção. O índice é calculado como uma combinação linear ponderada das características, em que os pesos são multiplicados pelos valores padronizados das características e somados.

Além dos índices tradicionais, há também o índice MGIDI (Model-assisted Genomic-Enabled Index) proposto por Olivoto e Nardino (2020). Esse índice utiliza um modelo estatístico para estimar os valores genéticos dos indivíduos com base nos marcadores genéticos disponíveis. Em seguida, o índice é calculado combinando os valores genéticos estimados com as informações fenotípicas das características desejadas. Essa abordagem permite uma seleção mais precisa e eficiente, considerando tanto as informações genéticas como as características fenotípicas relevantes (OLIVOTO & NARDINO, 2020).

3. REFERÊNCIAS

- ABE, A.; ADELEGAN, C. A. Genetic variability, heritability and genetic advance in shrunken-2 super-sweet corn (*Zea mays* L. *saccharata*) populations. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 11, n. 4, p. 100-105, 2019.
- ABONUUSUM, A.; GABRIEL, A.; SALIFU, A. R. S.; ATINGA, C. A.; RICHARD, A.; MARCELLINUS, B. Analysis of the Leaves of Five Sweet Potato Varieties for Their Nutrient, Mineral and Phytochemical Properties. **Journal of Experimental Agriculture International**, v. 43, n. 3, p. 133–148, 2021.
- ALAM, M. K.; RANA, Z. H.; ISLAM, S. N. Comparison of the proximate composition, total carotenoids and total polyphenol content of nine orange-fleshed sweet potato varieties grown in Bangladesh. **Foods**, v. 5, n. 3, p. 64, 2016.
- ANDRADE, L. R. B. D.; SOUSA, M. B. E.; OLIVEIRA, E. J.; RESENDE, M. D. V. D.; AZEVEDO, C. F. Cassava yield traits predicted by genomic selection methods. **PLoS One**, v. 14, n. 11, p. e0224920, 2019.
- BACH, D.; BEDIN, A. C.; LACERDA, L. G.; NOGUEIRA, A.; DEMIATE, I. M. Sweet potato (*Ipomoea batatas* L.): a versatile raw material for the food industry. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 64, 2021.
- BARB, J.; MAHAMA, A.A. Melhoria da batata-doce. Melhoria de Culturas, 2023.
- CARMONA, P. A.; 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, p. 241–250, 2015.
- CHEN, Y. J.; LIN, Y. S.; PAN, H. R.; CHUNG, W. H. Distribution and multiplication of *Ralstonia solanacearum* strain race 1 biovar 4 in vegetable sweet potato cuttings. **Journal of Phytopathology**, v. 168, n. 1, p. 36–46, 2020.
- DIACONU, A.; EUN-GI, C.; RETA, D.; MIHAELA, C.; MARIETA, P.; DRAGHICI, I.; MILICA, D. The behavior of sweet potato (*Ipomoea batatas*) in terms psamosoils in southern Romania. **Scientific Papers**, v. 60, p. 167–174, 2016.
- ECHER, F. R.; CRESTE, J.; LA TORRE, E. Nutrição e adubação da batata-doce. **Presidente Prudente: Universidade do**, 2015.
- ESAN, V.; OMILANI, O. Assessment of four sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) varieties for adaptability and productivity in Iwo, Osun State. **Asian Journal of Agricultural and Horticultural Research**, v. 1, n. 1, p. 1–8, 2018.
- FAGUNDES, M. E. Caracterização físico-química e de compostos bioativos de folhas de batata-doce comum e biofortificada (*Ipomea batatas* L.). Dissertação (Mestrado em Ciências Aplicadas à Saúde) – **Universidade Estadual do Oeste do Paraná**, Francisco Beltrão, 2020.

FAOSTAT. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#home>>. Acesso em: 12 abril. 2021.

GAKIGE, J. K.; GACHURI, C.; BUTTERBACH-BAHL, K.; GOOPY, J. P. Sweet potato (*Ipomoea batatas*) vine silage: a cost-effective supplement for milk production in smallholder dairy-farming systems of East Africa **Animal Production Science**, v. 60, n. 8, p. 1087–1094, 2020.

GALVAO, A. C. Sweet Potato: **A" Cluster" Approach to Improve the Crop Sustainability in Temperate Zones.** 2019.

GONÇALVES NETO, Á. C; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; GONÇALVES, R. J. D. S.; SILVA, V. D. F.; LASMAR, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, p. 1513–1520, 2011.

GRÜNEBERG, W. J.; MA, D.; MWANGA, R. O. M.; CAREY, E. E.; HUAMANI, K.; DIAZ, F.; EYZAGUIRRE, R.; GUAF, E.; JUSUF, M.; KARUNIAWAN, A. Advances in sweetpotato breeding from 1992 to 2012. **Potato and sweetpotato in Africa: transforming the value chains for food and nutrition security**, p. 3-68, 2015.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. Adaptation of tropical maize germplasm to temperate environments. **Euphytica**, v. 196, p. 1-11, 2014.

IBGE. Censo Agropecuário. Tabela 822 - Produção, venda, valor da produção e área colhida da lavoura temporária por produtos da lavoura temporária, condição produtor em relação às terras, grupos de atividade econômica, grupos de área total e grupos de área colhida. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/822#resultado>>. Acesso em 03 mar. 2023.

JANSSON, R. K.; RAMAN, K. V. Sweet potato pest management: a global overview. **Sweet Potato Pest Management**, p. 1–12, 2019.

JÚNIOR, V. C. D.; ELSAYED, A. Y. A. M., AZEVEDO, A. M., DOS SANTOS, E. A., FERREIRA, M. A. M. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos batata-doce. *Scientia agraria*, 2018.

KARAKAS, M. C.; KURUNC, A.; DINCER, C. Effects of water deficit on growth and performance of drip irrigated sweet potato varieties. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 101, n. 7, p. 2961–2973, 2021.

KATAYAMA, K.; KOBAYASHI, A.; SAKAI, T.; KURANOUCI, T.; KAI, Y. Recent progress in sweetpotato breeding and cultivars for diverse applications in Japan. **Breeding Science**, v. 67, n. 1, p. 3-14, 2017.

KITAHARA, K.; NAKAMURA, Y.; OTANI, M.; HAMADA, T.; NAKAYACHI, O.; TAKAHATA, Y. Carbohydrate components in sweetpotato storage roots: their diversities and genetic improvement. **Breeding science**, v. 67, n. 1, p. 62-72, 2017.

LAURIE, S.; FABER, M.; ADEBOLA, P.; BELETE, A. Biofortification of sweet potato for food and nutrition security in South Africa. **Food Research International**, v. 76, p. 962-970, 2015.

LEAL, M. H. S.; ZEIST, A. R.; RODRIGUES JÚNIOR, N.; SILVA JÚNIOR, A. D.; RANTES, J. H. V.; GARCIA NETO, J.; PIERI, J. R. S.; PERRUD, A. C. Selection of new sweet potato genotypes based on production parameters, physical root characteristics and resistance to *Euscepes postfasciatus*. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 24, n. 3, p. 349-360, 2021.

LOCKYER, S.; WHITE, A.; BUTTRISS, J. L. Biofortified crops for tackling micronutrient deficiencies—what impact are these having in developing countries and could they be of relevance within Europe? **Nutrition Bulletin**, v. 43, n. 4, p. 319–357, 2018.

MAFRA, G. S., DE ALMEIDA FILHO, J. E., DO AMARAL JUNIOR, A. T., MALDONADO, C., KAMPHORST, S. H., DE LIMA, V. J., MORA-POBLETE, F. Regional Heritability Mapping of Quantitative Trait Loci Controlling Traits Related to Growth and Productivity in Popcorn (*Zea mays* L.). **Plants**, v. 10, n. 9, p. 1845, 2021.

MAGOON, M. L.; KRISHNAN, R.; VIJAYA BAI, K. Cytological evidence on the origin of sweet potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 40, p. 360–366, 1970.

MANI, F.; BETTAIEB, T.; DOUDECH, N.; HANNACHI, C. Physiological mechanisms for potato dormancy release and sprouting: a review. **African Crop Science Journal**, v. 22, n. 2, p. 155–174, 2014.

MARKOS, D.; LOHA, G. Sweet Potato Agronomy Research in Ethiopia: Summary of Past Findings and Future Research Directions. **Agriculture and Food Sciences Research**, v. 3, n. 1, p. 1–11, 2016.

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

MOHAMMED, W.; ALI, S.; SHIMELIS, B.; BURGA, S. Genetic diversity of local and introduced sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] collections for agro-morphology and physicochemical attributes in Ethiopia. **Science, Technology and Arts Research Journal**, v. 4, n. 1, p. 9–19, 2015.

MOHANTY, P.; ASHOK, P.; SASIKALA, K.; SWAMI, D. V. Character Association and Path Analyses in Sweet Potato. **International Journal of Vegetable Science**, v. 22, n. 6, p. 541–554, 2016.

MOTA ANDRADE, R.; SANTOS, A. C. C.; SANTANA, E. D. R.; LIMA, A. P. S.; da SILVA SANTANA, A.; BACCI, L. Manejo integrado de pragas na cultura da batata-doce. **Cadernos de Agroecologia**, v. 15, n. 2, 2020.

MOTSA, N. M.; MODI, A. T.; MABHAUDHI, T. Sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) as a drought tolerant and food security crop. **South African Journal of Science**, v. 111, n. 11–12, p. 1–8, 2015.

MU, T.H.; LI, P. G. CHAPTER 2 - Sweet potato: origin and production. **From the book “Sweet potato: chemistry, processing and nutrition”**, 2019.

MUÑOZ-RODRÍGUEZ, P.; CARRUTHERS, T.; WOOD, J. R.; WILLIAMS, B. R.; WEITEMIER, K.; KRONMILLER, B.; ELLIS, D.; ANGLIN, N. L.; LONGWAY, L.; HARRIS, S. A.; RAUSHER, M. D.; KELLY, S.; LISTON, A. & SCOTLAND, R. W. Reconciling Conflicting Phylogenies in the Origin of Sweet Potato and Dispersal to Polynesia. **Current biology**, v. 28, n. 8, p. 1246- 1256. e12, 2018.

MWANGA, R. O.; SWANCKAERT, J.; DA SILVA PEREIRA, G.; ANDRADE, M. I.; MAKUNDE, G.; GRÜNEBERG, W. J.; KREUZE, J.; DAVID, M.; BOECK, B.; CAREY, E.; SSALI, R. T.; UTOBLO, O.; GEMENET, D.; ANYANGA, M. O.; YADA, B.; CHELANGAT, D. M.; OLOKA, B.; MTUNDA, K.; CHIONA, M.; KOUSSAO, S.; LAURIE, S.; CAMPOS, H.; YENCHO, G. G.; LOW, J. W. Breeding progress for vitamin A, Iron and Zinc biofortification, drought tolerance, and sweetpotato virus disease resistance in sweetpotato. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, v. 5, p. 616674, 2021.

NABUBUYA, A.; NAMUTEBI, A.; BYARUHANGA, Y.; NARVHUS, J.; WICKLUND, T. Influence of development, postharvest handling, and storage conditions on the carbohydrate components of sweetpotato (*Ipomea batatas* Lam.) roots. **Food science & nutrition**, v. 5, n. 6, p. 1088–1097, 2017.

NEUNFELD, T. H.; RESENDE, J. T. V. D.; SCHWARZ, K.; GUERRA, E. P.; LIMA, V. A. D.; VALENTIM, A. L. Características físico-químicas e compostos bioativos de acessos de batata-doce na região centro-sul do Paraná. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 25, p. e2020268, 2022.

OLAH, O. M. Effects of climatic influence on sweet potato (*Ipomea batatas*) production in Cross River State, Nigeria. **American Journal of Environmental and Resource Economics**, v. 4, n. 3, p. 116, 2019.

OLIVEIRA, E. J.; SANTANA, F. A.; OLIVEIRA, L. A.; SANTOS, V. S. Genetic parameters and prediction of genotypic values for root quality traits in cassava using REML/BLUP. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 6683-6700, 2014.

OLIVEIRA, G. J. A.; ZEIST, A. R.; TOROCO, B. R.; GARCIA NETO, J.; LEAL, M. H. S.; SILVA JUNIOR, A. D.; OLIVEIRA, J. N. M.; LEAL, J. L. P. Agronomic performance of experimental white-fleshed sweet potato genotypes in commercial fields. **Horticultura Brasileira**, v. 40, p. 342-347, 2022.

OLIVEIRA, L. O. F. D.; SOARES, E. R.; QUEIROZ, S. F. D.; MARTÍNEZ, E. O.; SILVA, M. S. D.; NOGUEIRA, A. E.; FERREIRA, E. S.; VEZARRO, A. F. G. S. Adubação e nutrição da batata-doce: uma revisão. 2017.

OLIVOTO, T.; DIEL, M. I.; SCHMIDT, D.; LÚCIO, A. D. C. Multivariate analysis of strawberry experiments: where are we now and where can we go. **BioRxiv**, p. 2020.12. 30.424876, 2021.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. **bioRxiv**, 2020.07. 23.217778, 2020.

- PINHEIRO, J. B.; PEREIRA, I. C.; NASCIMENTO, N. C.; MACEDO, J. L.; da CUNHA MEDEIROS, F. L.; SILVA, R. N. M.; MEDEIROS, J. F. C. Evaluation of sweet potato consumption (*Ipomoea potatoes*) in bodybuilders/AVALIAÇÃO DO CONSUMO DE BATATA-DOCE (*Ipomoea batatas*) EM PRATICANTES DE MUSCULAÇÃO. **Revista Brasileira de Obesidade, Nutrição e Emagrecimento**, v. 14, n. 84, p. 53–59, 2020.
- PONNIAH, S. K.; THIMMAPURAM, J.; BHIDE, K.; KALAVACHARLA, V.; & MANOHARAN, M. Comparative analysis of the root transcriptomes of cultivated sweetpotato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam) and its wild ancestor (*Ipomoea trifida* [Kunth] G. Don). **BMC Plant Biology**, v. 17, p. 1-14, 2017.
- PRAKASH, P.; KISHORE, A.; ROY, D.; BEHURA, D.; IMMANUEL, S. Biofortification for Reducing Hidden Hunger: A Value Chain Analysis of Sweet Potato in Odisha, India. **Agricultural Economics Research Review**, v. 30, n. 2, p. 201–211, 2017.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. 1ª ed. **Lavras, Editora UFLA**, p. 365-456, 2012.
- RAVI, V., CHAKRABARTI, S. K., MAKESHKUMAR, T., & SARAVANAN, R. Molecular regulation of storage root formation and development in sweet potato. *Horticultural Reviews: Volume 42*, p. 157-208, 2014.
- RAYMUNDO, R.; ASSENG, S.; CAMMARANO, D.; QUIROZ, R. Potato, sweet potato, and yam models for climate change: A review. **Field Crops Research**, v. 166, p. 173–185, 2014.
- ROSETO, A.; PASTRANA, I.; MARTÍNEZ, R.; PEREZ, J. L.; ESPITIA, L.; ARAUJO, H.; BELALCAZAR, J.; GRANDA, L.; JARAMILLO, A.; GALLEGU-CASTILLO, S. Nutritional value and consumer perception of biofortified sweet potato varieties. **Annals of Agricultural Sciences**, v. 67, n. 1, p. 79-89, 2022.
- ROULLIER, C.; KAMBOUO, R.; PAOFA, J.; MCKEY, D.; LEBOT, V. On the origin of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genetic diversity in New Guinea, a secondary centre of diversity. **Heredity**, v. 110, n. 6, p. 594–604, 2013.
- SANTANA, A. D. D.; FÁTIMA ARRIGONI-BLANK, M.; BLANK, A. F.; ANDRADE, T. M.; TAVARES, F. F.; ALVES, R. P.; SANTANA, A. D. Produção de mudas de batata-doce em função da posição da folha e de diferentes concentrações de AIB. **Scientia Plena**, v. 11, n. 7, p. 10–10, 2015.
- SANTANA, I.; CARDOSO, M. H. Raiz tuberosa de yacon (*Smallanthus sonchifolius*): potencialidade de cultivo, aspectos tecnológicos e nutricionais. **Ciência rural**, v. 38, p. 898-905. 2008.
- SANTOS, F. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; FREITAS JÚNIOR, S. D. P.; RANGEL, R. M.; PEREIRA, M. G. Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, v. 66, p. 389-396, 2007.
- SHARAVATI, M. B.; SRINIVASA, V.; ANUSHA, R. B.; SHUBHA, A. S. Genetic Variability Studies in Sweet Potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) Genotypes under Hill

Zone of Karnataka, India. **Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.**, v. 7, n. 9, p. 850–858, 2018.

SHEN, S.; XU, G.; CLEMENTS, D. R.; JIN, G.; LIU, S.; YANG, Y.; CHEN, A.; ZHANG, F.; KATO-NOGUCHI, H. Suppression of reproductive characteristics of the invasive plant *Mikania micrantha* by sweet potato competition. **BMC ecology**, v. 16, p. 1–9, 2016.

SILVA PEREIRA, G.; GEMENET, D. C.; MOLLINARI, M.; OLUKOLU, B. A.; WOOD, J. C.; DIAZ, F.; MOSQUERA, V.; GRUNEBERG, W. J.; KHAN, A.; BUELL, C. R.; YENCHO, G. C.; ZENG, Z. B. Multiple QTL mapping in autopolyploids: a random-effect model approach with application in a hexaploid sweetpotato full-sib population. **Genetics**, v. 215, n. 3, p. 579-595, 2020.

SLONECKI, T. J.; RUTTER, W. B.; OLUKOLU, B. A.; YENCHO, G. C.; JACKSON, D. M.; WADL, P. A. Genetic diversity, population structure, and selection of breeder germplasm subsets from the USDA sweetpotato (*Ipomoea batatas*) collection. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1022555, 2023.

SOLIS, J.; VILLORDON, A.; BAISAKH, N.; LABONTE, D.; FIRON, N. Effect of drought on storage root development and gene expression profile of sweetpotato under greenhouse and field conditions. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 139, n. 3, p. 317–324, 2014.

SSALI, R. T.; SSERUWU, G.; YADA, B.; SSEMAKULA, G.; WASONGA, C.; GRÜNEBERG, W. J.; MWANGA, R. O. Efficiency of the polycross and controlled hybridization methods in sweetpotato breeding in Uganda. **Journal of Agricultural Science (Toronto, Ont.)**, v. 11, n. 17, 2019.

SWANCKAERT, J.; GEMENET, D.; ANGLIN, N. L.; GRÜNEBERG, W. Sweet Potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) Breeding. **Advances in Plant Breeding Strategies: Vegetable Crops**, v. 8: Bulbs, Roots and Tubers, p. 513–546, 2021.

TRUONG, V. D., AVULA, R. Y., PECOTA, K. V., YENCHO, G. C. Sweetpotato production, processing, and nutritional quality. **Handbook of vegetables and vegetable processing**, p. 811-838, 2018.

VALADARES, N. R.; FERNANDES, A. C. G.; RODRIGUES, C. H. O.; BRITO, O. G.; DE PAULA GOMES, L. S.; MAGALHÃES, J. R., ALVES, R. A.; AZEVEDO, A. M. Bayesian approach to estimate genetic parameters and selection of sweet potato half-sib progenies. **Scientia Horticulturae**, v. 294, p. 110759, 2022.

VARGAS, P. F.; GODOY, D. R. Z.; de ALMEIDA, L. C. F.; CASTOLDI, R. Agronomic characterization of sweet potato accessions. **Comunicata Scientiae**, v. 8, n. 1, p. 116–125, 2017.

VIZZOTTO, M.; PEREIRA, E. D. S.; CASTRO, L. A. S. D.; RAPHAELLI, C. D. O.; KROLOW, A. C. Composição mineral em genótipos de batata-doce de polpas coloridas e adequação de consumo para grupos de risco. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 21, 2017.

WADL, P. A.; OLUKOLU, B. A.; BRANHAM, S. E.; JARRET, R. L.; YENCHO, G. C.; JACKSON, D. M. Genetic Diversity and Population Structure of the USDA Sweetpotato (*Ipomoea batatas*) Germplasm Collections Using GBSpoly. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1166, 2018.

WU, S.; LAU, K. H.; CAO, Q.; HAMILTON, J. P.; SUN, H.; ZHOU, C.; ESERMAN, L.; GEMENET, D. C.; OLUKOLU, B. A.; WANG, H.; CRISOVAN, E.; GODDEN, G. T.; JIAO, C.; WANG, X.; KITAVI, M.; MANRIQUE-CARPINTERO, N.; VAILLANCOURT, B.; WIEGERT-RININGER, K.; YANG, X.; BAO, K.; SCHAFF, J.; KREUZE, J.; GRUNEBERG, W.; KHAN, A.; GHISLAIN, M.; MA, D.; JIANG, J.; MWANGA, R. O. M.; LEEBENS-MACK, J.; COIN, L. J. M.; YENCHO, G. C.; BUELL, C. R.; FEI, Z. Genome sequences of two diploid wild relatives of cultivated sweetpotato reveal targets for genetic improvement. **Nature communications**, v. 9, n. 1, p. 4580, 2018.

YANG, J.; MOEINZADEH, M. H.; KUHL, H.; HELMUTH, J.; XIAO, P.; HAAS, S.; LIU, G.; ZHENG, J.; SUN, Z.; FAN, W.; DENG, G.; WANG, H.; HU, F.; ZHAO, S.; FERNIE, A. R.; BOERNO, S.; TIMMERMANN, B.; ZHANG, P.; VINGRON, M. Haplotype-resolved sweet potato genome traces back its hexaploidization history. **Nature Plants**, v. 3, n. 9, p. 696–703, 2017.

YANG, J.; MOEINZADEH, M. H.; KUHL, H.; HELMUTH, J.; XIAO, P.; LIU, G.; ZHENG, J.; SUN, Z.; FAN, W.; DENG, G.; WANG, H.; HU, F.; FERNIE, A. R.; TIMMERMANN, B.; ZHANG, P.; VINGRON, M. The haplotype-resolved genome sequence of hexaploid *Ipomoea batatas* reveals its evolutionary history. **BioRxiv**, p. 064428, 2016.

ZEIST, A. R.; LEAL, M. H. S.; DE RESENDE, J. T. V.; RECH, C.; SILVA JÚNIOR, A. D.; TOROCO, B. R.; OLIVEIRA, J. N. M.; OLIVEIRA, G. J. A. Seleção de genótipos de batata-doce de polpa alaranjada usando índices de seleção. **Horticultura Brasileira**, v. 40, p. 231,237, 2022.

4. CAPÍTULO 1 - ARTIGO: ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE CLONES SUPERIORES DE BATATA-DOCE

JUNIOR, André Dutra Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2023. Artigo: **Estimativa de parâmetros genéticos e utilização de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata-doce**. Orientador: Carlos Nick Gomes. Coorientadores: André Ricardo Zeist e Pablo Forlan Vargas

RESUMO

A batata-doce é uma planta cultivada em diversas regiões do mundo e conhecida pela sua facilidade de cultivo, sua rusticidade e versatilidade de uso. No Brasil, a produtividade média é de $14,6 \text{ t ha}^{-1}$, valor abaixo do potencial da espécie, que pode ser superior a 40 t ha^{-1} . O desenvolvimento de novos cultivares é fundamental para que esta produtividade seja alcançada. Em função da poliploidia da espécie, a variabilidade nas gerações segregantes pode ser explorada com a geração de um elevado número de indivíduos com as mais variadas combinações genótípicas. Para uma seleção mais acurada, a utilização de índice de seleção é uma ferramenta valiosa, para identificação das combinações alélicas mais promissoras agronomicamente. Com isso, objetivou-se neste trabalho, estimar parâmetros genéticos e selecionar, por meio de diferentes índices de seleção, indivíduos superiores de batata-doce com base em características agrônômicas e físicas das raízes. No primeiro experimento avaliou-se 1.223 indivíduos advindos de dez clones resultantes do cruzamento entre cultivares previamente selecionadas. Os ensaios foram conduzidos em condições de campo com os clones dispostos no delineamento experimental de blocos aumentados com testemunhas intercaladas. Características agrônômicas, resistência a pragas de solos e coloração de polpa foram mensuradas. Dos 966 indivíduos avaliados quanto à produção de raízes tuberosas, houve superioridade média em relação às testemunhas e variabilidade genética para as variáveis avaliadas. Foram obtidas estimativas de herdabilidade de elevada magnitude para todas as características avaliadas. O índice de seleção Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index MGIDI resultou ganhos superiores quando comparados aos índices dos ranks de Mulamba e Mock (1978) e ao clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), foram selecionados 90 indivíduos de batata-doce com características agrônômicas relacionadas às raízes aprimoradas, incluindo a polpa colorida. No segundo experimento, avaliamos 90 clones previamente selecionados na primeira fase de triagem. Utilizamos delineamento experimental de blocos casualizados, composto por dois blocos, cada um contendo 10 leiras, com cinco plantas por genótipo em cada leira. No total, foram testados 100 tratamentos,

abrangendo os 90 genótipos previamente escolhidos e mais dez testemunhas. Durante essa fase, avaliamos diversas características agronômicas, resistência a pragas de solo e a coloração da polpa, além de conduzirmos avaliações pós-colheita, incluindo o teor de sólidos solúveis (SS), a espessura da casca (ST) e a porcentagem de matéria seca (DM). Os resultados revelaram diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) em todas as características avaliadas, com os 90 clones superando consistentemente as dez testemunhas em todos os aspectos avaliados. Destaca-se que o índice de seleção MGIDI demonstrou ser mais eficaz na obtenção de ganhos do que os índices clássicos normalmente empregados. Como da segunda seleção, identificamos e selecionamos 15 clones de batata-doce que exibiram características agronômicas e físicas superiores às das testemunhas. Esses clones demonstram grande potencial para o desenvolvimento de futuras cultivares comerciais de destaque no mercado.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*. Melhoramento genético. Clones de meios-irmãos. Polpa alaranjada. Polpa roxa. Pragas de solo.

5. INTRODUÇÃO

A batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] é uma espécie hexaploide ($2n = 6x = 90$) de grande interesse econômico devido à sua ampla adaptabilidade a diferentes condições climáticas, resistência à seca e baixo custo de produção (EBEM et al., 2021). Uma das principais características da batata-doce é a sua versatilidade de uso, pois suas raízes são utilizadas na alimentação humana e animal, na fabricação de fécula, flocos, farinhas, amidos, bebidas alcoólicas e produção de etanol em conjunto com as folhas (KATAYAMA et al., 2017; OKE & WORKNEH, 2019; ANDRADE et al., 2020).

No Brasil, a batata-doce é a quarta hortaliça mais produzida, com aproximadamente 824 mil toneladas e produtividade média de $14,6 \text{ t ha}^{-1}$ (IBGE, 2021). No entanto, essa produtividade se encontra abaixo do potencial da cultura, que pode ser superior a 40 t ha^{-1} . Produtividades da ordem de 25 a 30 t ha^{-1} podem ser facilmente obtidas com ciclos de cultivo de 4 a 5 meses (TARANET et al., 2017; KARAKAS et al., 2021).

Entre os fatores que contribuem para a baixa produtividade está a utilização de cultivares obsoletas que pouco respondem ao aumento agrotecnológico (OLIVEIRA et al., 2022; ZEIST et al., 2022). São materiais geralmente susceptíveis a pragas e doenças de solo, como crisomelídeos, à broca-da-raiz e aos nematoides das galhas do gênero *Meloidogyne* (LEAL et al., 2021), o que resulta em raízes com baixa qualidade visual, além da baixa produtividade (OLIVEIRA et al., 2022).

Para o desenvolvimento de cultivares que apresentam desempenhos produtivos satisfatórios, os programas de melhoramento da batata-doce utilizam, nas etapas iniciais, o policruzamento para a recombinação. Posteriormente, métodos de seleção são adotados para identificação dos melhores materiais (LEAL et al., 2021). A fixação de combinações alélicas favoráveis para o desenvolvimento de novas cultivares é facilitado por ser uma cultura de propagação vegetativa. Dessa forma, é possível explorar a sua alta variabilidade genética para o desenvolvimento de plantas híbridas com superioridade agrônômica de forma rápida e prática (MOLLINARI et al., 2020; LEAL et al., 2021).

A produtividade, o formato do fuso da raiz e a qualidade organoléptica são características importantes a serem avaliadas em novos genótipos de batata-doce (LOW et al., 2017). Adicionalmente, a cor da polpa é sobremaneira importante, pois raízes coloridas contêm compostos antioxidantes e carotenoides que conferem mais

benefícios para a saúde (ALBUQUERQUE et al., 2019; OKE e WORKNEH, 2019; AMAGLOH et al., 2021).

Em etapas iniciais de um programa de melhoramento genético deve-se ocorrer a caracterização da variabilidade genética existente na população, o que pode ser feito por meio de características morfoagronômicas (MARTÍNEZ et al., 2020). Para se ter bons resultados no programa, é preciso elucidar a forma que os caracteres são herdados, a variabilidade genética disponível no material e as estimativas dos parâmetros genéticos (SLONECKI et al., 2023). Os parâmetros de maior interesse são a variância genética e fenotípica, a herdabilidade, e correlação (OTOBONI et al., 2020; TADESSE, 2021).

Além disso, vale ressaltar que ao melhorar vários caracteres de interesse, a seleção direta não surte efeitos satisfatórios, uma vez que o foco em um caráter pode ocasionar efeitos negativos em outros caracteres também importantes (JORASCH, 2020; COBB & PLATTEN, 2019). Uma das formas de fazer seleção em várias características de interesse é por meio dos índices de seleção, os quais possibilitam identificar plantas com aspectos desejáveis levando em consideração diversas características simultâneas em programas de melhoramento (OTOBONI et al., 2020; ZEIST et al., 2022).

Além dos índices clássicos conhecidos, Olivoto e Nardino (2020) propuseram, baseado em análise fatorial, o Multi-Trait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI), o qual se destaca por não necessitar do uso de pesos econômicos, como no caso do índice de Smith e Hazel, Mulamba e Mock e outros.

Assim, o presente trabalho tem como objetivo estimar parâmetros genéticos e selecionar, por meio de diferentes índices de seleção, clones superiores de batata-doce com base em características agronômicas e físicas das raízes.

6. MATERIAL E MÉTODOS

6.1 Local de condução dos experimentos e material vegetal

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, município de Viçosa – MG, situada à 20°45' 16" S e 42° 50' 21" O, com altitude média de 660 m.

A área experimental possui declividade média de 1% e seu solo é classificado como Argissolo Vermelho Amarelo Distrófico (EMBRAPA, 2006). O relevo da região é classificado como montanhoso e o clima como mesotérmico úmido (Cwa), de acordo

com a classificação de Köppen (1948), com verão quente e inverno seco. Durante a condução dos experimentos a temperatura variou de 19,6 a 20,8°C.

Foram conduzidos dois experimentos. No primeiro, foi realizada a triagem dos clones produzidos a partir de sementes, selecionando os melhores com base em produtividade, resistência a pragas de solo, formato e cor das raízes tuberosas. Foi adotado um delineamento experimental de blocos aumentados com testemunhas intercaladas. Avaliou-se dez famílias de clones de meios-irmãos, totalizando 1223 genótipos experimentais (Tabela 1). As testemunhas intercaladas utilizadas foram 'Brazlândia Branca', com polpa creme-clara, 'Beauregard', com polpa alaranjada, e 'SCS370 Luiza', com polpa roxa. A partir dos resultados do primeiro experimento, foram selecionados 90 indivíduos com diferentes colorações de polpa, dando início ao segundo experimento.

No segundo experimento, adotou-se o delineamento experimental de blocos casualizados, com dois blocos, em que cada bloco era composto por 10 leiras, e em cada leira, foram plantadas cinco plantas por genótipo. Os tratamentos consistiram em um total de 100 unidades, que incluíam os 90 genótipos previamente selecionados, bem como dez testemunhas. As testemunhas foram escolhidas entre as cultivares comerciais "Brazlândia Branca", "Beauregard", "SCS370 Luiza", "Uruguaiana" e "Canadense" e os acessos "Cerato-24-10", "Cerato-24-01", "Cerato-24-30" e "VR-13-16", oriundos do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (UNESP - Botucatu, SP) e "CNPH" fornecido pela Embrapa Hortaliças (Brasília, DF). As parcelas experimentais foram formadas por cinco plantas, sendo as extremidades consideradas bordaduras.

6.2 Cruzamentos e obtenção das sementes

As sementes de batata-doce foram coletadas no inverno e primavera do ano de 2021 em blocos de policruzamento compostos por duas linhas com doze plantas de cada genitor, e a polinização foi realizada aleatoriamente por insetos, controlando-se, portanto, apenas o genitor feminino. Para a realização deste trabalho foram utilizadas 10 genitoras de batata-doce com coloração de polpa branca, polpa alaranjada e polpa roxa (Tabela 1).

Os genitores advêm do programa de melhoramento genético da batata-doce da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), e apresentam elevada produtividade e resistência a pragas e doenças. Esta parceria foi estabelecida para o

desenvolvimento de novas cultivares a partir de clones avançados e para aumentar a variabilidade genética da batata-doce do Programa de Melhoramento Genético de batata-doce da Universidade Federal de Viçosa, MG.

Tabela 1. Cor da polpa (CP) e número de progênies experimentais (NP) testadas dos genótipos combinados.

Genitores	CP	NP
L1-17	Branca	150
L2-19	Branca	138
L3-60	Branca	102
F-09	Alaranjada	120
L1-30	Alaranjada	110
L5-34	Alaranjada	94
F-10	Roxa	140
F-21	Roxa	123
K-09	Roxa	146
U2-10	Roxa	100
Total		1223

6.3 Escarificação química e produção de mudas

No processo de escarificação, as sementes foram imersas em solução de ácido sulfúrico (98%) por 50 minutos. Posteriormente, as mesmas foram lavadas em água destilada e semeadas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, preenchidas com substrato comercial Carolina Soil® e mantidas em casa de vegetação. As mudas foram clonadas ao atingir de cinco a seis folhas verdadeiras. Nesse processo, o broto principal foi plantado novamente em bandejas de poliestireno expandido de 128 células contendo substrato à base de casca de pinus bioestabilizada e devidamente identificado.

Esse processo é necessário, pois a batata-doce originada por semente produz apenas uma raiz sem padrão comercial, entretanto quando multiplicada por ramos

produz raízes adequadas para avaliação. Por fim, as mudas de cada genótipo foram utilizadas para condução dos experimentos em nível de campo.

6.4 Manejo das unidades experimentais

No preparo do solo foram efetuadas duas arações profundas, três gradagens leves e, em sequência, levantadas as leiras com altura de 0,4-0,5 m. Antes do preparo da área e plantio, foram coletadas amostras de solo na camada de 0-20 cm de profundidade para determinação dos atributos químicos, com os seguintes resultados para área experimental: pH ($\text{H}_2\text{O mol L}^{-1}$) 5,69; 2,28 dag/kg de MO; 4,0 $\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$ de H^+Al ; 130 mg/dm^{-3} de K; 4,05 $\text{cmol}_c/\text{dm}^{-3}$ de Ca; 0,47 $\text{cmol}_c/\text{dm}^{-3}$ de Mg; 4,85 $\text{cmol}_c/\text{dm}^{-3}$ de SB; 8,85 $\text{cmol}_c \text{ dm}^{-3}$ de CTC; 54,80% de saturação por bases. Com base na análise química do solo, a calagem e adubações de base e de cobertura foram realizadas conforme recomendações técnicas para a batata-doce (ECHER et al. 2015).

Adotou-se espaçamento de plantio de 0,33 m entre plantas e 1,0 m entre leiras. A irrigação foi realizada por meio de aspersores, conforme a necessidade hídrica da cultura e o manejo de plantas espontâneas foi realizado por meio de capinas manuais. Foram feitas amontoas a cada 45 dias com intenção de aproximar solo nas plantas e manter a estrutura das leiras.

6.5 Fenotipagem

6.5.1 Avaliações 1° e 2° experimentos

A colheita do primeiro experimento foi realizada aos 140 dias após o plantio; a segunda colheita realizada com 120 dias após o plantio das ramas. Em seguida, foram avaliadas as raízes tuberosas quanto ao número de raízes totais (NTR) e comerciais (NRC), peso de raízes totais (PTR) e de raízes comerciais (PRC), em kg planta^{-1} . Considerou-se como raízes comerciais as tuberosas com mais de 80 g, de formato uniforme, sem danos mecânicos ou por pragas ou rachaduras.

A aparência das raízes comerciais (AR) foi determinada por meio de escala de notas adaptada de Moulin et al. (2014) em que: 1 - fora do padrão, com formato muito irregular, presença de grandes veias e/ou rachaduras profundas; 2 - levemente não uniforme e com presença superficial de veias e/ou rachaduras; 3 - fusiforme regular e com presença superficial de veias e/ou rachaduras; 4 - levemente não

uniforme e com ausência de veias e/ou rachaduras e; 5 - fusiforme regular, sem veias ou rachaduras.

Os danos causados por pragas de solo (Endurance) foi determinado por meio de escala de notas, em que: 5 - raízes livres de danos; 4 - raízes com raros danos; 3 - poucas raízes comerciais danificadas; 2 - raízes comerciais mais danificadas e; 1 - raízes comerciais inaceitáveis para consumo humano e animal, de acordo com o preconizado por Oliveira et al. (2022).

Por fim, avaliou-se a cor da polpa (PC), também por meio de uma escala de notas adaptada de Zeist et al. (2022), em que: 1 - branca, creme, amarelo-claro ou laranja-claro ou roxa clara, 2 - laranja intermediário ou roxa intermediária ou amarela e 3 - laranja-escura ou roxa-escura.

6.5.2 Avaliações extras 2º experimento

Ainda, no segundo experimento foram realizadas avaliações de pós-colheita nos genótipos experimentais selecionados previamente. Os caracteres extras avaliados nessa etapa foram: teor de sólidos solúveis (SS), espessura da casca (ST) e porcentagem de matéria seca (DM).

6.6 Análises estatísticas

Os dados de cada característica foram previamente testados quanto à normalidade dos dados, homogeneidade de variâncias e independência dos erros, pressupostos da análise de variância (ANOVA). Atendidos os pressupostos foram realizadas as análises de variância para cada experimento de acordo com o delineamento experimental adotado.

6.6.1. Experimento 1

Foi utilizado o modelo estatístico de análise de blocos aumentados (Eq. 1):

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + B_j + \varepsilon_{ij} \quad (1)$$

Em que:

Y_{ij} é o valor do caráter para o i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco; μ é a média geral; τ_i é o efeito do i -ésimo tratamento, que pode ser decomposto em: T_i : efeito da i -ésima testemunha, com $i = 1, 2, \dots, t$ e G_{ij} : efeito do i -ésimo genótipo, com $i = 1, 2, \dots, g_j$; B_j é o efeito do j -ésimo bloco, com $j = 1, 2, \dots, b$; e ε_{ij} é o erro aleatório.

6.6.2. Experimento 2

O modelo utilizado foi o modelo básico para experimentos em blocos ao acaso (Eq. 2):

$$y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij} \quad (2)$$

Em que: y_{ij} é valor observado na parcela do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco; m é média experimental; t_i é o efeito devido ao i -ésimo tratamento na parcela experimental; b_j é efeito devido ao j -ésimo bloco na parcela experimental e; e_{ij} : erro aleatório não controlado na parcela do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco.

6.7 Correlações fenotípicas

Os dados de ambos experimentos foram submetidos à análise de correlação de Pearson para compreender a tendência de associação linear a 5% de probabilidade pelo teste t. Foi utilizado o seguinte estimador:

(Eq. 3):

$$r = \frac{1}{n-1} \sum \left(\frac{x_i - \bar{X}}{s_x} \right) \left(\frac{y_i - \bar{Y}}{s_y} \right) \quad (3)$$

Na qual r_{xy} é o coeficiente de correlação fenotípico entre as características x e y , COV_{xy} é a covariância fenotípica entre as características x e y , $\hat{\sigma}_x^2$ e $\hat{\sigma}_y^2$ correspondem às estimativas de variância das características x e y , respectivamente. As correlações foram estimadas apenas para as características que apresentaram variância, significativas pelo teste F.

6.8 Índices de seleção

6.8.1. Primeira seleção

Com a finalidade de identificar o maior ganho de seleção entre os genótipos de batata-doce, foram utilizados três índices de seleção: ranks de Mulamba e Mock (1978), clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e MGIDI de Olivoto e Nardino (2020). Foram atribuídos os pesos de 2, 5, 2, 5, 5, 5, 5, 5 e 3, para os parâmetros NTR, NRC, PRT, PRC, AR, Endurance, PC e %RC respectivamente.

No índice de Mulamba e Mock foi adicionada a ordem de cada genótipo, resultando no índice de seleção, conforme descrito na Eq.4:

$$yI = r_1 + r_2 + \dots + r_n \quad (4)$$

em que:

I - valor do índice para determinado indivíduo (clone) ou família;

r_j - classificação (ou "rank") de um indivíduo (clone) em relação ao j-ésimo caráter; e,

n - número de caracteres considerados no índice.

Os pesos foram dados por (Eq.5):

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n \quad (5)$$

em que:

P_j – peso econômico atribuído ao j-ésimo caráter.

Os índices de Smith (1936) e Hazel (1943) foram estimados usando o índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) (Eqs. 6 e 7):

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y'b \quad (6)$$

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g'a \quad (7)$$

em que:

n - número de caracteres avaliados;

b - vetor de dimensão $1 \times n$ dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

y - matriz de dimensão $n \times p$ (clones) dos valores fenotípicos dos caracteres;

a - vetor de dimensão $1 \times n$ de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g - matriz de dimensão $n \times p$ de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

O cálculo do índice de distância genótipo-ideótipo (MGIDI) foi realizado pela seguinte equação (Eq. 8):

$$MGIDI_i = [\sum_{j=1}^f (\gamma_{ij} - \gamma_j)^2]^{0.5} \quad (8)$$

em que:

$MGIDI_i$ é o índice de distância genótipo-ideótipo de múltiplas características o i-ésimo genótipo;

γ_{ij} é a pontuação do i-ésimo genótipo no j-ésimo fator ($i = 1, 2, \dots, g; j = 1, 2, \dots, f$), sendo g e f o número de genótipos e fatores, respectivamente;

γ_j é a pontuação j-ésima do ideótipo.

O índice foi calculado considerando os pesos 2, 5, 2, 5, 5, 5, 5, 5 e 3, para os parâmetros NTR, NRC, PRT, PRC, AR, Endurance, PC e %RC, respectivamente, conforme proposto por Olivoto et al. (2022). Foram selecionados 90 genótipos nessa fase para dar continuidade à pesquisa.

6.8.2. Segunda seleção

A seleção dos melhores genótipos no segundo experimento foi realizada utilizando apenas o índice de maior destaque na seleção anterior, o de distância genótipo-ideótipo de múltiplas características (MGIDI) (Olivoto e Nardino, 2020). O cálculo foi realizado de acordo com a Eq. 8. O índice foi calculado considerando os pesos 2, 5, 2, 5, 5, 5, 5, 3, 3, 4, 3, para os parâmetros NTR, NRC, PRT, PRC, AR, Endurance, PC, DM, ST, SS e %RC, respectivamente, conforme proposto por Olivoto et al. (2022).

As análises estatísticas foram realizadas no software R 4.0.2 (R Core Team, 2020). Para ajuste dos modelos e obtenção dos componentes de variância foi utilizado o pacote lme4 v. 1.1-34 (Bates et al., 2015). A correlação de Pearson foi estimada por meio do pacote corrplot v.0.84 (Wei et al., 2017). Para os índices de seleção foram utilizadas as funções do pacote metan v. 1.18.0 (Olivoto e Lúcio, 2020).

7. RESULTADOS

7.1 Experimento 1

7.1.1 Análise de variância e parâmetros genéticos

Dos 1.223 indivíduos de batata-doce cultivados em campo, apenas 966 foram avaliados, em razão da não produção de raízes tuberosas pelos demais. Dos genótipos avaliados, 578 são de polpa com coloração branca, creme, amarelo-claro, laranja-claro ou roxa clara, 224 apresentaram coloração intermediária entre laranja, roxo e amarelo e 164 apresentaram coloração alaranjada e roxa escura.

Os clones experimentais avaliados apresentaram diferenças significativas pelo teste F ($P < 0,01$) para todas as características avaliadas, exceto para Endurance (Tabela 2). Os resultados das características NTR e PRT se mostraram promissores, visto que foram superiores ao encontrado para as testemunhas.

Quanto à classificação da precisão experimental, de acordo com o coeficiente de variação experimental proposto por Pimentel-Gomes (2023), esta foi considerada

alta para os caracteres PRT, PRC, PC e %RC, média para NTR e RC, baixa para NRC e AR. Mesmo para os caracteres que apresentaram baixa precisão experimental, destaca-se que estes foram próximos a 20% em uma amplitude que vai de 20 a 30%, obtendo-se valores de 21,49 e 22,44 para AR e NRC, respectivamente.

As estimativas dos componentes de variância demonstraram superioridade da variância genotípica sobre a ambiental para todas as características avaliadas. As amplitudes destes componentes de variâncias podem ser vistas em termos de CVg (de 0 a 100%) que apresentou elevados valores para todos os caracteres, inclusive para os oriundos de dados quantitativos como o PRC, NRC, PRT e NTR (Tabela 2). Isso demonstra que o fator genético contribuiu em maior parte para a diferenciação dos clones em relação a fatores não controlados (ambientais).

Os resultados dos parâmetros anteriores refletem diretamente no Índice de Variação Genético (IVg), o qual foi elevado e bastante superior à unidade em todas as características significativas do teste F. O IVg reflete a proporção da variância genética em relação ao erro residual, portanto, não há a influência da média populacional e valores superiores a um, isso indica a facilidade de seleção de clones e possibilidade de ganhos elevados.

As estimativas de herdabilidade mostraram-se altas para todas as características analisadas, sendo superior a 90% para sete de oito características de interesse.

Tabela 2. Quadrado Médio de Tratamentos (ajustados) e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características agrônômicas e físicas das raízes de batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam]. Viçosa, MG.

	NTR	NRC	PRT	PRC	AR*	Endurance	PC	%RC
QM Trat. (Ajustado)	20,28**	5,60**	825505,52**	412722,51**	2.28**	0,44 ^{ns}	0,58**	1343.05**
Parâmetros								
Média geral	7,09	2,77	1289,98	689,32	2,74	4,29	1,58	53,42
Média comuns – testemunhas	4,86	3,90	885,35	719,22	3,93	4,34	2,35	81,61
Média não comuns - genótipos	7,15	2,74	1301,3	688,48	2,71	4,29	1,56	52,63
Média ponderada - μ_F (Federer)	7,13	2,73	1300,95	687,07	2,71	4,28	1,56	52,49
$\hat{\sigma}_f^2$	21,01	5,98	864405,94	420051,33	2,44	0,52	0,58	1460.26
$\hat{\sigma}_g^2$	19,87	5,59	853420,25	417747,22	2,09	0,25	0,58	1409.32
$\hat{\sigma}_e^2$	1,14	0,39	10985,69	2304,11	0,35	0,28	0,00	50.93
\hat{h}_a^2	94,56	93,52	98,73	99,45	85,79	47,21	99,99	96,51
CVe (%)	15,09	22,44	8,13	6,96	21,49	12,28	0,35	13,36
CVg (%)	62,34	86,23	71,00	93,88	53,45	11,61	48,52	71,33
IVg	4,17	3,80	8,81	13,47	2,46	0,95	135,67	5,26

ns e **: não significativo e significativo a 1% de probabilidade, respectivamente, pelo F. $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica. $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental. $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica. \hat{h}_a^2 : herdabilidade no sentido amplo. CVg: coeficiente de variação genética. CVe: coeficiente de variação ambiental. IVg: índice de variação genético (CVg/CVe). Número total de raízes (NTR, planta); Número de raízes comerciais (NRC, planta); Peso de raízes totais (PRT, kg planta-1); Peso de raízes comerciais (PRC, kg planta-1); Aparência das raízes (AR); Resistência a pragas de solo (Endurance); Cor da polpa das raízes comerciais (CP) e; Porcentagem de raízes comerciais (% RC).

7.1.2 Correlação fenotípica

A interpretação das magnitudes das estimativas foi realizada de acordo com o preconizado por Shimakura e Ribeiro Júnior (2009). Conforme esses autores, as correlações foram categorizadas da seguinte forma: muito fracas quando situadas entre 0,00 a 0,19; fracas na faixa de 0,20 a 0,39; moderadas entre 0,40 e 0,69; fortes entre 0,70 e 0,89; e muito fortes com valores de 0,90 a 1,0. As correlações mais robustas foram obtidas para características relacionadas ao rendimento. Estimativas positivas e moderadas foram observadas entre NTRxPRT (0,40**), NTRxNRC (0,49**), NRCxRC (0,66**), NRCxPRT (0,44**), PRTxPRC (0,58**) e PRCxRC (0,67**), e forte entre NRC e PRC com valor significativo de 0,85 (Figura 1).

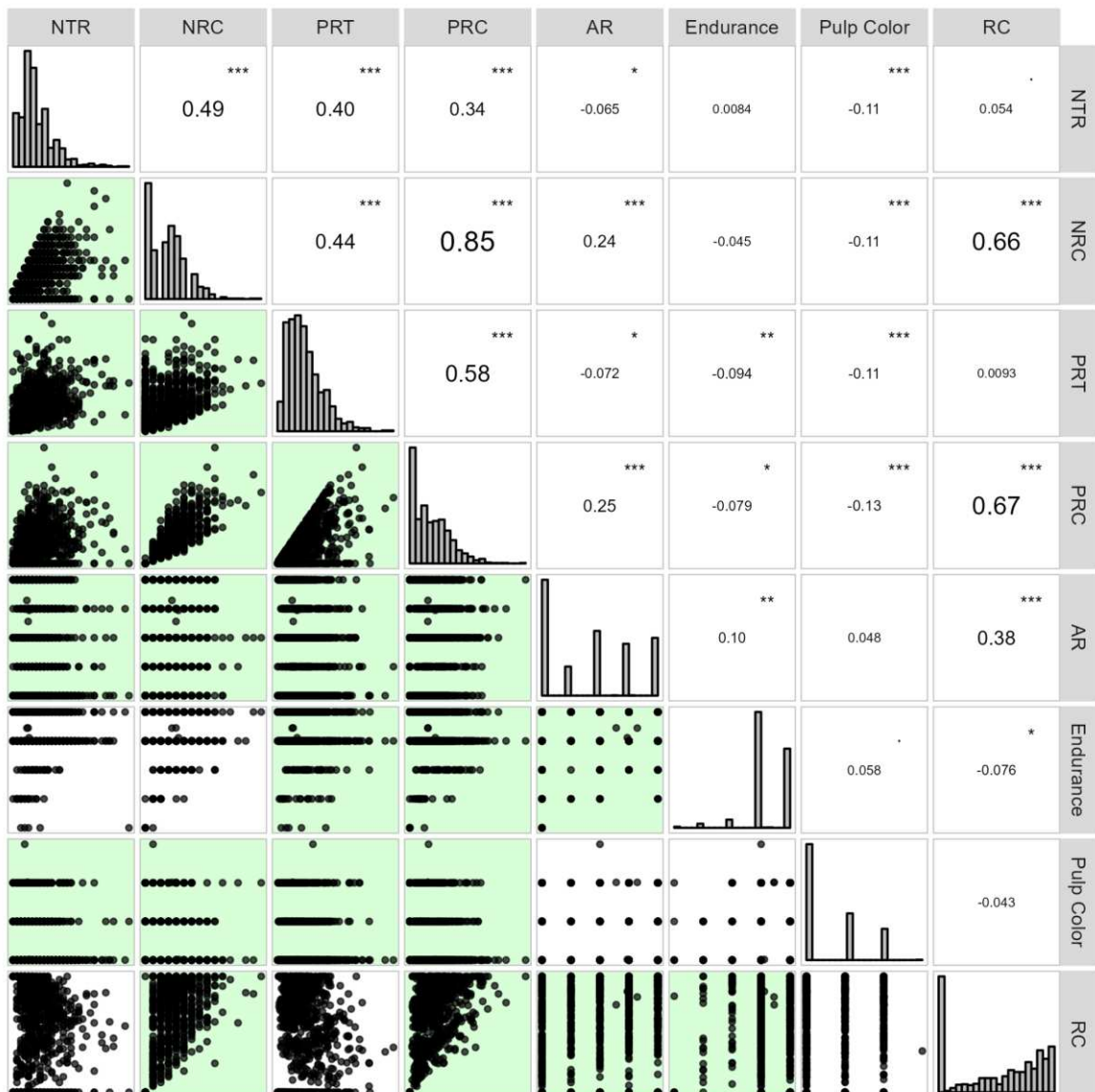


Figura 1 - Correlação fenotípica de novos genótipos de batata-doce. Variáveis: Número de raízes totais - NTR, número de raízes comerciais - NRC, produções totais de raízes - PRT, produção de raízes comerciais - PRC, aparência das raízes comerciais – AR, resistência, Resistência a pragas de solo (Endurance), cor da polpa – Pulp Color e porcentagem de raízes comerciais (% RC).

7.1.3 Índices de seleção

Ao considerar o índice clássico da soma dos ranks de Mulamba e Mock (1978), foi possível observar que as médias dos clones selecionados (Xs) foram superiores ao índice MGIDI e Smith e Hazel, exceto para a característica PRT que teve maior média de selecionados no índice MGIDI (Tabela 3). Entretanto, a informação de maior importância é o ganho com a seleção (GS e GS%) em que é possível observar que o único índice que obteve valores positivos para todas as

características foi o MGIDI, com destaque para os elevados valores de ganhos percentuais para NRC e PRC, 123,85 e 120,71%, respectivamente (Tabela 3).

Devido a superioridade e possibilidade de ganhos para todas as características, o índice MGIDI foi utilizado na seleção dos melhores clones de batata-doce na presente pesquisa.

Tabela 3. Média dos clones experimentais (Xo), média dos clones selecionados (Xs), ganho na seleção (GS) e percentual de ganho na seleção (GS %) dos 966 clones avaliados.

Características	Fator	Xo	MGIDI (2020)			Smith (1936) e Hazel (1943)			Mulamba e Mock (1978)		
			Xs	GS	GS%	Xs	GS	GS %	Xs	GS	GS %
NRC	FA1	2,74	6,14	3,39	123,85	3,74	0,95	34,9 1	6,30	3,33	122,28
PRC	FA1	688,57	1519,77	831,18	120,71	682,36	0,00	0,00	1862,35	0,00	0,00
AR	FA1	2,70	3,71	1,03	36,95	2,90	0,16	6,2	4,11	1,20	44,3
RC	FA1	52,72	73,80	21,07	39,98	5,83	0,00	0,00	105,53	0,00	0,00
NTR	FA2	7,14	12,41	5,26	73,75	13,58	0,00	0,00	28,50	0,00	0,00
PRT	FA2	1300,09	2120,63	820	63,12	1573,33	269,7 6	20,7 5	1967,19	658,6 2	50,66
Endurance	FA3	4,25	4,84	0,55	13,03	10,99	0,00	0,00	21,61	0,00	0,00
Pulp Color	FA3	1,56	1,75	0,18	12,13	1,42	0,13	8,88	1,61	0,05	3,27

Número de raízes comerciais (NRC, planta), produção de raízes comerciais (PRC, kg planta⁻¹), aparência das raízes (AR), porcentagem de raízes comerciais (% RC), número total de raízes (NTR, planta), produção de raízes totais (PRT, kg planta⁻¹), resistência a pragas de solo (Endurance) e cor de polpa das raízes (Pulp Color) de clones experimentais de batata-doce empregando-se diferentes índices de seleção. Viçosa, MG, 2022.

7.1.4 Genótipos selecionados por meio do índice MGIDI (1ª seleção)

A partir do índice de seleção MGIDI, foram escolhidos 90 genótipos com uma variedade de colorações de polpa, incluindo branca, creme, amarelo-claro, laranja-claro, roxa clara, laranja intermediária, roxa intermediária, amarela, laranja-escura e roxa-escura (Tabela 4).

Tabela 4. Relação dos 90 clones experimentais selecionados por meio do índice de seleção MGIDI, com base nos caracteres número de raízes totais - NTR, número de raízes comerciais - NRC, peso total de raízes - PRT, peso de raízes comerciais - PRC, aparência das raízes comerciais – AR, resistência a pragas de solo - Endurance, cor da polpa – PC e porcentagem de raízes comerciais (% RC).

Genótipo	Rank order	NTR	NRC	PRT (g)	PRC (g)	AR*	Endurance	Pulp Color	%RC
F10-84	1°	15	15	2480	2480	3	5	3	100
F21-19	2°	22	14	3650	3650	3	5	1	84.93
F09-31	3°	10	10	2340	2340	3	5	3	100
K09-11	4°	16	9	3250	2550	4	5	1	78.46
L1-17-58	5°	22	12	3690	2210	2	4	3	59.89
F10-128	6°	27	3	2335	1090	3	5	2	46.68
F10-32	7°	14	6	1360	780	5	5	3	57.35
L2-19-8	8°	10	8	1910	1805	5	5	2	94.50
L2-19-64	9°	13	7	2250	1750	4	5	2	77.78
F10-43	10°	14	6	2670	1540	2	5	3	57.68
L1-17-3	11°	14	9	1945	1585	5	5	1	81.49
L2-19-77	12°	13	11	2170	1110	3	5	1	97.24
L1-17-103	13°	13	5	1260	900	5	4	3	71.43
L3-60-16	14°	30	5	875	500	4	5	1	57.14
L3-60-33	15°	8	5	2140	2005	4	5	3	93.69
K09-29	16°	8	5	2050	1490	5	5	3	72.68
K09-132	17°	13	8	2330	1500	3	5	2	64.38
U210-7	18°	9	5	2400	1998	3	5	3	83.25
L1-30-4	19°	12	6	2515	1650	4	5	2	65.61
L2-19-18	20°	25	13	2350	2020	3	4	1	85.96
F10-45	21°	22	5	3670	671	4	5	1	18.28
L1-17-2	22°	14	8	2630	2520	2	5	1	95.82
F10-35	23°	15	4	1660	475	4	5	3	28.61
F21-42	24°	10	6	1400	1285	5	5	2	91.79
L2-19-83	25°	14	7	2525	945	5	5	1	37.43
F09-51	26°	18	6	1495	1060	2	5	2	70.90
L2-19-16	27°	17	6	1600	1300	4	5	1	81.25
K09-23	28°	7	6	2600	2500	5	5	1	96.15
L1-30-63	29°	9	6	1550	1250	5	5	2	80.65
F21-57	30°	9	6	3790	2725	3	5	1	71.90
Beauregard	-	4	3,25	704	630	5	3,5	3	89,49
Brazlândia Branca	-	5,3	4	1000,32	953	4,25	3	1	95,27
SCS370 Luiza	-	3	3,25	800,25	600,25	3,75	4,3	3	75,01

Tabela 4 continuação. Relação dos 90 clones experimentais selecionados por meio do índice de seleção MGIDI, com base nos caracteres número de raízes totais - NTR, número de raízes comerciais - NRC, peso total de raízes - PRT, peso de raízes comerciais - PRC, aparência das raízes comerciais – AR, resistência a pragas de solo - Endurance, cor da polpa – PC e porcentagem de raízes comerciais (% RC).

Genótipo	Rank order	NTR	NRC	PRT (g)	PRC (g)	AR*	Endurance	Pulp Color	%RC
L1-30-95	31°	9	4	1940	1665	5	5	2	85.82
L5-34-65	32°	10	7	3400	2295	3	5	1	67.50
F09-53	33°	26	9	2600	1580	4	4	1	60.77
L1-30-17	34°	9	3	2480	1150	4	5	3	46.37
K09-33	35°	16	4	3650	1780	3	5	1	48.77
L1-30-11	36°	9	9	4050	4050	5	4	1	100
K09-2	37°	16	8	2950	1800	1	5	1	61.02
L5-34-26	38°	9	6	1855	1675	3	5	2	90.30
L1-30-20	39°	11	6	1890	1190	1	5	3	62.96
U260-28	40°	13	3	1410	1150	2	5	3	81.56
F09-4	41°	8	6	1995	1815	5	5	1	90.98
L1-30-25	42°	5	5	1550	1550	3	5	3	100
L2-19-58	43°	12	6	1620	1450	2	5	2	89.51
F09-89	44°	8	4	1970	1745	4	5	2	88.58
L2-19-66	45°	8	5	1160	1050	3	5	3	90.52
L2-19-79	46°	20	9	2555	2130	4	4	1	83.37
L1-17-109	47°	6	3	1875	905	5	5	3	48.27
K09-10	48°	13	7	1370	1100	4	5	1	80.29
F10-47	49°	11	5	902	655	5	5	2	72.62
F10-87	50°	19	4	1900	1200	3	5	1	63.16
F21-33	51°	24	3	890	380	4	5	1	42.70
F10-88	52°	16	4	1340	765	5	5	1	57.09
L2-19-14	53°	7	5	1540	1490	4	5	2	96.75
L1-30-16	54°	10	4	2540	1505	5	5	1	59.25
L5-34-72	55°	20	8	2510	2135	4	4	1	85.06
L1-30-85	56°	11	4	2475	1085	1	5	3	43.84
K09-136	57°	7	6	2550	2455	3	5	1	96.27
F21-21	58°	10	8	1590	1480	3	5	3	93.08
L2-19-74	59°	8	6	1545	1500	5	5	1	97.09
L5-35-11	60°	11	8	4350	3365	4	4	1	77.36
Beauregard	-	4	3,25	704	630	5	3,5	30	89,49
Brazlândia Branca	-	5,3	4	1000,3	953	4,25	3	1	95,27
SCS370 Luiza	-	3	3,25	800,25	600,2	5	3,75	4,3	75,01

Tabela 4 continuação. Relação dos 90 clones experimentais selecionados por meio do índice de seleção MGIDI, com base nos caracteres número de raízes totais - NTR, número de raízes comerciais - NRC, peso total de raízes - PRT, peso de raízes comerciais - PRC, aparência das raízes comerciais – AR, resistência a pragas de solo - Endurance, cor da polpa – PC e porcentagem de raízes comerciais (% RC).

Genótipo	Rank order	NTR	NRC	PRT (g)	PRC (g)	AR*	Endurance	Pulp Color	%RC
F21-23	61°	9	4	900	750	3	5	3	83.33
F10-29	62°	16	6	2720	2040	4	4	2	75.00
L1-30-36	63°	4	4	2500	2500	5	5	1	100
K09-112	64°	12	6	960	740	5	5	1	77.08
F09-65	65°	12	3	1710	1360	5	5	1	79.53
U210-11	66°	6	4	1300	1240	5	5	2	95.38
L1-17-23	67°	15	6	1295	910	5	4	3	70.27
L1-30-40	68°	8	4	1950	1750	5	5	1	89.74
F21-39	69°	5	4	630	590	5	5	3	93.65
L5-35-2	70°	12	9	3230	2970	4	4	1	91.95
F21-26	71°	13	8	1810	1500	3	4	3	82.87
L5-35-10	72°	11	7	1035	950	4	5	1	91.79
L3-60-40	73°	8	6	1350	1250	5	5	1	92.59
L1-30-15	74°	7	4	1060	870	3	5	3	82.08
F09-49	75°	14	5	2185	1035	1	5	2	47.37
F21-34	76°	10	2	450	250	5	5	3	55.56
L3-60-31	77°	8	6	1295	1200	5	5	1	92.66
L2-19-38	78°	13	8	3370	2150	5	4	1	63.80
L1-30-76	79°	10	5	2430	1140	4	5	1	46.91
K09-4	80°	8	5	1760	1100	3	5	2	62.50
L1-30-5	81°	15	7	1490	1300	4	5	1	87.25
L1-30-34	82°	8	5	3080	1250	4	5	1	40.58
L2-19-7	83°	9	7	1025	975	4	5	1	95.12
F10-39	84°	9	5	2550	1100	4	5	1	43.14
L1-30-3	85°	5	4	1960	790	5	5	2	40.31
K09-95	86°	25	5	3720	1405	1	4	2	37.77
F09-43	87°	14	6	1580	1065	2	5	1	67.41
F10-125	88°	8	6	935	895	5	5	1	95.72
F21-72	89°	10	6	4220	1925	2	4	3	45.62
K09-53	90°	8	5	3015	1550	3	5	1	51.41
Beauregard	-	4	3,25	704	630	5	3,5	3	89,49
Brazlândia Branca	-	5,3	4	1000,32	953	4,25	3	1	95,27
SCS370 Luiza	-	3	3,25	800,25	600,25	3,75	4,3	3	75,01

7.1.5 Triagem dos melhores genótipos por meio de índice de seleção MGIDI (1ª seleção)

Os pontos fortes e fracos dos 90 genótipos selecionados estão representados na Figura 2. A força de cada um dos três fatores (FA1, FA2 e FA3), obtidos pelo índice MGIDI está representada na mesma figura. O fator de menor contribuição para a variância (FA1), está posicionado próximo a borda do gráfico. E, no lado oposto, próximo ao centro do gráfico, está o fator de maior contribuição (FA3).

Ao examinar a contribuição do (FA1), o fator com a menor contribuição, constatou-se que os genótipos F10-84, F09-31, L2-19-8, L1-17-3, L2-19-77, L3-60-33, K09-29, F21-42, K09-23, L1-30-95, L1-30-11, F09-4, L2-19-14, K09-136, F21-21, L2-19-74, L5-35-11, L1-30-36, K09-112, F09-65, U210-11, L1-17-23, L1-30-40, F21-39, L5-35-2, F21-26, L5-35-10, L3-60-40, L3-60-31, L2-19-38, L2-19-7 e F10-125 se destacaram por ter pontos fortes relacionados às características NRC, PRC, AR e RC.

Ao observar o FA2, observa-se que as menores contribuições ocorreram para os genótipos, F10-84, F21-19, L1-17-58, F10-43, L2-19-77, L3-60-16, K09-132, L1-30-4, L2-19-18, L1-17-2, F10-45, L2-19-83, F09-51, F21-57, L5-35-65, F09-53, K09-33, L1,30,11, K09-2, L2-19-79, F10-87, F21-33, L5-34-71, L1-30-85, L5-35-11, F10-29, L5-35-2, F09-49, L2-19-38, L1-30-5, L1-30-34, K09-95, F09-43, F21-72 e K09-53, indicando que são genótipos de destaque por terem pontos fortes às caracteres NTR e PRT (Figura 2).

Por fim, os genótipos F10-32, F10-43, L1-17-103, K09-29, U210-7, L1-30-4, F10-45, F10-35, F21-42, L2-19-83, F21-42, L2-19-83, F09-51, L2-19-16, L1-30-63, L1-30-95, L1-30-17, L5-34-26, L1-30-20, U260-28, L1-30-25, L2-19-66, L1-17-109, F10-47, F21-33, L1-30-85, F21-23, K09-112, U210-11, L1-30-15, F21-34 e L1-30-3 possuindo pontos fortes para os caracteres Endurance e Pulp Color relacionadas ao fator FA3 (Figura 2).

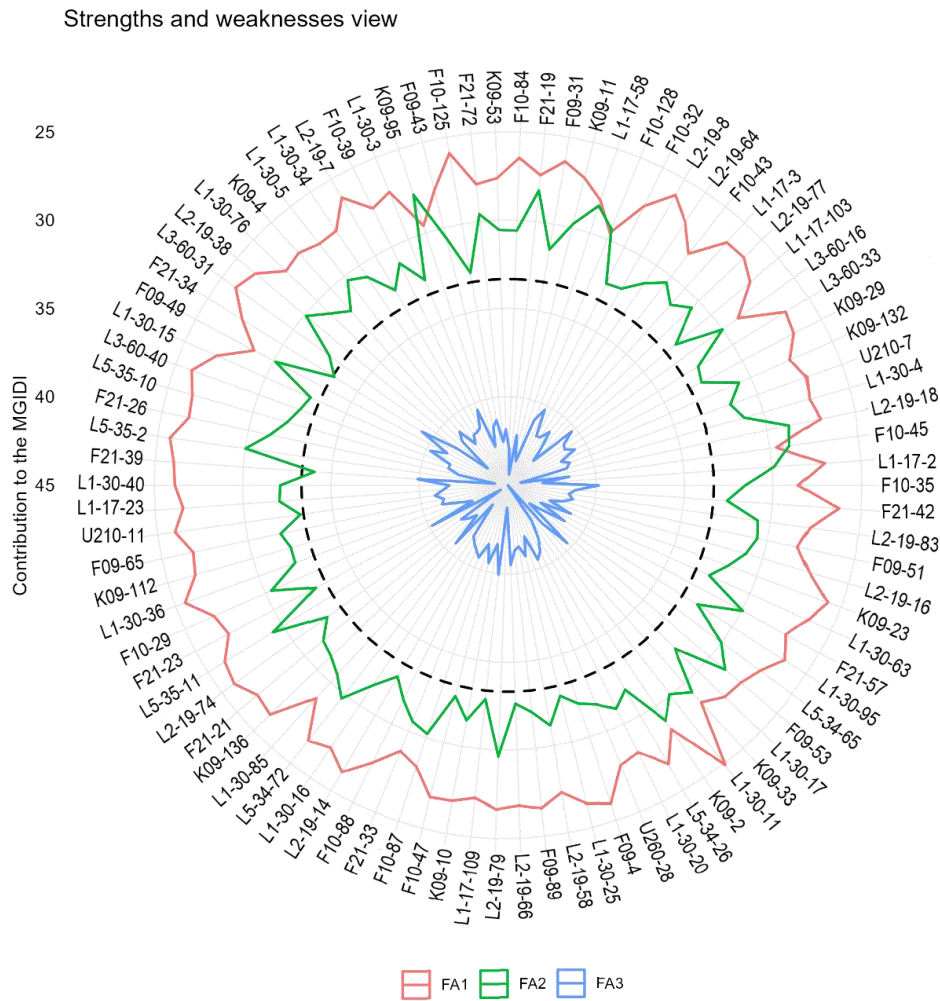


FIGURA 2. Pontos fortes e fracos dos 90 genótipos selecionados pelo índice MGIDI (2020). O fator FA1 e representado pelas características número de raízes comerciais (NRC, planta), produção de raízes comerciais (PRC, kg planta⁻¹), aparência das raízes (AR) e porcentagem de raízes comerciais (% RC); FA2 para os caracteres número total de raízes (NTR, planta) e produção de raízes totais (PRT, kg planta⁻¹); FA3 aos caracteres resistência a pragas de solo (Endurance) e cor de polpa das raízes (Pulp Color).

7.2 Experimento 2

7.2.1 Análise de Variância e Parâmetros Genéticos

Foram constatadas diferenças significativas ($P < 0,01$) para todas as características avaliadas nessa etapa. Além disso, houve superioridade média dos 90 clones em relação às 10 testemunhas em todos os caracteres, o que demonstra boa seleção inicial pelo índice MGIDI e potencial dos genótipos no programa de melhoramento (Tabela 5).

O CVe variou de 12,67 para o caráter sólido solúveis a 45,49% para PRC. A variância fenotípica foi representada principalmente pelo componente genotípico em

relação ao ambiental para todas as características, exceto para %RC e SS. Quando verificado o índice de variação genético, calculado pela razão CV_g/CV_e , sete das 11 características tiveram resultado superior à 1 e a característica ST muito próximo a 1. Por sua vez, a herdabilidade foi considerada de média a alta para a maioria das características, com exceção %RC, que apresentou baixa estimativa. (Tabela 5).

Tabela 5. Quadrado Médio de Tratamentos e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para características agrônômicas e físicas das raízes de 90 clones batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam]. Viçosa, MG.

	NTR	NRC	PRT	PRC	AR*	Endurance	PC	%RC	%DM	SS	ST
QM Clones	13,73**	9,25**	1087338,72**	876440,96**	3,24**	3,18**	1,33**	990,94.05**	34,90**	2,09**	0,18**
Parâmetros Genéticos											
Média geral	6,88	4,87	1367,40	1046,45	3,38	4,18	1,85	74,85	27,89	8,45	1,24
Média dos clones	6,95	4,91	1383,00	1055,00	3,42	4,23	1,82	74,60	28,20	8,48	1,25
Média das testemunhas	5,233	2,78	1033,04	524,068	2,75	2,85	1,80	46,85	25,97	6,62	1,07
$\hat{\sigma}_f^2$	6,86	4,67	543669,37	438220,45	1,66	1,59	0,66	495,47	17,44	1,04	0,09
$\hat{\sigma}_g^2$	4,65	3,55	406504,62	325103,28	1,35	1,39	0,62	86,98	9,77	0,47	0,05
$\hat{\sigma}_e^2$	2,21	1,07	137164,74	113117,16	0,27	0,17	0,03	408,49	7,69	0,56	0,03
\hat{h}_a^2	67,77	76,79	74,77	74,18	83,20	88,89	94,36	17,55	56,12	45,69	65,74
CVe (%)	30,56	30,04	38,30	45,49	21,85	14,19	15,29	38,19	14,01	12,67	20,02
CVg (%)	30,49	36,88	59,79	51,68	33,69	79,95	43,93	11,96	39,68	8,35	19,26
IVg	1,02	1,28	1,21	1,19	1,59	1,99	2,89	0,32	0,79	0,66	0,97

ns e **: não significativo e significativo a de probabilidade, respectivamente, pelo F. $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica. $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental. $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica. \hat{h}_a^2 : herdabilidade no sentido amplo. CVg: coeficiente de variação genética. CVe: coeficiente de variação ambiental. IVg: índice de variação genético (CVg/CVe). Número total de raízes (NTR, planta); Número de raízes comerciais (NRC, planta); Peso de raízes totais (PRT, kg planta⁻¹); Peso de raízes comerciais (PRC, kg planta⁻¹); Aparência das raízes (AR); Resistência a pragas de solo (Endurance); Cor da polpa das raízes comerciais (CP); Porcentagem de raízes comerciais (% RC); porcentagem de matéria seca (DM); sólidos solúveis (SS) e espessura da Casca (ST).

7.2.2 Correlação fenotípica

Foram identificadas 13 correlações significativas e positivas por meio do teste t ($p < 0,05$) entre as características avaliadas (Figura 3). As associações mais robustas foram observadas nas características relacionadas ao rendimento. Foram registradas correlações moderadas entre as características, como NTRxPRC (0,49***), NTRxPRT (0,59***), NRCxRC (0,43***), NRCxAR (0,48***), NRCxPRT (0,65***), PRCxRC (0,52***), PRCxENDU (0,40***), PRCxAR (0,46***), ARxRC (0,40***) e ARxENDU (0,57***). Além disso, foram identificadas correlações fortes entre NTRxNRC (0,75***), NRCxPRC (0,80***), PRTxPRC (0,84***), NTRxNRC (0,75***), NRCxPRC (0,80***) e PRTxPRC (0,84***).

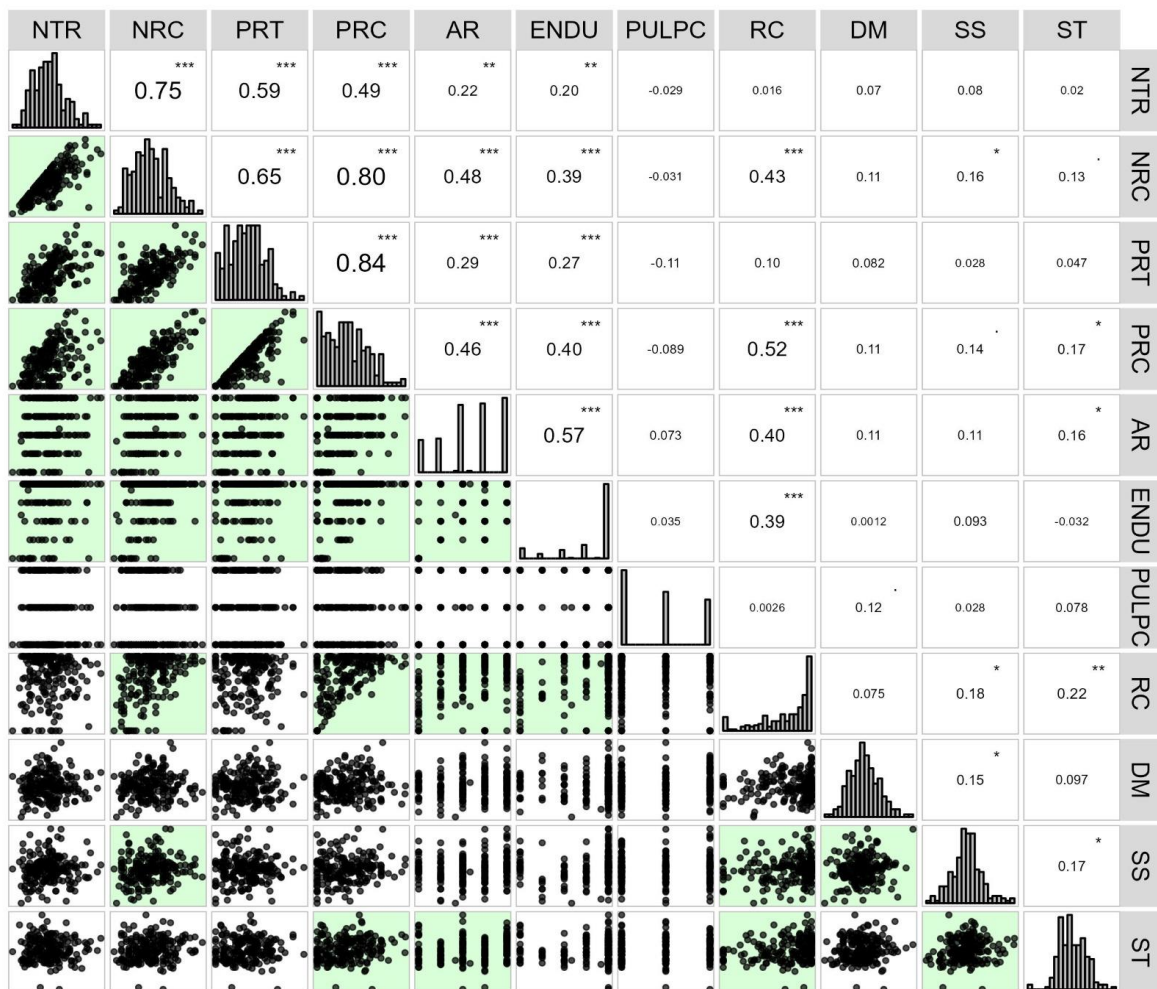


Figura 3 - Correlação fenotípica de novos genótipos de batata-doce. Variáveis: Número de raízes totais - NTR, número de raízes comerciais - NRC, produções totais de raízes - PRT, produção de raízes comerciais - PRC, aparência das raízes comerciais - AR, resistência, Resistência a pragas de solo (Endurance), cor da polpa - Pulp Color, porcentagem de raízes comerciais (% RC), porcentagem de matéria fresca - %DM, sólidos solúveis - SS e espessura da casca - ST.

7.2.3 Índice de seleção MGIDI

Foram observados altos valores de herdabilidade média (h^2) que variaram de 0,45 (RC) a 0,97 (PC), indicando boas perspectivas de ganhos de seleção para as características estudadas (Tabela 6). O índice MGIDI proporcionou o diferencial de seleção (DS) na direção desejada para as onze características avaliadas. Os menores e maiores ganhos observados foram 5,08% e 26,20% para as características NRT e AR, respectivamente (Tabela 6).

Tabela 6. Média inicial dos clones experimentais (X_0), estimativas de herdabilidade média (h^2), média dos clones selecionados (X_s), diferencial de seleção (SD) e ganho percentual de seleção (GS%) para 90 clones de batata-doce. Viçosa, MG, 2023.

Traits	Fator	Objetivo	X_0	h^2 %	MGIDI (2020)		
					X_s	DS	GS%
NTR	FA1	Aumentar	6,95	0,66	7,49	0,54	5,08
NRC	FA1	Aumentar	4,91	0,79	5,99	1,08	17,20
PRT	FA1	Aumentar	1,383	0,73	1,567	0,184	9,80
PRC	FA1	Aumentar	1,055	0,74	1,362	0,307	21,80
SS	FA2	Aumentar	8,48	0,68	9,31	0,83	6,76
ST	FA2	Aumentar	1,25	0,66	1,42	0,17	8,88
AR	FA3	Aumentar	3,42	0,88	4,44	1,02	26,20
Enduranc e	FA3	Aumentar	4,23	0,94	4,81	0,58	12,80
RC	FA3	Aumentar	74,6	0,45	81,9	7,30	9,80
Pulp Color	FA4	Aumentar	1,82	0,97	2,25	0,43	22,90
DM	FA4	Aumentar	28,2	0,74	31,9	3,70	9,96

(NTR, planta), número de raízes comerciais (NRC, planta), peso de raízes totais (PRT, kg planta⁻¹), peso de raízes comerciais (PRC, kg planta⁻¹), sólidos solúveis (SS), espessura da casca (ST), aparência das raízes (AR), resistência a pragas de solo (Endurance), porcentagem de raízes comerciais (RC), cor de polpa das raízes (PC) e porcentagem de matéria seca (DM).

7.2.4 Genótipos selecionados por meio do índice MGIDI (2ª seleção)

A partir do índice de seleção MGIDI, foram escolhidos 90 genótipos com uma variedade de colorações de polpa, incluindo branca, creme, amarelo-claro, laranja-claro, roxa clara, laranja intermediária, roxa intermediária, amarela, laranja-escura e roxa-escura (Tabela 7).

Tabela 7. Relação dos 90 clones experimentais selecionados por meio do índice de seleção MGIDI, com base nos caracteres número de raízes totais - NTR, número de raízes comerciais - NRC, peso total de raízes - PRT, peso de raízes comerciais - PRC, aparência das raízes comerciais – AR, resistência a pragas de solo - Endurance, cor da polpa – (Pulp Color), porcentagem de raízes comerciais - % RC, porcentagem de matéria fresca - %DM, sólidos solúveis - SS e espessura da casca - ST.

Genótipo	classificação	NTR	NRC	PRT (g)	PRC (g)	AR*	Endurance	Pulp Color	%RC	% DM	SS	ST
F21-23	1°	9,33	7,66	2463,33	2361,66	4	5	2	95,87	45,00	12,45	1,41
F21-42	2°	10,33	7,66	1736,66	1615,00	5	5	2	92,99	32,83	9,10	2,06
F21-57	3°	12,00	11,00	3531,66	3180,00	5	5	2	90,04	28,10	9,5	1,64
F21-26	4°	8,00	6,33	2071,66	1805,00	3	4	3	87,12	35,00	8,50	1,70
L1-30-15	5°	7,33	7,00	1483,33	1476,667	5	5	3	99,55	30,03	12,50	1,60
K09-29	6°	6,66	6,00	1496,94	1410,94	5	5	3	96,35	35,49	9,00	1,89
F21-39	7°	9,33	6,00	1260,00	1036,667	5	5	3	91,55	30,39	11,52	1,26
L1-17-103	8°	7,66	7,66	1396,98	1196,985	5	5	3	100,00	39,29	9,10	1,27
L1-30-17	9°	11,33	7,00	1318,33	885,3083	4	5	3	67,15	36,04	9,10	0,93
L1-30-76	10°	7,33	5,33	1800,00	1580,00	4	3	1	87,77	36,019	8,80	1,41
K09-132	11°	8,66	6,66	2676,66	2305,00	5	5	2	86,11	32,93	8,55	1,55
K98-112	12°	9,33	9,33	2095,00	2095,00	5	5	1	100,00	29,82	9,62	1,67
L1-30-63	13°	6,33	6,33	1250,00	1250,00	5	5	2	100,00	29,02	8,90	1,46
F10-43	14°	6,00	6,00	1555,00	1555,00	5	5	3	100,00	33,16	8,90	1,53
K09-53	15°	7,66	6,33	1950,00	1666,66	5	5	1	85,47	31,54	9,75	1,39

7.2.5 Triagem dos melhores genótipos por meio de índice de seleção MGIDI (2ª seleção)

A Figura 4 ilustra os pontos fortes e fracos dos genótipos selecionados, avaliados pela proporção de cada fator para o índice MGIDI. Ao examinarmos a contribuição do fator FA1, que possui a menor influência, notamos que os genótipos K09-53, F21-23, F21-57, L1-30-76, e K09-112 se destacam por apresentarem pontos fortes relacionados às características NTR, NRC, PRT e PRC. Já no fator FA2, os genótipos K09-53, F21-23, F21-42, L1-30-15, L1-30-76 e K09-112 possuem as menores contribuições, indicando que são genótipos destacados pelos caracteres SS e ST (Figura 4). No fator FA3, as menores contribuições ocorrem nos genótipos K09-53, L1-30-15, K09-29, F21-39, L1-17-103, L1-30-17, K09-132, K09-112, L1-30-63 e F10-43, demonstrando seus pontos fortes em relação aos caracteres AR, Endurance e RC (Figura 4). Por fim, os genótipos F21-23, F21-26, K09-29, L1-17-103, L1-30-17 e F10-43 exibem pontos fortes nos caracteres Pulp Color e DM.

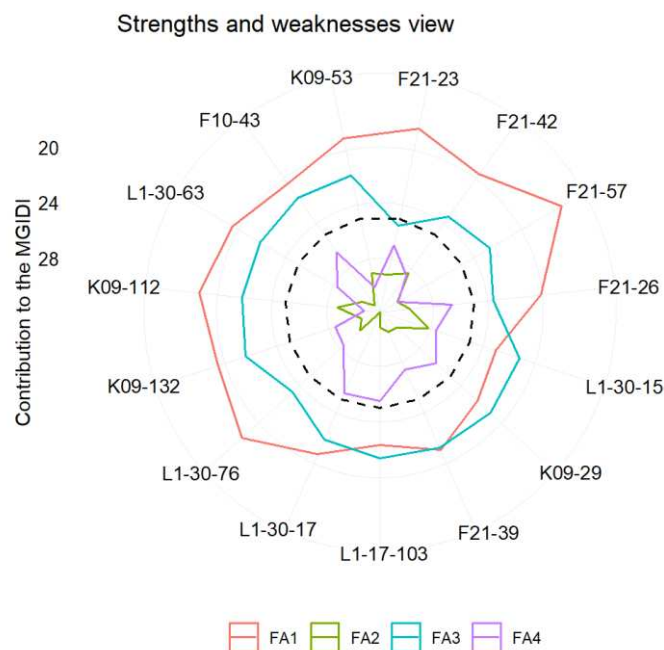


FIGURA 4. Pontos fortes e fracos dos 90 genótipos selecionados pelo índice MGIDI (2020). O fator FA1 é representado pelas características número total de raízes (NTR, planta), número de raízes comerciais (NRC, planta), produção de raízes totais (PRT, kg planta⁻¹) e produção de raízes comerciais (PRC, kg planta⁻¹); FA2 para os caracteres sólidos solúveis (SS) e espessura da Casca (ST); FA3 aos caracteres aparência das raízes (AR), resistência a pragas de solo (Endurance) e porcentagem de raízes comerciais (% RC); FA4 para as características cor de polpa das raízes (Pulp Color) e porcentagem de matéria seca (DM).

8. DISCUSSÃO

8.1 Teste F e estimativas de parâmetros genéticos (Experimento 1)

O resultado da análise de variância (ANOVA) aponta para a presença de variações entre os clones testados, o que é uma informação fundamental em programas de melhoramento. Notavelmente, a característica "Endurance" não demonstrou diferenças significativas, tornando inviável a sua seleção direta. Esse achado está em concordância com a pesquisa de Azevedo et al. (2015), que investigou 65 variedades de batata-doce e também observou que apenas essa característica não apresentou valor estatisticamente significativo.

A falta de significância para a característica Endurance pode estar relacionada à dificuldade de controle de pragas do solo e à facilidade de proliferação de insetos, causando danos às raízes tuberosas. Esses fatores podem afetar os clones de maneira geral, no entanto, é possível contornar essa situação utilizando delineamentos experimentais com maior controle ambiental do que o delineamento em blocos aumentados, como os delineamentos em blocos completos (AZEVEDO et al., 2015; CAMARGO et al., 2016; ZEIST et al., 2022).

Duas características de interesse econômico, peso e número total de raízes, apresentaram médias superiores às das testemunhas, indicando que os clones testados são promissores e há a possibilidade de selecionar genótipos superiores para serem trabalhados no programa de melhoramento. Isso pode resultar, a curto ou médio prazo, no desenvolvimento de uma nova cultivar a ser registrada junto ao Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA).

A precisão experimental obtida por meio do CVe demonstra acurácia na condução experimental. Tal precisão reflete diretamente na confiabilidade dos resultados das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e, quanto maior for a precisão experimental, maior será a probabilidade de se encontrar diferenças entre os tratamentos avaliados (PINTO et al., 2010; BARETTA et al., 2017; TORRES et al., 2019). Portanto, os resultados indicam que a seleção pode ser procedida sem maiores problemas em relação aos efeitos de natureza não genética.

A variação fenotípica significativa observada pode ser decomposta em termos de componentes de variâncias genéticas e ambientais, sendo a primeira superior para todas as características avaliadas, o que indica que a maior parte da variação nas médias é de causa genética (EBEM et al., 2021).

A superioridade da participação de fatores genéticos em detrimento dos ambientais pode ser percebido também pelo Índice de Variação Genotípico (IVg), a qual corresponde a relação CVg/CVe , e que apresentou estimativas próximas a unidade para Endurance e superior a um nas demais características.

Quando essa relação CVg/CVe é maior que a unidade, indica que as diferenças observadas nos parâmetros são principalmente devido a diferenças genéticas entre os genótipos, o que sugere a possibilidade de realizar a seleção com maior precisão e confiança (NÓBREGA et al., 2019). Isso é importante, pois a seleção de genótipos superiores é um processo oneroso, e quanto mais precisa for a seleção, maiores são as chances de sucesso em um programa de melhoramento genético com vista a obtenção de cultivares mais produtivas e resistentes a estresses bióticos e abióticos (FALCONER & MACKAY, 1996; BERNARDO, 2002; WU et al., 2018; LIU, 2017; LEAL et al., 2021; SILVEIRA et al., 2022).

É importante destacar que a batata-doce é uma planta que apresenta uma grande variabilidade genética (MENG et al., 2021) devido a sua poliploidia, quantidade de conjuntos de cromossomos que a planta possui (SILVA et al., 2020). A batata-doce é hexaploide, o que significa que elas possuem seis cópias de cada cromossomos (SRISUWAN et al., 2019). Esse fator aumenta a probabilidade de ocorrer mutações e recombinações genéticas, que podem ser exploradas no melhoramento genético da planta. Nesse contexto, vários estudos têm enfatizado a importância da variabilidade para o melhoramento genético de plantas (DUVICK, 2005; BROWN et al., 2011; BRAR & KHUSH, 2018; ZHANG et al., 2021).

Por fim, a herdabilidade no sentido amplo indica a proporção da variação fenotípica que é devida à variação genética (SCHMIDT et al., 2019). Neste estudo, foi observado que as estimativas de herdabilidade foram altas para a grande maioria das características avaliadas, propiciando que a seleção de clones com base em características fenotípicas seja eficaz para melhorar as características de interesse e selecionar de forma mais precisa indivíduos superiores. Otoboni et al. (2020) observaram herdabilidade alta para a produtividade, o que indica que a variação identificada na característica é majoritariamente a fatores genéticos e, portanto, pode haver maior potencial para ganhos na seleção para essa característica.

8.2 Correlações fenotípicas entre as características

A análise de correlação fenotípica é uma ferramenta que identifica a dependência linear entre duas variáveis, revelando a magnitude das suas inter-relações, que podem ser positivas ou negativas, variando de -1 a 1. Quanto mais próximo de [1] for o coeficiente de correlação, mais forte é a associação linear entre as variáveis, enquanto valores próximos de zero indicam uma dependência linear mais fraca (AFUAPE et al., 2011; AGRE et al., 2019). Para a discussão dos resultados, consideramos apenas as correlações fortes, seguindo a abordagem de Shimakura e Ribeiro Júnior (2012).

No presente estudo, observou-se na Figura 1 correlação moderada e significativa entre NTR e NRC, PRT. Correlação moderada foi observada em relação ao peso total de raízes e peso de raízes comerciais, isso demonstra que seleção para clones com alta produção total de raízes tuberosas pode estar associada a uma maior produção de raízes comerciais, sem a necessidade de ambas as avaliações (RAHMAN et al., 2013; KARAN; ŞANLI, 2021). Estudos anteriores também encontraram correlações significativas entre as características avaliadas em batata-doce (FIRON et al., 2013; KARUNIAWAN et al., 2021).

Há correspondência entre o NCR e PRC, evidenciada pela correlação alta e significativa estimada (0,85). Essas características são importantes do ponto de vista comercial das raízes tuberosas de batata-doce. Nesse sentido, Azevedo et al. (2015) também encontraram associações significativas entre caracteres de produção e peso de raízes totais e comerciais.

A presença de estimativas de correlações significativas, mesmo com magnitudes baixas, pode estar associada ao tamanho da amostra utilizada. Neste estudo, foram avaliados 966 clones. Quanto maior o número de medições, mais confiável será o valor observado e menor será o desvio padrão, o que influencia diretamente nos testes estatísticos, como o teste t. Dessa forma, mesmo com magnitudes de correlação baixas, o teste pode detectar diferenças significativas.

É importante ressaltar que as magnitudes e significâncias observadas podem variar em outros estudos, mesmo com a utilização do mesmo material genético. Essas variações podem ser influenciadas por diferentes fatores, como condições ambientais, interações genéticas ou características específicas da população em estudo (WERA & DEROS, 2014; TRIPODI & FRANCESE, 2023).

8.3 Índices de seleção

Os índices de seleção combinam características desejáveis, permitindo melhorias simultâneas em múltiplos caracteres (MAFRA et al., 2021). Esses índices representam um novo atributo resultante da combinação das características desejadas, proporcionando avanços significativos em várias características de interesse agrônomo e acelera o processo de obtenção de genótipos com melhores padrões agrônômicos e, conseqüentemente, de cultivares superiores (MULAMBA & MOCK, 1978; OLIVOTO & NARDINO, 2020; ZEIST et al., 2022).

Dentro dos métodos de índice de seleção, existem diferentes abordagens. O índice clássico de Mulamba e Mock (1978) é um método de seleção baseado na soma ponderada de vários parâmetros. O índice MGIDI (2020) é uma técnica de seleção multivariada que utiliza análise de correlação e regressão múltipla para identificar os genótipos com melhor desempenho em várias características. O índice de Ranks de Smith (1936) e Hazel (1943) é um método de seleção que classifica os genótipos com base em sua classificação relativa em cada parâmetro avaliado.

O índice MGIDI (2020) foi considerado mais eficiente por permitir os maiores ganhos percentuais para as características. Uma possível explicação para esses resultados é que o índice MGIDI leva em consideração a variância genética aditiva, o que pode aumentar a eficiência da seleção de genótipos superiores (OLIVOTO; NARDINO, 2020). Além disso, o índice MGIDI considera a correlação entre os caracteres, o que pode ser particularmente importante em culturas que possuem caracteres altamente correlacionados. Segundo Klein (2022), o uso de índices pode ser uma estratégia eficiente na obtenção de genótipos com características como maior rendimento, maturação precoce e adaptabilidade.

Em estudo anterior, o índice MGIDI também foi considerado mais eficiente na seleção de genótipos de soja com base em características agrônômicas, conforme relatado por Maranna e et al. (2021). Da mesma forma, estudo de Olivoto e Nardino (2020) demonstraram que o índice MGIDI é eficiente na seleção de genótipos superiores em populações heterogêneas em diferentes culturas, tornando-o uma ferramenta promissora para a melhoria da produção agrícola e a adaptação a condições ambientais adversas. Em resumo, os resultados obtidos sugerem que o índice MGIDI pode ser uma ferramenta eficiente para a seleção de clones superiores de batata-doce.

Ao examinar os resultados obtidos na Figura 2, constata-se que os genótipos selecionados apresentam pontos fortes em diversas características avaliadas. O objetivo do índice MGIDI é selecionar os genótipos considerando as onze características avaliadas, agrupando-as em quatro fatores: FA1, FA2 e FA3. O fator com a menor contribuição é o mais próximo da borda do radar; então, o genótipo que se destaca por esse fator terá pontos fortes relacionados às características de cada fator, podendo ser observado na Figura 2 (OLIVOTO & NARDINO, 2020).

A identificação de genótipos com pontos fortes em diferentes características pode ajudar a melhorar a eficiência da seleção de genótipos para características específicas (MARANNA et al., 2021; OLIVOTO & NARDINO, 2020). Essa abordagem pode ser especialmente útil em culturas que precisam ser melhoradas em diversas características ao mesmo tempo, como resistência a pragas e alta produtividade (BRESEGHELLO & COELHO, 2013; SELLAMI et al., 2021). Assim, um genótipo que apresenta um alto desempenho para várias características de interesse pode ser usado como um progenitor em programas de cruzamento para melhorar a produtividade e a resistência a doenças (GRÜNEBERG et al., 2015).

Selecionar genótipos com ponto forte na produção de raízes tuberosas comerciais e número de raízes comerciais, é de extrema importância na criação de variedades de batata-doce altamente produtivas e rentáveis (PLACIDE et al., 2015). Além disso, a aparência das raízes tuberosas (AR) também é um fator determinante na comercialização, uma vez que estudos demonstram que a aparência afeta a escolha do consumidor. Por isso, genótipos com raízes tuberosas de ótima aparência têm maior valor agregado, o que favorece os produtores na obtenção de preços melhores no mercado (KATAYAMA et al., 2017; MOYO et al., 2021).

Os genótipos selecionados com pontos fortes no número total de raízes e produção total de raízes, mostraram alta produtividade em termos de número e produção total de raízes. A produção de raízes totais é uma característica importante na cultura da batata-doce, uma vez que uma maior produção de raízes resulta em maior produtividade e rendimento (BELEHU et al., 2005; AFUAPE et al., 2011). Estudos mostram que a seleção de genótipos com maior número e produção de raízes pode aumentar significativamente a produtividade da cultura da batata-doce (GURMU et al., 2018; OTOBONI et al., 2020).

Avaliar a resistência a pragas de solo é crucial na seleção de novos genótipos de batata-doce visto que pragas, como larvas de besouros e de *Diabrotica speciosa*,

são as principais causas de prejuízos na produção. Além disso, a resistência a essas pragas pode reduzir a necessidade de uso de inseticidas, diminuir os custos de produção, minimizar os impactos ambientais, maximizar a produtividade e contribuir para a agricultura sustentável (NÓBREGA et al., 2019; ZANIN et al., 2018).

Uma característica importante do ponto de vista nutricional é a coloração da polpa das raízes de batata-doce, pois as diferentes cores estão associadas a diferentes concentrações de carotenoides e outros compostos bioativos (ZEIST et al., 2022). Em países desenvolvidos, a batata-doce tem sido valorizada por ser um alimento saudável, graças aos seus nutrientes e compostos nutricionais secundários (KATAYAMA et al., 2017), enquanto em países subdesenvolvidos, nos quais a alimentação básica é desafiadora, essa característica é ainda mais relevante. Assim, a seleção de genótipos experimentais de batata-doce com altos teores de compostos bioativos, ao mesmo tempo em que atendam a parâmetros agrônômicos, é importante para o desenvolvimento de cultivares que possam atender às necessidades nutricionais humanas e dos produtores (OTOBONI et al., 2020).

8.4 Teste F e estimativas de parâmetros genéticos (Experimento 2)

Essa segunda etapa levou em consideração outras características que também são relevantes para seleção de clones de batata-doce com maior qualidade, como sólidos solúveis (SS), espessura da casca (ST) e porcentagem de matéria seca (DM). Os sólidos solúveis, expressos em Brix, são uma medida da concentração de açúcares solúveis presentes nas raízes de batata-doce. Estudos mostraram que clones com altos teores de SS são valorizados devido à sua influência no sabor e na doçura das raízes (ROSETO et al., 2022), o que melhora aceitação pelos consumidores quando usados em produtos processados (PADMAJA et al., 2012).

A espessura da casca influencia durante o manejo pós-colheita, cuja resistência é maior nas raízes tuberosas com casca espessa. Isso contribui para a maior durabilidade no transporte e armazenamento das raízes (UKPABI et al., 2019). Além disso, a espessura da casca pode oferecer maior proteção contra pragas e doenças, contribuindo para a redução do impacto desses fatores na produção (OCHIENG, 2020).

A porcentagem de matéria seca é um indicador da quantidade de sólidos presentes nas raízes de batata-doce após a remoção da água. Essa característica está associada ao teor de amido nas raízes. Clones com maior porcentagem de

matéria seca são desejáveis para produção de farinhas e produtos de panificação, em que um teor mais elevado de amido é favorável (KATHABWALIKA et al., 2018). Esses genótipos com alta porcentagem de matéria seca também podem apresentar melhor consistência e desempenho em produtos de panificação.

Os 90 clones testados tiveram médias superiores às dez testemunhas para todas as características avaliadas, o que indica que houve boa seleção pelo índice MGIDI anteriormente utilizado, além da possibilidade de se aplicar uma maior pressão de seleção para selecionar um número menor de genótipos mais superiores ainda para as características de interesse.

Ao observar o IVg da Tabela 5 constata-se, a exemplo do que foi visto anteriormente, que a variação é composta, majoritariamente, por efeitos de natureza genética e não por fatores ambientais, o que indica que os clones testados possuem alelos favoráveis para as características de interesse.

Além disso, a herdabilidade, mesmo que menor que a observada anteriormente, obteve bons valores para oito de 11 características, o que confere confiabilidade de selecionar melhores genótipos com base na avaliação fenotípica, bem como preconiza a obtenção de ganhos satisfatórios em próximas seleções.

8.5 Correlações fenotípicas entre as características

A análise das correlações fenotípicas da segunda seleção revela insights significativos sobre as relações entre características fundamentais da batata-doce (Figura 3). Estas associações indicam que características-chave da cultura estão intrinsecamente interligadas. Por exemplo, a correlação entre o número de raízes (NTR) e o peso das raízes comerciais (PRC) sugere que a seleção de genótipos com um maior número de raízes pode resultar em uma produção mais substancial de raízes comerciais.

Além disso, destacamos as correlações fortes encontradas entre NTRxNRC, NRCxPRC e PRTxPRC (Figura 3). Essas correlações robustas sugerem que existe uma relação sólida entre essas características. É notável que melhorias em uma delas podem ter um impacto considerável no rendimento geral da cultura. Portanto, a seleção criteriosa com base em qualquer uma dessas características pode levar a ganhos substanciais na produção de batata-doce.

É relevante mencionar que, assim como na primeira correlação, a variação dessas correlações em outros estudos é esperada devido a diversos fatores, como

condições ambientais, interações genéticas e características específicas da população em estudo. Portanto, os resultados devem ser interpretados dentro do contexto da pesquisa atual e suas implicações podem variar em diferentes cenários (WERA & DEROS, 2014; TRIPODI & FRANCESE, 2023).

Em termos práticos, essas correlações têm implicações importantes para o melhoramento indireto da batata-doce, com a finalidade de fornecer uma base sólida para a seleção de genótipos, que têm maior probabilidade de apresentar um desempenho superior em relação ao rendimento (CAMPOS et al., 2017). Isso pode beneficiar diretamente a produção agrícola, o que resulta em variedades mais produtivas e, conseqüentemente, aumentando o potencial de sucesso dos agricultores (KARUNIAWAN et al., 2021).

As associações identificadas podem ser valiosas para orientar estratégias de seleção mais eficazes e contribuir para o avanço da produção de batata-doce.

8.6 Segunda seleção

Na segunda seleção foram selecionados 15 clones (Tabela 7). Os clones com polpa amarela e alaranjada apresentam altos teores de beta-caroteno, que é um importante precursor da vitamina A e tem importante papel na saúde dos olhos e do sistema imunológico (ZEIST et al., 2022). A polpa roxa, por sua vez, contém antocianinas, que apresentam propriedades antioxidantes e podem ajudar a prevenir doenças crônicas, como câncer e doenças cardiovasculares (LEAL et al., 2021).

Além dos benefícios nutricionais e de saúde, os clones com polpa colorida também possuem grande valor ornamental, podendo ser utilizados na decoração de pratos e na culinária em geral (LOW et al., 2017). Alguns estudos mostram que o consumo desses alimentos pode ajudar a promover uma alimentação mais diversificada e saudável, incentivando as pessoas a experimentarem novos sabores e opções de refeições (TRUONG et al., 2018; CARTABIANO et al., 2020). No entanto, é importante ressaltar que materiais desse tipo têm sido pouco desenvolvidos em programas de melhoramento genético, o que contribui para a sua baixa exploração comercial, principalmente em regiões com baixa oferta de alimentos saudáveis e nutritivos (LEAL et al., 2021; ZEIST et al., 2022).

Os clones de batata-doce com polpa branca e creme selecionados (Figura 2 e 3; Tabela 4), apesar de serem menos nutritivos quando comparados aos de polpa amarela, alaranjada e roxa, ainda possuem benefícios nutricionais importantes e são

amplamente consumidos em todo o mundo (AYELESO et al., 2016). Por exemplo, alguns clones de batata-doce de polpa branca possuem altos teores de vitamina C, fundamental para a saúde da pele e do sistema imunológico (MOHANRAJ & SILVASANKAR, 2014).

Por fim, os clones de polpa creme são ricos em carboidratos complexos, que fornecem energia de forma sustentável e ajudam a manter a sensação de saciedade por mais tempo (ALAM, 2021). Embora não contenham os compostos bioativos presentes nos de polpa colorida, ainda assim tem um papel importante na dieta alimentar e podem ser utilizados em diversas preparações culinárias (TRUONG et al., 2018; ALAM, 2021).

Os 15 clones selecionados comporão o programa de seleção recorrente de batata-doce da Universidade Federal de Viçosa com vista ao lançamento de novas cultivares superiores às disponíveis no mercado atual.

9. CONCLUSÃO

Os clones apresentam diferenças genéticas significativas para as características de interesse agrônomo, o que favorece a seleção de material superior.

A variação fenotípica é composta em maior parte por fatores genéticos e a contribuição de fatores ambientais é irrisória.

Existem associações fortes e positivas entre as características, o que pode contribuir para o melhoramento indireto de caracteres de difícil mensuração.

O índice de seleção MGIDI é mais eficaz na obtenção de ganhos quando comparado aos índices clássicos normalmente utilizados.

A utilização do índice de seleção MGIDI permitiu selecionar 15 clones de batata-doce, com características agrônomicas e físicas das raízes superiores às testemunhas. Além disso, os clones são promissores para o desenvolvimento de cultivares comerciais superiores que atendam às necessidades dos agricultores e as demandas dos consumidores por alimentos mais saudáveis e nutritivos.

10. REFERÊNCIAS

- AFUAPE, S. O.; OKOCHA, P. I.; NJOKU, D. (Multivariate assessment of the agromorphological variability and yield components among sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) landraces. **African Journal of Plant Science**, v. 5, n. 2, p. 123-132, 2011.
- AGRE, P.; ASIBE, F.; DARKWA, K.; EDEMODU, A.; BAUCHET, G.; ASIEDU, R.; ASFAW, A. Phenotypic and molecular assessment of genetic structure and diversity in a panel of winged yam (*Dioscorea alata*) clones and cultivars. **Scientific reports**, v. 9, n. 1, p. 18221, 2019.
- ALAM, M. K. A comprehensive review of sweet potato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam): Revisiting the associated health benefits. **Trends in Food Science & Technology**, v. 115, p. 512-529, 2021.
- ALBUQUERQUE, T. M. R.; SAMPAIO, K. B.; SOUZA, E. L. Sweet potato roots: Unrevealing an old food as a source of health promoting bioactive compounds—A review. **Trends in Food Science & Technology**, v. 85, p. 277-286, 2019.
- AMAGLOH, F. C.; YADA, B.; TUMUHIMBISE, G. A.; AMAGLOH, F. K.; KAAYA, A. N. The potential of sweetpotato as a functional food in sub-Saharan Africa and its implications for health: a review. **Molecules**, v. 26, n. 10, p. 2971, 2021.
- ANDRADE, R. M.; SANTOS, A. C. C.; SANTANA, E. D. R.; LIMA, A. P. S.; DA SILVA SANTANA, A.; BACCI, L. Manejo Integrado de Pragas na cultura da batata-doce. **Cadernos de Agroecologia**, v. 15, n. 2, 2020.
- AYELESO, T. B.; RAMACHELA, K.; MUKWEVHO, E. A review of therapeutic potentials of sweet potato: Pharmacological activities and influence of the cultivar. **Tropical Journal of Pharmaceutical Research**, v. 15, n. 12, p. 2751-2761, 2016.
- AZEVEDO, A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; FERNANDES, J. S.; PEDROSA, C. E.; OLIVEIRA, C. M. Desempenho agrônômico e parâmetros genéticos em genótipos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 33, p. 84-90, 2015.
- BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; PELEGRIN, A. D.; FERRARI, M.; SZARESKI, V. J.; MAIA, L. D. Estimates of genetic parameters and genotypic values prediction in maize landrace populations by REML/BLUP procedure. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1-14, 2017.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. (2014). Fitting linear mixed-effectes model using lme4. **Journal of Statistical Software**. v. 67, 2015.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma press, 2002.
- BRAR, D. S.; KHUSH, G. S. Alien introgression in rice. **Oryza: from molecule to plant**, p. 35-47, 1997.

- BRESEGHELLO, F.; COELHO, A. S. G. Traditional and modern plant breeding methods with examples in rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of agricultural and food chemistry**, v. 61, n. 35, p. 8277-8286, 2013.
- BROWN, P. J.; UPADYAYULA, N.; MAHONE, G. S.; TIAN, F.; BRADBURY, P. J.; MYLES, S.; ROCHEFORD, T. R. Distinct genetic architectures for male and female inflorescence traits of maize. **PLoS genetics**, v. 7, n. 11, p. e1002383, 2011.
- CAMARGO, L. K.; RESENDE, J. T.; MÓGOR, Á. F.; CAMARGO, C. K.; KURCHAIDT, S. M. Uso de índice de seleção na identificação de genótipos de batata doce com diferentes aptidões. **Horticultura Brasileira**, v. 34, p. 514-519, 2016.
- CAMPOS, H.; CALIGARI, P. D.; MWANGA, R. O.; ANDRADE, M. I.; CAREY, E. E.; LOW, J. W.; GRÜNEBERG, W. J. Sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.). **Genetic improvement of tropical crops**, p. 181-218, 2017.
- CARTABIANO-LEITE, C. E.; PORCU, O. M.; CASAS, A. F. Sweet potato (*Ipomoea batatas* L. Lam) nutritional potential and social relevance: a review. **history**, v. 11, p. 23-40, 2020.
- COBB, J. N.; BISWAS, P. S.; PLATTEN, J. D. Back to the future: revisiting MAS as a tool for modern plant breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 647-667, 2019.
- DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in agronomy**, v. 86, p. 83-145, 2005.
- EBEM, E. C.; AFUAPE, S. O.; CHUKWU, S. C.; UBI, B. E. Genotype × environment interaction and stability analysis for root yield in sweet potato [*Ipomoea batatas* (L.) lam]. **Frontiers in Agronomy**, v. 3, p. 665564, 2021.
- ECHER, F. R.; CRESTE, J.; LA TORRE, E. Nutrição e adubação da batata-doce. **Presidente Prudente: Universidade do**, 2015.
- FALCONER, D. S. Introduction to quantitative genetics. **Pearson Education India**, 1996.
- FIRON, N.; LABONTE, D.; VILLORDON, A., KFIR, Y.; SOLIS, J.; LAPIS, E.; NADIR, L. A. Transcriptional profiling of sweetpotato (*Ipomoea batatas*) roots indicates down-regulation of lignin biosynthesis and up-regulation of starch biosynthesis at an early stage of storage root formation. **BMC genomics**, v. 14, p. 1-25, 2013.
- GRÜNEBERG, W. J.; MA, D.; MWANGA, R. O. M.; CAREY, E. E.; HUAMANI, K.; DIAZ, F.; YENCHO, G. C. Advances in sweetpotato breeding from 1992 to 2012. **Potato and sweetpotato in Africa: transforming the value chains for food and nutrition security**, p. 3-68, 2015.

GURMU, F.; SHIMELIS, H. A.; LAING, M. D. Correlation and path-coefficient analyses of root yield and related traits among selected sweetpotato genotypes. **South African Journal of Plant and Soil**, v. 35, n. 3, p. 179-186, 2018.

IBGE. Censo Agropecuário. Tabela 822 - Produção, venda, valor da produção e área colhida da lavoura temporária por produtos da lavoura temporária, condição produtor em relação às terras, grupos de atividade econômica, grupos de área total e grupos de área colhida. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/822#resultado>>. Acesso em 03 mar. 2023.

JORASCH, P. Potential, challenges, and threats for the application of new breeding techniques by the private plant breeding sector in the EU. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 582011, 2020.

KARAKAS, M. C.; KURUNC, A.; DINCER, C. Effects of water deficit on growth and performance of drip irrigated sweet potato varieties. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 101, n. 7, p. 2961-2973, 2021.

KARAN, Y. B.; ŞANLI, Ö. G. The assessment of yield and quality traits of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) genotypes in middle Black Sea region, Turkey. **Plos one**, v. 16, n. 9, p. e0257703, 2021.

KARUNIAWAN, A.; MAULANA, H.; ANINDITA, P. A.; YOEL, A.; USTARI, D.; SUGANDA, T.; CONCIBIDO, V. Storage root yield and sweetness level selection for new honey sweet potato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam). **Open Agriculture**, v. 6, n. 1, p. 329-345, 2021.

KATAYAMA, K.; KOBAYASHI, A.; SAKAI, T.; KURANOUCI, T.; KAI, Y. Recent progress in sweetpotato breeding and cultivars for diverse applications in Japan. **Breeding science**, v. 67, n. 1, p. 3-14, 2017.

KATHABWALIKA, D. M.; CHILEMBWE, E. H. C.; MWALE, V. M. Evaluation of dry matter, starch and beta-carotene content in orange-fleshed sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) genotypes tested in three agro-ecological zones of Malawi. **African Journal of Food Science**, v. 10, n. 11, p. 320-326, 2016.

KLEIN, L. A. Modelos multivariados na caracterização e seleção de genótipos superiores de aveia preta (*Avena strigosa* S.). 2022.

LEAL, M. H. S.; ZEIST, A. R.; RODRIGUES JÚNIOR, N.; SILVA JÚNIOR, A. D.; ARANTES, J. H. V.; GARCIA NETO, J.; PERRUD, A. C. Selection of new sweet potato genotypes based on production parameters, physical root characteristics and resistance to *Euscepes postfasciatus*. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 24, n. 3, p. 349-360, 2021.

- LIU, Q. Improvement for agronomically important traits by gene engineering in sweetpotato. **Breeding science**, v. 67, n. 1, p. 15-26, 2017.
- LOW, J. W.; MWANGA, R. O.; ANDRADE, M.; CAREY, E.; BALL, A. M. Tackling vitamin A deficiency with biofortified sweetpotato in sub-Saharan Africa. **Global food security**, v. 14, p. 23-30, 2017.
- MAFRA, G. S.; ALMEIDA FILHO, J. E.; AMARAL JUNIOR, A. T.; MALDONADO, C.; KAMPHORST, S. H.; LIMA, V. J.; MORA-POBLETE, F. Regional Heritability Mapping of Quantitative Trait Loci Controlling Traits Related to Growth and Productivity in Popcorn (*Zea mays* L.). **Plants**, v. 10, n. 9, p. 1845, 2021.
- MARANNA, S.; NATARAJ, V.; KUMAWAT, G.; CHANDRA, S.; RAJESH, V.; RAMTEKE, R.; KHANDEKAR, N. Breeding for higher yield, early maturity, wider adaptability and waterlogging tolerance in soybean (*Glycine max* L.): A case study. **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 22853, 2021.
- MARTÍNEZ, M. A.; MORILLO, A. C.; REYES-ARDILA, W. Characterization of the genetic diversity in *Passiflora* spp. in the Boyacá Department, Colombia. **Chilean journal of agricultural research**, v. 80, n. 3, p. 342-351, 2020.
- MENG, Y., SU, W.; MA, Y.; LIU, L.; GU, X.; WU, D.; WANG, Y. Assessment of genetic diversity and variety identification based on developed retrotransposon-based insertion polymorphism (RBIP) markers in sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Scientific Reports**, v. 11, n. 1, p. 17116, 2021.
- MOHANRAJ, R., & SIVASANKAR, S. Sweet Potato (*Ipomoea batatas* [L.] Lam) - A valuable medicinal food: A review. **Journal of medicinal food**, v. 17, n. 7, p. 733-741, 2014.
- MOLLINARI, M.; OLUKOLU, B. A.; PEREIRA, G. D. S.; KHAN, A.; GEMENET, D.; YENCHO, G. C.; ZENG, Z. B. Unraveling the hexaploid sweetpotato inheritance using ultra-dense multilocus mapping. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 10, n. 1, p. 281-292, 2020.
- MOULIN, M. M.; SANTOS B. C.; JÚNIOR, A. C. S.; RODRIGUES, R. Caracterização de acessos de batata-doce baseado em características morfológicas. **Biológicas & Saúde**, v. 4, n. 13, 2014.
- MOYO, M.; SSALI, R.; NAMANDA, S.; NAKITTO, M.; DERY, E. K.; AKANSAKE, D.; MUZHINGI, T. Consumer preference testing of boiled sweetpotato using crowdsourced citizen science in Ghana and Uganda. **Frontiers in Sustainable Food Systems**, v. 5, p. 620363, 2021.

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

NÓBREGA, D. D. S.; PEIXOTO, J. R.; VILELA, M. S.; NÓBREGA, A. D. S.; SANTOS, E. C.; COSTA, A. P.; CARMONA, R. Yield and soil insect resistance in sweet potato clones. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 6, p. 1773-1779, 2019.

OCHIENG, L. A. Evaluation of the selected sweet potato genotypes tolerance to sweet potato weevil (*Cylas puncticollis* Boheman). **The Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, v. 95, n. 2, p. 192-202, 2020.

OKE, M. O.; WORKNEH, T. S. A review on sweet potato postharvest processing and preservation technology. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 40, p. 4990-5003, 2013.

OLIVEIRA, G. J. A.; ZEIST, A. R.; TOROCO, B. R.; GARCIA NETO, J.; LEAL, M. H. S.; SILVA JUNIOR, A. D.; LEAL, J. L. P. Agronomic performance of experimental white-fleshed sweet potato genotypes in commercial fields. **Horticultura Brasileira**, v. 40, p. 342-347, 2022.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: A novel multi-trait index for genotype selection in plant breeding. **bioRxiv**, p. 2020.07. 23.217778, 2020.

OTOBONI, M. E. F.; OLIVEIRA, D. J. L. S. F. D.; VARGAS, P. F.; PAVAN, B. E.; ANDRADE, M. I. Genetic parameters and gain from selection in sweet potato genotypes with high beta-carotene content. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, 2020.

PADMAJA, G.; SHERIFF, J. T.; SAJEEV, M. S. Food uses and nutritional benefits of sweet potato. **Fruit, Vegetable and Cereal Science and Biotechnology**, v. 6, n. 1, p. 115-123, 2012.

PIMENTEL, G. F. **Curso de estatística experimental**, (2023).

PLACIDE, R.; SHIMELIS, H.; LAING, M.; GAHAKWA, D. Application of principal component analysis to yield and yield related traits to identify sweet potato breeding parents. **Tropical Agriculture**, v. 92, n. 1, 2015.

RABBI, I.; HAMBLIN, M.; GEDIL, M.; KULAKOW, P.; FERGUSON, M.; IKPAN, A. S.; JANNINK, J. L. Genetic mapping using genotyping-by-sequencing in the clonally propagated cassava. **Crop Science**, v. 54, n. 4, p. 1384-1396, 2014.

RAHMAN, M. H.; ALAM PATWARY, M. M.; BARUA, H., HOSSAIN, M.; NAHAR, S. Evaluation of orange fleshed sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) genotypes for higher yield and quality. **Agriculturists**, 2013.

ROSETO, A., PASTRANA, I.; MARTÍNEZ, R.; PEREZ, J. L.; ESPITIA, L.; ARAUJO, H.; GALLEGO-CASTILLO, S. Nutritional value and consumer perception of biofortified sweet potato varieties. **Annals of Agricultural Sciences**, v. 67, n. 1, p. 79-89, 2022.

SCHMIDT, P.; HARTUNG, J.; RATH, J.; PIEPHO, H. P. Estimating broad-sense heritability with unbalanced data from agricultural cultivar trials. **Crop Science**, v. 59, n. 2, p. 525-536, 2019.

SELLAMI, M. H.; PULVENTO, C.; LAVINI, A. Selection of suitable genotypes of lentil (*Lens culinaris* Medik.) under rainfed conditions in south Italy using multi-trait stability index (MTSI). **Agronomy**, v. 11, n. 9, p. 1807, 2021.

SHIMAKURA, S.E.; RIBEIRO JÚNIOR, P.J. Estatística descritiva: interpretação do coeficiente de correlação. Curitiba: **Departamento de Estatística da UFPR**, 2012.

SILVA, I. G.; CASTOLDI, R.; OLIVEIRA CHARLO, H. C.; SOUZA MIRANDA, M.; NUNES, T. D. C.; COSTA, L. L.; LEMES, E. M. Prediction of genetic gain in sweet corn using selection indexes. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 23, p. 191-196, 2020.

SILVA, P. G.; GEMENET, D. C.; MOLLINARI, M.; OLUKOLU, B. A.; WOOD, J. C.; DIAZ, F.; ZENG, Z. B. Multiple QTL mapping in autopolyploids: a random-effect model approach with application in a hexaploid sweetpotato full-sib population. **Genetics**, v. 215, n. 3, p. 579-595, 2020.

SILVEIRA, D. C.; MACHADO, J. M.; MOTTA, E. A. M. D.; BARBOSA, M. R.; SIMIONI, C.; WEILER, R. L.; DALL'AGNOL, M. Genetic parameters, prediction of gains and intraspecific hybrid selection of *Paspalum notatum* Flüggé for forage using REML/BLUP. **Agronomy**, v. 12, n. 7, p. 1654, 2022.

SLONECKI, T. J.; RUTTER, W. B.; OLUKOLU, B. A.; YENCHO, G. C.; JACKSON, D. M.; WADL, P. A. Genetic diversity, population structure, and selection of breeder germplasm subsets from the USDA sweetpotato (*Ipomoea batatas*) collection. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1022555, 2023.

SMITH, S.; BUBECK, D.; NELSON, B.; STANEK, J.; GERKE, J. Genetic diversity and modern plant breeding. **Genetic diversity and erosion in plants: Indicators and prevention**, p. 55-88, 2015.

SRISUWAN, S.; SIHACHAKR, D.; MARTÍN, J.; VALLÈS, J.; RESSAYRE, A.; BROWN, S. C.; SILJAK-YAKOVLEV, S. Change in nuclear DNA content and pollen size with polyploidisation in the sweet potato (*Ipomoea batatas*, Convolvulaceae) complex. **Plant Biology**, v. 21, n. 2, p. 237-247, 2019.

SSALI, R. T.; SSERUWU, G.; YADA, B.; SSEMAKULA, G.; WASONGA, C.; GRÜNEBERG, W. J.; MWANGA, R. O. Efficiency of the polycross and controlled

hybridization methods in sweetpotato breeding in Uganda. **Journal of Agricultural Science (Toronto, Ont.)**, v. 11, n. 17, 2019.

TARANET, P.; HARPER, S.; KIRCHHOF, G.; FUJINUMA, R.; MENZIES, N. Growth and yield response of glasshouse-and field-grown sweetpotato to nitrogen supply. **Nutrient Cycling in Agroecosystems**, v. 108, p. 309-321, 2017.

TORRES, L. G.; VILELA DE RESENDE, M. D.; AZEVEDO, C. F.; FONSECA E SILVA, F.; OLIVEIRA, E. J. Genomic selection for productive traits in biparental cassava breeding populations. **PloS one**, v. 14, n. 7, p. e0220245, 2019.

TRIPODI, P.; D'ALESSANDRO, A.; FRANCESE, G. An integrated genomic and biochemical approach to investigate the potentiality of heirloom tomatoes: Breeding resources for food quality and sustainable agriculture. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1031776, 2023.

TRUONG, V. D.; AVULA, R. Y.; PECOTA, K. V.; YENCHO, G. C. Sweetpotato production, processing, and nutritional quality. **Handbook of vegetables and vegetable processing**, p. 811-838, 2018.

UKPABI, U. J.; EKELEDO, E. N.; EZIGBO, V. U. Potential use of roots of orange-fleshed sweet potato genotypes in the production of β -carotene rich chips in Nigeria. **African Journal of Food Science**, v. 6, n. 2, p. 29-33, 2012.

Wei, T.; Simko, V. **R pacote “corrplot”: Visualização de uma matriz de correlação. versão 0.84.** (2017).

WERA, B.; YALU, A.; RAMAKRISHNA, A.; DEROS, M. Genotypic variability estimates of agronomic traits for selection in a sweetpotato (*Ipomoea batatas*) polycross population in Papua New Guinea. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, v. 2, n. 3, p. 131-136, 2014.

WU, S.; LAU, K. H.; CAO, Q.; HAMILTON, J. P.; SUN, H.; ZHOU, C.; FEI, Z. Genome sequences of two diploid wild relatives of cultivated sweetpotato reveal targets for genetic improvement. **Nature communications**, v. 9, n. 1, p. 4580, 2018.

ZANIN, D. S.; RESENDE, J. T.; ZEIST, A. R.; OLIVEIRA, J. R.; HENSCHER, J. M.; LIMA FILHO, R. B. Selection of processing tomato genotypes resistant to two spotted spider mite. **Horticultura Brasileira**, v. 36, p. 271-275, 2018.

ZEIST, A. R.; LEAL, M. H. S.; DE RESENDE, J. T. V.; RECH, C.; SILVA JÚNIOR, A. D.; TOROCO, B. R.; OLIVEIRA, G. J. A. Seleção de genótipos de batata-doce de polpa laranja utilizando índices de seleção. **Horticultura Brasileira**, v. 40, p. 231-237, 2022.