



**JEFERSON CARLOS DE OLIVEIRA SILVA**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM CARACTERES  
FISIOLÓGICOS E DE PRODUTIVIDADE PARA O  
MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA-DOCE**

**LAVRAS-MG  
2023**

**JEFERSON CARLOS DE OLIVEIRA SILVA**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM CARACTERES FISIOLÓGICOS E DE  
PRODUTIVIDADE PARA O MELHORAMENTO  
GENÉTICO DA BATATA-DOCE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior  
Orientador

**LAVRAS-MG  
2023**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Silva, Jeferson Carlos de Oliveira.

Variabilidade genética em caracteres fisiológicos e de  
produtividade para o melhoramento genético da batata-doce /  
Jeferson Carlos de Oliveira Silva. - 2023.

113 p. : il.

Orientador(a): Valter Carvalho de Andrade Júnior.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2023.  
Bibliografia.

1. Biofortificação. 2. Multifuncionalidades. 3. Fisiologia. I.  
Andrade Júnior, Valter Carvalho de. II. Título.

**JEFERSON CARLOS DE OLIVEIRA SILVA**

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM CARACTERES FISIOLÓGICOS E DE  
PRODUTIVIDADE PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO DA BATATA-DOCE**

**GENETIC VARIABILITY IN PHYSIOLOGICAL AND PRODUCTIVITY TRAITS  
FOR BREEDING SWEET POTATO GENETICS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 11 de maio de 2023.

Prof. Dr. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho UFLA

Prof. Dr. Sebastião Márcio Azevedo UFLA

Prof. Dr. Haroldo Silva Vallone IFTM

Prof. Dr. Alcinei Místico Azevedo UFMG

Prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior  
Orientador

**LAVRAS-MG  
2023**

*Aos nossos pais e familiares.*  
*Aos amigos e irmãos.*  
*Aos nossos professores e mentores.*  
*Aos que trabalham pelo saber.*  
*Aos que praticam a moral caridosa.*  
*Aos que acreditam em nós.*  
*Aos que desejam cultivar para a vida.*  
*Aos que amam...*  
*Dedico*

## AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, pela oportunidade de realização do doutorado. Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG) pela concessão das bolsas de estudos e/ou infraestrutura para a realização dos trabalhos.

Ao prof. Dr. Valter Carvalho de Andrade Júnior, pela orientação, paciência, amizade, dedicação, liberdade, confiança e compreensão em todos os momentos. Ao prof. Ph.D. Wilson Roberto Maluf, que colaborou e não mediu esforços para me auxiliar, sempre com muita dedicação, paciência e boa vontade. Ao Prof. Sebastião Márcio de Azevedo, pelas sugestões na construção do trabalho e da tese. Ao Prof. Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho, pela parceria de trabalho e pelas sugestões na realização das análises estatísticas. Ao Pós-Doutorando Dr. Orlando Gonçalves Brito, pela colaboração didática.

Ao Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia (CDTT/ESAL/UFLA), por ceder as instalações e os materiais utilizados na condução dos ensaios experimentais, além da condução do banco de germoplasma que compõem parte deste trabalho. E, em especial, agradeço aos seus funcionários, principalmente ao Sr. Vicente Licursi pelos conselhos, Francisco Lote Cabral Licursi, Vanessa Daniella Rosa, Elenice Cândida de Souza Pereira, Vanderlei Flaviano de Almeida Fagundes, Ronaldo de Souza, Luiz Antônio de Oliveira e Júnior César dos Santos Gomes, pela amizade e auxílio nas atividades.

Aos amigos construídos nas cidades de Lavras e Ijaci, em especial aos que em virtude do isolamento social da pandemia, se tornaram meus familiares no curso deste trabalho. Destaco os colaboradores do CDTT e seus familiares, a Sra. Vanilda Rodrigues de Souza e família e o Sr. Antônio e família. Agradeço imensamente a amizade, carinho, ajuda e cuidados diários.

Aos colegas do grupo de Melhoramento de Hortaliças Tuberosas, Antônio Jorge Viegas Taula, Ariana Lemes da Costa, André Boscolo Nogueira da Gama, Sylmara Silva, Mariana Cruz de Souza, Eduardo Alves Silva, aos membros do Núcleo de Estudos em Olericultura, do GEPAD, NEFIT, do NESPED, do GEN, dentre outros, pela boa vontade, amizade e auxílio na condução e avaliação dos experimentos.

Aos funcionários do Setor de Olericultura, Stéfany Martins da Silva Lino, Luiz Gonzaga do Carmo e Valdeci José de Lima Costa, que tão bem me receberam em Lavras, e que sempre me auxiliaram com boa vontade e alegria, incentivando e contribuindo para o meu sucesso nos desafios. Assim como aos da equipe dos laboratórios multiusuários do Departamento de Sementes, Horto do Paisagismo, Fitopatologia, Solos, Genética, Botânica e Anatomia, Fisiologia Vegetal, Nutrição e Alimentos, Zootecnia e Veterinária. E principalmente, aos das fazendas Palmital e ao CDTT junto aos responsáveis, pela concessão do alojamento durante o isolamento social.

À Dra. Elisangela Elena Nunes Carvalho e ao Dr. Erick Darlison Batista, pelas contribuições para a melhoria desse trabalho durante o processo de seleção de cultivares e das avaliações a nível de campo e laboratório. Aos professores dos departamentos utilizados durante o trabalho, pela orientação científica, assim como grande contribuição no crescimento pessoal,

em nossa carreira profissional, incentivos e ensinamentos divergentes sobre a ciência agronômica e cidadã.

Ao professor Evaristo Mauro de Castro, do departamento de biologia, e aos seus orientados dos estudos em botânica estrutural da batata-doce, cuja contribuição científica na condução dos ensaios e coleta de dados foi essencial. Além do apoio moral e incentivo na condução dos trabalhos.

Aos professores desta banca avaliadora, Professor Valter, Professor Haroldo, Professor Júlio, Professor Sebastião, Professor Alcinei, Professor Luciano e Professor Luiz, por gentilmente cederem seu tempo para contribuir de forma científica e moralmente a este trabalho.

Aos meus pais, Maria Lúcia de Oliveira Silva e José Mário da Silva, aos meus irmãos Bruno Rafael Oliveira Silva, José Pedro da Silva Neto e José Mário da Silva Júnior, e aos familiares (cunhadas e sobrinhos), que mesmo distantes sempre me apoiaram caridosamente, dando-me força moral, buscando tornar meus dias mais felizes e inspiradores. Aos meus tios, tias, primos e sobrinhos, pelos incentivos, amor e carinho.

A todos que de alguma forma contribuíram para a conclusão de mais esta etapa primorosa, nesta jornada que me cumpre o dever! Sejam todos felizes!

O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Gratidão eterna! A Paz e Bem!

*“A caridade é paciente; é branda e benfazeja; não é invejosa; não é temerária, nem precipitada; não se enche de orgulho; – não é desdenhosa; não cuida de seus interesses; não se agasta, nem se azeda com coisa alguma; não suspeita mal; não se rejubila com a injustiça, mas se rejubila com a verdade; tudo suporta, tudo crê, tudo espera, tudo sofre. Agora, estas três virtudes: a fé, a esperança e a caridade permanecem; mas, dentre elas, a mais excelente é a caridade” (S. PAULO, 1ª Epístola aos Coríntios, 13:1 a 7 e 13.)*

*Não vos ensoberbeis do que sabeis, porquanto esse saber tem limites muito estreitos no mundo em que habitais... A inteligência é rica de méritos para o futuro, mas, sob a condição de ser bem empregada. (O Evangelho segundo o Espiritismo > Capítulo VII — Bem-aventurados os pobres de espírito > Instruções dos Espíritos > Missão do homem inteligente na Terra.)*

*“É uma luz mais brilhante que vem clarear a vossa marcha... Pelos frutos se reconhece a árvore... E vós, meus bem-amados, trabalhadores que suportais o calor do dia, que credes ter que vos lamentar da injustiça da sorte, bendizei vossos sofrimentos; agradecei a Deus; orai, não com os lábios, mas com o coração melhorado, porque os grandes serão humilhados, mas, como sabeis, os pequenos e os humildes serão exaltados.” (Jornal de estudos psicológicos - 1864 > Dezembro)*

*“Orai e crede! pois que a morte é a ressurreição, sendo a vida a prova buscada e durante a qual as virtudes que houverdes cultivado crescerão e se desenvolverão como o cedro.” (O Evangelho segundo o Espiritismo > Capítulo VI — O Cristo consolador > Instruções dos Espíritos. > Advento do Espírito de Verdade. > 5)*

*“Dissemos que o Espiritismo é toda uma ciência, toda uma filosofia. Quem, pois, seriamente queira conhecê-lo deve, como primeira condição, dispor-se a um estudo sério e persuadir-se de que ele não pode, como nenhuma outra ciência, ser aprendido a brincar.” (O Livro dos Médiuns ou guia dos médiuns e dos evocadores > Primeira parte — Noções preliminares > Capítulo III — Do método)*

*“O Espiritismo é, ao mesmo tempo, uma ciência de observação e uma doutrina filosófica. Como ciência prática, ele consiste nas relações que se podem estabelecer com os Espíritos; como filosofia, compreende todas as consequências morais decorrentes dessas relações.” (Revista espírita — Jornal de estudos psicológicos — 1864 > Abril > Resumo da lei dos fenômenos Espíritas)*

*“Venho dizer-vos que o progresso moral é o de mais útil aquisição, porque nos corrige as más inclinações e nos torna bons, caridosos e devotados aos nossos irmãos. Contudo, o progresso intelectual é também útil ao nosso adiantamento” (Revista espírita — Jornal de estudos psicológicos — 1861 > Maio > Ensinaamentos e dissertações espíritas > Progresso intelectual e moral (Enviada pelo Sr. Sabô, de Bordéus) Fonte: <https://kardecpedia.com/>)*

*“O Espírito progride em insensível marcha ascendente, mas o progresso não se efetua simultaneamente em todos os sentidos. Durante um período, ele pode se adiantar em ciência; durante outro, em moralidade.” (O Livro dos Espíritos > Parte segunda — Do mundo espírita ou mundo dos Espíritos > Capítulo VII — Da volta do Espírito à vida corporal)*

*“O pouco de ciência nos afasta de Deus, o muito, nos aproxima” Louis Pasteur*

## RESUMO

Objetivou-se com este estudo, analisar os parâmetros fisiológicos e produtivos de genótipos de batata-doce e utilizá-los como ferramentas para pré-seleção visando a tolerância à seca, além de avaliar e selecionar genótipos de batata-doce para diferentes aptidões agronômicas a partir da análise conjunta de ensaios por meio de duas épocas de cultivo. Os ensaios foram conduzidos no Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia (CDTT/ESAL), pertencente à Universidade Federal de Lavras (UFLA). A estação experimental está localizada em Ijaci, região Sul de MG. O ciclo foi de 150 dias em dois ensaios cada um, no período de novembro a março dos anos de 2021 e 2022, respectivamente. Os tratamentos foram 52 genótipos do segundo ciclo de seleção recorrente (C2) e cinco testemunhas comerciais locais. O delineamento experimental utilizado foi um modelo com controle de linhas e colunas incompleto. As leiras continham entre si um metro de espaçamento, construídas a 0,5 m de altura. A parcela útil em cada tratamento foi de três metros na leira contendo 10 plantas espaçadas equidistantes entre si. No ensaio para tolerância à seca, as avaliações ocorreram na segunda época, que consistiram em duas medidas quantitativas de acúmulo de biomassa na raiz e em folhas e ramas, assim como as fisiológicas avaliando a fotossíntese, condutância estomática, concentração intracelular de CO<sub>2</sub>, transpiração, eficiência de uso de água, relação carbono interno e externo, eficiência instantânea de carboxilação, potencial hídrico foliar, índice de vigor e o índice de clorofila. No outro ensaio, nos anos 1 e 2, foram avaliadas 13 características, sendo 7 quantitativas e 6 qualitativas, avaliadas em conjunto nos dois anos, com modelo linear misto, ajustado pelo BLUP e suas correlações genótípicas, com seleção independente de significância pelo efeito dos gráficos oriunda das análises estatísticas. O resultado da análise fisiológica indicou que os genótipos 397, 556, 1074, 1404 e 1440 apresentaram alto potencial como recombinantes para um programa de melhoramento direcionado à tolerância a seca. De forma geral, a maioria dos genótipos apresentaram potencial de uso fisiológico e produtivo para uma pré-seleção direcionada à tolerância a seca. O programa de melhoramento neste ciclo desta população apresentou potencial fisiológico e produtivo. As características fisiológicas de sensor proximal, sensor de clorofila e taxa de fotossíntese, relacionadas às quantitativas de produtividade de massa seca de ramas e produtividade de massa seca de raízes, devida à alta variabilidade genética, foram consideradas características chave na seleção inicial de genótipos de batata-doce, com sucesso prático na triagem direcionado ao foco de tolerância à seca. Quanto à análise conjunta (anos 1 e 2), os genótipos experimentais superaram as testemunhas, possuindo características múltiplas inseridas em vários genótipos antes não encontradas nas cultivares tradicionais. Os genótipos 210, 397, 464, 516, 527, 556, 1074, 1192, 1377, 1404, 1440 e 1476, são destaques para utilização em múltiplas aptidões de uso sustentáveis. Os genótipos 397, 516, 556, 1074 e 1404 são aptos ao consumo humano, alimentação animal e produção de etanol. Os genótipos 1192, 1377, 1440 e 1476 de polpa roxa intensa, são aptos à biofortificação genética. O genótipo 464 apresenta aptidão para alimentação animal. O genótipo 1440 foi destaque no padrão comercial. O genótipo 397 e 1268 tem formato e padrão comercial de alta qualidade. O genótipo 556 tem alto acúmulo de amido e desenvolvimento vigoroso. O genótipo 1476 e 1192 apresentaram alta intensidade de cor de polpa roxa, devido acúmulo de antocianinas nas raízes. O genótipo 1404 possui ótimo formato e crescimento de ramas compactas. Estes genótipos apresentados possuem múltiplos usos potenciais e devem ser considerados na continuidade do programa de melhoramento para estas características, inclusive para outros usos potenciais ainda não estudados.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas*. Produtividade. Antocianina. Fisiologia.

## ABSTRACT

### GENETIC VARIABILITY IN PHYSIOLOGICAL AND PRODUCTIVITY TRAITS FOR THE GENETIC IMPROVEMENT OF SWEET POTATOES

The objective of this study was to analyze the physiological and productive parameters of sweet potato genotypes and use them as tools for pre-selection aiming at drought tolerance, in addition to evaluating and selecting sweet potato genotypes for different agronomic aptitudes from the joint analysis of tests through two growing seasons. The tests were conducted at the Technology Development and Transfer Center (CDTT/ESAL), belonging to the Federal University of Lavras (UFLA), in Brasil. The experimental station is located in Ijaci, south of Minas Gerais, Brasil. The cycle was 150 days in two trials each, from November to March of the years 2021 and 2022, respectively. The treatments were 52 genotypes from the second round of recurrent selection (C2) and five local commercial checks. The experimental design used was a model with incomplete row and column control. The windrows were spaced one meter apart, built at a height of 0,5 m. The useful plot in each treatment was three meters in the windrow containing 10 plants spaced equidistant from each other. In the drought tolerance test, the evaluations took place in the second season, which consisted of two quantitative measures of biomass accumulation in the root and in leaves and branches, as well as the physiological measures evaluating photosynthesis, stomatal conductance, intracellular CO<sub>2</sub> concentration, transpiration, water use efficiency, internal and external carbon ratio, instantaneous carboxylation efficiency, leaf water potential, vigor index, and chlorophyll index. In the other test, in years 1 and 2, 13 characteristics were evaluated, 7 quantitative and 6 qualitative, evaluated together in the two years, with a mixed linear model, adjusted by BLUP and their genotypic correlations, with independent selection of significance by the effect of graphs derived from statistical analyses. The result of the physiological analysis indicated that genotypes 397, 556, 1074, 1404, and 1440 showed high potential as recombinants for a breeding program aimed at drought tolerance. In general, most genotypes showed potential for physiological and productive use for a pre-selection aimed at drought tolerance. The breeding program in this cycle of this population showed physiological and productive potential. The physiological characteristics of the proximal sensor, chlorophyll sensor, and photosynthesis rate, related to the quantitative productivity of dry mass of branches and productivity of dry mass of roots, due to the high genetic variability, were considered key characteristics in the initial selection of potato genotypes -sweet, with practical success in screening directed to the focus of drought tolerance. As for the joint analysis (years 1 and 2), the experimental genotypes outperformed the controls, having multiple characteristics inserted in several genotypes previously not found in traditional cultivars. Genotypes 210, 397, 464, 516, 527, 556, 1074, 1192, 1377, 1404, 1440, and 1476 are highlighted for use in multiple sustainable use skills. Genotypes 397, 516, 556, 1074, and 1404 are suitable for human consumption, animal feed, and ethanol production. Genotypes 1192, 1377, 1440, and 1476 with intense purple pulp are suitable for genetic biofortification. Genotype 464 is suitable for animal feed. Genotype 1440 was highlighted in the commercial pattern. Genotypes 397 and 1268 have a high-quality commercial standard and format. Genotype 556 has high starch accumulation and vigorous development. Genotypes 1476 and 1192 showed a high intensity of purple pulp color, due to the accumulation of anthocyanins in the roots. Genotype 1404 has an excellent shape and growth of compact branches. These presented genotypes have multiple potential uses and should be considered in the continuation of the improvement program for these traits, including other potential uses not yet studied.

**Keywords:** *Ipomoea batatas*. Productivity. Anthocyanin. Physiology.

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO 2

- Figura 1 - Dados climáticos da avaliação, durante o período de verão de novembro (2021) a abril (2022) do período de cultivo do plantio a colheita (150 DAP)..... 32
- Figura 2 - Gráficos dos intervalos de confiança do BLUP para: A) Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), e B) Taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022). ..... 39
- Figura 3 - Gráficos dos intervalos de confiança do BLUP para: A) transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>) e B) área abaixo da curva do sensor de clorofila SPAD (AUC Cloro) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022)..... 40
- Figura 4 - Gráfico dos intervalos de confiança do BLUP para: A) área abaixo da curva do sensor de vigor NDVI GreenSeeker (AUC Prox) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022)..... 41
- Figura 5 - Gráficos dos intervalos de confiança do BLUP para: A) produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>); B) produtividade de massa seca de raízes (PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022). ... 42

### APÊNDICES

- Figura 6 - Croqui e Planejamento Estrutural do Experimento..... 61
- Figura 7 - Diagrama do Histórico desenvolvido no Ciclo de recombinação C1 e C2. .... 62
- Figura 8 - Diagrama do Histórico da fase de triagem A Clones. .... 63
- Figura 9 - Diagrama da fase de avaliação em aptidões de uso. .... 64

### CAPÍTULO 3

- Figura 1 - Dados climáticos dos anos de cultivo 2020/2021 (A) e 2021/2022 (B), durante o período de verão de novembro a abril de cada época de cultivo..... 72
- Figura 2 - Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Produtividade de raízes totais expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PRT) e B - Produtividade de folhas e ramos verde (PFRV) expressa em Mg ha<sup>-1</sup> expressa em Mg ha<sup>-1</sup>..... 82
- Figura 3 - Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG

	(2021 e 2022). As quais: A - Produtividade de massa seca de raízes expressa em Mg ha <sup>-1</sup> (PesoMSR) e B - Produtividade de massa seca de folhas e ramas (PMSFR) expressa em Mg ha <sup>-1</sup> . ....	83
Figura 4 -	Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Massa seca de raízes (MSRpercentual) expressa em porcentagem (%) e B - Massa seca das folhas e ramas (MSFR%) expressa em Porcentagem (%). ....	84
Figura 5 -	Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Produtividade de raízes comerciais totais (PRC) expressa em Mg ha <sup>-1</sup> . ....	85
Figura 6 -	Gráficos dos Intervalos de confiança dos BLUP de características qualitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. A - Padrão Comercial (PC) e B - Formato geral (FOR). ....	90
Figura 7 -	Gráficos dos Intervalos de confiança dos BLUP de características quantitativas e qualitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. A - Resistência a Insetos (RI) e B - Cor de Casca (CC). ....	91
Figura 8 -	Gráficos dos intervalos de confiança dos BLUP de características quantitativas e qualitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. A - Cor de Polpa (CP); G - Intensidade da cor de polpa (INT). ....	92

## APÊNDICES

Figura 9 -	Croqui e Planejamento Estrutural do Experimento da primeira época (Ano 1). ....	110
Figura 10 -	Croqui e Planejamento Estrutural do Experimento da segunda época (Ano 2). ....	111
Figura 11 -	Diagrama de genótipos elite por seleção independente. ....	112

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO 2

Tabela 1 - Correlações genéticas e Herdabilidade de características fisiológicas e produtivas: Área abaixo da curva (AUC) dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (AUCProx), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (AUCCloro), produtividade de massa seca de folhas e ramas (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes(PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací, MG. UFLA, 2023. 44

### APÊNDICE

Tabela 2 - Médias das variáveis fisiológicas e produtivas em: Área abaixo da curva dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (Prox-45; Prox-90; Prox-125; Prox-150), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (Cloro-90; Cloro-125; Cloro-150), produtividade de massa seca de folhas e ramas (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes(PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce da UFLA em Ijací MG. UFLA, 2023. ....58

### CAPÍTULO 3

Tabela 1 - Estimativas dos parâmetros genéticos para os 7 caracteres em estudo nos experimentos em duas épocas com 57 genótipos de batata-doce em Ijací-MG (2021 e 2022). Componentes da variância e herdabilidades no sentido amplo para a seleção entre genótipos.....79

Tabela 2 - Ajustes das médias gerais absolutas no BLUP para as características mais importantes, em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. Lavras, MG. UFLA. 2023. ....80

Tabela 3 - Estimativas dos parâmetros genéticos para os 57 genótipos de batata-doce em Ijací-MG (2021 e 2022). Em componentes da variância e herdabilidades no

	sentido amplo para a seleção entre genótipos, calculadas para as características qualitativas mais importantes, em dois anos de cultivo. Lavras, MG. UFLA. 2023.....	86
Tabela 4 -	Model Threshold coefficients. Lavras, MG. UFLA. 2023 .....	87
Tabela 5 -	Correlações genéticas acima e suas significâncias abaixo da diagonal. Para 13 características avaliadas em 57 genótipos batata-doce. Ijací MG – 2020 a 2022. Lavras, MG. UFLA. 2023 .....	88
Tabela 6 -	Seleção independente de 13 genótipos de batata-doce com médias observadas em dois anos de: Produtividade Massa Seca (MS) de folhas e ramas $\text{Mg ha}^{-1}$ (PMSFR); Teor de proteína bruta (PB (%)) e produtividade de proteína bruta na massa seca de folhas e ramas $\text{Mg ha}^{-1}$ (ProdPB); Produtividade de raízes totais em $\text{Mg ha}^{-1}$ (PRT); Produtividade de raízes comerciais em $\text{Mg ha}^{-1}$ (PRC); Rendimento comercial de raízes de mesa (%R); Produtividade de MS nas raízes $\text{Mg ha}^{-1}$ (MSR); Teor de amido nas raízes (Amido (%)); Produtividade de amido $\text{Mg ha}^{-1}$ na MSR (PA); Teor de proteína bruta nas raízes % (PBR) e Antocianinas totais na MSR e $\text{mg}/100\text{g}$ (Ant) de 13 genótipos (GEN) e a melhor testemunha “Ligeirinha” (T1), selecionáveis como potenciais cultivares para a região do Campo das Vertentes – Lavras, MG. UFLA. 2023.....	94
Tabela 7 -	Composição centesimal de vegetais in natura comparado à batata-doce. ....	99

## SUMÁRIO

	<b>CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>16</b>
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>16</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>24</b>
	<b>CAPÍTULO 2 ANÁLISES FISIOLÓGICAS E PRODUTIVAS DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COMO FERRAMENTAS DE PRÉ-SELEÇÃO PARA TOLERÂNCIA A SECA .....</b>	<b>28</b>
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>30</b>
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>32</b>
<b>2.1</b>	<b>Condições experimentais e implantação.....</b>	<b>32</b>
<b>2.2</b>	<b>Variáveis fisiológicas e trocas gasosas avaliadas .....</b>	<b>34</b>
<b>2.3</b>	<b>Variáveis agronômicas avaliadas .....</b>	<b>35</b>
<b>2.4</b>	<b>Planejamento e análise estatística .....</b>	<b>35</b>
<b>2.4.1</b>	<b>Estrutura de tratamentos .....</b>	<b>36</b>
<b>2.4.2</b>	<b>Controle local.....</b>	<b>36</b>
<b>2.4.3</b>	<b>Modelo Linear Misto.....</b>	<b>36</b>
<b>3</b>	<b>RESULTADOS.....</b>	<b>38</b>
<b>4</b>	<b>DISCUSSÃO .....</b>	<b>45</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO .....</b>	<b>52</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>53</b>
	<b>APÊNDICES.....</b>	<b>56</b>
	<b>CAPÍTULO 3 ANÁLISE CONJUNTA APLICADA À SELEÇÃO MULTIFUNCIONAL DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE.....</b>	<b>65</b>
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>66</b>
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>70</b>
<b>2.1</b>	<b>Condições experimentais e implantação.....</b>	<b>70</b>
<b>2.2</b>	<b>Variáveis avaliadas.....</b>	<b>72</b>
<b>2.3</b>	<b>Planejamento e análise estatística .....</b>	<b>75</b>
<b>2.3.1</b>	<b>Estrutura de tratamentos .....</b>	<b>75</b>
<b>2.3.2</b>	<b>Controle local.....</b>	<b>76</b>
<b>2.3.3</b>	<b>Análises estatísticas .....</b>	<b>77</b>

<b>3</b>	<b>RESULTADOS.....</b>	<b>79</b>
<b>4</b>	<b>DISCUSSÃO .....</b>	<b>95</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO .....</b>	<b>104</b>
	<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>105</b>
	<b>APÊNDICES .....</b>	<b>110</b>

## CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL

### 1 INTRODUÇÃO

A cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam.) é amplamente cultivada, destacando-se como uma das plantas alimentares mais importantes no mundo, tanto por aspectos quantitativos como qualitativos (BRITO *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022). No ano de 2021 foram produzidas 89,5 milhões de toneladas em 7,4 milhões de hectares no mundo, com valor da produção estimado em 60 milhões de dólares (FAOSTAT, 2023). Neste cenário, a China se evidencia como o maior produtor, responsável por 49,2 milhões de toneladas de raízes em uma área de 2,3 milhões de hectares, no ano 2020 (FAOSTAT, 2023).

Apesar da importância da cultura para o Brasil, o país se configura apenas como o 15º maior produtor mundial de batata-doce (FAOSTAT, 2023). Isto decorre dos baixos níveis tecnológicos aplicados aos cultivos, como a escassez de genótipos adaptados às diferentes regiões de cultivo, o que resulta em produtividades muito aquém do potencial da cultura (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018; BRITO *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2022). Apesar disso, de acordo com dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), a área de batata-doce cultivada no Brasil aumentou 20,7% entre os anos de 2016 e 2020, saindo de 49.554 ha para 59.790 ha, respectivamente (IBGE, 2022). Isto elevou a quantidade produzida em 26,7%, com produção de 669.454 Mg em 2016 e 847.896 Mg em 2020. Outro destaque do período foi o aumento do valor da produção (26,1%), que passou de R\$ 801,23 milhões para R\$ 1.010 milhões (IBGE, 2022). Todavia, o incremento de produtividade no mesmo período foi considerado baixo (1,3%), saindo de 14,07 Mg ha<sup>-1</sup> em 2016 para 14,25 Mg ha<sup>-1</sup> em 2020.

O principal produtor de batata-doce do Brasil é o estado de São Paulo, com 182 mil Mg ha<sup>-1</sup> produzidas em 2020 (IBGE, 2022). Já o estado de Minas Gerais é o quarto maior produtor, com produção estimada em 68.142 Mg no ano de 2020, em 3.825 ha e com rendimento médio de 17,82 Mg ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2022). Devido à grande discrepância na produtividade e qualidade regional da cultura, pesquisas de melhoramento genético visando a seleção de genótipos superiores são necessárias para aumentar a produtividade e melhorar o padrão comercial das raízes (SILVA *et al.*, 2022; SOUZA *et al.*, 2022). Isto pode contribuir para a expansão da cultura no país, elevando-se os patamares de produção e a geração de renda para os produtores rurais.

Em programas de melhoramento genético da batata-doce, a seleção recorrente é uma alternativa viável para o desenvolvimento de novos genótipos. Este método de melhoramento facilita a introdução de caracteres quantitativos e qualitativos, inclusive aqueles de baixa herdabilidade. Para isso, frequentes ciclos de seleção e recombinação devem ser realizados. Assim, é possível obter maior efeito aditivo e, conseqüentemente, maior número de possíveis genótipos superiores disponíveis para a seleção (COSTA *et al.*, 2022). Por isso, a seleção recorrente para a batata-doce é um método eficiente e muito utilizado na cultura. O método é facilitado na espécie devido a sua alta variabilidade genética, autoincompatibilidade genética e fácil propagação clonal (SILVA *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022; BRITO *et al.*, 2022).

Este método permite a recombinação de alelos favoráveis por meio de policruzamentos de genótipos elite pré-selecionados. A partir daí, as sementes botânicas obtidas dão origem a novos genótipos, os quais são avaliados, selecionados e novamente recombinados (CIP, 2009; SILVA *et al.*, 2022). No caso da batata-doce, o processo de manutenção dos melhores genótipos é facilitado, devido à fácil propagação vegetativa da cultura. Assim, genes favoráveis fixados por dominância, epistasia, efeitos aditivos e vantagens evolutivas no genoma são facilmente mantidos devido a clonagem de genótipos superiores para triagem ou produção comercial (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011; LAURIE *et al.*, 2022). Com isso, o método da seleção recorrente em batata-doce é uma estratégia eficiente, que permite a obtenção de genótipos de alto desempenho, que atendam a diferentes finalidades comerciais (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011; LAURIE *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022).

As raízes de reserva da cultura podem apresentar elevados teores de massa seca, acima de 42%, constituída principalmente por amido (>85%) (NIU *et al.*, 2019). Estas raízes também são ricas em proteínas, fibra alimentar, vitaminas, minerais e compostos bioativos (ALBUQUERQUE *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2022). Estes nutrientes, além de fornecer energia, apresentam alto valor antioxidante, nutracêuticos, anti-hepatotoxicidade, anti-hipertensivo, anti-inflamatório, antibacterianos e anticarcinogênicos (SUN *et al.*, 2019; CHUN-HUI *et al.*, 2022; ALBUQUERQUE *et al.*, 2020), propriedades recomendadas para uma vida saudável.

Segundo Szot *et al.*, (2022) há indícios de que os fitonutrientes presentes nas raízes e ramas da batata-doce possuem efeitos intestinais preventivos, promovem maior desempenho cognitivo e melhoram a performance nos esportes. No caso de raízes de cor de polpa alaranjadas, são ricas em betacaroteno, pigmento carotenoide precursor da vitamina A. Este nutriente é essencial para o desenvolvimento dos órgãos da visão, formação da pele,

prevenção de doenças e crescimento do corpo (SANTOS *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2022). Já raízes com alto teor de outros pigmentos, como as antocianinas nas raízes de polpa roxa, são potentes antioxidantes e pré-bióticos (ALBUQUERQUE *et al.*, 2020; CHUN-HUI *et al.*, 2022). Quanto maior a intensidade na pigmentação das raízes de reserva, ou seja, polpas de coloração intensa alaranjadas, amarelas e roxas, maior a presença de compostos bioativos funcionais, como pró-vitaminas, fenólicos e compostos antioxidantes (ALBUQUERQUE *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2022).

Assim, cabe aos programas de melhoramento selecionar genótipos que expressem fortemente estas colorações em suas polpas de raízes. Todavia, é importante que, além das colorações intensas de polpa, estes genótipos combinem alta produtividade e qualidade de raízes, além de resistência às principais pragas e doenças (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018; BRITO *et al.*, 2021; COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022). A seleção combinada deste conjunto de vantagens permite a recomendação dos genótipos para diferentes aptidões agronômicas, inclusive biofortificando-os geneticamente (SILVA *et al.* 2022; LAURIE *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022; ZEIST *et al.*, 2022).

A batata-doce é uma planta hexaplóide ( $2n=6x=90cr$ ), alógama e autoincompatível, o que lhe confere alta variabilidade genética (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011; SILVA *et al.*, 2022; LAURIE *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022; ZEIST *et al.*, 2022). Como resultado desta grande diversidade genética, é possível o desenvolvimento de genótipos superiores aos pré-existentes e que podem atender diferentes aptidões agronômicas. Sua variabilidade genética aliada à plasticidade dos genes centrais e associada no genoma, por fatores ainda desconhecidos, interfere na expressão gênica principal em diferentes ambientes, isso é efeito do pangenoma da espécie, assim como do acúmulo de vantagens evolutivas ligado à propagação vegetativa, que geram tolerâncias e adaptações múltiplas (HOOPES *et al.*, 2022; SOUZA *et al.*, 2022).

Devido sua versatilidade e qualidade nutricional, diversos produtos alimentícios podem ser produzidos a partir da batata-doce. Na indústria alimentícia é amplamente utilizada como fonte de amido para a produção de macarrão, batata-doce pré-frita, bebidas alcoólicas e xaropes biofortificados naturalmente (NIU *et al.*, 2019). Além disso, a cultura é usada como matéria prima para plásticos biodegradáveis, corantes e bioetanol (GONÇALVES NETO, 2011; SILVA *et al.*, 2022). A batata-doce fresca, processada como pré-fritas também é muito popular em países como Brasil, EUA, China e muitos outros países. Aliado ao uso industrial da cultura, há o grande potencial de reaproveitamento dos subprodutos pós-processamento, os

quais podem ser direcionados especialmente para a alimentação animal (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018; NIU *et al.*, 2019).

Recentemente, os custos dos suprimentos para a alimentação de animais são elevados. Isto ocorre mesmo sob condições de pastejo, pois, geralmente, há grande escassez de alimentos devido aos períodos de seca, o que resulta em perdas de peso e mortalidade dos animais por falta de alimentos. Com isso, os produtores têm buscado alternativas alimentares para suprir a baixa disponibilidade de forragem para os animais, sejam ruminantes ou monogástricos, de forma que promovam o crescimento e ganho de peso (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020). Nesse contexto, a batata-doce pode ser uma alternativa viável para tal finalidade, apesar de ser tradicionalmente cultivada para a produção de raízes para consumo humano. O subproduto industrial, as raízes não comerciais, e a sua biomassa aérea, apresentam características satisfatórias para alimentação animal (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2022). Estas partes são ricas em fibras, açúcares, vitaminas e possuem alto teor de proteína bruta, nutrientes digestivos totais e boa digestibilidade (VIANA *et al.*, 2011; GALLA *et al.*, 2020).

O milho é um dos principais componentes da dieta alimentar dos animais, tendo como principal função o fornecimento de energia. Dessa forma, a busca por ingredientes alternativos e eficientes para substituir o milho é importante, especialmente considerando o elevado preço desta *commodity* no mercado (MALAGUEZ *et al.*, 2021). Dentre estas alternativas alimentares tem-se a batata-doce *in natura* (raízes e ramas) e seus subprodutos. Comparativamente, o milho e a batata-doce possuem conteúdos de amido similares, com 70% e 75%, respectivamente (MIBACH *et al.*, 2021). A composição também é semelhante, pois o amido do milho é formado por 30% de amilose e 70% de amilopectina, enquanto que o amido de batata-doce é formado por 28% de amilose e 72% de amilopectina (GÓMEZ *et al.*, 2016). Porém, é importante destacar, que estudos indicam que pode haver diferenças benéficas na eficiência da fermentação ruminal destes tipos de amido (GÓMEZ *et al.*, 2016).

Em alimentos amiláceos, o tamanho do grânulo, a relação amilose/amilopectina, a proporção de endosperma farináceo e vítreo, a formação de complexos com lipídeos e proteínas e o seu processamento físico-químico, interferem na digestibilidade do amido (GÓMEZ *et al.*, 2016). A batata-doce tem amido com propriedades físico-químicas valiosas para a indústria, como características espessantes, alto poder de entumescimento e solubilidade, baixa cristalinidade e propriedades térmicas, alta pureza com luminosidade acima de 90% (WANG *et al.*, 2020).

A substituição do milho moído por farinha de batata-doce na alimentação de ovelhas pode ser realizada em qualquer nível, sem comprometer o consumo e a digestibilidade dos nutrientes (MIBACH *et al.*, 2021). As ramas e folhas são utilizadas puras ou em associação com raízes como ração para suínos, fresco ou conservado em silagem (MONTEIRO *et al.*, 2007). Viana *et al.* (2011) destacam que a silagem de ramas e folhas de batata-doce contém proteína, conteúdos energéticos e fermentativos adequados para alimentação animal, especialmente para ruminantes. Silagens produzidas a partir de ramas e folhas de batata-doce têm em média 11,6% de proteína bruta e 63,0% de nutrientes digestíveis totais (NDT), além de baixo teor de fibras (FIGUEIREDO *et al.*, 2012; AZEVEDO *et al.*, 2015), demonstrando o alto valor nutritivo deste alimento.

A suplementação de bovinos com silagem de ramas de batata-doce pode, assim, contribuir concomitantemente para um melhor desempenho animal e menor impacto ambiental (ALI *et al.*, 2019). As farinhas de raízes e ramas, em *pellets* ou extrusadas na ração servem como ingrediente alternativo eficaz nas dietas de frangos de corte e poedeiras (KHAN *et al.*, 2019). A batata-doce também pode ser um ingrediente alimentar aceitável para a tilápia híbrida, pois pode ser incluída em até 33% da dieta sem afetar adversamente o crescimento, rendimento de mercado, índices sensoriais ou qualidade da água quando comparado a uma dieta padrão de tilápia híbrida do Nilo (MIDDLETON *et al.*, 2001).

A biomassa das folhas e ramas podem ser utilizadas como complemento proteico de alto nível, pois sua qualidade digestiva e valores de proteína bruta (PB) são, em média, 11,59% da massa seca (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020). Em estudo conduzido por Silva *et al.* (2022), o rendimento médio de biomassa seca nas folhas e ramas em genótipos de batata-doce foi de 17,32 Mg ha<sup>-1</sup>. Considerando um ciclo de até 6 meses e com em média 11,59% de PB na biomassa seca das folhas e ramas, isto representa aproximadamente 2,0 Mg ha<sup>-1</sup> de PB. Esta quantidade de biomassa equivale a 4,181 Mg ha<sup>-1</sup> de farelo de soja, ou seja, 5,292Mg ha<sup>-1</sup> de grãos de soja. Isso ocorre devido a soja produzir em média 36 a 48% de PB no farelo de soja, cujo rendimento médio é de 78 a 80% de farelo de soja em 100% de grãos secos no processamento de óleo (SILVA *et al.*, 2022). Assim, a quantidade de PB apenas presente nas ramas de batata-doce equivale a aproximadamente 88,21 sacas ha<sup>-1</sup> de grãos de soja. Isso reforça o potencial das ramas de batata-doce para alimentação animal, pois a proteína bruta presente nos caules e folhas é superior à fornecida pela soja por hectare, cuja produtividade média no Brasil é próxima à 54 sacas ha<sup>-1</sup> e tem custo mais elevado (SILVA *et al.*, 2022).

Outro ponto importante é que a batata-doce tradicionalmente é uma hortaliça tuberosa com ampla adaptação a diferentes ambientes, caracterizada por sua boa tolerância a estresses

ambientais e baixo custo de produção (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020). Com isso, a cultura pode ser uma alternativa viável para a alimentação humana e animal em regiões suscetíveis à seca, como as regiões semiáridas do Brasil.

A seca vem causando grandes prejuízos aos produtores, pecuaristas, e ao meio ambiente. A batata-doce é sensível ao déficit hídrico no pegamento inicial, desenvolvimento vegetativo e tuberização (SAQIB *et al.*, 2017). Isto interfere diretamente sobre a produtividade de raízes comerciais, mesmo em cultivos de verão e inverno com longos períodos de estresse hídrico e veranicos, como observado em ensaios nestes períodos climáticos (SILVA *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022). Com isso, quanto maior o nível de seca menor será a quantidade e a qualidade da produção de batata-doce (RAHMAWATI *et al.*, 2020).

A água é o principal fator abiótico que afeta a produtividade das culturas e, conseqüentemente, a disponibilidade de alimentos globalmente. Uma alternativa de convivência com a seca e garantia da segurança alimentar é o melhoramento genético de plantas visando tolerância à seca (GOUVEIA *et al.*, 2019; LAURIE *et al.*, 2022; ONU, 2022; FAO, 2020). A tolerância à seca em batata-doce ainda é pouco explorada em pesquisas agrícolas, por isso são escassos os estudos referentes ao assunto na literatura. Alguns estudos sugerem que a tolerância à seca é afetada por vários processos fisiológicos, e ocorre variação considerável entre os genótipos (AGILI *et al.*, 2012; YOOYONGWECH *et al.*, 2014; LAURIE *et al.*, 2022). Estudos preliminares de Nhanala e Yenchu (2021) indicam que os genótipos selvagens rastreados podem não ser uma fonte de germoplasma para tolerância à seca e que níveis significativos de tolerância à seca podem existir na batata-doce cultivada. Isso reforça o potencial dos programas de melhoramento na identificação destas fontes de resistência à seca em germoplasmas recombinantes.

Estudos exploratórios de triagem de genótipos superiores de batata-doce são essenciais para investigar reações bioquímicas e fisiológicas que indiquem tolerância à seca. Estes estudos se baseiam no comportamento fisiológico e morfoagronômico dos genótipos (TAIZ *et al.*, 2017; LAURIE *et al.*, 2022), ou mesmo por meio de marcadores moleculares para verificação dos genes envolvidos nesta tolerância (LAURIE *et al.*, 2022). As reduções no crescimento das plantas submetidas ao déficit hídrico são resultantes de limitações fisiológicas proporcionais às condições de restrição hídrica no solo (DELAZARI *et al.*, 2018). Isto afeta diretamente a condutância estomática, transpiração, crescimento foliar (Índice de Área Foliar) e a concentração de clorofila (DELAZARI *et al.*, 2018). Com isso, genótipos tolerantes à seca apresentam melhores respostas fisiológicas ligadas à eficiência de uso de

água, transpiração, índice de clorofila e acúmulo de biomassa (GOUVEIA *et al.*, 2019). O conhecimento deste comportamento é importante, pois norteia algumas variáveis a serem avaliadas nos programas de melhoramento visando tolerância à seca.

Diversos indicadores podem ser avaliados para a verificação da tolerância à seca em genótipos de batata-doce. Inicialmente, a determinação das concentrações de nitrato redutase, prolina (YOOYONGWECH *et al.*, 2014; 2017) e clorofila extraída aos 60 dias após o plantio, assim como o estresse hídrico que representa uma restrição global para a produção, são bons indicadores para plantas com potencial seleção, com foco na tolerância à seca (GOUVEIA *et al.*, 2019). Estudos com o enriquecimento de açúcar solúvel e prolina livre em plantas pré-tratadas com paclobutrazol, apresentaram resultados positivos como principal mecanismo osmoprotetor e promotor a tolerância à seca, atuando no controle do potencial osmótico da folha e do fechamento estomático, quando as plantas foram submetidas a baixo teor de água no solo (YOOYONGWECH *et al.*, 2017).

As características chave são muito estudadas, uma delas é o acúmulo de biomassa metabolizada total, como em estudos com alocação, distribuição e trocas gasosas para o acúmulo de massa seca metabolizada em batata-doce, que apresentaram valores elevados quando há aumento o teor de água no solo (ZHANG *et al.*, 2015). Para que isso ocorra, logicamente a taxa fotossintética de batata-doce deverá ser positiva e significativamente correlacionada com a Rubisco (ZHANG *et al.*, 2015), que é a base da fixação de carbono.

Agili *et al.* (2012) sugerem que a indicação de genótipos elite para uso comercial deve finalmente acompanhar a qualidade e a produtividade global da cultura, tendo em vista a dificuldade de definir bons preditores a tolerância à seca individualmente, devida complexidade do genoma da cultura, e poucos estudos consistentes relacionados a seca.

A alta plasticidade fenotípica de características morfológicas e anatômicas associadas à produtividade e tolerância à seca estão inteiramente ligadas (PIRES *et al.*, 2022). Devido a isto, o melhorista deve levar em consideração várias características de importância genética e produtiva durante os ciclos de melhoramento (PIRES *et al.*, 2022; Silva *et al.*, 2022). Todavia isto nem sempre acontece no melhoramento, devido às limitações operacionais ou mesmo de custos.

É importante destacar que, quando são levados em consideração muitas características na seleção, principalmente as mais importantes para a aptidão de interesse, conseqüentemente, a tolerância à seca é atendida indiretamente. Isto ocorre por conseqüências naturais do genoma, do viés de sobrevivência e dos efeitos dos genes associados (COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022; PIRES *et al.*, 2022; HOOPES *et al.*, 2022).

Em um estudo inicial, foram coletados mais de 80 clones regionais da região dos Vales do Jequitinhonha e Mucurí, entre produtores rurais e comunidades tradicionais, mantidos no banco ativo de germoplasma colecionado pela Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucurí (UFVJM) entre os anos de 2007 a 2018, em uma coleção clonal, utilizados como objeto de estudo por Andrade Júnior *et al.*, (2018; 2020). O qual, posteriormente, foram utilizados por Silva *et al.*, (2022) e Costa *et al.*, (2022) na Universidade Federal de Lavras (UFLA), o que permitiu a seleção de genótipos em múltiplas aptidões, por meio de um ciclo de seleção recorrente (C1). Aqui neste estudo desenvolvido entre os anos de 2018 a 2023, após o segundo ciclo de seleção recorrente (C2), aqueles genótipos mais promissores foram direcionados a triagens e avaliações em potenciais de uso (A – Clones) (CIP 2009).

Desta forma, objetivou-se com este estudo: i) analisar os parâmetros fisiológicos e produtivos de genótipos de batata-doce e utilizá-los como ferramentas para pré-seleção visando tolerância à seca e; ii) selecionar genótipos de batata-doce para diferentes aptidões agrônômicas a partir da análise conjunta de ensaios.

## REFERÊNCIAS

- AGILI, S.; NYENDE, B.; NGAMAU, K.; MASINDE, P. Selection, Yield Evaluation, Drought Tolerance Indices of Orange-Flesh Sweet potato (*Ipomoea batatas* Lam) Hybrid Clone. **J Nutr Food Sci.**, [S.l.], v. 2, n. 138, 2012.
- ALBUQUERQUE, T. M. R.; MAGNANI, M.; LIMA, M. dos S.; CASTELLANO, L. R. C.; SOUZA, E. L. Effects of digested flours from four different sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) root varieties on the composition and metabolic activity of human colonic microbiota *in vitro*. **Journal of Food Science**, [S.l.], v. 86, p. 3707-3719, 2021.
- ALI, A.I.M.; WASSIE, S.E.; KORIR, D.; MERBOLD, L.; GOOPY, J.P.; BUTTERBACH-BAHL, K.; DICKHOEFER, U.; SCHLECHT, E. Supplementing Tropical Cattle for Improved Nutrient Utilization and Reduced Enteric Methane Emissions. **Animals**, [S.l.], v. 9, n. 210, 2019
- ANDRADE JÚNIOR, V. C. de *et al.* Association between agronomic characters and hay quality of sweet potato branches. **Horticultura Brasileira**, [online], v. 38, n. 1, p. 27-32, 2020.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; ELSAYED, A.; AZEVEDO, A.; SANTOS, E.; FERREIRA, M. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos batata-doce. **Rev Sci Agrar.**, [S.l.], v. 19, p. 28-35, 2018.
- ALBUQUERQUE, T. M. R. de; BORGES, C. W. P.; CAVALCANTI, M. T.; LIMA, M. dos S.; MAGNANI, M.; SOUZA, E. L. de. Potential prebiotic properties of flours from different varieties of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) roots cultivated in Northeastern Brazil. **Food Bioscience**, [S.l.], v. 36, p. 100614, 2020.
- BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; LOPES, T.K.; SILVA, J.C.O; FIRME, T.D.; SILVA, E.A.; AZEVEDO, S.M. Flowering capacity and botanical seed production of sweet potato genotypes. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 39, 2021.
- CHUN-HUI, C. *et al.* "Analysis of Chlorogenic Acid in Sweet Potato Leaf Extracts." **Plants**, [S.l.], v. 11, n. 15, p. 2063, 2022.
- CIP. Centro Internacional De La Papa. **Plant breeding and farmer participation**. 2009. Chapter 13, Selection methods Part 5: Breeding clonally propagated crops. Cross Ref View Record in Scopus. CIP, International Potato Center (Annual Report—Embracing the SDGs in, 2015: CIP, International Potato Center (Annual Report—Embracing the SDGs in 2015).
- COSTA, A. L.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; GAMA, A. B. N.; SILVA, E. A.; BRITO, O. G.; SILVA, J. C. O.; BUENO FILHO, J. S. S. Selection of superior sweet potato genotypes for human consumption via mixed models. **Bragantia**, [S.l.], v. 81, p. e4122, 2022.
- DELAZARI, F. T.; ASSIS, I. R.; CABRERA, D. F. V.; FERREIRA, M. G.; DIAS, L. E., RUEDA, A.; ZANUNCIO, J. C.; SILVA, D. J. H. Morpho-physiological characteristics by sweet potato cultivars as function of irrigation depth. *In: ACADEMIA BRASILEIRA DE CIÊNCIAS*, 90., 2018, [S.l.]. **Anais [...]**. [S.l.]: An. Acad. Bras. Ciênc., 2018. V. 90. N. 4, 2018.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Fruit and vegetables – your dietary essentials. **The International Year of Fruits and Vegetables**. Rome, 2020.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics Division. **Sweet Potatoes**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em: 16 jan. 2023.

GALLA, N.A.; NAMPIJA, Z.; LUTWAMA, V.; MAYANJA, S.; GRANT, F.; KYALO, G.; KIGGUNDU, M.; ZZIWA, NI-K, J. Effects of Inclusion Levels of Sweet Potato Vine Silage on Feed Intake, Milk Production and Profitability of Lactating Crossbred Dairy Cows. **Open Journal of Animal Sciences**, [S.l.], v. 10, p. 608-617, 2020.

GÓMEZ, L. M. *et al.* Starch in ruminant diets: a review, **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, [S.l.], v. 29, p. 77-90, 2016.

GONÇALVES NETO, A, C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; GONÇALVES, R.J.S.; SILVA, V.F.; LASMAR, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. **Pesqui Agropecu Bras.**, [S.l.], v. 46, p. 1513-1520, 2011.

GOUVEIA, C. S. S.; GANANÇA, J. F. T.; NÓBREGA, H. G. M. de; FREITAS, J. G. R. de; LEBOT, V.; CARVALHO, M. A. A. P. de. Drought Avoidance and Phenotypic Flexibility of Sweet Potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) Under Water Scarcity Conditions. **Not Bot Horti Agrobo.**, [S.l.], v. 47, n. 4, p. 1036-1046, 2019.

TAIZ, L. *et al.* **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. (Trad.). In: MASTROBERTI, A. A. OLIVEIRA, P. L. (Rev.). 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

WANG, H.; YANG, Q.; FERDINAND, U.; GONG, I.; YANG QU, WENCHUAN, G. *et al.* Isolation and characterization of starch from light yellow, orange, and purple sweet potatoes. **International Journal of Biological Macromolecules**, [S.l.], v. 160, p. 660-668, 2020.

HOOPEs, G. *et al.* **Phased, chromosome-scale genome assemblies of tetraploid potato reveals a complex genome, transcriptome, and predicted proteome landscape underpinning genetic diversity, Dryad, Dataset**, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.5061/dryad.3n5tb2rhw>. Acesso em: 16 jan. 2022.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **SIDRA**. Dados de 2022. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/1612#resultado>. Acesso em: 24 ago. 2022.

KHAN, S. H. Sweet Potato (*Ipomoea Batatas* (L.) Lam) as Feed Ingredient in Poultry Diets. **Worlds Poult. Sci. J.**, [S.l.], v. 73, n. 1, p. 77-88, 2017.

LAURIE, S.M.; BAIRU, M.W.; LAURIE, R. N. Analysis of the Nutritional Composition and Drought Tolerance Traits of Sweet Potato: Selection Criteria for Breeding Lines. **Plants**, [S.l.], 11, n. 14, 1804, 2022.

MALAGUEZ, E.G.; MACHADO, M.C.; CARDOSO, K.B. *et al.* Effect of different levels of *Ipomoea batatas* flour inclusion on the ruminal pH of sheep in metabolic cages. **Acta Sci. Anim. Sci.**, [S.l.], v. 43, p. e52278, 2021.

MIBACH, M. *et al.* Sweet Potato Flour as a Replacement for Ground Corn as an Energetic Concentrate. **Ciência Rural**, [S.l.], v. 51, n. 10, p. e20200838, 2021.

MIDDLETON, T.F.; FERKET, P.R.; BOYD, L.C.; DANIELS, H.V.; GALLAGHER, M. L. An evaluation of co-extruded poultry silage and culled jewel sweet potatoes as a feed ingredient for hybrid Tilapia (*Oreochromis niloticus*×*O. mossambicus*). **Aquaculture**, [S.l.], v. 198, n. 3-4, p. 269-280, 2001.

MONTEIRO, A. B. *et al.* Silagens de cultivares de batata doce para alimentação animal visando sustentabilidade da produção agrícola familiar. **Revista Brasileira de Agroecologia**, Mato Gross do Sul, v. 2, n. 2, p. 978-981, 2007.

NHANALA, S.; YENCHO, G. C. Assessment of the potential of wild *Ipomoea* spp. For the improvement of drought tolerance in cultivated sweetpotato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. **Crop Science**, [S.l.], v. 61, p. 234-249, 2021.

NIU, S.; LI, X-Q.; TANG, R.; ZHANG, G.; LI, X.; CUI, B.O.; MIKITZEL, L.; HAROON, Mu. Starch granule sizes and degradation in sweet potatoes during storage, Postharvest. **Biology and Technology**, [S.l.], v. 150, p. 137-147, 2019.

ONU. Organização das Nações Unidas. **Climate Fast Facts**. Food and Agriculture. Disponível em: <https://www.un.org/sites/un2.un.org/files/fastfacts-food-and-agriculture-february-2022.pdf>. Acesso em: 25 ago. 2022.

PIRES, M. V.; CASTRO, E. M. de; FREITAS, B. S. M. de; LIRA, J. M. S.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA, M. P. Yield-related phenotypic traits of drought resistant maize genotypes. **Environmental and Experimental Botany**, [S.l.], v. 171, p. 103962, 2020.

RAHMAWATI, N.; LAHAY, R. R.; IRMANSYAH, T.; MAWARNI, L. Yield and tuber quality of Orange-fleshed sweet potato cultivars under drought stress in greenhouse. IOP Conf. Series. **Earth and Environmental Science**, [S.l.], v. 454, 2020.

SANTOS, T. P. R. dos *et al.* Orange-fleshed Sweet Potato Chips: Processing Effect on Carotenoid Content and Resistant Starch and Sensory Acceptance. **Brazilian Archives of Biology and Technology** [online]. v. 64 p. e21200512, 2021.

SAQIB, M.; KHALID, M.F.; HUSSAIN, S.; ANJUM, M. A. Effect of water stress and planting system on growth, yield and quality of sweet potato. **Acta Sci. Pol. Hortorum Cultus**, [S.l.], v. 16, n. 6, p. 201-210, 2017.

SILVA, J.C. de O.; ANDRADE JÚNIOR, V.C. de; BUENO FILHO, J.S. de. *S. et al.* Mixed model-based indices for selection of sweet potato genotypes for different agronomic aptitudes. *Euphytica*, [S.l.], v. 218, n. 86, 2022.

SOUZA, M.C.; OLIVEIRA SILVA, J.C. de; SILVA, E.A. da. *et al.* Characterization of sweet potato genotypes with landscaping potential. **Euphytica**, [S.l.], v. 218, n. 156, 2022.

SUN, Y.; PAN, Z.; YANG, C.; JIA, Z.; GUO X. Comparative Assessment of Phenolic Profiles, Cellular Antioxidant and Antiproliferative Activities in Ten Varieties of Sweet Potato (*Ipomoea Batatas*) Storage Roots. **Molecules**, [S.l.], v. 24, n. 24, 4476, 2019.

SZOT, M.; KARPEČKA-GAŁKA, E.; DRÓŹDŹ, R.; FRAĆZEK, B. Can Nutrients and Dietary Supplements Potentially Improve Cognitive Performance Also in Esports? **Healthcare**, [S.l.], v. 10, n. 186, 2022.

VIANA, D.J.S.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; RIBEIRO, K.G.; PINTO, N.; NEIVA, I.P.; FIGUEIREDO, J.A.; LEMOS, V.T.; PEDROSA, C.E.; AZEVEDO, A. M. Potencial de silagens de ramas de batata-doce para alimentação animal. **Ciência Rural**, [S.l.], 41, p. 1466-1471, 2011.

YOOYONGWECH, S.; SAMPHUMPHUANG, T.; TISARUM, R.; THEERAWITAYA, C.; CHA-UM, S. Water-Deficit Tolerance in Sweet Potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] by Foliar Application of Paclobutrazol: Role of Soluble Sugar and Free Proline. *Front. Plant Sci.*, [S.l.], v. 8, n. 1400, 2017.

YOOYONGWECH, S.; SAMPHUMPHUANG, T.; THEERAWITAYA, C.; SURİYAN, C. “Physio-morphological responses of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genotypes to water-deficit stress.” **Plant Omics**, [S.l.], v. 7, p. 361-368, 2014.

ZEIST, A.R.; LEAL, M.H.S.; RESENDE, J.T.V.; RECH, C.; SILVA JÚNIOR, A.D.; TOROCO, B.R.; OLIVEIRA, J.N.M.; OLIVEIRA, G.J.A. Selecting orange-fleshed sweet potato genotypes using selection indices. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 40, p. 231-237, 2022.

ZHANG, H.; ZHU, L.; ZHANG, C.; NING, Y.; ZHANG, Y. Effect of water stress on dry mass accumulation and allocation in sweet potato based on stable isotope analysis. **Canadian Journal of Plant Science**, [S.l.], v. 95, n. 2, p. 263-271, 2015.

## CAPÍTULO 2 ANÁLISES FISIOLÓGICAS E PRODUTIVAS DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COMO FERRAMENTAS DE PRÉ-SELEÇÃO PARA TOLERÂNCIA A SECA

### RESUMO

Objetivou-se com este estudo analisar os parâmetros fisiológicos e produtivos de genótipos de batata-doce e utilizá-los como ferramentas para pré-seleção de genótipos tolerantes à seca. O ensaio consistiu de um delineamento em linhas e colunas, incompleto, conduzido de novembro de 2021 a março de 2022, com 30 leiras de 0,5 m de altura, com 30 metros de comprimento. Foram avaliados 52 genótipos de batata-doce do banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras e cinco testemunhas comerciais locais. Avaliou-se o acúmulo de biomassa nas raízes (PMSR) e nas folhas e ramas (PMSFR). Como variáveis fisiológicas, avaliou-se a condutância estomática, concentração intracelular de CO<sub>2</sub>, transpiração, eficiência de uso de água, relação carbono interno e externo, eficiência instantânea de carboxilação, potencial hídrico foliar, a taxa de fotossíntese líquida (TFL), índice de vigor (AUCProx) e índice de clorofila (AUCCloro). Estimou-se o valor genético das características, e seus efeitos por meio de gráficos BLUP e seus intervalos de confiança, comparados às testemunhas, bem como a correlação e significâncias entre as características qualitativas e quantitativas, e a herdabilidade de cada avaliação. Os genótipos 397, 556, 1074, 1404 e 1440 apresentam alto potencial como recombinantes para um programa de melhoramento direcionado a tolerância à seca. De forma geral, a maioria dos genótipos apresentaram variação em termos fisiológicos e produtivos, o que permite uma pré-seleção direcionados a tolerância à seca. O programa de melhoramento no ciclo C2 dessa população apresentou variabilidade fisiológica e produtiva. As características fisiológicas de AUCProx, AUCCloro e TFL relacionadas às quantitativas de PMSFR e PMSR, apresentaram variabilidade genotípica e foram consideradas características chave na seleção precoce de genótipos de batata-doce, com sucesso prático na triagem direcionado ao foco de tolerância à seca.

**Palavras chave:** *Ipomoea batatas* L. (Lam). Biomassa. Fixação de CO<sub>2</sub>. Estresse Hídrico. Produtividade.

## ABSTRACT

### PHYSIOLOGICAL AND PRODUCTIVE ANALYZES OF SWEET POTATO GENOTYPES AS PRE-SELECTION TOOLS FOR DROUGHT TOLERANCE

Given the above, the objective was to analyze the physiological and productive parameters of sweet potato genotypes and use them as tools for the pre-selection of drought-tolerant genotypes. The test consisted of an incomplete row and column design, conducted from November 2021 to March 2022, with 30 rows of 0,5 mts in height, and 30 meters in length. Fifty-two sweet potato genotypes from the Federal University of Lavras (UFLA) germplasm bank and five local commercial controls were evaluated. The accumulation of biomass in roots (PMSR) and leaves and branches (PMSFR) was evaluated. As physiological variables, stomatal conductance, intracellular CO<sub>2</sub> concentration, transpiration, water use efficiency, internal and external carbon ratio, instantaneous carboxylation efficiency, leaf water potential, net photosynthesis rate (TFL), vigor index (AUCProx), and chlorophyll index (AUCChlorine). The genetic value of the traits and their effects were estimated using BLUP charts and their confidence intervals, compared to the controls, as well as the correlation and significance between the qualitative and quantitative traits, and the heritability of each evaluation. The genotypes 397, 556, 1074, 1404, and 1440 show high potential as recombinants for a breeding program aimed at drought tolerance. In general, most genotypes showed variation in physiological and productive terms, which allows pre-selection aimed at drought tolerance. The breeding program in the C2 cycle of this population showed physiological and productive variability. The physiological characteristics of AUCProx, AUCChloro, and TFL related to the quantitative of PMSFR and PMSR, showed genotypic variability and were considered key characteristics in the early selection of sweet potato genotypes, with practical success in the screening directed to the focus of drought tolerance.

**Keywords:** *Ipomoea batatas* L. (Lam). Biomass. CO<sub>2</sub> fixation. Hydrical stress. Productivity.

## 1 INTRODUÇÃO

A batata-doce, tradicionalmente é uma hortaliça tuberosa com ampla adaptação a diferentes ambientes. Em estudos exploratórios, a planta é caracterizada pela alta tolerância a estresses ambientais, baixo custo de produção e alto potencial nutritivo, sendo considerado o quinto alimento mais importante do mundo (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2022; PIRES *et al.*, 2022). Com isso, a cultura é uma alternativa viável para a alimentação humana e animal em regiões suscetíveis à seca, como as regiões semiáridas do Brasil. Mesmo assim, a restrição hídrica severa pode reduzir a quantidade e a qualidade da produção de batata-doce (RAHMAWATI *et al.*, 2020).

Diante disto, diversas estratégias de convivência com a seca vêm sendo desenvolvidas por pesquisadores para a batata-doce ao longo dos anos. Dentre elas, destaca-se o melhoramento genético, que visa identificar genótipos tolerantes à seca e que podem contribuir para a garantia da segurança alimentar mundial (LAURIE *et al.*, 2022; ONU, 2022; FAO, 2020). Para que o melhoramento genético tenha êxito é fundamental a existência de variabilidade genética substancial, de forma que os ganhos genéticos com a seleção sejam significativos (COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022; PIRES *et al.*, 2022; HOOPES *et al.*, 2022).

A batata-doce é uma espécie alógama, hexaplóide ( $2n=6x=90cr$ ) e autoincompatível, o que lhe confere alta variabilidade genética (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2022; SOUZA *et al.*, 2022; LAURIE *et al.*, 2022). Assim, diversas recombinações genéticas podem ser estabelecidas a partir de policruzamentos, o que resulta em diferentes fenótipos de interesse (BRITO *et al.*, 2021; COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022; LAURIE *et al.*, 2022). Além disso, devido a sua fácil propagação vegetativa, heranças genéticas resultantes dos efeitos de interações aditivas, epistáticas ou de dominância são facilmente conservadas por meio da clonagem dos melhores genótipos identificados (BRITO *et al.*, 2021; COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022), sendo uma vantagem explorada pelos melhoristas.

Entretanto, o grande número de genótipos a serem avaliados pode limitar os estudos visando a identificação da tolerância à seca (NHANALA; YENCHO 2020; LAURIE *et al.*, 2022), especialmente em fases iniciais do melhoramento, quando um grande número de genótipos, devem ser avaliados. Com isso, análises fisiológicas podem auxiliar de forma preliminar nesta finalidade e restringir os genótipos que efetivamente serão avaliados em experimentos agronômicos (YOOYONGWECH *et al.*, 2014, 2017; LAURIE *et al.*, 2022).

Dessa forma, são necessários estudos que elucidem a importância de conhecer os principais parâmetros fisiológicos ligados a tolerância à seca (AGILI *et al.*, 2012).

A grande variabilidade genética encontrada nas gerações segregantes da batata-doce (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2022), associada à grande participação de genes envolvidos na expressão da tolerância à seca (LAURIE *et al.*, 2022), são os principais fatores que dificultam a seleção para essa característica. Além disso, interações ambientais envolvidas na expressão dificultam a identificação dessa característica, ainda pouco estudada até o momento (GONÇALVES NETO, 2011; ANDRADE JÚNIOR, 2018; PIRES *et al.*, 2022).

Todavia, a variabilidade genética da batata-doce é uma importante fonte de alelos para o melhoramento acumular vantagens fisiológicas em busca de genótipos superiores. Com isso, a pré-seleção de genótipos baseada em indicadores de tolerância à seca é importante (HOOPES *et al.*, 2021; SOUZA *et al.*, 2022; PIRES *et al.*, 2022), a qual pode ser realizada a partir de caracteres fisiológicos. Estes indicadores estão relacionados à eficiência de uso de água, transpiração, índice de clorofila e, principalmente, ao acúmulo de biomassa (GOUVEIA *et al.*, 2019). A determinação das concentrações de nitrato redutase, prolina (YOOYONGWECH *et al.*, 2014; 2017) e a clorofila extraída aos 60 dias após o plantio também são bons indicadores (LAURIE *et al.*, 2022).

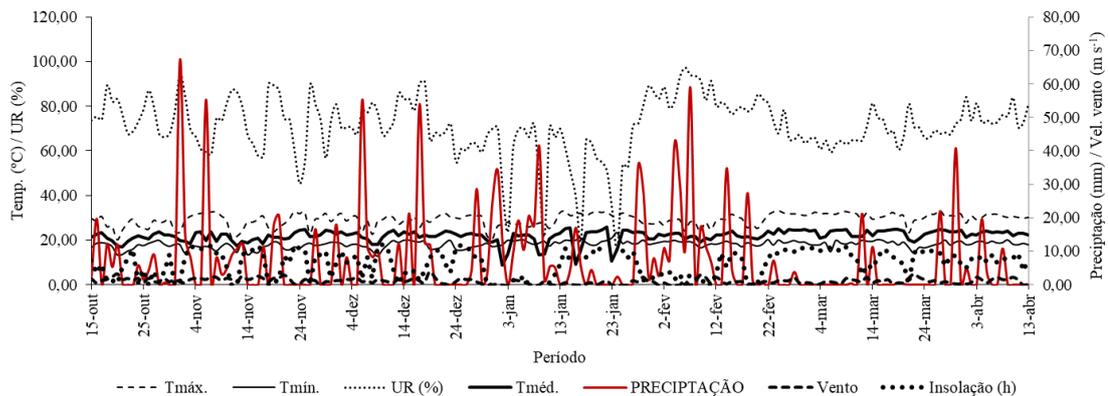
Características chaves que indicam boa tolerância à seca são o acúmulo de biomassa e qualidade de raízes (GOUVEIRA *et al.*, 20219). Para isso, a alta produtividade de biomassa (raízes e ramas) e o bom desempenho fisiológico acima da média observada pelos resultados de genótipos pré-selecionados são indicadores da eficiência do uso da água (RIBEIRO *et al.*, 2018). Assim, genótipos com baixa taxa de transpiração e maior eficiência de uso de CO<sub>2</sub> são características importantes para plantas tolerantes à seca (OLIVEIRA *et al.*, 2022), por serem mais eficientes no acúmulo de biomassa sob estresse hídrico.

Diante disso, objetivou-se analisar os parâmetros fisiológicos e produtivos de genótipos de batata-doce e utilizá-los como ferramentas para pré-seleção de genótipos tolerantes à seca.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi implantado no Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia da Universidade Federal de Lavras (CDTT/ESAL/UFLA). A estação experimental está localizada na Fazenda Palmital, no município de Ijaci, região sul do estado de Minas Gerais (21°10' latitude Sul, 44°55' longitude Oeste, altitude de 832 m). Durante o experimento, conduzido entre novembro de 2021 a março de 2022, em um ciclo de 150 dias, a temperatura média foi de 22,36 °C, com média mínima de 18,4 °C e média máxima de 29,6 °C. A precipitação acumulada foi de 1315,6 mm, e a umidade relativa média foi de 71,25%. A velocidade média do vento foi de 1 m s<sup>-1</sup> e a insolação de 7,7 h dia<sup>-1</sup>, representadas na Figura 1, onde são apresentados os dados climáticos do período de implantação e avaliação do experimento.

Figura 1 - Dados climáticos da avaliação, durante o período de verão de novembro (2021) a abril (2022) do período de cultivo do plantio a colheita (150 DAP).



Fonte: Adaptado do Banco de Dados Meteorológicos – BDMEP/INMET (2023).

### 2.1 Condições experimentais e implantação

Inicialmente foi realizada a análise do solo da área, classificado como latossolo vermelho com textura muito argilosa e fertilidade média, visando posterior adubação conforme recomendado pela CFSEMG (1999). Antes do plantio da batata-doce. Neste trabalho, o solo apresentava a seguinte caracterização química: pH<sub>(água)</sub>, 6,5; P<sub>(Mehlich)</sub>, 134,8 mg dm<sup>-3</sup>; P<sub>(rem)</sub> 23,9 mg l<sup>-1</sup>; K<sub>(Mehlich)</sub>, 139,6 mg dm<sup>-3</sup>; Ca, 6,3 cmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup>; Mg, 1,9 cmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup>; Al, 0,0 cmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup>; S, 29,8 mg dm<sup>-3</sup>; B, 0,49 mg dm<sup>-3</sup>; CTC a pH 7,0, 10,8 cmol<sub>c</sub> dm<sup>-3</sup>; V,

79,63%; MO, 2,7%; Areia total 28,4 %; Silte, 6,3 %; Argila, 65,3 % para a camada de 0-0,2 m de profundidade.

A adubação de plantio foi realizada de acordo com a análise química de solo com a aplicação de 700 kg ha<sup>-1</sup> da formulação do fertilizante N-P-K da fórmula 04-14-08, visando uma produtividade estimada de 20,00 Mg ha<sup>-1</sup> de raízes, somados a 12 kg ha<sup>-1</sup> de ácido bórico (17% de B) (CFSEMG, 1999; ECHER, 2015), considerando-se um solo de fertilidade média. Aos 30 dias após plantio (DAP) foi realizada uma única adubação de cobertura, com 30 kg de nitrogênio (150 kg ha<sup>-1</sup> de Sulfato de Amônio (20% de N) (CFSEMG, 1999). Com isso, foram aplicados 58 kg de nitrogênio, 43 kg de fósforo, 47 kg de potássio e 2 kg de boro por hectare no cultivo.

O preparo de solo foi realizado a partir de uma subsolagem cruzada em dois sentidos a 0,5 m de profundidade. Em seguida, foi realizado o levantamento das leiras, espaçadas em 1,0 m entre si, com 30 m de comprimento e 0,50 m de altura, com auxílio de um sulcador/enleirador tipo bico de pato de 3 hastes (APÊNDICE E).

O plantio das ramas da batata-doce foi realizado no espaçamento de 0,30 m entre plantas, sendo 10 plantas por parcela com profundidade de plantio diagonal da rama igual a 0,15 m, correspondendo a uma população de 33.333 plantas ha<sup>-1</sup>. O replantio foi realizado necessariamente para manter as dez plantas da Unidade Experimental (UE), sendo realizado até os 15 DAP (APÊNDICE B e E).

As plantas foram vistoriadas periodicamente para o monitoramento de pragas e doenças, com observação e tomadas de decisão, a fim de avaliar a necessidade de aplicação de produtos de controle fitossanitários (ECHER *et al.*, 2015), o que não aconteceu após constante monitoramento.

A irrigação utilizada foi aplicada pelo método de aspersão convencional com uso de mangueira de polietileno, e aspersor modelo A-232 de bocal 5,6x3,6, com turno de rega a fim de repor a capacidade de campo e a Etc até os 80 dias após plantio (DAP). Após os 80 DAP foi retirada a irrigação. O controle de plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais, sendo realizadas até o fechamento total da área pelas ramas e folhas da batata-doce.

O tempo entre o plantio e a colheita foi de 150 dias (150 DAP), visando proporcionar a chance de que todos genótipos, precoces e tardios, atinjam o ponto de colheita padrão, cujos dados climáticos do período de cultivo são apresentados na Figura 1.

## 2.2 Variáveis fisiológicas e trocas gasosas avaliadas

- a) As medições das trocas gasosas foram registradas utilizando um analisador de gás por infravermelho (IRGA) modelo LI-6400XT (Li-COR Biosciences, Lincoln, Nebraska, EUA), equipado com uma câmara 6 cm<sup>2</sup> e fonte artificial de luz LED vermelha/azul (LI6400-02B, Li-Cor, Lincoln, Nebraska, EUA) aos 140 dias, durante o máximo crescimento vegetativo, máximo processo de tuberização e acúmulo de biomassa da cultura. Essas medições também foram realizadas na 4<sup>o</sup> folha totalmente expandida de uma rama de batata-doce, realizadas entre as 08:00 e as 11:00 da manhã. A densidade do fluxo de fótons fotossintéticos (DFFF) foi padronizada em 1000  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ . O déficit de pressão de vapor na folha foi de 1,63 kPa, e, o fluxo da bomba foi de 500  $\mu\text{mol s}^{-1}$  e a temperatura do bloco foi de 28,26 °C. Além disso, a função mixer do equipamento foi utilizada para fornecer 380 ppm de CO<sub>2</sub> durante as análises. A condutância estomática para vapor d'água (GSW -  $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ), a taxa fotossintética líquida (A), taxa de transpiração (E -  $\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ) e a concentração intercelular de CO<sub>2</sub> (C<sub>i</sub> -  $\text{mmol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ) foram avaliados, e a eficiência do uso de água (QUE -  $\mu\text{mol CO}_2 \text{mmol}^{-1} \text{H}_2\text{O}$ ) foi calculado dividindo A por E. Com estes dados, foram calculados a relação carbono interno e carbono externo (C<sub>i</sub>/C<sub>a</sub>) e Eficiência instantânea de carboxilação (A/C<sub>i</sub> -  $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1} \text{Pa}^{-1}$ ).
- b) Foi avaliado aos 140 dias o potencial hídrico foliar ( $\Psi_h$  expresso em Mpa), medido em câmara de pressão do tipo Scholander (modelo 1000, PMS Instruments, USA). Entre a 4<sup>a</sup> e 6<sup>a</sup> folha da rama totalmente desenvolvida de cada parcela, foi inserida na câmara e aplicada a pressão crescente de um gás N<sub>2</sub> comprimido de um cilindro, até que a seiva seja visível livre no pecíolo fora da câmara. As medidas foram realizadas entre 9 e 11 H p.m. Durante esta avaliação o experimento se encontrava há 60 dias sem irrigação, ou qualquer precipitação considerável.
- c) Avaliação de índice de clorofila com sensor Konica Minolta Spad-502plus (AUCCloro). Medido aos 90, 125 e 150 DAP, fornecendo um gradiente do índice de clorofila de 0 a 99. O ideal são valores próximos de 99 que indicam maior teor de clorofila, correlacionando com a fotossíntese no período. Foi calculada a média da área abaido da curva (AUC) de três épocas, calculadas com 3 pontos por U.E. por época.
- d) Avaliação de vigor com sensor proximal portátil de NDVI GreenSeeker (AUCProx). Medido aos 45, 90, 125 e 150 DAP, com uma altura de 0,5 metros do topo da leira até

o sensor do aparelho. Fornecendo um gradiente do valor de vigor na parcela entre 0 a 0,99. O ideal são valores próximos de 0,99 que indica maior vigor e, conseqüentemente, maior atividade fotossintética no período. Foi utilizada a média da AUC de quatro épocas, calculadas com 3 pontos por U.E. em cada época.

### **2.3 Variáveis agronômicas avaliadas**

Em cada unidade experimental foram avaliadas as seguintes características:

- a) Produtividade de massa seca das folhas e ramos (PMSFR): Durante a colheita, foram amostradas de todas as parcelas de 0,3 a 0,6 kg de folhas e ramos, entre todas as 10 plantas de cada parcela, direcionado uma amostra medida, a estufa de circulação de ar forçado, a 65 °C até medir peso constante, e então obteve-se a massa seca de ramos em porcentagem ((massa seca / massa fresca) X 100). Após isso, foi calculada a produtividade da massa seca de folhas e ramos pela fórmula: ((teor da massa seca nas folhas e ramos X produtividade de massa verde das folhas e ramos) / 100) com valores expressos em Mg ha<sup>-1</sup>.
- b) Produtividade de massa seca das raízes (PMSR): Durante a colheita, foram amostradas de todas as parcelas 0,25 a 0,30 kg de raízes frescas coletadas entre todas as plantas tubalizadas de cada parcela, picadas, medidas e levadas a estufa de circulação de ar forçado, a 65 °C até medir peso constante, e então calculada a massa seca de raízes em porcentagem ((massa seca / massa fresca) X 100). Após isso, calculada a produtividade da massa seca de raízes pela fórmula: ((teor da massa seca nas raízes X produtividade de raízes totais) / 100) com valores expressos em Mg ha<sup>-1</sup>.

### **2.4 Planejamento e análise estatística**

Todas as variáveis observadas são contínuas. Foi pesquisada a melhor transformação de variáveis para maximizar a verossimilhança do modelo Gauss-Markov normal (transformação de Box e Cox, 1964). A tabela das transformações utilizadas foi apresentada como resultado. A modelagem seguiu o que se estabelece abaixo no delineamento experimental:

### 2.4.1 Estrutura de tratamentos

Dos 57 tratamentos, 52 foram pré-selecionados em experimentos de triagem de progênies meios-irmãos (MI) (APÊNDICE D), e cinco foram genótipos tradicionais utilizados por produtores da região do Campo das Vertentes, utilizados como testemunhas (Alaranjada Lavras, Canadense, Ligeirinha, Melhorada, UFVJM61) com seus nomes regionais. Os clones das progênies MI são oriundos do programa de melhoramento genético da UFLA (APÊNDICE C e D), que passaram por dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional composta (C1 e C2), em cada C1 ocorreram as etapas de recombinação (APÊNDICE C) e triagem A clones (APÊNDICE D) de genótipos de batata-doce (CIP, 2009). Neste ensaio de competição (APÊNDICE E) foram avaliados 57 genótipos de batata-doce. Para cinco genótipos com disponibilidade de material de propagação e área disponível (210, 1074, 1153, 1404 e 1462) foram plantadas oito repetições e para os demais 52, cinco repetições. No Apêndice B encontra-se o croqui da área experimental, e o plano experimental aleatorizado.

### 2.4.2 Controle local

O ensaio foi implantado no modelo experimental em um delineamento de linhas e colunas incompleto, com blocos em duas dimensões ortogonais (Hinkelman e Kempthorne, 2005), cujo croqui está representado no Apêndice B. O arranjo retangular das 300 unidades experimentais (UE) (APÊNDICE B) foi em 30 blocos em linhas (leiras com 10 UE) e 10 blocos em colunas (30 UE transversais às leiras). Nas leiras de 30,0m x 1,0m, foram montadas parcelas (UE) de 3,0m. Adicionalmente, para capturar dependências locais, planejaram-se 75 blocos com as 4 UE (duas linhas e duas colunas adjacentes) (APÊNDICE B). Os genótipos foram aleatorizados a este sistema complexo de múltiplos controles locais.

### 2.4.3 Modelo Linear Misto

O modelo linear misto (HENDERSON, 1984) utilizado pode ser representado pela seguinte expressão:

$$Y_{ijklm} = \mu + L_i + C_j + B_{(ij)k} + g_l + e_{(ij)klm}, \quad (1)$$

Em que:

$Y_{ijklm}$ : é a observação do genótipo  $m$ , na unidade experimental da linha  $i$  e coluna  $j$  (bloco  $k$ );

$\mu$ : é uma constante experimental comum;

$L_i$ : efeito fixo da linha  $i$ ;

$C_j$ : efeito fixo da coluna  $j$ ;

$B_{(ij)k}$ : efeito fixo do bloco  $k$ ;

$g_l$ : efeito aleatório do genótipo (clone)  $l$ ;

$e_{(ij)klm}$ : efeito do erro experimental.

Adicionalmente foram realizadas as seguintes suposições de distribuições:

$$g_l \sim N(0, \sigma^2_G)$$

$$e \sim N(0, \sigma^2)$$

Foram estimadas as variâncias genéticas e herdabilidades para a seleção entre médias de clones. A seleção foi realizada com base nos BLUPs dos efeitos genéticos de clones e seus IC 95% para as diversas características. Estimou-se ainda as correlações genéticas entre as 10 características e calculou-se a sua significância pelo teste  $t$  de Student.

Os demais testes e inferências foram os comuns a modelos de blocos incompletos com efeitos genéticos aleatórios (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2000). O critério usado para destacar genótipos com potencial de seleção, são aqueles que possuem o limite inferior do intervalo de confiança (95%) no BLUP do valor genotípico maior do que a média de cada característica.

Todas as análises dos dados foram executadas utilizando o *software* estatístico R (R CORE TEAM, 2019). Os estimadores de máxima verossimilhança para  $\lambda$  (lambda) na transformação Box-Cox foram obtidos com a função `boxcox` da biblioteca MASS (RIPLEY *et al.* 2022). Os modelos foram ajustados com função `lmer` da biblioteca `lme4` (BATES *et al.* 2015).

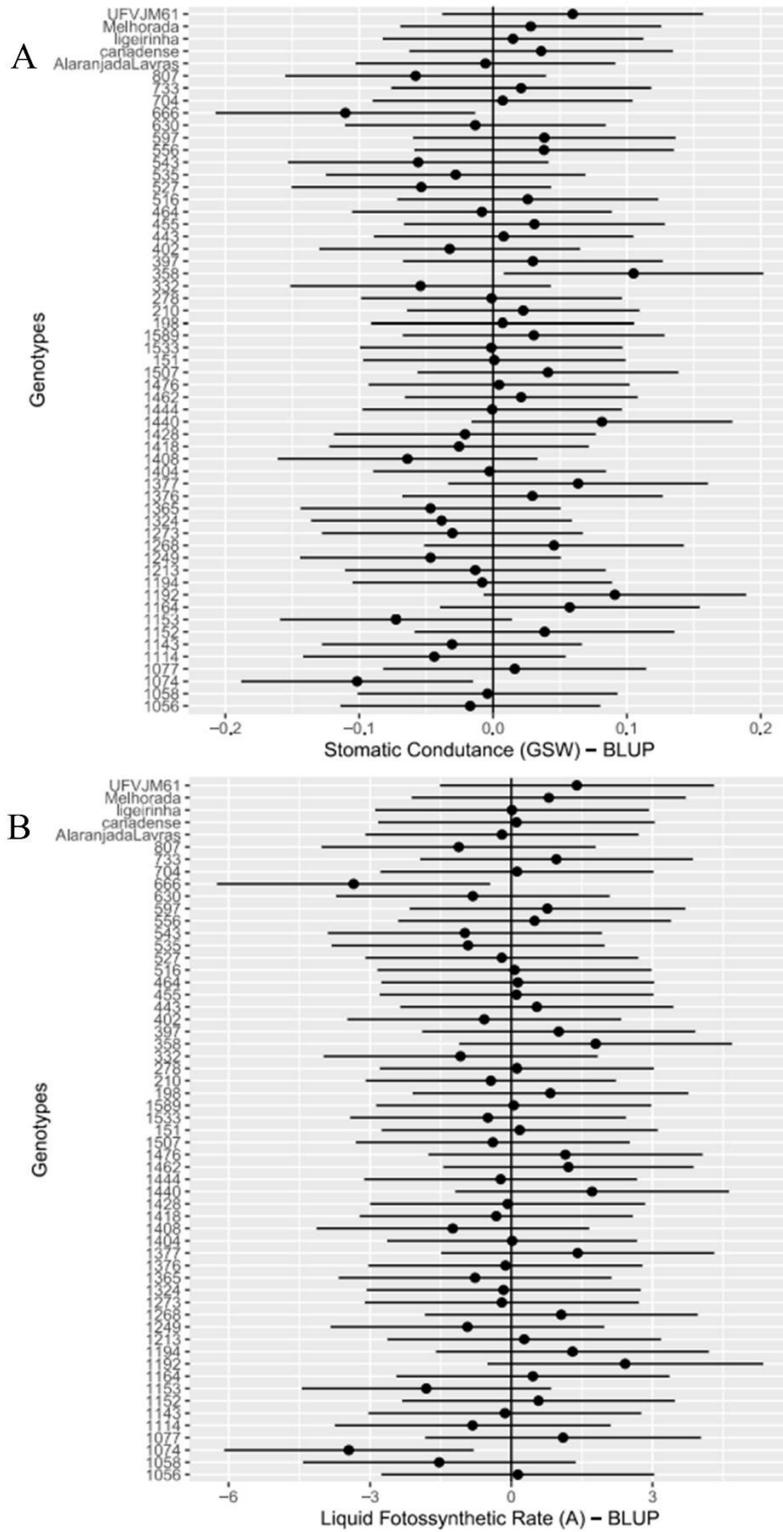
### 3 RESULTADOS

Ao considerar as análises fisiológicas, observou-se que para a condutância estomática (GSW) apenas o genótipo 358 apresentou estimativa BLUP acima da média (FIGURA 2A). A taxa de fotossíntese líquida (TFL) não apresentou genótipos que destacaram positivamente em relação à média (FIGURA 2B). Quando observado para concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI), relação carbono interno e externo (CI/CA) e eficiência de carboxilação (A/CI), nos quais em magnitude, não houveram genótipos que destacaram-se positivamente em relação à média geral, seus efeitos no índice acompanharam as testemunhas. Já o potencial hídrico e a eficiência de uso de água não participaram das análises. Todavia, o genótipo 1192 destacou-se em relação à média dos demais genótipos para a taxa de Transpiração (E). Quanto ao teor de clorofila (AUCCloro) (FIGURA 3B), seis genótipos experimentais (464, 455, 630, 1164, 1268 e 1418) e três testemunhas (Alaranjada Lavras, Canadense e Melhorada) apresentaram-se acima da média genética geral. Para a avaliação do NDVI-Greenseeker (AUCProx) (FIGURA 4A), apenas o genótipo 1444 apresentou resultado genético aproximadamente dois níveis acima da média geral dos genótipos.

A transpiração (E) (FIGURA 3A) teve efeito em intervalos de confiança maiores, com predição resultando no agrupamento de quase todos os genótipos como semelhantes entre si. De maneira geral, cinco genótipos acima (358, 516, 1192, 1377, UFVJM61), e abaixo (543, 666, 1058, 1074, 1408) no efeito do índice genético, os quais se destacaram uma vez acima e abaixo da média geral, respectivamente. O genótipo 1192 teve efeito significativo com dois níveis acima da média do índice genético do BLUP apresentando relevância em relação aos demais, sendo destaque com a maior taxa de transpiração (E) (APÊNDICE A - TABELA 1 e FIGURA 3A). Os genótipos 358, 516, e 1377 também possuem intervalos de predição de no mínimo 0,5 níveis acima da média em magnitude, com boa distinção entre os demais.

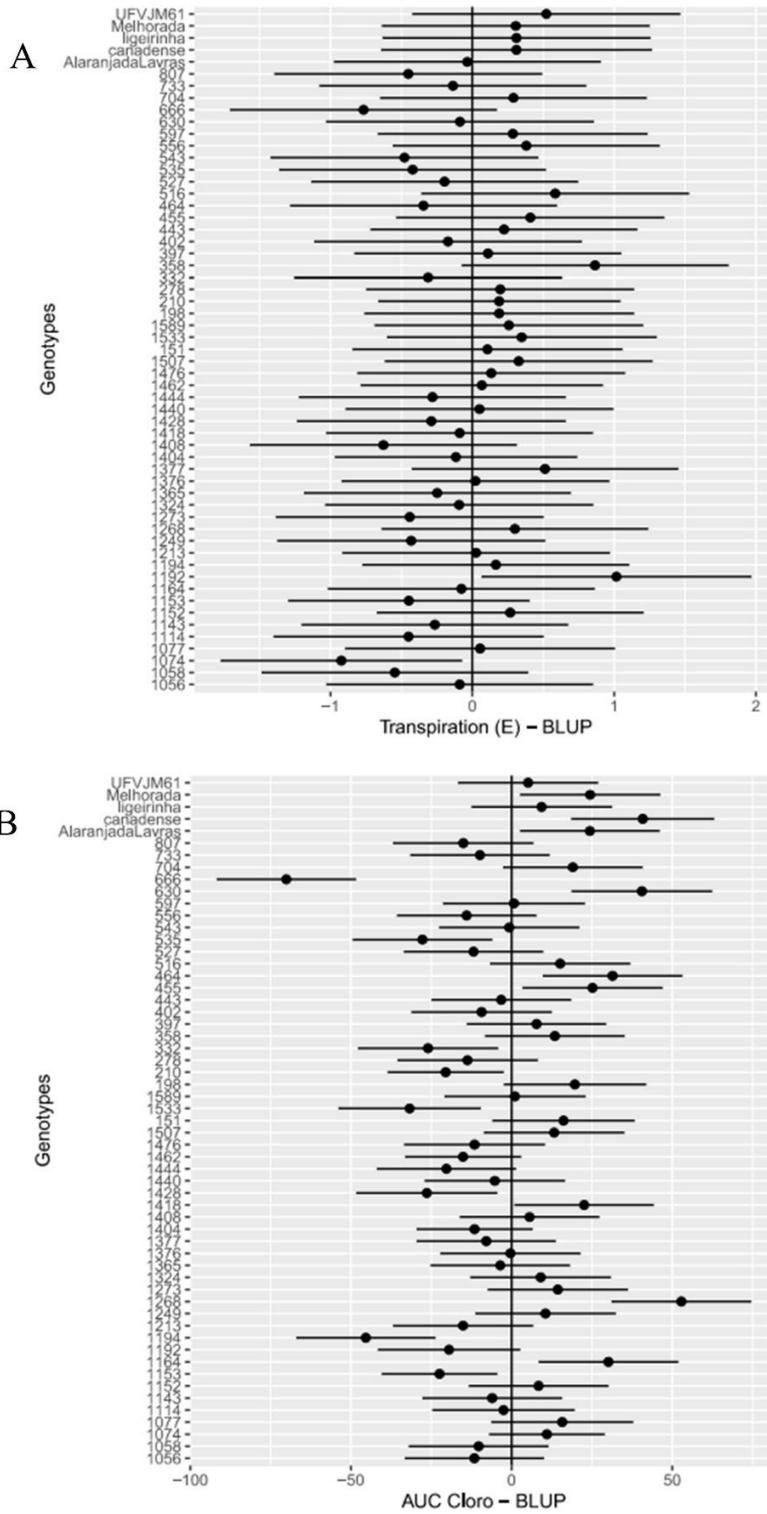
A concentração intracelular de CO<sub>2</sub> comportou-se de forma homogênea, em que a maioria dos genótipos não diferiu entre si. Foi observado que os genótipos 1440 e 1507 foram os que apresentaram melhor teor em absoluto em relação à média, assim como a testemunha Canadense. Já os genótipos 1324, 332 e 666 resultaram em menor teor (APÊNDICE A - TABELA 2).

Figura 2 - Gráficos dos intervalos de confiança do BLUP para: A) Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), e B) Taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022).



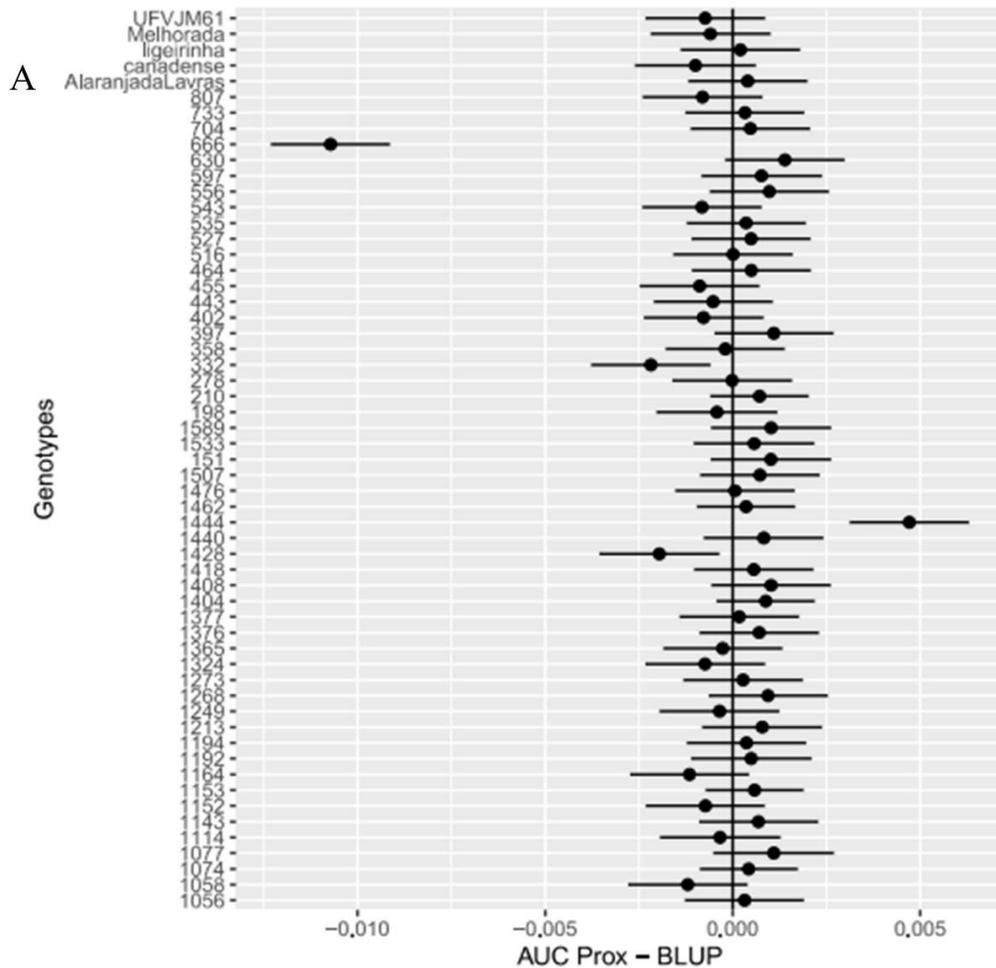
Fonte: Do autor (2023).

Figura 3 - Gráficos dos intervalos de confiança do BLUP para: A) transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>) e B) área abaixo da curva do sensor de clorofila SPAD (AUC Cloro) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022).



Fonte: Do autor (2023).

Figura 4 - Gráfico dos intervalos de confiança do BLUP para: A) área abaixo da curva do sensor de vigor NDVI GreenSeeker (AUC Prox) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022).



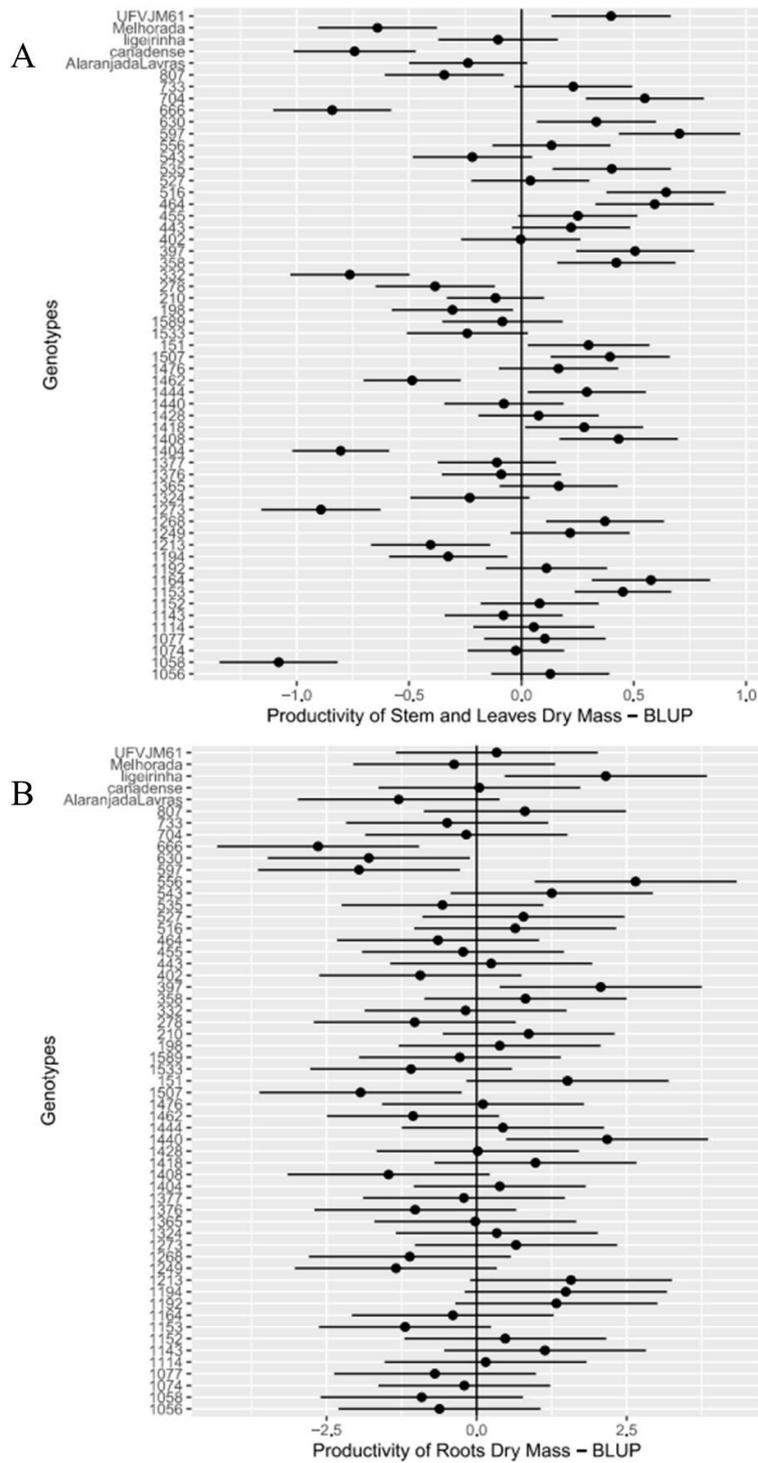
Fonte: Do autor (2023).

Para a produtividade de massa seca das folhas e ramas (PMSFR) (FIGURA 5A), 16 genótipos (151; 358; 397; 464; 516; 535; 597; 630; 704; 1153; 1164; 1268; 1408; 1418; 1444 e 1507) destacaram-se com estimativas BLUP acima da média geral, dentre os quais entre as testemunhas apenas uma o genótipo UFVJM 61 acompanhou este efeito (FIGURA 5A). Na Tabela 1 são apresentadas as médias dos genótipos para todos os caracteres avaliados (APÊNDICE A). Em relação à produtividade de massa seca de raízes (PMSR), apenas três genótipos experimentais (397; 556 e 1440) e uma testemunha (Ligeirinha) destacaram-se em relação à média geral dos genótipos (FIGURA 5B).

Em relação à produtividade de massa seca de raízes (PMSR) (FIGURA 5B), os genótipos 151, 397, 543, 556, 1192, 1194, 1213, 1440 e ligeirinha tiveram efeito genético de

aproximadamente 1,250 Mg ha<sup>-1</sup> a mais que a média geral obtida para o caractere, sem diferenças estatísticas entre eles.

Figura 5 - Gráficos dos intervalos de confiança do BLUP para: A) produtividade de massa seca de folhas e ramas (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>); B) produtividade de massa seca de raízes (PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací MG (2022).



Fonte: Do autor (2023).

No estudo da produtividade de massa seca de raízes (FIGURA 5B - PMSR), os genótipos 1440, 397, 556, 543, 151, 1213, 1194, 1192 e Ligeirinha foram  $1,250 \text{ Mg ha}^{-1}$  a mais superiores em relação à média geral obtida para o caractere, sem diferenças estatísticas entre eles. Porém, com variações absolutas de  $21,74 \text{ Mg ha}^{-1}$  para o melhor genótipo (556) e  $14,62 \text{ Mg ha}^{-1}$  dentre as nove melhores, tendo a média geral do caractere atingido  $9,44 \text{ Mg ha}^{-1}$  de massa seca de raízes, nesta população testada.

De maneira geral, as maiores correlações foram positivas, especialmente entre os caracteres fisiológicos. Apesar de algumas correlações significativas, a AUCProx, AUCCloro, PMSFR e a PMSR não apresentaram forte associação aos demais caracteres avaliados. Por outro lado, verificou-se que a TFL apresentou elevadas associações positivas (correlações  $>0,5$ ) e significativas ( $p \leq 0,05$ ) com a GSW, CI, E, A/CI e Ci/Ca. De forma semelhante, a GSW correlacionou-se positivamente com a CI, E e Ci/Ca, e a CI com a E assim como a Ca/Ci. A transpiração também apresentou forte associação positiva e significativa com a Ca/Ci. Ao considerar as herdabilidades ( $h^2$ ), médios e altos valores ( $h^2 > 0,4$ ) foram verificados para a PMSFR (0,92), AUCProx (0,83), AUCCloro (0,80), PMSR (0,63), GSW (0,45) e E (0,41), semelhante aos achados de Costa *et al.* (2022).

As correlações genéticas estão inseridas acima da coluna diagonal de correlações na Tabela 1, onde se pode observar a grande variação de valores, em função das variáveis estudadas, e encontrar valores de correlações negativas entre a taxa de clorofila (AUCCloro) e a produtividade de massa seca de raízes (PMSR) de  $-0,03$ , porém, não significativa. Assim, como valores altamente correlacionados (0,965) e significativos ( $p = <0,001$ ) como a concentração intracelular de  $\text{CO}_2$  (CI) e a relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca).

Tabela 1 - Correlações genéticas e herdabilidade de características fisiológicas e produtivas: Área abaixo da curva (AUC) dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (AUCProx), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (AUCCloro), produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes(PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce em Ijací, MG. UFLA, 2023.

	AUCProx	AUCCloro	PMSFR	PMSR	TFL	GSW	CI	E	A/CI	Ci/Ca	h <sup>2</sup>
AUCProx	-	0,34	0,38	0,28	0,38	0,32	0,35	0,23	0,17	0,35	0,83
AUCCloro	0,01*	-	0,32	-0,03	0,22	0,32	0,32	0,23	0,13	0,36	0,80
PMSFR	0,00*	0,01*	-	-0,02	0,22	0,24	0,22	0,23	0,09	0,25	0,92
PMSR	0,03*	0,81	0,87	-	0,38	0,24	0,15	0,26	0,18	0,12	0,63
TFL	0,00*	0,09	0,09	0,00*	-	0,84	0,50	0,78	0,55	0,57	0,36
GSW	0,01*	0,01*	0,06	0,06	0,00**	-	0,82	0,85	0,20	0,89	0,45
CI	0,00*	0,01*	0,09	0,26	0,00**	0,00**	-	0,59	-0,25	0,96	0,13
E	0,07	0,08	0,07	0,04*	0,00**	0,00**	0,00**	-	0,30	0,71	0,41
Aci	0,18	0,30	0,50	0,17	0,00**	0,13	0,05	0,02	-	-0,15	0,12
Ci/Ca	0,00*	0,00*	0,05	0,34	0,00**	0,00**	0,00**	0,00**	0,26	-	0,27
Média	1,12	478	1,23	5,02	26,59	-0,75	2,35	5,64	-3,29	-0,25	

Valor P do teste t a 5% de probabilidade; \*significativo em Pvalor ≤ 0,05; \*\*significativo em Pvalor ≤ 0,001; ( )ns não significativo Pvalor>0,05.

Acima da diagonal principal está o coeficiente de correlação, e abaixo, é o pvalor obtido pelo teste t. Fonte:

Fonte: Do autor (2023).

## 4 DISCUSSÃO

Dentre as 11 características avaliadas, a eficiência de uso de água e o potencial hídrico não apresentaram diferenças significativas em relação a população elite estudada. Por isso, não participaram dos estudos de correlações genéticas. Assim, como a concentração intracelular de CO<sub>2</sub>, a relação carbono interno e externo e a eficiência instantânea de carboxilação apresentaram médias semelhantes entre os genótipos. Possivelmente, pelo método adotado de mensuração possuir erros associados, como similaridade e repetibilidade dos dados sofreram influência ambiental considerável.

Mesmo assim estes resultados (TABELA 1) ainda que exploratórios para um grande número de genótipos, são importantes por se tratarem de genótipos de um ciclo mais avançado de melhoramento, em que estas plantas já demonstraram algumas características bem fixadas, com heranças evolutivas conservadas, a exemplo da rusticidade e eficiência de uso de água ser evidentemente natural na cultura da batata-doce (APÊNDICE A - TABELA 2) (ANDRADE JUNIOR *et al.*, 2018; SILVA *et al.* (2022).

Foram consideradas características chaves aquelas que atingiram maior correlação entre as características fisiológicas e agrônômicas, com foco em tolerância a seca e produtividade de biomassa com eficiência fotossintética em potencial.

As características indicadas nos BLUPs representam a importância relativa de cada característica para o índice independente considerado (BATISTA *et al.*, 2021). Assim, a produtividade total de massa seca de raízes foi a característica com maior importância genética na seleção para tolerância à seca, por ser o objetivo final do cultivo da cultura (APÊNDICE A, TABELA 1 e FIGURA 5), seguida das características fisiológicas que a subsidia.

O vigor da planta é essencial para o sucesso do desenvolvimento do genótipo, aliado ao acúmulo de biomassa. Foi calculada a área abaixo da curva entre as avaliações de vigor por meio do NDVI nos quatro períodos de avaliação (45, 90, 125 e 150 DAP), em que somente o genótipo 1444 demonstrou um valor de vigor quase duas vezes acima da média geral. Isso é observado na Figura 4A. Somente três genótipos (666, 332 e 1428) apresentam efeito abaixo da média geral. Os demais genótipos estão posicionados na média da população testada, inclusive as testemunhas comerciais, o que representa a superioridade dos genótipos na questão fotossintética, demonstrando um vigor e desenvolvimento foliar vigoroso, com uniformidade e alto nível de melhoramento neste aspecto. Já o genótipo 666 apresentou efeito do índice quatro vezes abaixo da média.

Os genótipos 1192 e 358 apresentaram um aumento acima da média da condutância estomática, o que está relacionado a um maior fluxo hídrico, o que ocasiona maior taxa de transpiração (FIGURA 3A) (TAIZ; ZEIGER, 2017). Talvez este efeito de potencial osmótico, favoreceu o bom desempenho fotossintético com beneficiada assimilação de CO<sub>2</sub> destes genótipos, assim como maior fluxo de massa em nutrientes da raiz às folhas e ramos, o que contribui para o metabolismo de biomassa (TAIZ; ZEIGER, 2017).

A alta produtividade de biomassa e o bom desempenho fisiológico acima da média observado pelos resultados destes genótipos como 358, 397, 556, 1074, 1192, 1268, 1404, 1440, 1444, (FIGURAS 2 a 5) é um indicador da eficiência do uso da água associado (RIBEIRO *et al.*, 2018).

A fisiologia está intimamente ligada ao acúmulo de biomassa (LAURIE *et al.*, 2022). Os resultados da significância das correlações fisiológicas (TFL, E, AUCProx e AUCCloro) e do acúmulo de biomassa (PMSFR e PMSR), sugerem as características chave, para que por meio delas, sejam classificados os melhores genótipos para seleção (LAURIE *et al.*, 2022; BATISTA *et al.*, 2021). Os genótipos 1440, 397, 556 e a testemunha Ligeirinha, apresentaram alto acúmulo de massa seca nas raízes, que por sua vez, está significativamente ligado à transpiração, à taxa de fotossíntese líquida e ao Vigor NDVI, como demonstrado na Tabela 1 de correlações e significância. Por isso, são altamente indicados para a seleção em um novo programa de melhoramento em nível de tolerância à seca, pois acumularam vantagem em acúmulo de massa seca e possuem características fotossintéticas relevantes.

O comportamento dos parâmetros produtivos (PMSFR e PMSR) com a fisiologia foi pouco expressivo, apresentando baixa correlação e por vezes negativa com a clorofila, por sua vez não significativa entre a AUCCloro com a PMSR e entre PMSR e PMSFR, porém, significativa com o vigor e a taxa de fotossíntese líquida (TABELA 1). Mesmo assim, o fato da variável possuir baixa correlação com outras características, não tira dela a importância agrônômica (COSTA *et al.*, 2022), pois devidos efeitos poligênicos do fator, ligados à fisiologia do desenvolvimento da planta, podem explicar resultados com base na significância entre elas, como observado na Tabela 1, em altas respostas aos acúmulos de biomassa individual de alguns genótipos, indicando sua superioridade em genética e magnitude dos dados positivos, observados nas Figuras 5A e 5B (SILVA *et al.*, 2022; LAURIE *et al.*, 2022; TAIZ; ZEIGER, 2017).

Em oito características fisiológicas do IRGA, houve um intervalo de predição maior das comparações das médias no BLUP, com estimativas que agruparam igualmente a maioria

dos genótipos, possivelmente por estes genótipos apresentarem um mesmo patamar evolutivo. Ao passo que em relação a área abaixo da curva para o sensor de vigor com uso do Greenseeker, e de clorofila com uso do Clorofilômetro, demonstraram uma predição menor, com certa precisão no índice genético, talvez em função das diferentes metodologias de avaliação, e precisão dos equipamentos de leitura do vigor e da clorofila.

O genótipo 1074 foi o que apresentou menor taxa de transpiração (E) (Figura 3A) quase duas vezes abaixo da média geral, sendo que a redução da taxa de transpiração pode ser associada com a maior funcionalidade estomática, pois os estômatos podem se tornar mais elípticos devido a relação entre diâmetro polar/equatorial (CHAVES *et al.*, 2022). Sua baixa taxa de transpiração e maior eficiência de uso de CO<sub>2</sub> são características importantes para plantas tolerantes à seca (OLIVEIRA *et al.*, 2022), associado a baixa condutância estomática (GSW).

Este genótipo 1074, em especial, possui índices médios de AUProx, AUCloro, PMSR e PMSFR, assim como taxas fotossintéticas em valores até duas vezes abaixo da média de TFL, GSW, A/CI e Ci/Ca. Este potencial fotossintético baixo na maioria das características avaliadas, pode sugerir uma eficiência em potencial, pois suas médias de massa seca em biomassa de ramos e raízes foram evidentes e relevantes.

O genótipo 1074 apresenta características que o indicam com alto potencial de qualidade fisiológica, principalmente apresentando baixa condutância estomática que o torna eficiente neste processo, interferindo na concentração de CO<sub>2</sub> intracelular.

No estudo da Transpiração (FIGURA 3A) ligada ao fluxo de gases durante o metabolismo celular, o genótipo 1074 é o destaque. Os dados (APÊNDICE A - TABELA 2) demonstram que seu potencial fisiológico na eficiência de transpiração causa menor perda de água no fluxo de abertura estomática, permitindo seus resultados correlacionados acima descritos (TAIZ; ZEIGER, 2017). Outro genótipo potencial é o 358, sendo o melhor em GSW (FIGURA 2A), sugerindo sua superioridade fisiológica em relação aos demais genótipos do estudo.

Em relação à taxa de fotossíntese líquida (FIGURA 2B) não houve genótipos superiores à média geral, possivelmente devido aos genótipos utilizados neste estudo apresentarem um nível elevado de progresso genético. O maior efeito se dá quando houve grande significância em relação a outras características, inclusive correlações fisiológicas importantes (TABELA 1). Mesmo assim houveram três genótipos (1192, 358 e 1440) com médias positivas um nível e meio acima da média geral (FIGURA 2B).

Pode-se observar que há relações significativas com a taxa de fotossíntese líquida (TFL) de maior intensidade com a produtividade da cultura. Devida a fotossíntese (TFL) possuir alta correlação para grande parte das características fisiológicas ( $>0,50$ ), e altamente relacionadas com significâncias, pode-se considerar que representa uma variável de extrema importância fisiológica, o que pode demonstrar outras associações ainda desconhecidas entre os genótipos, que justifique as diferenças nos acúmulos de massa seca entre os genótipos.

Pelo fato da TFL se relacionar significativamente com o vigor (AUProx), mesmo com baixa correlação, pode-se avaliar indiretamente o genótipo de forma rápida e eficiente como opção precoce de seleção, quando há a necessidade de seleção precoce de genótipos com potencial fisiológico para aptidão à tolerância a seca, ou ao melhor desempenho fotossintético, foco deste estudo. Aliado a isso, a TFL altamente correlacionada e significativa com a taxa de condutância estomática, indica plantas mais eficientes fotossinteticamente (KLOSS *et al.*, 2021).

Esta avaliação fotossintética (AUProx) é mensurada indiretamente por um aparelho portátil (GreenSeeker), que fornece um valor de vigor em reflectância da clorofila presente na planta.

Por meio do sensor de clorofila SPAD (AUCCloro) foi possível encontrar índices genéticos variados (FIGURA 3B), isto está ligado a variabilidade genética entre os genótipos. Observa-se que o AUCCloro e sua relação significativa com parâmetros fisiológicos somado à massa seca de ramas, pode inferir uma boa característica para separar os genótipos, dentro de uma pré-seleção precoce, pode auxiliar rapidamente a avaliação e a indicação de plantas com potencial superior de clorofila, que está ligado aos parâmetros fotossintéticos da planta, assim como do potencial de acúmulo de biomassa. Além do mais para estas avaliações são utilizados aparelhos portáteis de fácil manuseio.

Logo, a avaliação de AUProx e AUCCloro sendo significativamente associadas a PMSFR é fundamental para evidenciar genótipos com potencial acúmulo de biomassa nas folhas e ramas, que está inteiramente ligado à aptidão para alimentação animal e produção de proteína na massa seca de folhas e ramas.

As seis características fisiológicas (TFL; GSW; CI; QUE; E; A/CI; Ci/Ca) foram avaliadas por meio do IRGA, que por sua vez possui peculiaridades específicas, cujo uso preciso exige cuidados precisos, que o torna limitante tanto ao uso comum quanto ao custo e manutenção do equipamento, por isso mesmo é próprio somente a um número reduzido de plantas, sendo inviável em grandes populações. O mesmo ocorre para o potencial hídrico

foliar medido pela Câmara de Sholander. Mesmo assim, foi possível colher dados precisos desta população de genótipos, alcançando bons resultados, correlacionados e significativos às características produtivas, como principalmente do Clorofilômetro e do GreenSeeker. Dados estes que atenderam com eficiência a uma pré-seleção inicial de genótipos.

Vale lembrar que o experimento teve irrigação de manutenção até os 80 dias após o plantio, e após isso foi conduzido em sequeiro. A avaliação das características fisiológicas por meio do IRGA foi realizada aos 140 DAP, cuja avaliação sucedeu um período de 60 dias antes da colheita com espaçados 15 dias de chuva num acumulado de precipitação de 147,9 mm, com média de 2,46mm dia<sup>-1</sup>, insuficiente para a manutenção da cultura (FILGUEIRA *et al.*, 2021). Isso causou um estresse hídrico importante, com murchamento e perda considerável de folhas (FIGURA 1 e 5A), conseqüentemente, proporcionou que a avaliação fisiológica fosse realizada com evidente estresse hídrico natural em nível de campo, prejudicando o acúmulo de biomassa de alguns genótipos naturalmente (FIGURA 5A e 5B; TABELA 2). Por outro lado, dando mais confiança nas avaliações fisiológicas deste estudo a campo.

No estudo das correlações, aquelas significativas são apresentadas, quando seus valores abaixo da coluna diagonal estão abaixo de 0,05 em cada característica, demonstrando sua significância relacionada à correlação adjacente (TABELA 1). No geral, houve várias significâncias para as correlações entre as 11 características estudadas, demonstrando interações entre características produtivas e fisiológicas, com maior expressão de significância entre as características fisiológicas.

Mesmo os resultados da correlação genética apresentando valores altos em magnitude de importância para características chave, outras características apresentam resultados baixos em correlação, porém, significativos. A exemplo da característica de TFL que apresentou correlações genéticas alta entre 0,50 a 0,84 com as características de GSW, CI, E, A/CI e Ci/Ca, respectivamente. A característica de GSW apresentou correlações genéticas alta entre 0,82 a 0,89 entre as características CI, E e Ci/Ca, respectivamente. A característica CI apresentou correlações genéticas altas entre 0,59 e 0,96 entre as características E e Ci/Ca, respectivamente. A característica E apresentou correlação genética alta de 0,71 entre a Ci/Ca (Tabela 1).

Todos estes resultados apresentaram estimativas da herdabilidade contrastantes dentro da população testada (TABELA 1). Apenas quatro características consideradas de alta

importância, apresentaram herdabilidade alta acima de 50 % assim como proposto por Costa *et al.* (2022), sendo elas AUCProx (0,83), AUCCloro (0,80), PMSFR (0,92) e PMSR (0,63).

No que diz respeito a herdabilidade (TABELA 1), Costa *et al.* (2022) sugerem valores encontrados acima de 50% julgados como altos para características agrônômicas, o que foi bastante elucidado neste estudo, nas características principais de acúmulo de biomassa de folhas e ramos, e raízes de reserva. Os equipamentos medidores com sensores de clorofila (Clorofilômetro Spad) e o sensor de vigor NDVI (GreenSeeker) apresentaram também altos índices de herdabilidade quanto as características fisiológicas, o que sugere apresentarem boas características a serem consideradas de fácil mensuração e classificação dos genótipos.

Um estudo anatômico dos tecidos vasculares, essencialmente da cavidade estomática dos melhores genótipos, poderia comprovar o potencial de eficiência estomática, aliada a eficiência fotossintética, assim como sua tolerância a seca em genótipos elite aqui pré selecionados (OLIVEIRA *et al.*, 2022).

O acúmulo de biomassa é uma característica chave para seleção e foco no melhoramento de batata-doce para tolerância à seca (LAURIE *et al.*, 2022). Com isso, o acúmulo de biomassa somado das raízes (PMSR) e das folhas e ramos (PMSFR) (ANEXO 1 - TABELA 2), foi mais promissor nos genótipos 397, 556, 1440 e a Ligeirinha, seguidos do 151, 516, 1192, 358, 1418 e 1213. Os genótipos 397 e 556 foram os que apresentaram destaque na fixação de CO<sub>2</sub> na massa seca total e eficiência fotossintética aos 150 DAP, resultando em 26,45 Mg ha<sup>-1</sup> e 26,41 Mg ha<sup>-1</sup>, assim como o terceiro de maior acúmulo, o genótipo 1440 com 22,09 Mg ha<sup>-1</sup>, foram duas vezes mais eficientes que a média geral em 13,3 Mg ha<sup>-1</sup> entre os 57 genótipos testados (APÊNDICE A - TABELA 2 e Figura 5AB).

Os genótipos 397, 556 e 1440 deste estudo, em produtividade de massa seca de raízes, superaram 4 vezes acima da média nacional, sendo efeito do potencial produtivo dos genótipos, devido suas altas produtividades de massa seca de raízes, intrinsecamente correlacionadas ao vigor da planta. Uma boa adaptação fisiológica em virtude dos resultados alcançados, resultando em plantas altamente eficientes (FIGURAS 2 e 3, APÊNDICE A - TABELA 1) (SILVA *et al.*, 2022). Já os genótipos 597, 630, 666 e 1507 neste fator não devem ser considerados para seleção.

Para a produtividade de massa seca de raízes, os genótipos 397, 556, 1440 e a testemunha Ligeirinha (T1) são destaque entre os demais, cuja produtividade chega a ser até 2,5 Mg ha<sup>-1</sup> a mais que a média geral, resultado da eficiência na fisiologia do acúmulo e fixação de carbono.

Dentre estes três genótipos, um é do ciclo C1 (556), e dois do ciclo C2 (1440 e 397) reforçando mais uma vez o sucesso do programa de melhoramento em seleção recorrente para o foco deste estudo. Obviamente, duas características altamente correlacionados e significativas são a produtividade de raízes e a produtividade de massa seca aos 150 DAP, foco do melhoramento em dois ciclos, que indiretamente atendem ao acúmulo de biomassa e à qualidade fisiológica.

## 5 CONCLUSÃO

As características fisiológicas (vigor, taxa de clorofila e a taxa de fotossíntese líquida) ligadas às produtivas (produtividade de massa seca de folhas e ramas, e produtividade de massa seca de raízes), foram consideradas características chave na seleção precoce de genótipos de batata-doce, por apresentarem maior variabilidade, com sucesso prático na triagem direcionada a seleção para a tolerância à seca.

De forma geral, a maioria dos genótipos apresentaram variabilidade fisiológica e produtiva para uma pré-seleção direcionados a tolerância à seca.

Os genótipos 397, 556, 1074, 1404 e 1440 apresentaram alto potencial como recombinantes para um programa de melhoramento direcionado a tolerância à seca.

## REFERÊNCIAS

- AGILI, S.; NYENDE, B.; NGAMAU, K.; MASINDE, P. Selection, Yield Evaluation, Drought Tolerance Indices of Orange-Flesh Sweet potato (*Ipomoea batatas* Lam) Hybrid Clone. **J Nutr Food Sci.**, [S.l.], v. 2, n. 138, 2012.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C. de *et al.* Association between agronomic characters and hay quality of sweet potato branches. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 38, n. 1, p. 27-32, 2020.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, 67, 1-48, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>. Acesso em: 20 nov. 2022
- BATISTA, L.G.; GAYNOR, R.C.; MARGARIDO, G.R.A.; BYRNE, T.; AMER, P.; GORJANC, G. *et al.* Long-term comparison between index selection and optimal independent culling in plant breeding programs with genomic prediction. **PLoS ONE**, [S.l.], v. n. 16, p. 5, 2021.
- BOX, G.; COX, D. An analysis of transformations. **J R Stat Soc.**, [S.l.], v. 26, p. 211–252, 1964.
- BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; LOPES, T.K.; SILVA, J.C.O; FIRME, T.D.; SILVA, E.A.; AZEVEDO, S.M. Flowering capacity and botanical seed production of sweet potato genotypes. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 39, 2021.
- BUENO FILHO, J.S.S.; VENCOSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesqui Agropecu Bras.**, [S.l.], v. 35, p. 259-269, 2000.
- CFSEMG. Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais. **Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5a Aproximação**. RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ, V. H. V. (Eds.). Viçosa, MG, 1999. 359 p.
- CHAVES, M. P.B.; SILVA, B. A.B.; SILVÉRIO, He. F.; RAMOS. F.N.; DUARTE, V.P.; CASTRO, E. M.; PEREIRA, F. J. Anatomia e crescimento do cacto epifítico *Epiphyllum phyllanthus* sob diferentes condições de radiação. **Planta Ecologia e Diversidade**, [S.l.], [S.v.], [S.n.], 2022.
- CIP. Centro Internacional De La Papa. **Plant breeding and farmer participation**. 2009. Chapter 13, Selection methods Part 5: Breeding clonally propagated crops. Cross Ref View Record in Scopus. CIP, International Potato Center (Annual Report—Embracing the SDGs in, 2015: CIP, International Potato Center (Annual Report—Embracing the SDGs in 2015).
- COSTA, A. L.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; GAMA, A. B. N.; SILVA, E. A.; BRITO, O. G.; SILVA, J. C. O.; BUENO FILHO, J. S. S. Selection of superior sweet potato genotypes for human consumption via mixed models. **Bragantia**, [S.l.], v. 81, p. e4122, 2022.
- DELAZARI, F. T.; FERREIRA, M. G.; DA SILVA, G. H.; DARIVA, F. D.; DE FREITAS, D. S.; NICK, C. EFICIÊNCIA NO USO DA ÁGUA E ACÚMULO DE MATÉRIA NA BATATA-DOCE EM FUNÇÃO DE LÂMINAS DE IRRIGAÇÃO. **IRRIGA**, [S.l.], v. 22, n. 1, p. 115–128, 2018.

ECHER, F.R.; CRESTE, J. E.; LA TORRE, E. J. R. **Nutrição e adubação da batata-doce**. Presidente Prudente: BR, 2015. 94 p.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Fruit and vegetables – your dietary essentials. **The International Year of Fruits and Vegetables**. Rome, 2020.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. Hawaiian Planters'. **Record**, [S.l.], v. 55, p. 191-208, 1956.

FILGUEIRA, F. **Novo Manual de Olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2021. 412 p.

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

GOUVEIA, C. S. S.; GANANÇA, J. F. T.; NÓBREGA, H. G. M. de; FREITAS, J. G. R. de; LEBOT, V.; CARVALHO, M. A. A. P. de. Drought Avoidance and Phenotypic Flexibility of Sweet Potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) Under Water Scarcity Conditions. **Not Bot Horti Agrobo.**, [S.l.], v. 47, n. 4, p. 1036-1046, 2019.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph, Guelph, 1984.

HILKELMANN, K.; KEMPTHORNE, O. **Design and Analysis of Experiments: Advanced Experimental Design**. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2005. Inc. Book Series: Wiley Series in Probability and Statistics.

HOOPEES, G. *et al.* **Phased, chromosome-scale genome assemblies of tetraploid potato reveals a complex genome, transcriptome, and predicted proteome landscape underpinning genetic diversity, Dryad, Dataset**, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.5061/dryad.3n5tb2rhw>. Acesso em: 16 jan. 2022.

KLOSS, R.B.; CASTRO, E.M. de; MAGALHÃES, P.C. *et al.* Anatomical and physiological traits of maize under contrasting water levels and cattail occurrence. **Acta Physiol. Plant**, [S.l.], v. 43, n. 16, 2021.

LAURIE, S.M.; BAIRU, M.W.; LAURIE, R. N. Analysis of the Nutritional Composition and Drought Tolerance Traits of Sweet Potato: Selection Criteria for Breeding Lines. **Plants**, [S.l.], 11, n. 14, 1804, 2022.

NHANALA, S.; YENCHO, G. C. Assessment of the potential of wild *Ipomoea* spp. For the improvement of drought tolerance in cultivated sweetpotato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. **Crop Science**, [S.l.], v. 61, p. 234-249, 2021.

OLIVEIRA, J.P.V.; DUARTE, V.P.; CASTRO, E.M. de *et al.* Stomatal cavity modulates the gas exchange of *Sorghum bicolor* (L.) Moench. grown under different water levels. **Protoplasma**, [S.l.], v. 259, p.1081–1097, 2022.

ONU. Organização das Nações Unidas. **Climate Fast Facts**. Food and Agriculture. 2022. Disponível em: <https://www.un.org/sites/un2.un.org/files/fastfacts-food-and-agriculture-february-2022.pdf>. Acesso em: 25 ago. 2022.

PIRES, M. V.; CASTRO, E. M. de; FREITAS, B. S. M. de; LIRA, J. M. S.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA, M. P. Yield-related phenotypic traits of drought resistant maize genotypes. **Environmental and Experimental Botany**, [S.l.], v. 171, p. 103962, 2022.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2019.

RAHMAWATI, N.; LAHAY, R. R.; IRMANSYAH, T.; MAWARNI, L. Yield and tuber quality of Orange-fleshed sweet potato cultivars under drought stress in greenhouse. IOP Conf. Series. **Earth and Environmental Science**, [S.l.], v. 454, 2020.

RIBEIRO, M. *et al.* 2012. Leaf anatomy of the cassava as related to potential for tolerance to different environmental conditions. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 2, p. 354-361, abr./jun. 2012.

RIPLEY, B.; VENABLES, B.; BATES, D. M.; HORNIK, K.; GEBHARDT, A.; FIRTH, D. **Support functions and datasets for venables and Ripley's MASS**. R Package Version 7.3–57. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/MASS/MASS.pdf>. Acesso em: 11 jul. 2022.

SILVA, J.C. de O.; ANDRADE JÚNIOR, V.C. de; BUENO FILHO, J.S. de. *S. et al.* Mixed model-based indices for selection of sweet potato genotypes for different agronomic aptitudes. **Euphytica**, [S.l.], v. 218, n. 86, 2022.

SOUZA, M.C.; OLIVEIRA SILVA, J.C. de; SILVA, E.A. da. *et al.* Characterization of sweet potato genotypes with landscaping potential. **Euphytica**, [S.l.], v. 218, n. 156, 2022.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. *et al.* **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. (Trad.). In: MASTROBERTI, A. A. OLIVEIRA, P. L. (Rev.). 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017. YOOYONGWECH, S.; SAMPHUMPHUANG, T.; TISARUM, R.; THEERAWITAYA, C.; CHA-UM, S. Water-Deficit Tolerance in Sweet Potato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] by Foliar Application of Paclobutrazol: Role of Soluble Sugar and Free Proline. **Front. Plant Sci.**, [S.l.], v. 8, n. 1400, 2017.

YOOYONGWECH, S.; SAMPHUMPHUANG, T.; THEERAWITAYA, C.; SURIYAN, C. “Physio-morphological responses of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) genotypes to water-deficit stress.” **Plant Omics**, [S.l.], v. 7, p. 361-368, 2014.

ZHANG, H.; ZHU, L.; ZHANG, C.; NING, Y.; ZHANG, Y. Effect of water stress on dry mass accumulation and allocation in sweet potato based on stable isotope analysis. **Canadian Journal of Plant Science**, [S.l.], v. 95, n. 2, p. 263-271, 2015.

## APÊNDICES

### APÊNDICE A

Tabela 2 - Médias das variáveis fisiológicas e produtivas em: Área abaixo da curva dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (Prox-45; Prox-90; Prox-125; Prox-150), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (Cloro-90; Cloro-125; Cloro-150), produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes (PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce da UFLA em Ijací MG. UFLA, 2023. (continua)

Código de genótipos			Variáveis														
Ano	Progênie	Genótipo	Prox45	Prox90	Prox125	Prox150	Cloro90	Cloro125	Cloro150	PMSFR	PMSR	TFL	GSW	CI	E	A/Ci	Ci/Ca
2020	840	151	0,80	0,83	0,75	0,74	53,36	56,17	51,19	6,10	15,44	21,63	0,31	227,86	6,98	0,10	0,61
2020	1527	198	0,69	0,82	0,69	0,62	52,56	56,48	55,04	2,79	10,04	21,03	0,33	245,10	6,36	0,09	0,65
2020	1321	210	0,71	0,82	0,77	0,71	51,73	44,33	45,67	3,34	12,36	21,13	0,41	246,75	6,46	0,09	0,67
2020	1407	278	0,76	0,78	0,73	0,64	48,23	47,95	45,99	2,15	5,91	22,11	0,34	226,19	6,56	0,11	0,60
2020	1472	332	0,40	0,82	0,73	0,49	48,44	45,67	40,65	1,84	7,91	17,48	0,28	200,68	5,24	0,09	0,59
2020	941	358	0,56	0,82	0,76	0,71	50,91	54,15	52,77	6,63	12,15	24,08	0,52	246,13	8,07	0,10	0,72
2020	464	397	0,79	0,81	0,76	0,73	53,24	50,05	51,14	7,55	<b>18,90*</b>	24,21	0,41	239,58	6,64	0,10	0,66
2020	Beauregard	402	0,57	0,81	0,73	0,62	49,79	49,79	42,06	3,91	4,82	20,43	0,31	212,85	6,00	0,10	0,61
2018	19	443	0,57	0,79	0,73	0,73	50,95	50,21	48,21	5,52	9,89	22,15	0,35	235,63	7,03	0,09	0,65
2018	19	455	0,50	0,83	0,73	0,67	51,03	60,21	48,85	7,25	8,31	21,79	0,38	237,06	7,24	0,09	0,67
2018	19	464	0,70	0,84	0,75	0,74	51,79	57,13	59,12	8,60	6,65	22,14	0,34	236,82	5,36	0,10	0,63
2020	1481	516	0,65	0,81	0,75	0,73	52,96	53,61	52,66	9,05	11,21	21,49	0,39	251,38	7,45	0,09	0,69
2020	UFVJM42	527	0,74	0,81	0,76	0,68	48,26	50,35	43,40	4,01	13,07	20,05	0,29	236,28	5,29	0,09	0,63
2020	UFVJM42	535	0,73	0,82	0,73	0,71	45,99	44,11	48,18	6,15	8,39	20,30	0,31	236,35	5,54	0,09	0,63

Tabela 2 - Médias das variáveis fisiológicas e produtivas em: Área abaixo da curva dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (Prox-45; Prox-90; Prox-125; Prox-150), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (Cloro-90; Cloro-125; Cloro-150), produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes (PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce da UFLA em Ijací MG. UFLA, 2023. (continua)

Código de genótipos			Variáveis														
Ano	Progênie	Genótipo	Prox45	Prox90	Prox125	Prox150	Cloro90	Cloro125	Cloro150	PMSFR	PMSR	TFL	GSW	CI	E	A/Ci	Ci/Ca
2018	28	543	0,54	0,82	0,73	0,66	51,26	50,48	49,05	2,84	14,27	20,24	0,24	206,77	5,78	0,10	0,55
2018	28	556	0,78	0,83	0,74	0,74	48,95	47,13	48,54	4,68	<b>21,74*</b>	21,97	0,42	258,86	6,69	0,09	0,70
2020	1105	597	0,72	0,84	0,77	0,72	44,91	54,05	48,33	8,18	1,92	22,99	0,39	263,72	6,70	0,09	0,69
2020	946	630	0,77	0,83	0,79	0,78	54,77	60,49	59,07	6,11	3,16	19,68	0,35	263,83	5,45	0,08	0,70
2018	31	666	0,35	0,73	0,38	0,28	43,02	41,93	22,13	1,63	0,00	15,75	0,21	184,96	4,53	0,08	0,51
2020	1163	704	0,71	0,81	0,75	0,76	52,06	54,69	55,11	6,80	9,17	23,09	0,37	247,18	6,89	0,10	0,66
2020	1438	733	0,73	0,80	0,75	0,70	47,31	50,27	46,09	5,03	6,85	22,74	0,41	260,90	5,30	0,09	0,70
2018	36	807	0,63	0,79	0,71	0,63	49,89	47,08	46,37	2,64	12,34	19,70	0,28	233,97	4,72	0,09	0,63
2020	98	1056	0,73	0,83	0,73	0,67	48,56	46,99	50,41	3,99	6,34	23,03	0,32	237,20	6,11	0,10	0,62
2020	98	1058	0,69	0,83	0,62	0,50	48,19	49,27	49,18	1,14	5,26	17,66	0,38	277,70	4,41	0,06	0,71
2020	98	1074	0,70	0,81	0,75	0,69	49,70	54,10	50,28	3,67	<b>8,96*</b>	16,50	0,23	205,91	4,80	0,10	0,58
2020	98	1077	0,78	0,82	0,77	0,72	49,86	58,51	49,97	5,31	5,75	22,75	0,36	230,17	6,56	0,10	0,64
2018	54	1114	0,59	0,83	0,72	0,68	51,27	51,45	48,02	4,26	9,03	16,43	0,23	248,56	5,28	0,07	0,65

Tabela 2 - Médias das variáveis fisiológicas e produtivas em: Área abaixo da curva dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (Prox-45; Prox-90; Prox-125; Prox-150), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (Cloro-90; Cloro-125; Cloro-150), produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes (PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce da UFLA em Ijací MG. UFLA, 2023. (continua)

Código de genótipos			Variáveis														
Ano	Progênie	Genótipo	Prox45	Prox90	Prox125	Prox150	Cloro90	Cloro125	Cloro150	PMSFR	PMSR	TFL	GSW	CI	E	A/Ci	Ci/Ca
2020	Uruguaiana	1143	0,76	0,81	0,75	0,67	49,64	49,71	46,54	3,58	13,56	19,83	0,29	227,98	5,70	0,09	0,62
2020	Uruguaiana	1152	0,59	0,81	0,72	0,66	49,47	54,83	48,90	4,25	11,35	22,85	0,42	249,36	6,71	0,09	0,69
2020	Uruguaiana	1153	0,78	0,80	0,76	0,70	45,89	48,76	42,51	7,31	5,58	17,57	0,26	227,32	5,30	0,08	0,61
2020	Uruguaiana	1164	0,49	0,80	0,74	0,67	52,25	58,55	53,92	7,78	6,96	21,98	0,46	262,83	5,36	0,09	0,70
2020	Uruguaiana	1192	0,69	0,83	0,73	0,72	46,30	46,06	45,98	4,58	14,65	27,59	0,49	209,96	9,29	0,13	0,63
2020	Uruguaiana	1194	0,76	0,82	0,73	0,62	45,63	41,33	40,51	2,44	15,28	22,92	0,33	230,64	6,25	0,10	0,63
2020	Uruguaiana	1213	0,72	0,83	0,76	0,72	46,37	48,22	48,13	2,29	15,72	21,45	0,31	225,14	6,40	0,10	0,62
2018	65	1249	0,55	0,82	0,77	0,66	50,62	57,29	43,76	5,82	3,95	17,56	0,25	219,03	5,23	0,08	0,60
2020	1380	1268	0,76	0,83	0,75	0,75	56,41	62,18	61,93	5,86	5,49	23,41	0,43	262,92	6,46	0,09	0,69
2020	1380	1273	0,72	0,82	0,77	0,57	52,30	53,79	50,02	1,39	11,25	20,59	0,31	194,66	5,43	0,11	0,56
2020	1380	1324	0,62	0,82	0,73	0,55	50,08	54,67	48,47	2,75	9,85	19,65	0,29	216,73	5,79	0,09	0,61
2020	1380	1365	0,60	0,82	0,73	0,67	49,38	47,13	54,83	5,36	8,94	21,57	0,29	210,30	6,01	0,10	0,59

Tabela 2 - Médias das variáveis fisiológicas e produtivas em: Área abaixo da curva dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (Prox-45; Prox-90; Prox-125; Prox-150), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (Cloro-90; Cloro-125; Cloro-150), produtividade de massa seca de folhas e ramas (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes (PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce da UFLA em Ijací MG. UFLA, 2023. (continua)

Código de genótipos			Variáveis														
Ano	Progenie	Genótipo	Prox45	Prox90	Prox125	Prox150	Cloro90	Cloro125	Cloro150	PMSFR	PMSR	TFL	GSW	CI	E	A/Ci	Ci/Ca
2018	72	1376	0,70	0,82	0,80	0,75	50,50	51,34	51,09	3,27	5,18	20,78	0,42	289,33	5,26	0,07	0,73
2020	1380	1377	0,75	0,81	0,72	0,64	47,73	50,99	46,20	3,69	8,31	25,14	0,44	257,56	7,39	0,10	0,69
2020	1380	1404	0,82	0,82	0,76	0,61	49,01	50,05	45,37	1,58	<b>11,13*</b>	21,62	0,36	250,38	5,87	0,09	0,65
2018	72	1408	0,75	0,83	0,78	0,74	49,23	51,33	52,57	6,42	3,86	18,53	0,27	198,68	4,42	0,22	0,54
2018	72	1418	0,71	0,81	0,76	0,72	52,62	54,01	57,22	5,39	12,80	21,85	0,34	233,93	5,57	0,09	0,64
2018	72	1428	0,47	0,81	0,67	0,58	51,75	41,52	48,17	4,67	11,71	24,80	0,32	214,88	6,29	0,12	0,57
2020	UFVJM42	1440	0,75	0,83	0,74	0,70	50,58	49,73	48,99	3,14	<b>18,96*</b>	25,81	0,50	265,57	6,28	0,10	0,69
2020	UFVJM42	1444	6,45	0,83	0,80	0,73	47,61	47,27	47,00	5,43	11,09	20,46	0,37	280,79	5,02	0,08	0,72
2020	UFVJM42	1462	0,74	0,82	0,72	0,63	49,45	48,49	45,23	2,19	6,67	24,12	0,38	236,98	6,65	0,10	0,65
2020	UFVJM42	1476	0,69	0,81	0,72	0,71	49,56	48,95	45,84	5,51	9,69	22,66	0,32	206,81	6,90	0,11	0,59
2018	74	1507	0,73	0,81	0,75	0,76	48,77	54,54	52,07	6,58	2,47	19,75	0,42	254,33	6,75	0,08	0,73
2020	UFVJM42	1533	0,77	0,81	0,74	0,68	46,91	43,89	43,50	2,73	4,88	20,87	0,35	239,73	6,69	0,09	0,67

Tabela 2 - Médias das variáveis fisiológicas e produtivas em: Área abaixo da curva dos dados do sensor proximal Greenseeker de NDVI (Prox-45; Prox-90; Prox-125; Prox-150), Área abaixo da curva do sensor de clorofila (Cloro-90; Cloro-125; Cloro-150), produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR – Mg ha<sup>-1</sup>), produtividade de massa seca de raízes(PMSR – Mg ha<sup>-1</sup>), taxa de fotossíntese líquida (TFL - μmol CO<sub>2</sub> m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Condutância estomática para vapor de água (GSW - mol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), concentração intracelular de CO<sub>2</sub> (CI - mmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), transpiração (E - mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>), Eficiência instantânea de carboxilação (A/CI - μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> Pa<sup>-1</sup>), Relação carbono interno e carbono externo (Ci/Ca) em 57 genótipos de batata-doce da UFLA em Ijací MG. UFLA, 2023. (Conclusão)

Código de genótipos			Variáveis														
Ano	Progênie	Genótipo	Prox45	Prox90	Prox125	Prox150	Cloro90	Cloro125	Cloro150	PMSFR	PMSR	TFL	GSW	CI	E	A/Ci	Ci/Ca
2020	UFVJM42	1589	0,79	0,82	0,75	0,70	50,89	49,24	50,69	3,64	8,58	21,64	0,40	231,12	6,90	0,10	0,68
2020	MT4	Al.Lavras	0,70	0,84	0,73	0,68	54,57	53,49	57,74	2,61	4,61	22,53	0,34	233,15	6,49	0,10	0,63
2020	MT2	canadense	0,68	0,80	0,65	0,59	52,80	60,80	57,20	1,53	9,29	23,22	0,44	278,05	6,96	0,09	0,72
2020	MT1	ligeirinha	0,69	0,83	0,72	0,70	53,67	49,67	52,43	3,23	<b>18,83*</b>	21,61	0,37	243,64	6,90	0,09	0,68
2020	MT5	Melhorada	0,69	0,80	0,70	0,58	56,49	56,51	52,69	1,96	7,47	22,86	0,37	212,86	7,22	0,43	0,57
2018	MT3	UFVJM61	0,54	0,81	0,72	0,71	49,65	52,07	53,77	7,82	9,95	25,29	0,46	240,52	7,83	0,11	0,67

\* Potenciais recombinantes para o alto acúmulo de biomassa seca de raízes, com evidente potencial combinado com características fisiológicas.

Código dos genótipos: BD-2020-840-151; BD-2020-1527-198; BD-2020-1321-210; BD-2020-1407-278; BD-2020-1472-332; BD-2020-941-358; BD-2020-464-397; BD-2020-Beauregard-402; BD-2018-19-443; BD-2018-19-455; BD-2018-19-464; BD-2020-1481-516; BD-2020-UFVJM42-527; BD-2020-UFVJM42-535; BD-2018-28-543; BD-2018-28-556; BD-2020-1105-597; BD-2020-946-630; BD-2018-31-666; BD-2020-1163-704; BD-2020-1438-733; BD-2018-36-807; BD-2020-98-1056; BD-2020-98-1058; BD-2020-98-1074; BD-2020-98-1077; BD-2018-54-1114; BD-2020-Uruguaiiana-1143; BD-2020-Uruguaiiana-1152; BD-2020-Uruguaiiana-1153; BD-2020-Uruguaiiana-1164; BD-2020-Uruguaiiana-1192; BD-2020-Uruguaiiana-1194; BD-2020-Uruguaiiana-1213; BD-2018-65-1249; BD-2020-1380-1268; BD-2020-1380-1273; BD-2020-1380-1324; BD-2020-1380-1365; BD-2018-72-1376; BD-2020-1380-1377; BD-2020-1380-1404; BD-2018-72-1408; BD-2018-72-1418; BD-2018-72-1428; BD-2020-UFVJM42-1440; BD-2020; UFVJM42-1444; BD-2020-UFVJM42-1462; BD-2020-UFVJM42-1476; BD-2018-74-1507; BD-2020-UFVJM42-1533; BD-2020-UFVJM42-1589; BD-2020-MT4-AlaranjadaLavras; BD-2020-MT2-Canadense; BD-2020-MT1-Ligeirinha; BD-2020-MT5-Melhorada; BD-2018-MT3-UFVJM61

Legenda do código de genótipos:

BD = Batata-doce

2018 = Ciclo C1

2020 = Ciclo C2

Antepenúltimo número = Avó

Penúltimo número -xxxx- = Mãe

Último número = Genótipo

Código padrão = Espécie-Ano-Avó-Mãe-Genótipo

Fonte: Do autor (2023).

## APÊNDICE B

Figura 6 - Croqui e Planejamento Estrutural do Experimento.

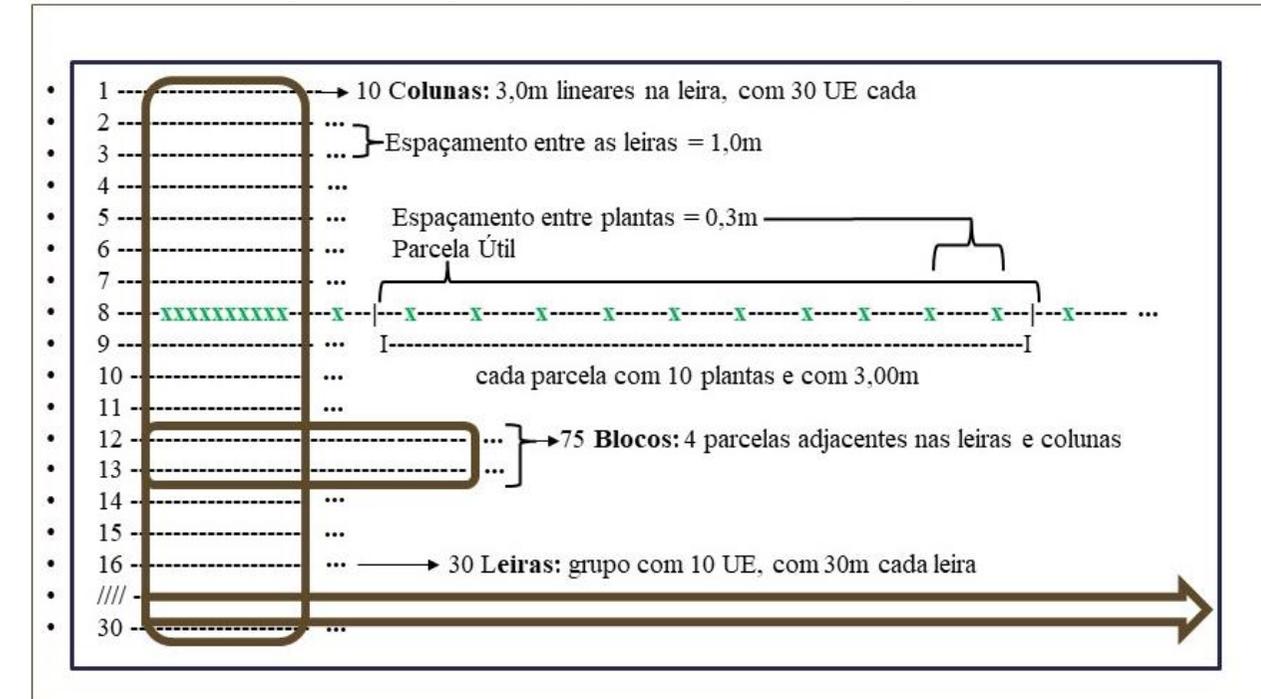


Imagem do plantio e colheita da área experimental.

Fonte: Do autor (2023).

## APÊNDICE C

Figura 7 - Diagrama do Histórico desenvolvido no Ciclo de recombinação C1 e C2.

### Ciclo de recombinação C– Seleção Recorrente Intrapopulacional Composta



Fonte: Do autor (2023).

## APÊNDICE D

Figura 8 - Diagrama do Histórico da fase de triagem A Clones.

### Triagem de genótipos (A – Clones)



Fonte: Do autor (2023).

## APÊNDICE E

Figura 9 - Diagrama da fase de avaliação em aptidões de uso.

### Modelo de ensaios agronômicos



Fonte: Do autor (2023).

## CAPÍTULO 3 ANÁLISE CONJUNTA APLICADA À SELEÇÃO MULTIFUNCIONAL DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE

### RESUMO

Objetivou-se avaliar e selecionar genótipos de batata-doce para diferentes aptidões agronômicas a partir da análise conjunta de ensaios em duas épocas de cultivo. Os experimentos foram conduzidos na Universidade Federal de Lavras, situada ao Sul de Minas Gerais. Os tratamentos foram 52 genótipos de até o segundo ciclo de seleção recorrente, e cinco testemunhas comerciais locais, repetidos até oito vezes. O delineamento experimental utilizado nos dois anos foi um modelo com delineamento em linhas e colunas incompleto. As leiras continham entre si um metro de espaçamento, construídas a 0,5 m de altura. A parcela útil em cada tratamento, foi de três metros na leira contendo 10 plantas espaçadas equidistantes entre si. O ciclo foi de 150 dias em períodos de novembro a março, nos anos de 2021 e 2022, respectivamente. As condições experimentais foram semelhantes nos dois anos, assim como os tratamentos culturais e as mesmas avaliações, houve diferenças nas condições climáticas. Foram avaliadas 13 características no modelo linear misto, ajustado pelo BLUP e correlações genotípicas, com seleção independente de significância nos gráficos e análises estatísticas, em conjunto nos dois anos. As características principais avaliadas foram as quantitativas de: produtividade de massa verde das folhas e ramos (PFRV), porcentagem de massa seca de ramos (MSFR%), produtividade de massa seca de ramos (PMSFR), produtividade de raízes totais (PRT), porcentagem de massa seca de raízes (MSRpercentual), produtividade de massa seca de raízes (PesoMSR) e produtividade de raízes comerciais (PRC). Assim como as qualitativas de: padrão comercial (PC), formato de raízes (For), resistência a insetos do solo (RI), Cor de casca (CC), Cor de polpa (CP) e Intensidade de cor da polpa (Int). Os genótipos superaram as testemunhas, possuindo características múltiplas inseridas em vários genótipos, antes não presentes nas cultivares tradicionais. Os genótipos, 210, 397, 464, 516, 527, 556, 1074, 1192, 1377, 1404, 1440, 1476, são destaques para uso em múltiplas aptidões de uso sustentáveis. Os genótipos 397, 516, 556, 1074 e 1404 são aptos ao consumo humano, alimentação animal e produção de etanol. Os genótipos 1192, 1377, 1440 e 1476 de polpa roxa intensa são aptos à biofortificação genética para alimentação humana. O genótipo 464 tem aptidão para a alimentação animal. O genótipo 1440 é destaque no padrão comercial, e foi registrado como UFLA R1440. Os genótipos 397 e 1268 tem formato e padrão comercial de alta qualidade. Para o consumo humano, alimentação animal e produção de etanol, o genótipo 556 tem alto acúmulo de amido e desenvolvimento vigoroso. O genótipo 1404 possui ótimo formato e crescimento compacto de ramos adequado a pequenos espaços. Os genótipos 1192 e 1476 apresentam alta intensidade de cor de polpa roxa nas raízes e destacam-se pelo alto acúmulo de antocianinas nas raízes. Estes genótipos apresentam potencial de múltiplas aptidões e devem ser incluídos em programas de melhoramento futuros, com foco nas diferentes aptidões.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas* L. (Lam). Sustentabilidade. Biofortificação. Alimentação. Cultivares. Melhoramento.

## ABSTRACT

### JOINT ANALYSIS APPLIED TO THE MULTIFUNCTIONAL SELECTION OF SWEET POTATO GENOTYPES

The objective was to evaluate and select sweet potato genotypes for different agronomic aptitudes based on the joint analysis of trials in two growing seasons. The experiments were conducted at the Federal University of Lavras (UFLA), located in the south of Minas Gerais, Brasil. The treatments were 52 genotypes up to the second recurrent selection cycle, and 5 local commercial checks, replicated up to eight times. The experimental design used in both years was a model with an incomplete line and column design. The windrows were spaced one meter apart, built at a height of 0,5 mts. The useful plot in each treatment was three meters in the windrow containing 10 plants spaced equidistant from each other. The cycle was 150 days in periods from November to March, in the years 2021 and 2022, respectively. The experimental conditions were similar in the two years, as well as the cultural treatments and the same evaluations; there were differences in the climatic conditions. Thirteen traits were evaluated in the mixed linear model, adjusted by BLUP and genotypic correlations, with independent selection of significance in the graphs and statistical analyses, together in the two years. The main characteristics evaluated were the quantitative ones: productivity of green mass of leaves and branches (PFRV), percentage of dry mass of branches (MSFR%), the productivity of dry mass of branches (PMSFR), productivity of total roots (PRT), percentage of dry mass of roots (MSRpercentage), productivity of dry mass of roots (WeightMSR) and productivity of marketable roots (PRC). As well as the qualitative ones of a commercial standard (PC), root shape (For), resistance to soil insects (RI), skin color (CC), pulp color (CP), and pulp color intensity (Int). The genotypes outperformed the controls, having multiple characteristics inserted in several genotypes, previously not present in the traditional cultivars. Genotypes, 210, 397, 464, 516, 527, 556, 1074, 1192, 1377, 1404, 1440, and 1476 are highlighted for use in multiple sustainable use skills. Genotypes 397, 516, 556, 1074, and 1404 are suitable for human consumption, animal feed, and ethanol production. Genotypes 1192, 1377, 1440, and 1476 with intense purple flesh are suitable for genetic biofortification for human consumption. Genotype 464 is suitable for animal feed. Genotype 1440 is featured in the commercial standard and has been registered as UFLA R1440. Genotypes 397 and 1268 have a high-quality commercial standard and format. For human consumption, animal feed, and ethanol production, genotype 556 has high starch accumulation and vigorous development. Genotype 1404 has an excellent shape and compact growth of branches suitable for small spaces. Genotypes 1192 and 1476 have a high intensity of purple pulp color in the roots and stand out due to the high accumulation of anthocyanins in the roots. These genotypes have the potential for multiple aptitudes and should be included in future breeding programs, focusing on different aptitudes.

**Keywords:** *Ipomoea batatas* L. (Lam). Sustainability. Biofortification. Food. Cultivars. Improvement.

## 1 INTRODUÇÃO

A batata-doce é uma das cinco principais culturas cultivadas no mundo, especialmente pela sua facilidade de cultivo, baixo custo de produção e amplo conteúdo nutricional (SANTOS *et al.*, 2019; ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018; 2020). As plantas aptas ao consumo humano são ricas em compostos nutracêuticos, como antocianinas, carotenoides, alto teor de amido nas raízes, fibras dietéticas, fitonutrientes, proteínas, compostos fenólicos, flavonoides totais e compostos bioativos (CHENG *et al.*, 2020; ALBUQUERQUE *et al.*, 2020; 2021; MOURA *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2022).

Além de sua importância na dieta humana, a batata-doce apresenta múltiplos usos, como alimentação animal (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2020), produção de bioetanol (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011; MUSSOLINE *et al.*, 2017), uso agroindustrial (MUSSOLINE *et al.*, 2017; ZUO *et al.*, 2018; WANG *et al.*, 2020), dentre outros. Essa ampla diversidade de uso está associada à elevada variabilidade genética presente na espécie (SILVA *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022). Isso se deve ao fato de a planta ser de uma espécie hexaplóide ( $2n = 6x = 90$ ), alógama e autoincompatível (SILVA *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022). Assim, cada semente obtida pode dar origem a um novo clone com potencial de cultivo comercial (TORQUATO-TAVARES *et al.*, 2017; COSTA *et al.*, 2022). Diante disso, diversas técnicas de avaliação e seleção podem ser adotadas, a fim de identificar genótipos com diversos potenciais de uso, recomendados para uma ou múltiplas aptidões agrônomicas (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018; SILVA *et al.*, 2022).

Silva *et al.* (2022) estudaram 1627 genótipos oriundos de sementes botânicas, em um primeiro ciclo de seleção recorrente, encontrando 60 genótipos aptos para produção de etanol, alimentação animal, consumo humano e múltiplas aptidões entre eles. As principais características estudadas foram produtividade de raízes e ramas, padrão comercial de raízes, formato de raízes, resistência a insetos e a cor de polpa mais intensa. Mesmo sendo um estudo exploratório, os autores verificaram alta variabilidade a ser explorada dentro de diversas aptidões de uso multifuncional. Como continuidade ao estudo, Costa *et al.* (2022) avaliaram os 100 melhores genótipos de batata-doce pré-selecionados por Silva *et al.* (2022). Tais autores encontraram 12 genótipos altamente superiores em relação à população, com alta produtividade e qualidade de raízes para o consumo humano. Já Zeist *et al.* (2022), ao estudarem 141 genótipos experimentais de batata-doce, selecionaram oito deles como mais promissores ao melhoramento, por possuírem médias superiores em características de alta herdabilidade.

O uso dos índices de seleção com pesos específicos para o consumo humano, alimentação animal e produção de etanol, tem se mostrado como instrumento útil e eficiente na seleção (GONÇALVES NETO *et al.*, 2011; CAMARGO *et al.*, 2016; ZEIST *et al.*, 2022). Todavia, em virtude da herança e diversidade genética da batata-doce (SILVA *et al.*, 2022; SOUZA *et al.*, 2022), a seleção independente em níveis de interesse, tem se mostrado promissora (PIRES *et al.*, 2022), pois grande parte dos caracteres possuem muitos genes envolvidos (COSTA *et al.*, 2022).

Yan e Frégeau-Reid (2018) explicam que uma cultivar ótima deve possuir várias características alvo combinadas. Todavia, os critérios de seleção em índices ou até métodos variados de estimativas genéticas buscando alcançar o máximo de vantagem, podem ser prejudicados por características não ligadas diretamente, até mesmo negativamente correlacionadas, isso é uma das maiores dificuldades dos melhoristas (GONÇALVES NETO, 2011; COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022). Neste sentido, a seleção independente em caracteres chave, pode selecionar ótimos genótipos, aplicando com precisão os limites mínimos de eliminação entre as características (BATISTA *et al.*, 2021).

Devido à segregação hexaplóide, alogamia, autoincompatibilidade e propagação vegetativa, a batata-doce possui alta variabilidade genética (SILVA *et al.*, 2022; BRITO *et al.*, 2021). Dessa forma, diversas heranças genéticas, como efeitos de dominância e epistasia são fixados, fatores de aditividade gênica, herdabilidade dentre outros são mantidos na propagação vegetativa (COSTA *et al.*, 2022; SILVA *et al.*, 2022). Para isso, o ciclo de seleção recorrente é o método mais utilizado e eficiente para a geração de variabilidade, assim como de melhoramento quando empregado em um programa consolidado (SILVA *et al.*, 2022; BATISTA *et al.*, 2021).

Devido ao genoma e variabilidade complexa, além das ferramentas estatísticas tradicionais, o uso de estratégias mais refinadas pode maximizar a aplicação dos índices na seleção, ou dos melhores genótipos independentemente, aumentando sua eficiência. Dentre estas ferramentas, pode-se destacar o uso de modelos mistos baseados na *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP) como uma estratégia que permite ranquear os melhores genótipos em efeito genético puro, em ensaios repetidos de validação (BERNARDO, 2002; SILVA *et al.*, 2022; COSTA *et al.*, 2022). O BLUP é uma ferramenta estatística de maior precisão para seleção, substituindo, com vantagem, o método ANOVA, especialmente nos casos de experimentos com certos graus de desbalanceamento (BERNARDO, 2002). Além disso, o método confere alta eficiência na classificação e no ordenamento dos genótipos (BORGES *et al.*, 2010), gerando segurança na seleção multifuncional pelo viés do melhorista.

Assim, objetivou-se avaliar e selecionar genótipos de batata-doce para diferentes aptidões agronômicas a partir da análise conjunta de ensaios em duas épocas de cultivo.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos de competição foram conduzidos em duas épocas de cultivo de verão, sendo o ano 1 de novembro (2020) a março (2021) (APÊNDICE A), e o ano 2 de novembro (2021) a março (2022) (APÊNDICE B). Os experimentos do primeiro e segundo ano de competição foram implantados no Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia da Universidade Federal de Lavras (CDTT/ESAL/UFLA). A estação de pesquisa está localizada na Fazenda Palmital, no município de Ijaci, região do Campo das Vertentes, no sul do estado de Minas Gerais (21°10' latitude Sul, 44°55' longitude Oeste, altitude de 832 m).

### 2.1 Condições experimentais e implantação

As condições experimentais e implantação foram as mesmas nos dois ensaios. Inicialmente foi realizada a análise do solo das áreas, classificadas como latossolo vermelho com textura muito argilosa e fertilidade média, sem necessidade de calagem, visando posterior adubação conforme recomendado pela CFSEMG (1999). Antes do plantio da batata-doce, no primeiro ano de avaliação, o solo apresentava a seguinte caracterização química:  $\text{pH}_{(\text{água})}$ , 6,2;  $\text{P}_{(\text{Mehlich})}$ , 36,6 mg  $\text{dm}^{-3}$ ;  $\text{P}_{(\text{rem})}$  16,7 mg  $\text{l}^{-1}$ ;  $\text{K}_{(\text{Mehlich})}$ , 178,1 mg  $\text{dm}^{-3}$ ; Ca, 3,5  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; Mg, 1,1  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; Al, 0,0  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; S, 16,8 mg  $\text{dm}^{-3}$ ; B, 0,11 mg  $\text{dm}^{-3}$ ; CTC a pH 7,0, 7,78  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; V, 65,3%; MO, 3,3 %; Areia total 28,4 %; Silte 6,3 %; Argila 65,3 % para a camada de 0-0,2 m de profundidade. Já no segundo ano de avaliação, o solo apresentava a seguinte caracterização química:  $\text{pH}_{(\text{água})}$ , 6,5;  $\text{P}_{(\text{Mehlich})}$ , 134,8 mg  $\text{dm}^{-3}$ ;  $\text{P}_{(\text{rem})}$  23,9 mg  $\text{l}^{-1}$ ;  $\text{K}_{(\text{Mehlich})}$ , 139,6 mg  $\text{dm}^{-3}$ ; Ca, 6,3  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; Mg, 1,9  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; Al, 0,0  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; S, 29,8 mg  $\text{dm}^{-3}$ ; B, 0,49 mg  $\text{dm}^{-3}$ ; CTC a pH 7,0, 10,8  $\text{cmol}_c \text{dm}^{-3}$ ; V, 79,63%; MO, 2,7 %; Areia total 28,4 %; Silte, 6,3 %; Argila, 65,3 % para a camada de 0-0,2 m de profundidade.

A adubação de plantio, em cada ano, atendeu a demanda da cultura para plantios comerciais de 700 kg  $\text{ha}^{-1}$  da formulação do fertilizante N-P-K da fórmula 04-14-08, somados a 12 kg  $\text{ha}^{-1}$  de ácido bórico (17% de B), para uma produtividade estimada de 20,00 Mg  $\text{ha}^{-1}$  de raízes segundo a CFSEMG (1999) e Echer (2015), considerando um solo de fertilidade média. Após o plantio, foi realizada uma única adubação de cobertura com 30 kg de Nitrogênio pelo uso de 150 kg  $\text{ha}^{-1}$  de Sulfato de Amônio (20% de N) aos 30 dias após plantio

(DAP) CFSEMG (1999). Totalizando em cada ciclo uma somatória de 58 kg de Nitrogênio, 43 kg de fósforo, 47 kg de potássio e 2 kg ha<sup>-1</sup> de boro por hectare.

O preparo de solo foi realizado a partir de uma subsolagem cruzada em dois sentidos a 0,5 m de profundidade. Em seguida, foi realizado o levantamento das leiras, espaçadas em 1,0 m entre si, com 30 m de comprimento e 0,50 m de altura, com auxílio de um sulcador/enleirador tipo bico de pato de 3 hastes.

O plantio das ramas da batata-doce foi realizado no espaçamento de 0,30 m entre plantas, sendo 10 plantas por parcela com profundidade média de plantio diagonal da rama igual a 0,20 m. O espaçamento entre leiras de 1,0 m, corresponde a uma população de 33.333 plantas ha<sup>-1</sup>. O replantio foi realizado necessariamente para manter as dez plantas da Unidade Experimental (UE), sendo realizado até os 15 DAP, em todos os tratamentos.

As unidades experimentais foram implantadas nas leiras, com as dimensões de 3,0 m x 1,0 m cada, totalizando 3,0 m<sup>2</sup> e representando a unidades experimental (UE). Em cada UE foram plantadas em espaço equidistante, dez ramas de 0,3 a 0,4 m de comprimento contendo 6 a 8 gemas cada, visando a clonagem de cada genótipo. No 1º ano de avaliação, no total foram construídas 22 leiras de 30 m de comprimento, com uma área total do experimento de 660 m<sup>2</sup> (30 m x 22 m). No 2º ano de avaliação foram construídas 30 leiras de 30 m de comprimento e uma área total de 900 m<sup>2</sup> (30 m x 30 m). No primeiro ano de avaliação o experimento continha 220 parcelas. No segundo ano de avaliação continha 300 parcelas. Isso ocorreu devido número de ramas disponível para clonagem dos genótipos, após o ciclo de Triagem A-clones (CIP 2009).

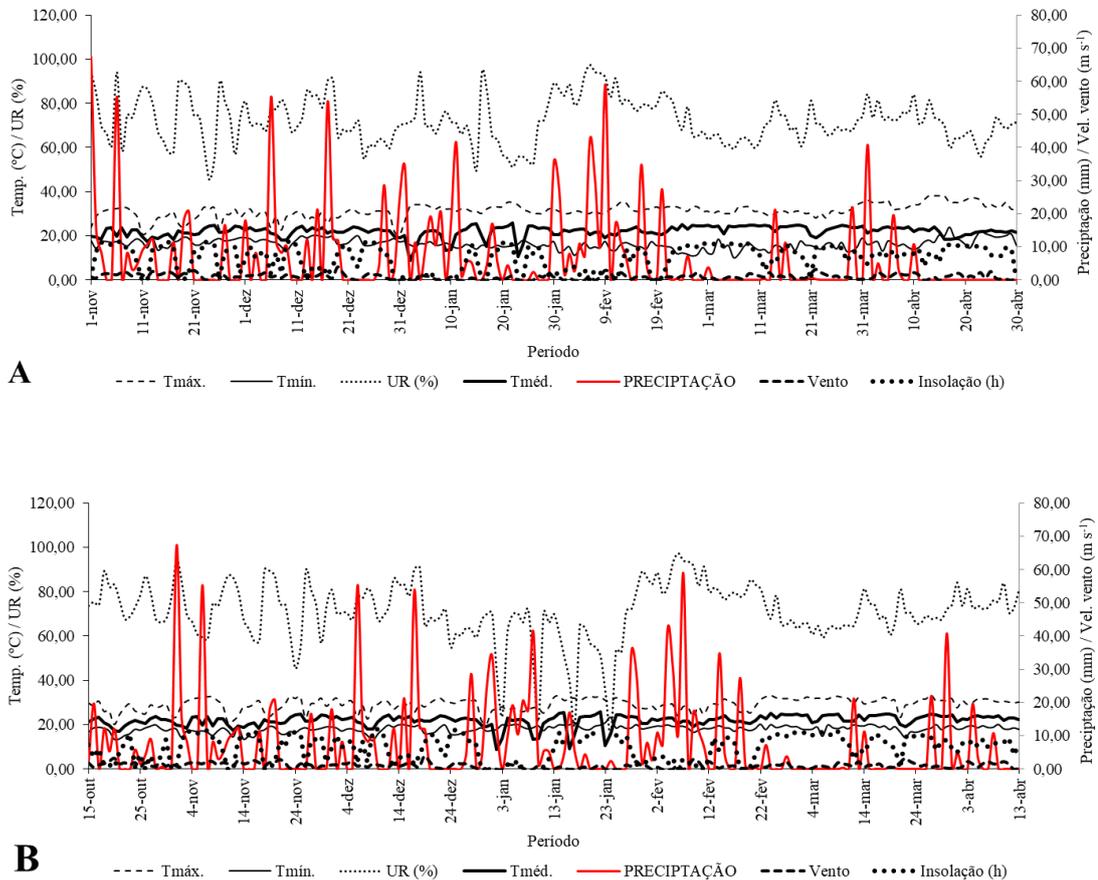
As áreas foram vistoriadas periodicamente para identificação de pragas e doenças, observação e tomadas de decisão, avaliando a necessidade de aplicação de produtos de controle fitossanitários (ECHER *et al.*, 2015).

A irrigação utilizada foi aplicada pelo método de aspersão convencional com uso de mangueira de polietileno, e aspensor modelo A-232 de bocal 5,6x3,6, com turno de rega a fim de repor a capacidade de campo (85%) e a Etc até os 80 dias após o plantio (DAP). Após os 80 DAP foi retirada a irrigação. O controle de plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais, sendo realizadas até o fechamento total da área pelas ramas e folhas da batata-doce.

O tempo entre o plantio e a colheita foi de 150 dias, nos dois anos de avaliação, visando proporcionar a chance de que todos genótipos, precoces e tardios, atinjam o ponto de colheita padrão.

Os dados climáticos das duas épocas de cultivo são apresentados na Figura 1A e 1B.

Figura 1 - Dados climáticos dos anos de cultivo 2020/2021 (A) e 2021/2022 (B), durante o período de verão de novembro a abril de cada época de cultivo.



Fonte: Adaptado de Banco de Dados Meteorológicos – BDMEP/INMET (2023).

## 2.2 Variáveis avaliadas

Em cada unidade experimental dos dois anos foram avaliadas as seguintes características:

- Produtividade de massa verde de folhas e ramas (ramas + folhas; (PFRV)): no momento da colheita das folhas e ramas foi medida sua a massa verde, respectiva de cada parcela, ceifando-se todas as ramas da parcela pela haste no nível do solo, as quais foram medidas com uso de uma balança mecânica tipo inglesa e expressas em  $\text{Mg ha}^{-1}$ ;
- Teor de massa seca das folhas e ramas (MSFR%): no momento da colheita das folhas e ramas foi avaliado, e retirada uma amostra uniforme de em média 250-450 g de todas parcelas, esta amostra foi recortada de até 50 mm e seca num forno a  $65\text{ }^{\circ}\text{C}$  sob

ventilação durante 72 horas, até ao final do qual seja atingido um peso constante, realizado de acordo com a fórmula: % Massa seca = ((Peso final / Peso inicial) x 100), para a determinação da massa seca das folhas e ramas expresso em percentagem.

- c) Produtividade de massa seca das folhas e ramas (PMSFR): de acordo com a determinação da massa seca das folhas e ramas. Calcula-se com a multiplicação da massa fresca de ramas de cada parcela e seu teor de massa seca decimal respectivo. Seu valor final em produtividade foi expresso em Mg ha<sup>-1</sup> de massa seca de ramas.
- d) Produtividade de raízes totais (PRT): durante a colheita foi avaliada por meio da medição da massa fresca de todas as raízes de cada parcela, com uma balança mecânica tipo inglesa, e os resultados expressos em Mg ha<sup>-1</sup>.
- a) Produtividade de raízes comerciais: no momento da colheita foi avaliado seguindo o proposto pela metodologia de Andrade Júnior *et al.* (2018), com a medição da massa fresca das raízes comerciais de cada parcela, com uma balança mecânica tipo inglesa, cujas raízes consideradas como comercializáveis são raízes entre 0,1 e 0,8 quilos ausentes de quaisquer rachaduras, deformações, esverdeamentos, danos por insetos ou presença de veias. Transformados na unidade de Mg ha<sup>-1</sup>.
- b) Teor de Massa seca nas raízes (MSRpercentual): no momento da colheita foi avaliada, retirando-se para todas parcelas uma amostra de em média 250 g de raízes frescas. Esta amostra foi recortada de até 2 mm e seca em uma estufa a 65 °C sob ventilação durante 72 horas, ao final do qual é atingido um peso constante, obtida de acordo com a fórmula: % Massa seca = ((Peso final / Peso inicial) x 100) expressa em percentagem. Expresso o valor final em percentagem decimal.
- c) Produtividade de massa seca total nas raízes (PesoMSR): De acordo com a determinação da massa seca das raízes. Calculou-se a multiplicação da massa fresca de raízes de cada parcela com seu teor de massa seca decimal respectivo. Seu valor final em produtividade de massa seca total nas raízes, foi transformada, com a unidade de medida em Mg ha<sup>-1</sup>.
- d) Número de plantas colhidas por parcela: durante a colheita foi realizada, contando-se o stand ou número de plantas que sobreviveram ao transplante de cada parcela, com brotações, ramas e folhas verdes, sendo este número de 0 a 10 por parcela, realizado por um avaliador. Esta característica não foi incluída na seleção, sendo adotada apenas como uma co-variável. O ideal são valores próximos de 10.
- e) Número de plantas tuberizadas por parcela: durante a colheita foi realizada contando-se o número de plantas que geraram tuberizações viáveis, sendo este número de 0 a 10

- por parcela, realizado por um avaliador. Esta característica não foi incluída na seleção, sendo adotada apenas como uma co-variável. O ideal são valores próximos de 10.
- f) Teor de proteína Bruta (%) nas folhas. Utilizando o método de Kjeldahl atualizado no livro de métodos para análise de alimentos 2º ed. INCT ciência animal de Detmann *et al.* (2021). Foi realizado em triplicata por genótipo/tratamento, sendo o valor extraído de amostras em um bulque de massa seca de ramas das parcelas de cada um dos genótipos. Expresso em porcentagem de proteína bruta média na massa seca das ramas para cada genótipo. Esta característica não foi incluída nos índices de seleção, sendo adotada apenas como discussão complementar. O ideal são valores próximos a 12%.
- g) Produtividade de Proteína Bruta ( $\text{Mg ha}^{-1}$ ) nas folhas. Este valor é o teor de proteína bruta (%) decimal, multiplicado pela produtividade de massa seca nas ramas de cada parcela do respectivo genótipo. Os resultados são expressos em produtividade de proteína bruta nas ramas em toneladas por hectare, em base seca, no momento da colheita aos 150 DAP. Esta característica não foi incluída na seleção, sendo adotada apenas como discussão complementar. O ideal são valores próximos de  $1 \text{ Mg ha}^{-1}$ .
- h) Teor de Amido (%) nas farinhas das raízes. Utilizando o critério atualizado no método para análise de alimentos INCT ciência animal (DETMANN *et al.*, 2021). Foi realizado em duplicata para 12 genótipos/tratamentos que em evidências seriam potenciais para lançamento, sendo o valor extraído de amostras em um bulque de massa seca de raízes das parcelas de cada um dos genótipos, moídas com moinho de facas e separada em peneiras de 0,25 mm. Expresso em porcentagem de amido total médio na massa seca das raízes para cada genótipo. Esta característica não foi incluída nos índices de seleção, sendo adotada apenas como discussão complementar. O ideal são valores próximos a 80%.
- i) Produtividade de Amido total  $\text{Mg ha}^{-1}$  na massa seca das raízes. O valor decimal de amido total na farinha das raízes foi multiplicado pela produtividade de massa seca nas raízes de cada parcela do respectivo genótipo. Os resultados foram expressos em produtividade de amido total nas raízes na base seca, em toneladas por hectare ( $\text{Mg ha}^{-1}$ ), no momento de 45 dias após a colheita. Esta característica não foi incluída nos índices de seleção, sendo adotada apenas como discussão complementar. O ideal em 150 dias de ciclo, são valores próximos de  $12 \text{ Mg ha}^{-1}$ .
- j) Padrão comercial das raízes segundo Silva *et al.* (2022): com notas de 1 – Pior padrão e totalmente fora de comercialização; 2 – Raízes muito grandes deformadas com muitos defeitos; 3 – Raízes com características que a prejudicam medianamente para a

comercialização; 4 – Raízes com boas características para a comercialização, com poucos defeitos; 5 – Raízes com ótimo estado e características favoráveis a comercialização. O ideal são valores próximos de 5.

- k) Formato geral das raízes: foi avaliado o formato das raízes atribuindo notas de 1 a 5 (AZEVEDO *et al.* 2002) adaptada, sendo a nota 5= raiz com formato fusiforme, regular, sem veias ou qualquer tipo de rachaduras; 4= raiz com formato considerado bom, próximo de fusiforme, com algumas veias; 3= raiz com formato desuniforme, com veias e bastante irregular; 2= raízes muito grandes, com veias e rachaduras, indesejáveis comercialmente; e 1= raízes totalmente fora dos padrões comerciais, muito irregulares e deformadas, com muitas veias e rachaduras. O ideal são valores próximos de 5.
- l) Resistência a insetos do solo nas raízes: foi avaliada de acordo com Azevedo *et al.* (2014) adaptada, por notas, em que foram classificadas as raízes como 5= livres de danos por insetos; 4= poucos danos; 3= danos que prejudicam o aspecto comercial; 2= danos que a tornam praticamente imprestável para comercialização; 1= danos que a tornam inaceitável para fins comerciais. O ideal são valores próximos de 5.
- m) Coloração visual predominante da casca das raízes: foi avaliado conforme proposto por Huamán (1999), por notas, em que 1= branco, 2= creme, 3= amarelo, 4= laranja, 5= Laranja acastanhada, 6= rosa, 7= vermelho, 8= vermelho púrpura, 9= roxo escuro;
- n) Coloração visual Predominante da polpa das raízes segundo Silva *et al.* (2022) adaptada, por notas em que 1- Branco, 2- Creme, 3- Amarela, 4- Alaranjada e 5- Roxa.
- o) Intensidade visual da coloração predominante da polpa das raízes, segundo Silva *et al.* (2022), por notas com valores de 1 a 3, em que 1 – Pálida; 2 – Intermediária e 3 – Intensa.

## 2.3 Planejamento e análise estatística

Foi pesquisada a melhor transformação de variáveis para maximizar a verossimilhança do modelo Gauss-Markov normal (transformação de Box e Cox, 1964). A tabela das transformações utilizadas foi apresentada como resultado. A modelagem seguiu o que se estabelece abaixo no delineamento experimental:

### 2.3.1 Estrutura de tratamentos

Para compor os tratamentos deste trabalho, foram estudados 52 genótipos, em que 37 genótipos (71,15%) selecionados para este estudo, passaram por dois ciclos de seleção recorrentes, portanto, oriundos do ciclo C2, e 15 outros (28,84%) são oriundos do ciclo C1.

Foram avaliados 52 genótipos de batata-doce no primeiro ano de cultivo, sendo que na segunda época avaliou-se adicionalmente outros 5 genótipos, ou seja, na segunda época foram avaliados 57 genótipos. Todos estes genótipos estão disponíveis na coleção do banco ativo de germoplasma de batata-doce da UFLA.

Dos 52 genótipos avaliados no primeiro ano de cultivo, com plantio realizado em novembro de 2020, 47 eram genótipos pré-selecionados em experimentos de triagem em ciclo C1 e C2 de progênes meios-irmãos repetidos até cinco vezes, de acordo com a disponibilidade de ramas, e cinco eram genótipos comerciais pré-avaliados (Alaranjada Lavras; Canadense; Ligeirinha; Melhorada; UFVJM61) repetidos cinco vezes, utilizados como testemunhas com seus nomes tradicionais.

Já no ensaio 2 do segundo ano de avaliação, com plantio realizado em novembro de 2021, foram avaliados 57 genótipos de batata-doce somado às testemunhas. Deste total, 47 foram avaliados no primeiro ano de cultivo, assim como as mesmas testemunhas comerciais, ambos repetidos cinco vezes. Para completar os 57 tratamentos, adicionalmente, também foram avaliados outros cinco genótipos oriundos da triagem de progênes meios-irmãos C2, que no primeiro ano não possuíam ramas suficientes para avaliação, assim no ano dois repetidos oito vezes cada, devida maior disponibilidade de ramas, assim como buscando aumentar a precisão de suas estimativas.

### **2.3.2 Controle local**

Os ensaios foram implantados no modelo experimental em um delineamento de linhas e colunas incompleto, com blocos em duas dimensões ortogonais (HINKELMAN; KEMPTHORNE, 2005), cujo croqui está representado no Apêndice A e B.

Cada parcela experimental (UE) continha 3,0 metros de leira e um metro entre as leiras, possuindo 10 plantas equidistantes de 0,3 metros entre si. O ensaio 1 foi implantado em novembro de 2020, adotando-se 22 blocos das linhas (BL no sentido das leiras), com 10 UE compondo 1 leira; 10 blocos de coluna (transversal às leiras - BC), com as dimensões de 22,0 m x 3,0 m, constituído por 22 UE cada (cada uma em uma leira). Adicionalmente, para capturar dependências locais, planejaram-se 55 blocos retangulares menores, localizados

dentro do experimento e contendo 4 UE cada, constituídos de duas parcelas na sequência da leira e em duas leiras paralelas (APÊNDICE A). No total foram instaladas 220 parcelas.

O ensaio 2 cujo croqui está representado no Apêndice B, teve o arranjo retangular das 300 unidades experimentais (UE) em 30 blocos em linhas (leiras com 10 UE) e 10 blocos em colunas (30 UE transversais às leiras). Nas leiras de 30,0m x 1,0m, foram montadas parcelas (UE) de 3,0m. Adicionalmente, para capturar dependências locais, planejaram-se 75 blocos com as 4 UE (duas linhas e duas colunas adjacentes) (APÊNDICE B). Os genótipos foram aleatorizados a estes sistemas complexos de múltiplos controles locais.

O delineamento experimental nos três sentidos (Leira, Coluna e Bloco) teve um controle igual nos dois anos, assim como a influência de famílias de meios irmãos no parentesco. O bloco contém efeitos de leira e coluna, compondo o delineamento em blocos incompletos de cada época.

### 2.3.3 Análises estatísticas

O modelo linear misto (HENDERSON, 1984) utilizado pode ser representado pela seguinte expressão:

$$Y_{ijklm} = \mu + E_i + B_{ij(k)} + G_j + GE_{ij} + e_{ijk}, \quad (2)$$

Em que:

$Y_{ijklm}$ : é a observação do genótipo m, na unidade experimental da linha i e coluna j (bloco k);

$\mu$ : é uma constante experimental comum;

$E_i$ : efeito fixo da época i;

$B_{ij(k)}$ : efeito aleatório do bloco k dentro da época i;

$G_j$ : efeito aleatório do genótipo (clone) j;

$GE_{(ij)}$ : efeito aleatório da interação entre o genótipo i e a época j;

$e_{ijk}$ : efeito do erro na unidade experimental do bloco k que recebe o tratamento j na época i.

Adicionalmente foram realizadas as seguintes suposições de distribuições:

$$g_I \sim N(0, \sigma^2 G)$$

$$b_k \sim N(0, \sigma^2 B)$$

$$e \sim N(0, \sigma^2)$$

$$GE_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$$

Foram estimadas as variâncias genéticas e herdabilidades para a seleção entre médias de clones. A seleção foi realizada com base nos BLUPs dos efeitos genéticos de clones e seus IC 95% para as diversas características. Estimou-se ainda as correlações genéticas entre as 10 características e calculou-se a sua significância pelo teste t de Student.

Os demais testes e inferências foram os comuns a modelos de blocos incompletos com efeitos genéticos aleatórios (BUENO FILHO; VENCOVSKY, 2000). O critério usado para destacar genótipos com potencial de seleção, são aqueles que possuem o limite inferior do intervalo de confiança (95%) no BLUP do valor genotípico maior do que a média de cada característica.

Todas as análises dos dados foram executadas utilizando o *software* estatístico R (R CORE TEAM, 2019). Os estimadores de máxima verossimilhança para  $\lambda$  (lambda) na transformação Box-Cox foram obtidos com a função *boxcox* da biblioteca MASS (Ripley *et al.* 2022). Os modelos foram ajustados com função *lmer* da biblioteca *lme4* (BATES *et al.*, 2015).

### 3 RESULTADOS

Nas sete características quantitativas avaliadas, quatro delas (PMSFR, MSR percentual, Peso MSR e PRC) apresentaram destaque importante na seleção para os valores genéticos, indicando uma variação da interação genótipo x ambiente = 0 (TABELA 1). O BLUP apresentou um valor genético puro com os dois anos em conjunto, com o objetivo de representar os genótipos e selecionar estatisticamente os melhores dos estudos no sentido global, e não intrínsecos. Não houve variância genética significativa entre os anos de avaliação.

Tabela 1 - Estimativas dos parâmetros genéticos para os 7 caracteres em estudo nos experimentos em duas épocas com 57 genótipos de batata-doce em Ijací-MG (2021 e 2022). Componentes da variância e herdabilidades no sentido amplo para a seleção entre genótipos.

Caracter	$\sigma^2_{GE}$	$\sigma^2_G$	$\sigma^2_B$	$\sigma^2$	$h^2$
PFRV	8.51	30.89	444.74	13.08	0.82
MSFR%	1.58	0.04	5.59	5.27	0.02
PMSFR	0.00*	0.01	0.17	0.39	0.08
PRT	0.64	163.78	2812.93	53.72	0.94
MSRpercentual	0.00*	1667.33	82.01	169.88	0.98
PesoMSR	0.00*	11.89	15.19	19.35	0.75
PRC	0.00*	47.79	448.49	28.41	0.89

Componentes de Variância: Variação da interação genótipo x ambiente ( $\sigma^2_{GE}$ ); Valor genético verdadeiro ( $\sigma^2_G$ ); Valor de bloco ( $\sigma^2_B$ ); Variação Ambiental ( $\sigma^2$ ); Herdabilidade ( $h^2$ )

\*Valores de VGE = 0 são desejáveis para seleção segura. Produtividade de folhas e ramas verde expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PFRV); Porcentagem de massa seca das folhas e ramas expressa em % (MSFR%); Produtividade de massa seca de folhas e ramas expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PMSFR); Produtividade de raízes totais expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PRT); Massa seca de raízes expressa em porcentagem % (MSRpercentual); Produtividade de massa seca de raízes expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PesoMSR); Produtividade de raízes comerciais expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PRC).

Fonte: Do autor (2023).

A Herdabilidade foi baixa para MSFR% e PMSFR, porém alta para a maioria das características quantitativas, apresentando valores acima de 0,75. Já os dados transformados em médias gerais a campo, observadas em unidades padrão são apresentados na Tabela 2.

Pode-se destacar o genótipo 464 como o melhor em PFRV (Figura 2B) e PMSFR (FIGURA 3B). O genótipo 1194 e a testemunha Ligeirinha são os melhores de PRT (FIGURA 2A). Com sete genótipos apresentando efeito da MSFR% (Figura 4B) acima de 20% da média geral (18,88 Mg ha<sup>-1</sup>) (TABELA 2). Dentro da PesoMSR o genótipo 556 produziu acima da testemunha Ligeirinha, e acima da média geral.

Em relação a produtividade de massa seca das folhas e ramas (PMSFR) (FIGURA 3B) 16 genótipos foram melhores que a média (4,85 Mg ha<sup>-1</sup>) em magnitude (TABELA 2), sendo estes 1507, 1428, 1418, 1408, 1164, 1153, 704, 666, 597, 556, 535, 527, 516, 464 e 397, e com destaque ao 464 com efeito de 3 níveis genéticos acima da média.

Tabela 2 - Ajustes das médias gerais absolutas no BLUP para as características mais importantes, em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. Lavras, MG. UFLA. 2023.

Variável	Média da estimativa	Std. Error	Df	t value	Pr(> t )
PFRV	26.575	1.115	2.015	23.831	0.002*
MSFR%	18.887	1.009	1.087	18.712	0.027*
PMSFR	4.852	0.097	14.078	49.858	0.000*
PRT	30.302	1.079	55.596	28.078	0.000*
MSRpercentual	32.815	0.938	54.907	34.981	0.000*
PesoMSR	9.903	0.551	1.646	17.976	0.007*
PRC	16.290	1.709	1.310	9.531	0.036*

p-value: P value of the t test at 5% probability; \*significant at  $P \leq 0.05$ . Média da estimativa em Mg ha<sup>-1</sup>. Produtividade de folhas e ramas verde expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PFRV); Porcentagem de massa seca das folhas e ramas expressa em % (MSFR%); Produtividade de massa seca de folhas e ramas expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PMSFR); Produtividade de raízes totais expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PRT); Massa seca de raízes expressa em porcentagem % (MSRpercentual); Produtividade de massa seca de raízes expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PesoMSR); Produtividade de raízes comerciais expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PRC).

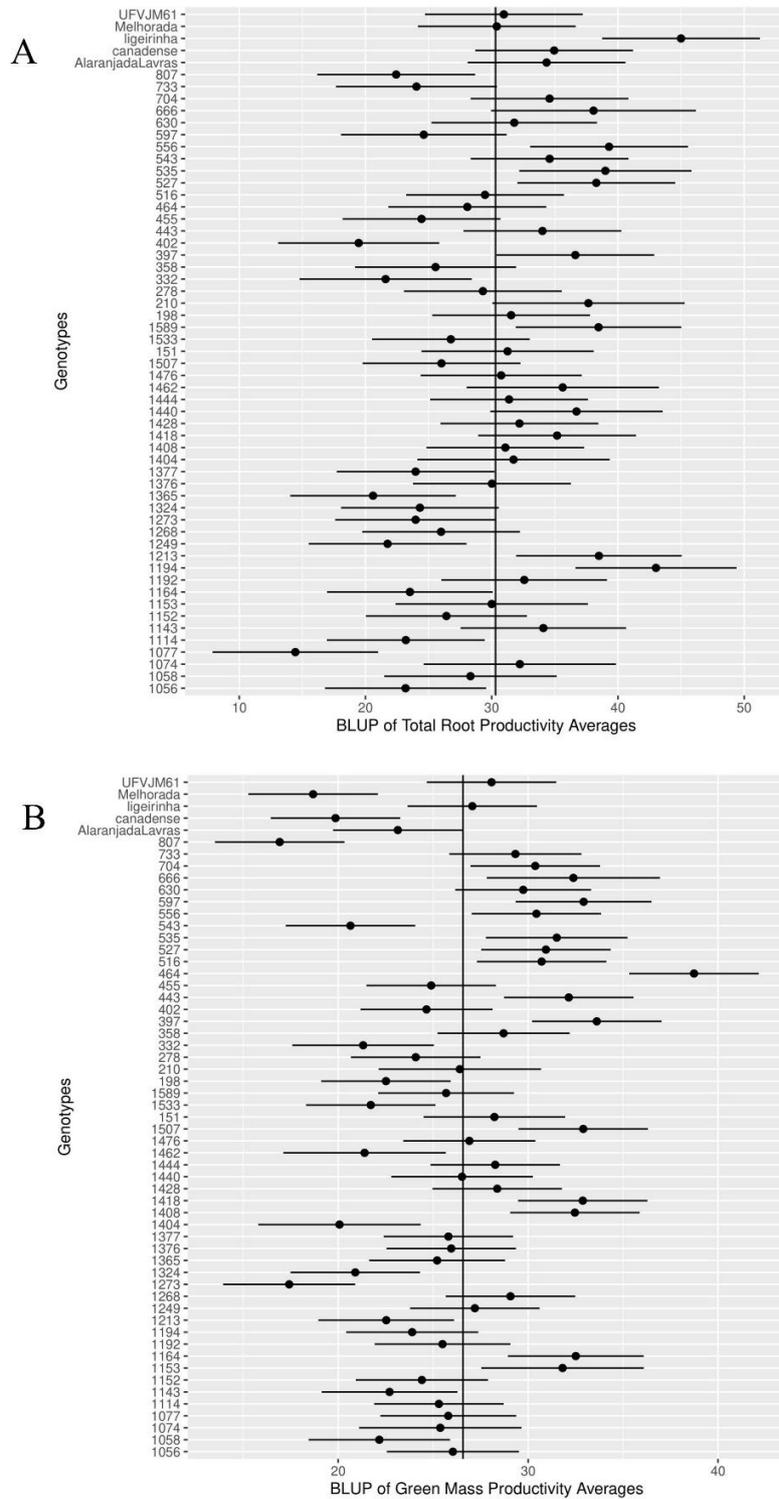
Fonte: Do autor (2023).

Para a produtividade de raízes totais (PRT) (FIGURA 2A) os sete genótipos acima da média (30,3 Mg ha<sup>-1</sup>) (TABELA 2) são 1589, 1213, 1194, 556, 535, 527 e 397, assim como a testemunha Ligeirinha, com ambos no mínimo 10 Mg ha<sup>-1</sup> acima da média geral. Para produtividade de ramas (PFRV) (FIGURA 2B) os 15 melhores genótipos com produtividade acima da média (26,58 Mg ha<sup>-1</sup>): 1507, 1418, 1408, 1153, 1164, 704, 666, 597, 556, 535, 527, 516, 464, 443 e 397. Para a produtividade de massa seca de raízes (PesoMSR) (FIGURA 3A) apenas a 556 foi maior (19,8 Mg ha<sup>-1</sup>) que os demais genótipos e a média (9,9 Mg ha<sup>-1</sup>), acima até da melhor testemunha (Ligeirinha) com 17,25 Mg ha<sup>-1</sup>.

Em relação à porcentagem de massa seca nas raízes (MSRPercentual) (FIGURA 4A) a média geral foi de 32,81% (TABELA 2). Os genótipos têm IC para os BLUP dos efeitos genéticos que incluem a média geral, ou seja, a diferença entre eles é pouco relevante para MSRPercentual. Já para a porcentagem de massa seca nas folhas e ramas (MSFR%) (FIGURA 4B), sete genótipos tiveram efeito genético acima da média (18,88%), sendo estes os genótipos 1440, 1428, 1249, 1152, 807, 516 e 198. Os genótipos superiores são os 1428, 807 e 516, que apresentaram porcentagens de MSFR% genéticas acima de 21%, maiores que a média geral de 18,88% (TABELA 2).

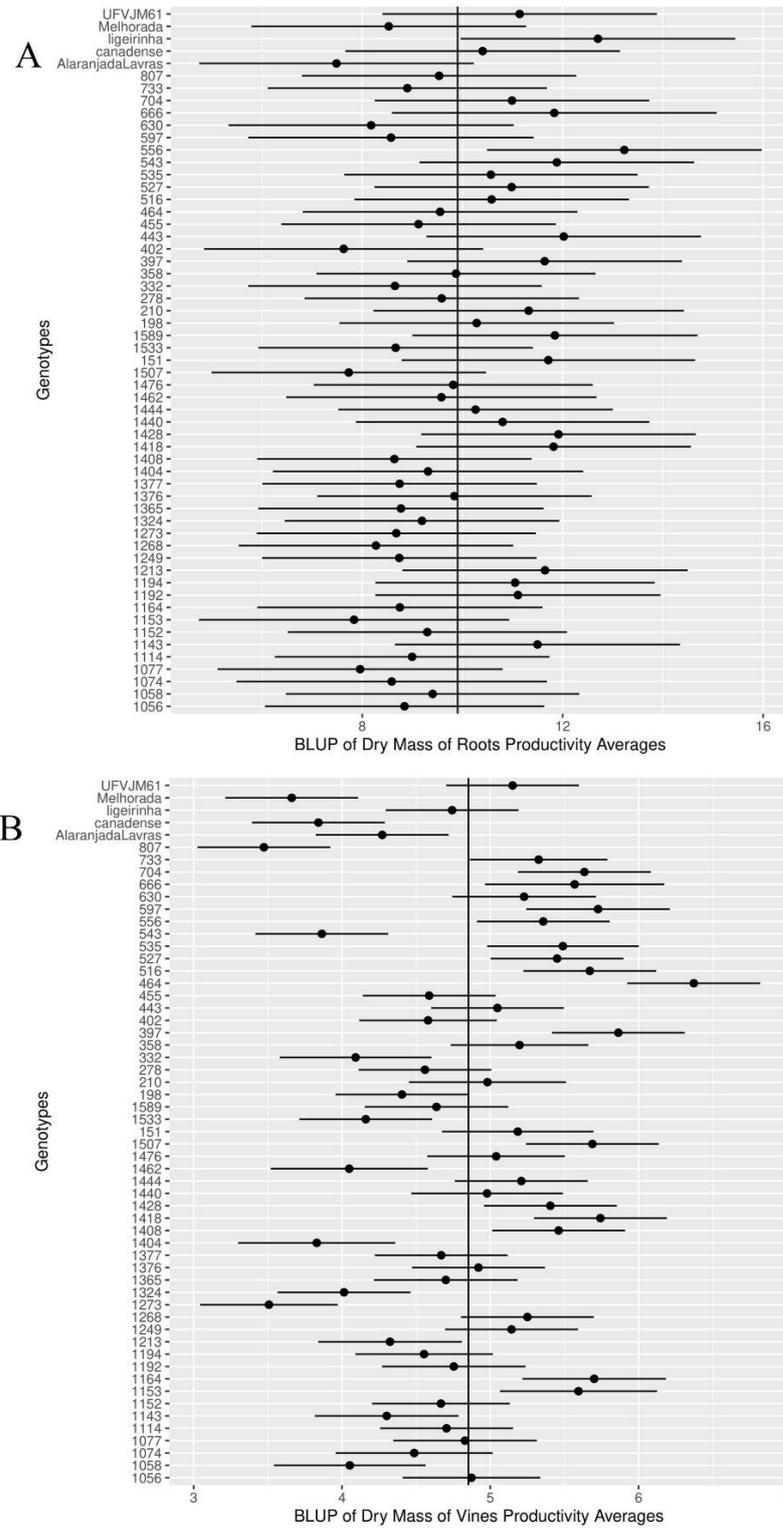
Os genótipos de maior destaque na avaliação de PRC (FIGURA 5A) foram 1476, 1462, 1440, 666 e 397 com melhor índice genético. Este resultado destes mesmos genótipos, foi combinado a outras características, por meio da observação dos gráficos Blup das Figuras 2, 3 e 4, com intervalos de confiança na maioria acima da média respectivamente.

Figura 2 - Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Produtividade de raízes totais expressa em  $\text{Mg ha}^{-1}$  (PRT) e B - Produtividade de folhas e ramas verde (PFRV) expressa em  $\text{Mg ha}^{-1}$  expressa em  $\text{Mg ha}^{-1}$ .



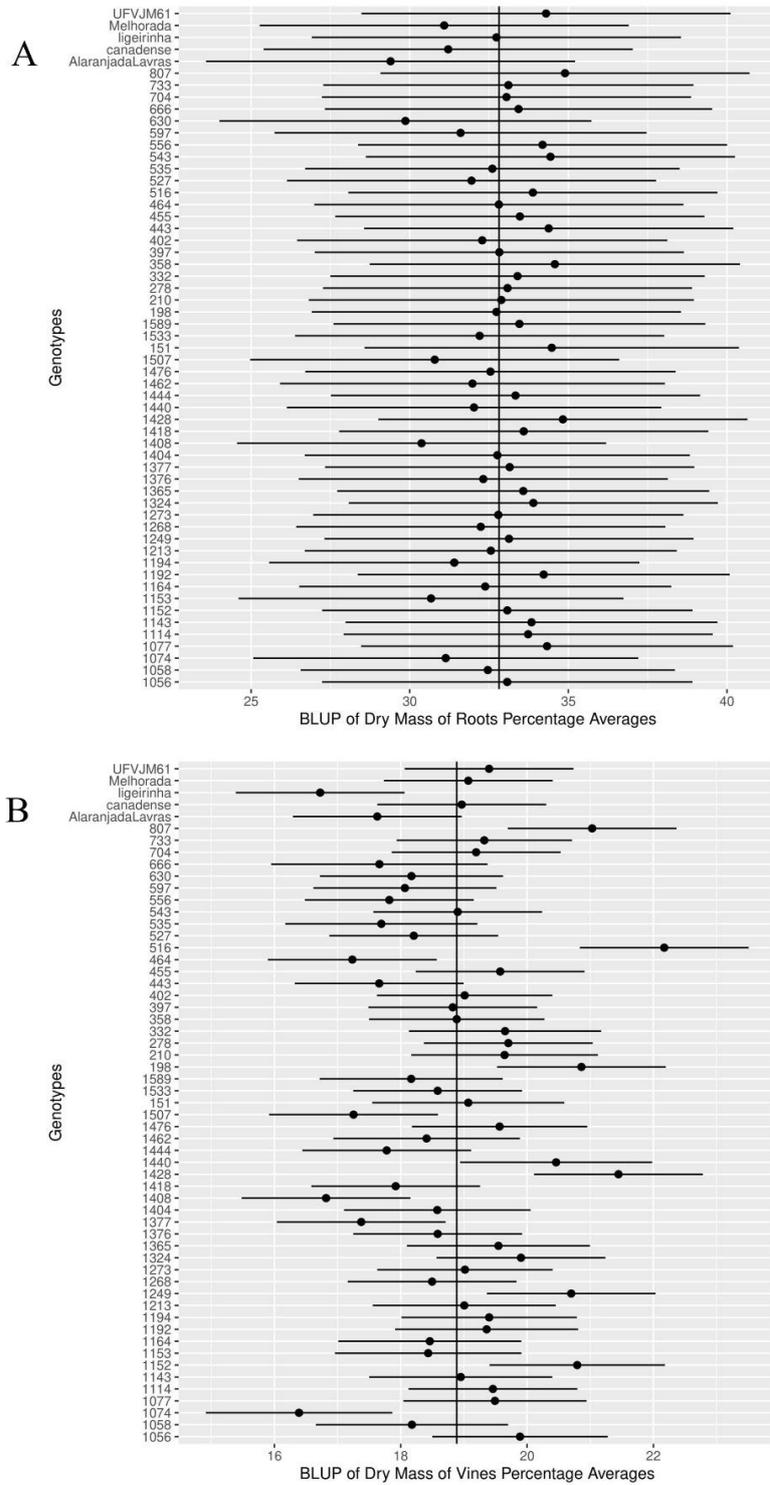
Fonte: Do autor (2023).

Figura 3 - Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Produtividade de massa seca de raízes expressa em Mg ha<sup>-1</sup> (PesoMSR) e B - Produtividade de massa seca de folhas e ramos (PMSFR) expressa em Mg ha<sup>-1</sup>.



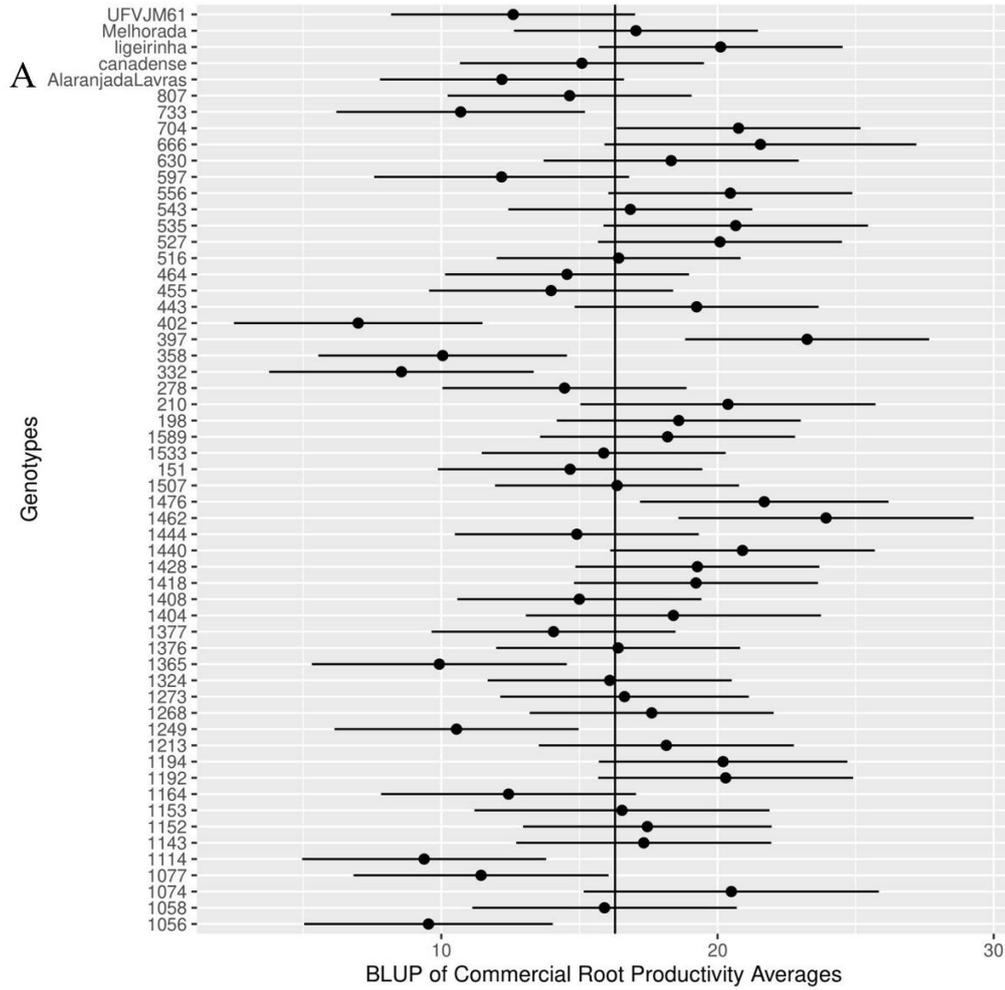
Fonte: Do autor (2023).

Figura 4 - Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Massa seca de raízes (MSRpercentual) expressa em porcentagem (%) e B - Massa seca das folhas e ramos (MSFR%) expressa em Porcentagem (%).



Fonte: Do autor (2023).

Figura 5 - Apresentação dos Intervalos de confiança dos BLUP das características quantitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG (2021 e 2022). As quais: A - Produtividade de raízes comerciais totais (PRC) expressa em  $\text{Mg ha}^{-1}$ .



Os ajustes dos parâmetros genéticos nos componentes da variância para características qualitativas, são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 - Estimativas dos parâmetros genéticos para os 57 genótipos de batata-doce em Ijací-MG (2021 e 2022). Em componentes da variância e herdabilidades no sentido amplo para a seleção entre genótipos, calculadas para as características qualitativas mais importantes, em dois anos de cultivo. Lavras, MG. UFLA. 2023.

Característica	$\sigma^2_{GE}$	$\sigma^2_G$	$\sigma^2_B$	$h^2$
Padrão comercial	0.09	1.31	1.15	0.54
Formato de raízes	0.09	1.16	1.00	0.52
Resistência a insetos	0.09	0.59	0.58	0.48
Cor de casca	0.00*	1.37	7.58	0.88
Cor de polpa	0,00*	0.54	8.26	0.93
Intensidade de cor da polpa	0,00*	0.38	1.41	0.73

Varição da interação genótipo x ambiente ( $\sigma^2_{GE}$ ); Valor genético verdadeiro ( $\sigma^2_G$ ); Valor de bloco ( $\sigma^2_B$ ); Herdabilidade ( $h^2$ )

\*Valores de VGE = 0 são desejáveis para seleção segura.

Em que a Nota de Padrão Comercial (PC); Nota de Formato geral (FOR); Nota de Resistência a Insetos (RI); Nota de Cor de Casca (CC); Nota de Cor de Polpa (CP); Nota de Intensidade da cor de polpa (INT).

Fonte: Do autor (2023).

De acordo com a Tabela 3, as herdabilidades apresentaram em sua maioria valores medianos, tendo em vista aos estudos exploratórios, com genótipos originários de populações segregantes. Porém a CC, CP e INT apresentaram herdabilidade acima de 70%. No gráfico BLUP estão identificados os genótipos com seus devidos intervalos de confiança para a característica do gráfico e sua interpretação de seleção, que deve seguir a interpretação dentro da faixa vermelha limite, desenvolvida em coeficiente do Threshold consecutiva (TABELA 4), a partir dos resultados observados.

Este modelo utilizado no modelo misto ordinal tem função de ligação probit para melhor interpretar a herdabilidade e a seleção. O Valor Z identifica o genótipo na distribuição normal, entre os intervalos da sua posição da nota.

Tabela 4 - Model Threshold coefficients. Lavras, MG. UFLA. 2023

Note	Estimate	Std. Error	Z value	Note	Estimate	Std. Error	Z value
<u>In commercial standard</u>				<u>In format*</u>			
0   1	-4,2164	0,4437	-9,503	0   1	-3,9168	0,4441	-8,820
1   2	-1,6619	0,2593	-6,408	1   2	-1,8891	0,2618	-7,215
2   3	-0,6418	0,2416	-2,656	2   3	-1,0636	0,2352	-4,521
3   4	0,9024	0,2457	3,673	3   4	0,6891	0,2330	2,957
4   5	2,6927	0,3000	8,975	4   5	2,0980	0,2689	7,802
<u>In Pulp Color</u>				<u>In Intensity Pulp Color *</u>			
0   1	-5,5072	0,5632	-9,779	0   1	-3,4851	0,3629	-9,604
1   2	-2,6972	0,4624	-5,833	1   2	-0,3051	0,2062	-1,480
2   3	-0,3790	0,4497	-0,843	2   3	1,1319	0,2131	5,312
3   4	-0,0907	0,4492	-0,202	<u>In Peel Color</u>			
4   5	0,9217	0,4478	2,058	0   1	-6,4477	0,5821	-11,077
<u>In Insect Resistance</u>				1   2	-4,8283	0,4948	-9,759
0   1	-3,9840	0,4074	-9,780	2   3	-3,9917	0,4749	-8,405
1   2	-3,0262	0,2797	-10,821	3   4	-2,4934	0,4538	-5,495
2   3	-1,9459	0,2096	-9,283	4   5	-1,8939	0,4438	-4,267
3   4	-0,5052	0,1799	-2,808	5   6	-1,1303	0,4335	-2,607
4   5	1,4699	0,1957	7,510	6   7	0,9900	0,4347	2,277
				7   8	1,0154	0,4349	2,335
				8   9	3,1693	0,4598	6,893

p-value: P value of the F test at 5% probability; \*significant at  $P \leq 0.05$  In 1° end 2° Year; ( ) ns not significant.

Fonte: Do autor (2023).

Ao contrário de análises tradicionais, aqui utilizou-se o modelo aprimorado, diretamente descrito em modelo misto ordinal probit. Favorecendo a seleção segura na bifortificação genética para genótipos de cores intensas.

Para as variáveis ordinais foi utilizado o modelo acumulado probit para variáveis latentes dentro de categorias, implementado na biblioteca "ordinal" do R, cuja sintaxe é semelhante à da biblioteca lme4 de modelos mistos. Este modelo utilizado no modelo misto ordinal tem função de ligação probit para melhor interpretar a herdabilidade e a seleção.

As correlações entre todas as 13 características avaliadas no trabalho estão descritas na Tabela 5. Nota-se altas correlações com significâncias importantes entre diversas características quantitativas (PRT, PRC e PMSR) e qualitativas (PC, FOR, CC e CP), onde se destacam as correlações entre a produtividade de raízes totais com significâncias entre a produtividade de massa seca de raízes, a produtividade de raízes comerciais e o padrão comercial. E estes ainda se correlacionam com o formato e a resistência a insetos de solo. Isso indica e facilita a seleção de genótipos superiores, aos quais atendem aos principais requisitos de produtividade de raízes totais (FIGURA 2A) e comerciais (FIGURA 5A).

Tabela 5 - Correlações genéticas acima e suas significâncias abaixo da diagonal. Para 13 características avaliadas em 57 genótipos batata-doce. Ijací MG – 2020 a 2022. Lavras, MG. UFLA. 2023

<b>PFRV</b>	0,14	-0,34	97,8	-0,06	0,15	0,10	0,14	0,17	0,24	0,09	0,01	-0,05
0,294	<b>PRT</b>	-0,00	0,10	-0,16	0,73	0,77	0,33	0,26	0,18	0,23	0,16	0,01
0,008*	0,024	<b>MSFR%</b>	-0,19	0,42	0,02	-0,16	-0,02	-0,03	-0,11	-0,04	-0,15	0,05
0*	0,432	0,139	<b>PMSFR</b>	-0,01	0,15	0,08	0,16	0,18	0,24	0,12	0,01	-0,01
0,655	0,208	0,001*	0,890	<b>MSR%</b>	0,49	-0,10	-0,16	-0,17	-0,01	-0,06	-0,23	-0,00
0,25	0*	0,836	0,250	<0,001**	<b>PMSR</b>	0,56	0,16	0,12	0,14	0,14	-0,05	-0,04
0,424	0*	0,218	0,521	0,434	0*	<b>PRC</b>	0,67	0,64	0,44	0,23	0,20	0,04
0,273	0,012*	0,830	0,230	0,232	0,218	0*	<b>PC</b>	0,93	0,76	0,22	0,33	0,19
0,191	0,043	0,811	0,178	0,191	0,359	0*	0*	<b>FOR</b>	0,76	0,14	0,21	0,14
0,067	0,179	0,392	0,061	0,887	0,277	<0,001**	0*	0*	<b>RI</b>	0,39	0,27	0,23
0,470	0,083	0,731	0,371	0,644	0,293	0,077	0,086	0,277	0,002*	<b>CC</b>	0,55	0,35
0,894	0,234	0,245	0,891	0,076	0,688	0,122	0,012	0,111	0,035*	0*	<b>CP</b>	0,03
0,714	0,919	0,704	0,903	0,961	0,718	0,730	0,157	0,290	0,078	0,006*	0,794	<b>INT</b>

p-value: P value of the F test at 5% probability; \*significant at  $P \leq 0.05$ ; \*\*significant at  $P \leq 0.001$ ; ( ) ns not significant. Produtividade de folhas e ramas verde, expressa em  $Mg\ ha^{-1}$  (PFRV); Produtividade de raízes totais, expressa em  $Mg\ ha^{-1}$  (PRT); Porcentagem de massa seca das folhas e ramas expressa em % (MSFR%); Produtividade de massa seca de folhas e ramas expressa em  $Mg\ ha^{-1}$  (PMSFR); Massa seca de raízes expressa em porcentagem % (MSR%); Produtividade de massa seca de raízes expressa em  $Mg\ ha^{-1}$  (PMSR); Produtividade de raízes comerciais expressa em  $Mg\ ha^{-1}$  (PRC); Nota de Padrão Comercial (PC); Nota de Formato geral (FOR); Nota de Resistência a Insetos (RI); Nota de Cor de Casca (CC); Nota de Cor de Polpa (CP); Nota de Intensidade da cor de polpa (INT).

Fonte: Do autor (2023).

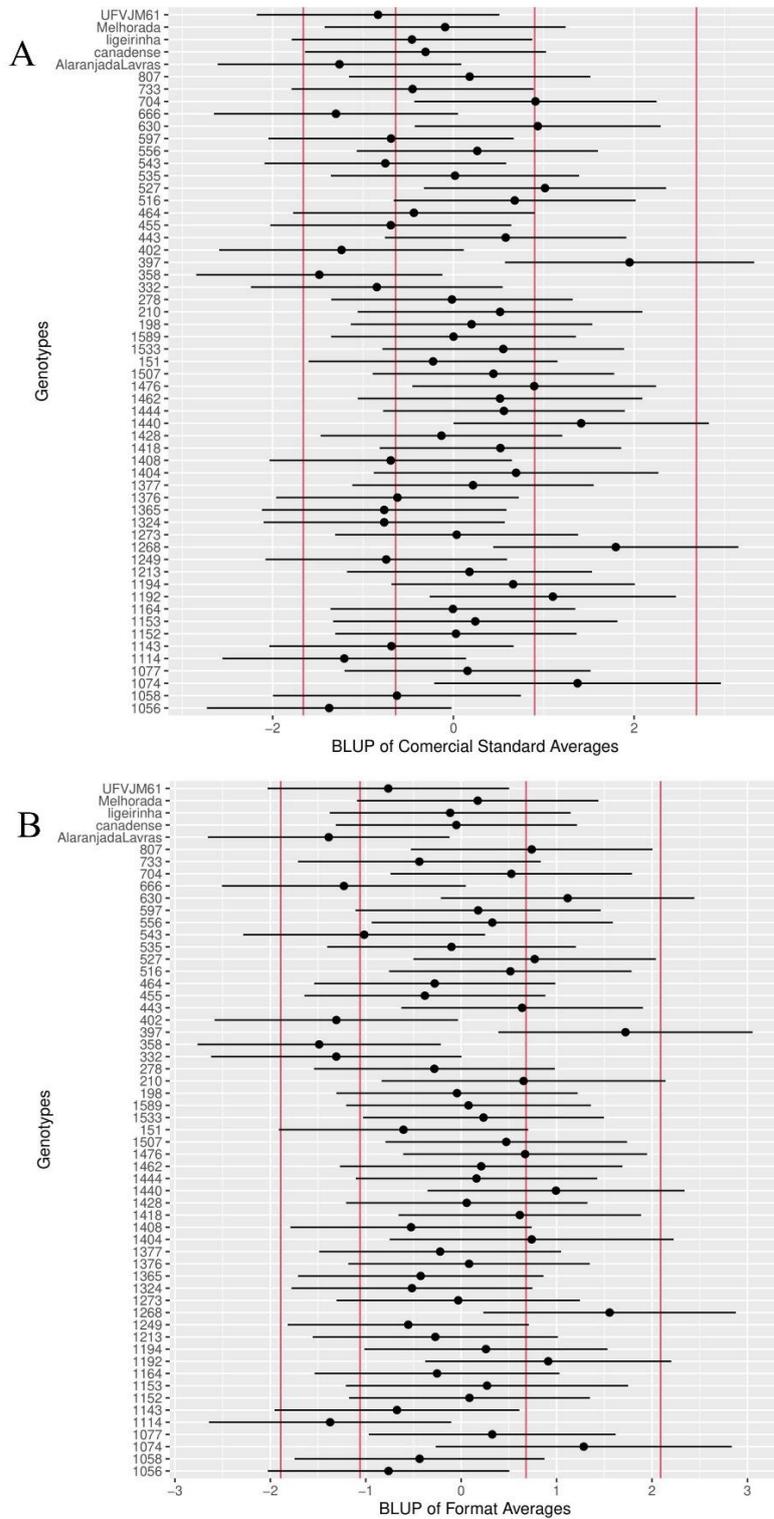
Observa-se que na Tabela 5 existem características chaves importantes na seleção, pois representam correlação e significâncias ligadas à diversas outras características, importantes na seleção, como PRC, PC e PRT. Isso pode ser observado nos gráficos das características quantitativas (FIGURA 2A; 5A; 6A) quando comparamos os genótipos que possuem índices genéticos acima da média, onde os mesmos são combinados com altos índices genéticos em características qualitativas (FIGURA 6, 7 e 8).

O padrão comercial, a característica chave principal, demonstrou seis genótipos com efeito de destaque, sendo a o 397 o melhor e, 1268, 1440, 1074, 1192, e 527 de melhor índice genético, respectivamente (FIGURA 6A).

Em relação ao formato de raízes oito genótipos sendo a 397 a melhor, 1268, 1074, 630, 1440, 1192, 527 e 1404 com melhor efeito no índice genético, respectivamente (FIGURA 6B). A respeito da resistência a insetos de solo (FIGURA 7A), a maioria dos genótipos apresentou boa tolerância aos insetos de solo, com notas elevadas de tolerância agrupados entre as notas três a quatro, onde podemos destacar os genótipos 397, 1444, 1476, 1533, 527, 1074 os de maior efeito no índice genético respectivamente, e principalmente o 1268 o melhor em tolerância a insetos, dentre eles com média geral acima dos demais.

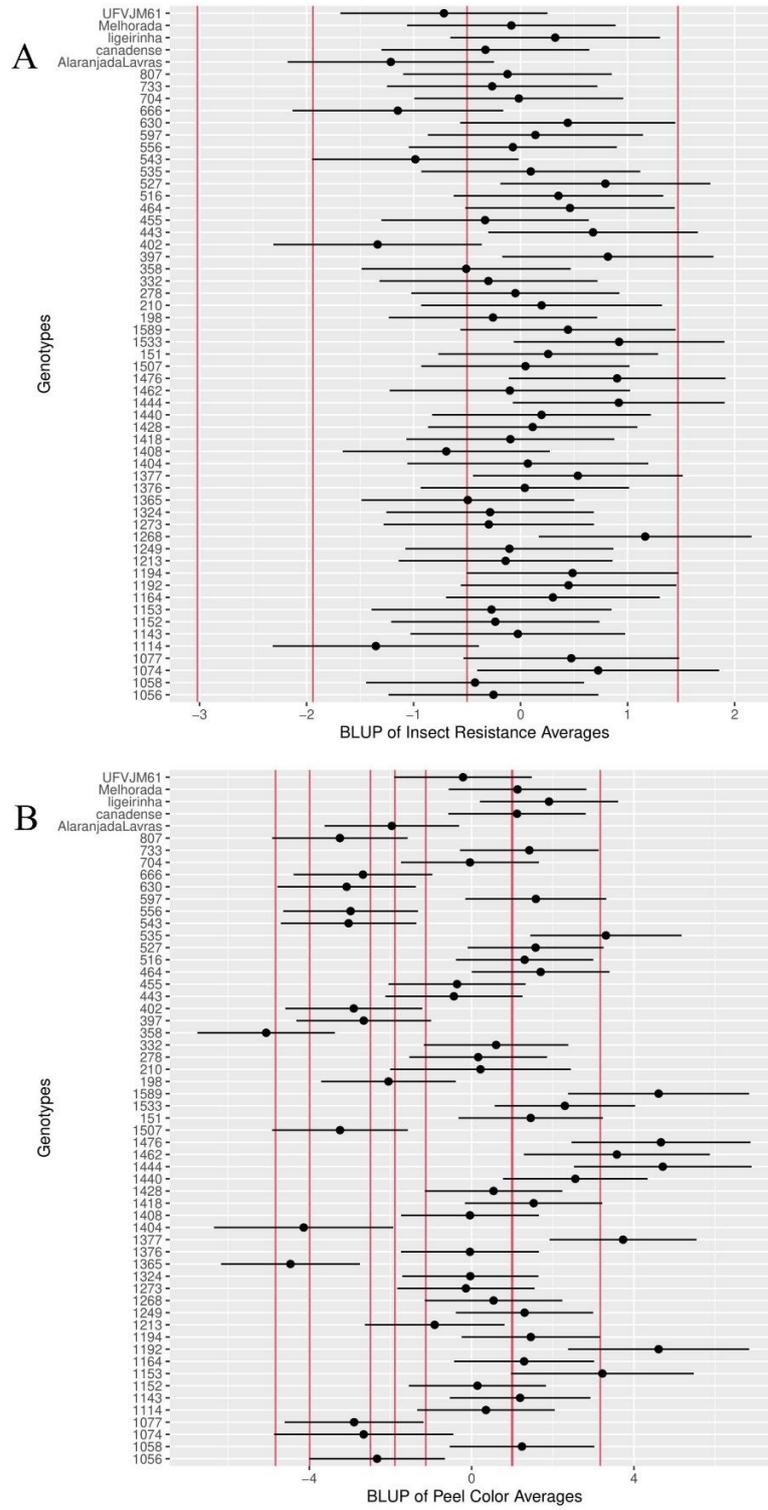
No que diz respeito a cor de casca (CC – FIGURA 7B), os genótipos foram agrupados cada um com seu grupo de cor característica. Tendo as faixas dos *Threshold* limitando a cor característica da avaliação, demonstrando grande variabilidade de cores, somente a cor vermelha não foi encontrada na população (ou seja, a nota 7 não existiu), ficando o *threshold* vermelho colado ao *threshold* lateral vermelho púrpura. Em relação à cor de polpa das raízes (CP – FIGURA 8A), os *threshold* separaram bem os genótipos em suas faixas de cores, podendo observar 20 dos 52 genótipos de cor de polpa roxa, cinco alaranjados, um amarelo, 15 cremes e 11 brancos. Já em relação a intensidade de cor de polpa (INT – FIGURA 8B), pode-se destacar seis genótipos com efeito muito intensos, são os 1589, 1476, 1444, 1377, 1192, e 1153, e todos de cor de polpa roxa, apropriados para uso na biofortificação genética, por apresentarem alto teor de antocianina nas raízes.

Figura 6 - Gráficos dos Intervalos de confiança dos BLUP de características qualitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. A - Padrão Comercial (PC) e B - Formato geral (FOR).



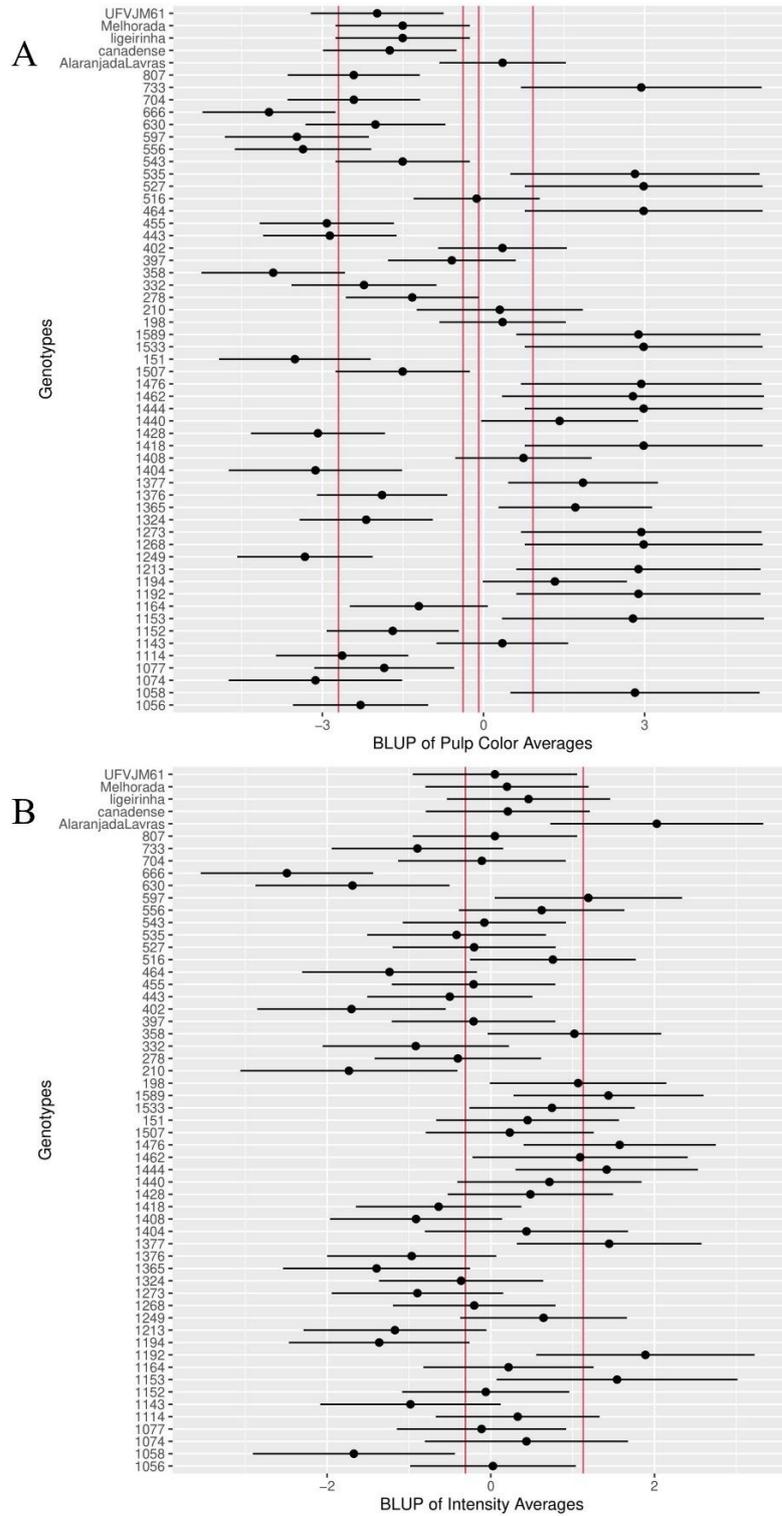
Fonte: Do autor (2023).

Figura 7 - Gráficos dos Intervalos de confiança dos BLUP de características quantitativas e qualitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. A - Resistência a Insetos (RI) e B - Cor de Casca (CC).



Fonte: Do autor (2023).

Figura 8 - Gráficos dos intervalos de confiança dos BLUP de características quantitativas e qualitativas em dois anos com 57 genótipos de batata-doce em Lavras-MG 2021 e 2022. A - Cor de Polpa (CP); G - Intensidade da cor de polpa (INT).



Fonte: Do autor (2023).

De acordo com os resultados, a seleção independente dos genótipos, ocorreu em nível de importância de características chaves analisadas, com efeitos combinados em um mesmo genótipo, dentro das melhores médias estimadas dos BLUP de cada característica (FIGURAS 2 a 8), onde destacam-se 13 genótipos com efeitos superiores. Que são demonstrados na Tabela 6, e no Apêndice C com sua demonstração em imagem.

Tabela 6 - Seleção independente de 13 genótipos de batata-doce com médias observadas em dois anos de: Produtividade Massa Seca (MS) de folhas e ramas  $\text{Mg ha}^{-1}$  (PMSFR); Teor de proteína bruta (PB (%)) e produtividade de proteína bruta na massa seca de folhas e ramas  $\text{Mg ha}^{-1}$  (ProdPB); Produtividade de raízes totais em  $\text{Mg ha}^{-1}$  (PRT); Produtividade de raízes comerciais em  $\text{Mg ha}^{-1}$  (PRC); Rendimento comercial de raízes de mesa (%R); Produtividade de MS nas raízes  $\text{Mg ha}^{-1}$  (MSR); Teor de amido nas raízes (Amido (%)); Produtividade de amido  $\text{Mg ha}^{-1}$  na MSR (PA); Teor de proteína bruta nas raízes % (PBR) e Antocianinas totais na MSR e  $\text{mg}/100\text{g}$  (Ant) de 13 genótipos (GEN) e a melhor testemunha “Ligeirinha” (T1), selecionáveis como potenciais cultivares para a região do Campo das Vertentes – Lavras, MG. UFLA. 2023.

GEN	PMSFR	PB	ProdPB	PRT	PRC	%R*	MSR	Amido*	PA*	PBR*	Ant*
210	3,344	11,15	0,373	45,66	34,05	74,6	12,365	77,894	9,632	-	9,91
397	8,900	9,71	0,863	39,29	32,17	81,9	14,341	95,124	13,642	5,35	4,97
464	13,693	12,51	1,713	24,75	11,74	47,4	8,960	75,362	6,753	5,83	7,35
516	8,309	9,32	0,774	26,86	15,72	58,5	10,707	83,089	8,896	6,16	7,06
527	5,283	9,46	0,500	43,66	28,29	64,8	14,832	81,6**	12,103	-	-
556	5,362	9,81	0,526	47,68	25,07	52,6	19,804	96,734	19,158	5,24	4,53
1074	3,668	14,55	0,534	31,59	22,15	70,1	8,963	81,6**	7,312	-	-
1192	4,578	13,6	0,622	33,91	23,96	70,7	12,337	82,708	10,204	5,98	112,30
1268	6,060	10,78	0,650	25,21	20,33	80,6	7,13	81,6**	5,818	-	-
1377	3,649	9,22	0,337	24,36	15,11	62,0	8,216	82,364	6,767	6,21	96,29
1404	1,584	6,05	0,096	36,51	29,55	80,9	11,126	76,715	8,535	5,59	3,94
1440	3,153	11,15	0,352	39,24	25,66	65,4	14,678	79,107	11,612	4,28	51,31
1476	5,405	11,04	0,597	31,74	23,81	75,0	10,141	69,580	7,056	5,25	163,94
T1	3,773	6,65	0,251	52,27	24,07	46,0	17,256	78,715	13,583	5,88	8,95
Média	4,852	10,36	0,585	30,30	16,29	66,5	9,903	81,585	10,076	5,58	42,78

\*Avaliações complementares independentes das análises, exploradas na aptidão de uso. \*\*Valor estimado do teor de amido da média de 11 genótipos aparentados e analisados, em sintonia com a literatura (Vendrame et al., (2022), TBCA (2022)). Média calculada por meio da Tabela 1 e 2, utilizada como suporte na seleção independente.

Fonte: Do autor (2023).

## 4 DISCUSSÃO

A produtividade média geral de raízes totais foi de 30,302 Mg ha<sup>-1</sup> (TABELA 2) dos dois anos de trabalho foi 2,16 vezes acima da média brasileira (14,5 Mg ha<sup>-1</sup>), assim como a porcentagem de massa seca das folhas e ramas que apresentaram valores de 16,3%. Este valor é 15,7% maiores que a média tradicional. Isso está ligado à massa seca de raízes e à produtividade de raízes comerciais, que apresentou valor bem acima da média nacional, representando base para altos rendimentos econômicos para os produtores e o sucesso do melhoramento no sentido amplo e financeiro. Observando os genótipos individualmente, são encontrados valores significativos e absolutos bem acima da média nacional em quase todas as características em nível populacional (FIGURAS 2 a 5).

As características quantitativas PFRV, PRT, MSR%, MSRPeso, PRC, e as qualitativas cor de casca, cor de polpa e intensidade de cor de polpa, são características chaves principais deste estudo, apresentando em sua maioria alta herdabilidade (>80%) (TABELA 1 e 3), correlacionadas entre si (TABELA 5), resultados semelhantes foram encontrados por Gonçalves Neto *et al.* (2011) e Costa *et al.* (2022). Ressalta-se que mesmo quando as correlações relativamente expressam valores abaixo dos apresentados por Costa *et al.* (2022), não isenta a variável chave de estudos, pois quando significativas, podem proporcionar fonte de variação exploratória na espécie, em busca de maiores resultados futuros, base de estudo do melhorista.

Analisando os efeitos dos estudos de Gonçalves Neto *et al.* (2011) e de Silva *et al.* (2022), a razão leva a compreender um potencial etanólico semelhante dentre os genótipos apresentados nas Figuras 2A e 3A, os quais estes mais evidentes em PRT e PMSR da Tabela 6, podem ser também utilizados na produção de etanol, principalmente os mais produtivos de PMSR e PA como 556, 443, 1428, 397 e 527 respectivamente por exemplo.

Observando a Figura 2A de produtividade de raízes totais (PRT), 10 genótipos alcançaram o mesmo efeito no índice genético da melhor testemunha (Ligeirinha), e na produtividade de massa seca de raízes (PesoMSR) (FIGURA 3A) o genótipo 556 foi melhor numericamente em peso e no índice genético que a melhor testemunha. Isso é mais uma evidência que os genótipos estudados estão avançados geneticamente em nível de produtividade e qualidade de raízes, comparados à melhor testemunha regional dos produtores.

O genótipo 464, por exemplo, foi o que apresentou efeito de destaque em dois anos, na alta produtividade de proteína bruta, contida na massa seca das ramas (12,51%) média de

1,713 Mg ha<sup>-1</sup>, isso representa 4,758 Mg em farelo de soja (36%PB) equivalente. Logo, estes 4,758 Mg estimados de farelo de soja representam 6,100 Mg ha<sup>-1</sup> de grãos de soja necessários para que a soja produza a mesma quantidade de proteína bruta que a batata-doce produz nas ramas (SILVA *et al.*, 2022). Assim, uma lavoura de soja deveria produzir 102 sacas de soja por hectare, porém, com custos muito acima da batata-doce, e com limitação de um ciclo no ano, ao passo que a batata-doce pode ser cultivada em dois a três ciclos com custos bem mais econômicos, rendendo três vezes mais a produtividade de proteína bruta nas ramas, sem contar a proteína na massa seca das raízes de 5,83% e o teor de amido de 75,36 % (TABELA 6, APÊNDICE C). Este resultado classifica este genótipo apto para alimentação animal.

No geral, o acúmulo de ProdPB apresentado na Tabela 6, é evidente na literatura o efeito simbiótico da fixação biológica de nitrogênio natural (LÓPEZ *et al.*, 2020), em que a espécie em sintonia com o ambiente de cultivo, acumula um teor de nitrogênio acima do aplicado no plantio e na adubação de cobertura (68,0 kg ha<sup>-1</sup>) (PEREZ-PAZOS; SANCHEZ-LOPEZ, 2017; LÓPEZ *et al.*, 2020), em virtude da composição da molécula de proteína bruta vegetal ser de 15,2 a 16% de nitrogênio (DETMANN *et al.*, 2021), esta cultivar 464, acumulou aproximadamente 274,08 kg de nitrogênio equivalentes contido na PMSFR, valor 206,08 kg acima da nutrição suplementar de nitrogênio aplicado na adubação de plantio e cobertura, sem contar a fixação de nitrogênio contida na proteína da MSR.

No que diz respeito à produtividade de massa seca de raízes, representada por amido (96,734%) o genótipo 556 resultou efeito em 19,804 Mg ha<sup>-1</sup> médios de MSR em cada um dos dois anos, isso foi maior que o resultado da melhor testemunha de 17,256 Mg ha<sup>-1</sup>, evidenciado em médias observadas (TABELA 6) e em gráfico estatístico em BLUP (FIGURA 3A). Maiores resultados ainda do que os encontrados por Andrade Júnior *et al.* (2018). Isso representa 19,158 Mg ha<sup>-1</sup> de amido, e 1,038 Mg ha<sup>-1</sup> de proteína bruta (5,24%) na massa seca das raízes (TABELA 6). O valor de MSR está intimamente ligado à PRT, assim como à PMSR como observado na Tabela 5, e nos gráficos da Figuras 2A e 3A. Superioridade genética também comprovada nos efeitos da qualidade de raízes, em que o genótipo 556 foi destaque nas análises estatísticas e qualitativas, principalmente no padrão comercial, formato de raízes e resistência de insetos de solo (FIGURAS 6 a 8; APÊNDICE C). Resultados encontrados por Costa *et al.* (2022) a indicam para o consumo humano. Aqui evidenciam seu potencial para o consumo humano, alimentação animal e produção de etanol.

Este genótipo 556 tem potencial de acúmulo de 19,158 Mg ha<sup>-1</sup> de amido, e 1,038 Mg ha<sup>-1</sup> de proteína bruta (5,24%), em cinco meses de ciclo, podendo ser potencializado em três ciclos no ano de 120 dias (FERREIRA *et al.*, 2019) a custos, manejo e utilidades múltiplas,

bem mais sustentáveis que outras amiláceas, como milho (12 Mg ha<sup>-1</sup> – (Pimentel *et al.* (2019), mandioca (19 Mg ha<sup>-1</sup> –) (LIMA *et al.*, 2018; NYIRAKANANI *et al.*, 2021) e trigo (3 Mg ha<sup>-1</sup>) (KRAISIG *et al.*, 2021). Pode ser uma alternativa econômica e sustentável aos produtores em momentos de entressafra destas culturas.

Além disso, este genótipo 556 tem cor de casca branca/amarela, cor de polpa branca intensa, ideais à aptidão ao consumo humano. Sua produtividade de amido nas raízes de 19,158 Mg ha<sup>-1</sup>, corresponde a 29,36 Mg ha<sup>-1</sup> de milho ou 489 sacas a 75% de amido na MS por Yu *et al.* (2022) em amido nos grãos (PIMENTEL *et al.*, 2019), assim como na massa seca das ramas ainda representa 31,22 sacas ha<sup>-1</sup> de soja em proteína bruta (SILVA *et al.*, 2022) para a alimentação animal.

O genótipo 397 apresentou efeito de destaque em todos os parâmetros analisados, fica claro (FIGURA 3 - ABC) a qualidade de raízes em formato ótimo, padrão comercial, produtividade comercial de raízes, cor de casca amarela/creme, cor de polpa amarela, resistência a insetos de solo e parâmetros genéticos, acima dos encontrados por Costa *et al.* (2022) (APÊNDICE C). Das 39,29 Mg ha<sup>-1</sup> de raízes colhidas a campo, a avaliação do padrão comercial favoreceu a seleção das 32,17 Mg ha<sup>-1</sup> de raízes comerciais, um total de 81,88 % de rendimento total de raízes à venda direta, resultados semelhantes alcançados por Andrade Júnior *et al.* (2018). Isso representa um potencial favorável de extrema importância econômica para o mercado de mesa, em virtude da rentabilidade positiva que o produtor pode alcançar ao produzir e vender para mesa quase toda (82%) sua produção do campo, com o mínimo de refugos ou descartes (ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018). Ideal para aptidão ao consumo humano, evidenciado pela cor de polpa amarela e qualidade de raízes uniformes.

O genótipo 1440 (FIGURA 2 a 8) apresentou efeitos de destaque evidentes no formato de raízes, padrão comercial, produtividade de raízes comerciais, boa resistência a insetos de solo, cor de casca roxa e polpa roxa intensa (APÊNDICE C). Em dados deste estudo ainda não publicados, seu rendimento comercial foi destaque com 65,4% entre as raízes colhidas (TABELA 6). Comparando com a melhor testemunha entre os produtores do Campo das Vertentes, a T1 rendeu somente 46% de raízes comerciais, demonstrando que o genótipo 1440, sendo uma planta biofortificada geneticamente, é própria para mercados de nicho *Gourmet* e nutracêuticos (ALBUQUERQUE *et al.*, 2020; 2021; MOURA *et al.*, 2021). O genótipo 1440 tem potencial para o consumo humano, por apresentar produtividade total e comercial atraentes aos produtores, pois é evidente a dificuldade de encontrar genótipos biofortificados e produtivos com qualidade em raízes, com formato e padrão comercial, combinados em um mesmo genótipo. Inclusive por apresentar 79,1% de amido nas raízes e

bom teor de antocianinas totais, e alto acúmulo de 14,68 Mg ha<sup>-1</sup> de massa seca de raízes que a confere alta qualidade no beneficiamento pós colheita (DONATO *et al.*, 2020) (TABELA 6). Com 14,6 °brix em dados não publicados, evidenciando com sucesso, múltiplas características fisiologicamente desafiadoras de combinar em um único genótipo, como produtividade, padrão comercial, acúmulo de amido, cor de polpa roxa com alto teor de carotenoides e teor indicativo de açúcares consideráveis nas raízes (ZHANG *et al.*, 2016; TAIZ; ZEIGER, 2017). Isso justificou o seu registro como cultivar pelo MAPA como UFLA R1440 (APÊNDICE C).

Já o genótipo 1476 apresentou efeito de grande destaque na qualidade de raízes em formato de raízes, padrão comercial, cor de casca roxa, cor de polpa roxa intensa, e alto rendimento comercial de 75,02% na venda das raízes colhidas, devida qualidade apresentada (FIGURA 5 a 8; TABELA 6; APÊNDICE C). Seu teor evidente de destaque é o valor de antocianinas de 163,94 mg/100g (TABELA 7), isso com uma produtividade de 10,14 Mg ha<sup>-1</sup> de massa seca de raízes resultando numa produtividade de antocianinas totais de 16,63 Kg ha<sup>-1</sup>, o qual representa um valor bem acima de outras hortaliças como repolho e beterraba, no tempo e ciclo respectivos ao ano, em custos mais acessíveis (TABELA 7). O genótipo 1476 demonstrou um ótimo acúmulo de antocianina em relação ao amido, com 13 °brix em dados não publicados, demonstrando um sucesso na competição fisiológica entre o acúmulo de metabólitos secundários da via do cromoplasto e a amilogênese, com evidências de polpa com relevante teor de açúcares (13°brix) (TAIZ; ZEIGER, 2017).

Tabela 7 - Composição centesimal de vegetais in natura comparado à batata-doce.

Genótipo	Umidade(g)	Proteína(g)	Carboidrato(g)	Antocianina (mg 100g <sup>-1</sup> )	Prod. Antocia. (kg ha <sup>-1</sup> )
TBCA <sup>4</sup>	67,1	1,78	25,5	-	-
1476	67,1	1,87	24,83*	58,5	16,63
1192	67,1	2,15	29,68*	40,3	13,85
Beterraba	86,0	1,95	7,74	31,41 <sup>1</sup>	10,99 <sup>1</sup>
Repolho roxo	93,3	1,22	3,19	56,76 <sup>2</sup>	13,62 <sup>2</sup>
Cotinga	67,1	-	-	53,93 <sup>3</sup>	24,26 <sup>3</sup>

\*Teor de amido; 1Bovi et al. (2019); 2Lins (2020); 3Vendrame et al. (2022); 4TBCA (2022) BD.

Fonte: Do autor (2023).

Sem dúvida, o potencial de produtividade de antocianina/antioxidantes da batata-doce é um subproduto importante para a indústria de alimentos, em virtude da possibilidade de plantio em três ciclos contínuos o ano todo (SILVA *et al.*, 2022), além do teor não demonstrado contido nas ramas e folhas, com menor custo, assim como facilidade de cultivo (TABELA 7).

O genótipo 1192 também foi destaque em seus resultados, com rendimento alto (>70,66%) de raízes comerciais (TABELA 6) devido ao ótimo formato de raízes e padrão comercial, com cor de polpa roxa intensa (APÊNDICE C). Analisando a produtividade de raízes de 33,91 Mg ha<sup>-1</sup>, resultou em uma produtividade de massa seca de raízes de 12,34 Mg ha<sup>-1</sup> e uma produtividade de amido (10,204 Mg ha<sup>-1</sup>) de destaque entre outras plantas de alta intensidade de polpa roxa. Potencial genético evolutivo pouco alcançado entre culturas biofortificadas (ZHANG *et al.*, 2016; TAIZ; ZEIGER, 2017). Os genótipos 1476 e 1192 em dados deste estudo não publicados, produziram uma concentração centesimal e produtividade de antocianinas de 112,3 a 163,94 mg 100g<sup>-1</sup> e 13,85 a 16,63 kg Ha<sup>-1</sup>, respectivamente, com um teor maior de 5,98 % e 5,25 % de proteína bruta na massa seca das raízes (TABELA 7).

Isso é importante, pois, em dados não publicados este genótipo 1192 produz um °brix digital de 14,14% e o melhor genótipo de formato de raízes o Cultivar UFLA R1440 um valor de 14,58%, isso favorece a busca do melhoramento por uma planta altamente acumuladora de amido, de alta intensidade de antocianinas na polpa das raízes, e principalmente com sabor doce (°brix >10,0%), uma competição fisiológica entre o amiloplasto e o cromoplasto pouco estudados (TAIZ; ZEIGER, 2017), aqui combinada com sucesso nos estudos de melhoramento de batata-doce biofortificada geneticamente, pois é evidente na literatura que normalmente não há correlação e por vezes negativa entre o acúmulo de amido e os teores de carotenoides na batata-doce (ZHANG *et al.*, 2016).

Outro genótipo importante é o 1404 que apresentou efeito de grande destaque em raízes comerciais e produtividade de raízes comerciais, que favorece a venda de 80,94% das raízes colhidas a campo, com cor de casca branca/amarela e cor de polpa branca intensa, aptas ao consumo humano (APÊNDICE C). Apresenta formato de raízes fusiforme, padronizado, que facilita a produção agroindustrial, e um evidente destaque ao crescimento das ramas, que possuem crescimento compacto e ereto nas leiras, com folhas e ramas que podem ser melhor conduzidas em sistemas de cultivo orgânico, paisagístico ou em espaços reduzidos. Devido ao crescimento curto das ramas, explicado pelo efeito do baixo acúmulo de ramas em produtividade e massa seca de ramas. Mesmo assim, acumulou a produtividade de 29,55 Mg ha<sup>-1</sup> de raízes comerciais, bem mais que a melhor testemunha em magnitude.

O padrão comercial de raízes é característica chave no melhoramento de maior destaque, por se tratar da característica principal dos cultivos dos produtores para o objetivo da comercialização direta, na venda de raízes comerciais *in natura* em Ceasas e centros de distribuição (ANDRADE JÚNIOR, 2018). O fator mais importante na produtividade de raízes comerciais, é o rendimento entre a colheita total e o que é vendido no mercado após o beneficiamento (TABELA 6 em “%R”), assim convertido em renda. Portanto, quanto melhor o padrão comercial, que correlacionou positivamente com melhor formato de raízes ideal, resistência a insetos, produtividade total e comercial de raízes, resultam assim, em máximo rendimento comercial (%R) e renda aos produtores (YAN; REID, 2018; ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2018). Ao passo que não há lucratividade em uma cultivar tradicional mesmo de alta produtividade de raízes, que não possua um padrão comercial adequado, como demonstrado pela testemunha T1 (TABELA 6), aqui apresenta-se o genótipo 1440, os genótipos 1404, 556 e 397 solucionando este fato (APÊNDICE C).

Nota-se que a produtividade de raízes de alto padrão comercial dos 13 melhores genótipos (TABELA 6, APÊNDICE C), resulta em um alto rendimento comercial de raízes de mesa com alto aproveitamento, a exemplo do genótipo 397 e do 1404, cujo rendimento de raízes de padrão comercial foi quase o dobro (>80%) que o desempenho da melhor testemunha (T1, 46%). Isso permite ao produtor escolher genótipos que trazem maior resultado econômico efetivo na venda de raízes para o mercado de mesa. Além de que, a produtividade comercial de raízes foi maior em seis genótipos (1440; 1404; 556; 527; 397 e 210) do que a melhor testemunha (T1) (TABELA 6).

O formato geral de raízes aliado ao padrão comercial, teve melhores resultados em análise (TABELA 3) isso pode ser devido ao regime hídrico do período, principalmente no mês de janeiro, o que favoreceu o melhor desenvolvimento das raízes na leira durante a tuberização, mesmo em um solo muito argiloso no local do ensaio. Já a resistência a insetos de solo apresentou o mesmo desempenho nos dois anos de avaliação.

De acordo com a Tabela 3, as herdabilidades de características qualitativas obtiveram na maioria valores médios, tendo em vista aos estudos exploratórios, com genótipos originários de populações segregantes. Porém para CC, CP e INT as herdabilidades fora acima de 0,73 demonstrando assim evidências evolutivas da característica na espécie, favorecida por ser característica conservada na clonagem. O desenvolvimento em coeficiente do Threshold consecutiva (TABELA 4), a partir dos resultados observados, é o principal objetivo da seleção para caracteres qualitativos.

As variáveis chaves para a seleção, apresentando a variação genótipo ambiente com valores baixos, representam plantas estáveis evolutivamente na população, logo foram a PMSFR, MSRpercentual, PesoMSR e PRC (TABELA 1). Isso é importante, pois, nestas características, os genótipos sofreram baixa interações entre os anos avaliados. As herdabilidades foram representadas em sentido amplo, o que representa melhor o genótipo, em virtude da estimativa da repetibilidade do genótipo nos dois anos de competição ser calculada de forma conjunta.

As médias comparadas dos efeitos observados nos BLUPs (TABELA 2; FIGURAS 2 a 8) são de uma transformação linear pouco comum da tradicional, onde a declaração da média é acima da normal padrão, usando a média observada na repetibilidade do genótipo. Transformada e devolvida na escala da média observada, com a unidade de escala padrão da variável nos gráficos. Um progresso aprimorado na análise ao que foi aplicado por Silva *et al.* (2022).

Em virtude de o cálculo da herdabilidade ser no sentido amplo, com valor intrínseco do genótipo próprio estimado para a seleção, favorece o melhoramento em virtude da conservação das expressões das características, cujos melhores valores da herdabilidade serem conservados na clonagem da espécie da batata-doce. A herdabilidade foi baixa para MSFR% e PMSFR, devido desenvolvimento das ramas ter influências climáticas e sofrido déficit hídrico no final do ciclo, o que causou perda de folhas e ramas, principalmente, nos toletes das ramas aplicado durante as avaliações no campo. Porém alta para a maioria das características, apresentando valores acima de 0,75 cujos ganhos genéticos são muito positivos na seleção, principalmente quando se trata de parâmetros quantitativos ligados a expressão de muitos genes envolvidos, valores próximos foram encontrados por Costa *et al.* (2022) em genótipos aparentados.

Nas Figuras 2 a 5 das variáveis quantitativas, as variáveis estão apresentadas no gráfico dos efeitos dos BLUP em médias com unidade padrão observada em campo. Ou seja, na escala da medida original (corrigindo após as análises do modelo). Assim, a interpretação pode ser comparada em termos absolutos tradicionais diretamente no gráfico. Já na Tabela 3 estas estimativas nulas indicam que há pouca interação entre os genótipos e os ambientes considerados, fazendo com que a média dos dois anos represente bem o valor genotípico.

Nos dois ambientes foi importante avaliar seis características qualitativas segregantes, onde a cor de casca, cor de polpa e a intensidade da cor de polpa demonstram características evolutivas conservadas, por apresentarem  $\sigma^2_{GE}=0$ . Aqui observa-se um fator importante para seleção, pois gera segurança na identificação e manutenção da herdabilidade destas

características nas plantas clone. O que permite encontrar genótipos mais estáveis (TABELA 1). Houve uma melhora na produtividade de raízes total, comercial, no formato de raízes e na intensidade da cor de polpa do primeiro para o segundo ano de competição (TABELAS 1 e 3) identificadas por meio da Tabela 4, possivelmente pelo efeito da maior pluviosidade.

O uso das 5 testemunhas utilizadas por produtores de forma comercial na região, demonstraram efeitos de médias bem abaixo das alcançados nos 13 genótipos, pelos gráficos e tabelas mencionadas acima, fica claro a superioridade geral dos 13 genótipos (Tabela 6), os quais demonstraram médias combinadas entre diversas características de interesse, bem acima das cultivares adotadas pelos produtores, com rendimento comercial considerável, assim como notas qualitativas de valor genético muito acima em magnitude (YAN; REID, 2018; HOOPES *et al.*, 2021; PIRES *et al.*, 2022), em destaque para os genótipos 1476, 1440, 1404, 1377, 1268, 1192, 1074, 556, 527, 516, 464, 397 e 210 (TABELA 6).

Este potencial dos 13 genótipos (TABELA 6) alcançado pelos resultados de dois anos de estudo, após a seleção inicial de Silva *et al.* (2022) e Costa *et al.* (2022), em que, algumas características, como formato geral de raízes propício para comercialização, com cor de casca, cor de polpa e intensidade, conservados na clonagem. Ressalta-se ainda que os 13 genótipos selecionados se destacam com cores intensas e coloridas, principalmente de cor de polpa roxa intensa. Apresentando um rendimento comercial e qualidade de raízes muito acima das escassas cultivares de polpa roxa tradicionais utilizadas entre os produtores.

Batista *et al.* (2021), estudando a seleção independente comparada à seleção em índices, demonstrou que, ambas possuem suas vantagens, sem diferenças na ordenação dos genótipos, quando são aplicadas as características chaves, de alta importância, e levadas todas em consideração na seleção com a maioria das características inseridas nos genótipos elite.

A indicação evidente destes 13 genótipos apresentados na Tabela 6, demonstra o acúmulo de vantagens (YAN; REID, 2018; HOOPES *et al.*, 2021; taiz *et al.*, 2022), neles apresentados perante aos resultados nos efeitos dos gráficos (FIGURAS 2 a 8) e tabelas (TABELAS 1 a 6), nos dados quantitativos e qualitativos. Por isso, comprovam suas superioridades individuais, nos dados apresentados e análises aplicadas, principalmente por apresentarem um viés de sobrevivência comprovada e observada durante o processo de melhoramento da cultura (HOOPES *et al.*, 2021; SILVA *et al.*, 2022; PIRES *et al.*, 2022).

## 5 CONCLUSÃO

Os genótipos 1476, 1440, 1404, 1377, 1268, 1192, 1074, 556, 527, 516, 464, 397 e 210 são os destaques para seleção em múltiplas aptidões de uso sustentáveis.

Os genótipos 1476, 1440, 1377 e 1192 possuem cor de polpa roxa intensa com aptidão especial para biofortificação genética.

O genótipo de polpa roxa 1440, foi registrado como cultivar denominado UFLA R1440, indicado para o consumo humano, paisagismo e indústria.

Estes genótipos devem ser incluídos em programas de cruzamento para dar continuidade ao programa de melhoramento, com foco nos múltiplos usos potenciais.

## REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, T. M. R.; MAGNANI, M.; LIMA, M. dos S.; CASTELLANO, L. R. C.; SOUZA, E. L. Effects of digested flours from four different sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) root varieties on the composition and metabolic activity of human colonic microbiota *in vitro*. **Journal of Food Science**, [S.l.], v. 86, p. 3707-3719, 2021.
- ALBUQUERQUE, T.M.R. de; BORGES, C. W. PEREIRA; CAVALCANTI, M.T.; LIMA, M. dos S.; MAGNANI, M.; SOUZA, E.L. de. Potential prebiotic properties of flours from different varieties of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) roots cultivated in Northeastern Brazil. **Food Bioscience**, [S.l.], v. 36, p. 100614, 2020.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C. de *et al.* Association between agronomic characters and hay quality of sweet potato branches. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 38, n. 1, p. 27-32, 2020.
- ANDRADE JÚNIOR, V. C.; ELSAYED, A.; AZEVEDO, A.; SANTOS, E.; FERREIRA, M. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos batata-doce. **Rev Sci Agrar.**, [S.l.], v. 19, p. 28-35, 2018.
- AZEVEDO, S.M.; MALUF, W.R.; SILVEIRA, M.A.; FREITAS, J. A. Reação de clones de batata-doce aos insetos de solo. **Ciênc Agrotec.**, [S.l.], v. 26, p. 545–549, 2002.
- AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; VIANA, D.J.S.; ELSAYED, A.; PEDROSA, C.E.; NEIVA, I.P.; FIGUEIREDO, J.A (Influence of harvest time and cultivation sites on the productivity and quality of sweet potato. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 32, p. 21–27, 2014.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, [S.l.], v. 67, p. 1-48, 2015.
- BATISTA, L.G.; GAYNOR, R.C.; MARGARIDO, G.R.A.; BYRNE, T.; AMER, P.; GORJANC, G. *et al.* Long term comparison between index selection and optimal independent culling in plant breeding programs with genomic prediction. **PLoS ONE**, [S.l.], v. 16, n. 5, p. e0235554, 2021.
- BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plant. Stemma Press, Woodbury.
- BORGES, V.; FERREIRA, P.V.; SOARES, L.; SANTOS, G.M.; SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Sci Agron.**, [S.l.], v. 32, p. 643-649, 2002.
- BORGES, V.; FERREIRA, P.V.; SOARES, L.; SANTOS, G.M.; SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Sci Agron.**, [S.l.], v. 32, p. 643-649, 2010.
- BOVI, D.C.M. de L. *et al.* Determinação dos teores de betalaína e composição centesimal de beterraba in natura e tipo chips. **Brazilian Journal of Food Research**, Campo Mourão, v. 10 n. 2, p. 80-92, abr./jun. 2019.
- BOX, G.; COX, D. An analysis of transformations. **J R Stat Soc.**, [S.l.], v. 26, p. 211–252, 1964.

BRITO, O. G.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; LOPES, T.K.; SILVA, J.C.O; FIRME, T.D.; SILVA, E.A.; AZEVEDO, S.M. Flowering capacity and botanical seed production of sweet potato genotypes. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 39, 2021.

BUENO FILHO, J.S.S.; VENCOVSKY, R. Alternativas de análise de ensaios em látice no melhoramento vegetal. **Pesqui Agropecu Bras.**, [S.l.], v. 35, p. 259-269, 2000.

CAMARGO, L.K.P.; RESENDE, J.T.V.; MÓGOR, A.F.; CAMARGO, C.K.; KURCHAIDT, S.M. Uso de índice de seleção na identificação de genótipos de batata doce com diferentes aptidões. **Hort Bras.**, [S.l.], v. 34, p. 514-519, 2016.

CFSEMG. Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais. **Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5a Aproximação**. RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ, V. H. V. (Eds.). Viçosa, MG, 1999. 359 p.

CHENG, X. ZHENG, J.; LIN, A.; XIA, H.; ZHANG, Z.; GAO, Q. *et al.* A review: Roles of carbohydrates in human diseases through regulation of imbalanced intestinal microbiota. **Journal of Functional Foods**, [S.l.], v. 74, 2020.

CIP. Centro Internacional De La Papa. **Plant breeding and farmer participation**. 2009. Chapter 13, Selection methods Part 5: Breeding clonally propagated crops. Cross Ref View Record in Scopus. CIP, International Potato Center (Annual Report—Embracing the SDGs in, 2015: CIP, International Potato Center (Annual Report—Embracing the SDGs in 2015).

COSTA, A. L.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; GAMA, A. B. N.; SILVA, E. A.; BRITO, O. G.; SILVA, J. C. O.; BUENO FILHO, J. S. S. Selection of superior sweet potato genotypes for human consumption via mixed models. **Bragantia**, [S.l.], v. 81, p. e4122, 2022.

DETMANN, E.; COSTA E SILVA, L.F.; ROCHA, G.C.; PALMA, M.N.N.; RODRIGUES, J.P.P. **Métodos para análise de alimentos**. Métodos para análise de alimentos-INCT-Ciência Animal. 2. ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2021. 350 p.

DONATO, L. M. S. *et al.* Uso de ramas de batata-doce para produção de feno. **Ciência Animal Brasileira**, [online]., v. 21, 2020.

ECHER, F.R.; CRESTE, J. E.; LA TORRE, E. J. R. **Nutrição e adubação da batata-doce**. Presidente Prudente: BR, 2015. 94 p.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. Hawaiian Planters'. **Record**, [S.l.], v. 55, p. 191-208, 1956.

FERREIRA, M. A. M.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; OLIVEIRA, A. J. M.; FERREIRA, E. A.; BRITO, O. G.; SILVA, L. R. 2019. Physiological characterization of plant growth in sweet potato. **Horticultura Brasileira**, v. 37, p. 112-118. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620190118>. Acesso em: 17 maio. 2023.

GONÇALVES NETO, A, C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; GONÇALVES, R.J.S.; SILVA, V.F.; LASMAR, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. **Pesqui Agropecu Bras.**, [S.l.], v. 46, p. 1513-1520, 2011.

HILKELMANN, K.; KEMPTHORNE, O. **Design and Analysis of Experiments: Advanced Experimental Design**. [S.l.]: Wiley & Sons, Inc. Book Series: Wiley Series in Probability and Statistics.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. [S.l.]: University of Guelph, Guelph, 1984.

HOOPEES, G. *et al.* **Phased, chromosome-scale genome assemblies of tetraploid potato reveals a complex genome, transcriptome, and predicted proteome landscape underpinning genetic diversity, Dryad, Dataset**, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.5061/dryad.3n5tb2rhw>. Acesso em: 16 jan. 2022.

HUAMÁN, Z. **Sweet potato germplasm management training manual**. International Potato Center (CIP), Lima, 1999.

KRAISIG A.R. *et al.* Efficiency of nitrogen use by wheat depending on genotype and previous crop. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola Ambiental**, [S.l.], v. 25, n. 4, 2021.

LIMA, A. G. de; CARVALHO, L. R. de; MOTA, M. C., LIMA JUNIOR, A. F. de; MOREIRA, J. M.; SILVA, A. P. da; ROSA, J. Q. S. Produtividade de mandioca avaliada sobre adubação fosfatada e a adubação de cobertura. **Pubvet.**, [S.l.], v. 12, n. 133, 2018.

LINS, A. D. F. **Repolho roxo em pó obtido em secador por aspersão e liofilizador**. 2020. 113 p. Tese (Doutorado em Engenharia Agrícola. Processamento e Armazenamento de Produtos Agrícolas) – Universidade Federal de Campina Grande – UFCG, Paraíba, 2020.

LÓPEZ, D. B.S.; PAZOS, J. V.P.; CASTELLANOS, L. L.L.; PEÑA, J.A. G.; MONTES, A.A. E. Inoculantes microbianos incorporados al cultivo de Ipomoea batatas L. en el Valle del Sinú. **Rev. Colomb. Biotecnol.**, Bogotá, v. 22, n.1, jan./jun. 2020.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Cultivares de batata-doce registradas. 2023. Brasília. Disponível em: [https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares\\_registradas.php](https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php). Acesso em: 18 abr. 2023.

MOURA, I.O.; SANTANA, C.C.; LOURENÇO, Y.R.F. *et al.* Chemical Characterization, Antioxidant Activity and Cytotoxicity of the Unconventional Food Plants: Sweet Potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) Leaf, Major Gomes (*Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn.) and Caruru (*Amaranthus deflexus* L.). **Waste Biomass Valor**, [S.l.], v. 12, p. 2407–2431, 2021.

MUSSOLINE, W.A.; BOHAC, J.R.; BOMAN, B.J.; TRUPIA, S.; WILKIE, A.C. Agronomic productivity, bioethanol potential and postharvest storability of an industrial sweetpotato cultivar. **Ind. Crops Prod.**, [S.l.], v. 95, p. 96–103. 2017.

NYIRAKANANI, C. *et al.* Farmer and Field Survey in Cassava-Growing Districts of Rwanda Reveals Key Factors Associated with Cassava Brown Streak Disease Incidence and Cassava Productivity. **Front. Sustain. Food Syst.**, [S.l.], v. 5, p. 699655, 2021.

PEREZ-PAZOS, J.V.; SANCHEZ-LOPEZ, D. B. Caracterización y efecto de Azotobacter, Azospirillum y Pseudomonas asociadas a Ipomoea Batatas del Caribe Colombiano. **Rev. Colomb. Biotecnol.**, [S.l.], v. 19, n. 2, p. 35-46, 2017.

PIMENTEL, G. V. *et al.* Interactions between herbicide application and timing of nitrogen fertilization in maize hybrids. **Journal of Agricultural Science**, [S.l.], v. 11, n. 9, 2019.

PIRES, M. V.; CASTRO, E. M. de; FREITAS, B. S. M. de; LIRA, J. M. S.; MAGALHÃES, P. C.; PEREIRA, M. P. Yield-related phenotypic traits of drought resistant maize genotypes. **Environmental and Experimental Botany**, [S.l.], v. 171, p. 103962, 2022.

RIPLEY, B.; VENABLES, B.; BATES, D. M.; HORNIK, K.; GEBHARDT, A.; FIRTH, D. **Support functions and datasets for venable and Ripley's MASS. R Package Version 7.3–57**. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/MASS/MASS.pdf>. Acesso em: 12 jul. 2022.

SANTOS, A.M.P. dos; LIMA, J. S.; SANTOS, I. F. dos; SILVA, E. F.R.; SANTANA, F.A. de; ARAUJO, D. G.G.R. de; SANTOS, L. O. dos. Mineral and centesimal composition evaluation of conventional and organic cultivars sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) using chemometric tools. **Food Chemistry**, [S.l.], v. 273, p. 166-171, 2019.

TORQUATO-TAVARES, A.; NASCIMENTO I.R. do; REYES, P.I. D.; ROSA-DE SANTANA, W.; SILVEIRA, M. A. da. Potential for sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) single crosses to improve ethanol production. **Revista Chapingo Serie Horticultura**, [S.l.], v. 23, n. 1, p. 59-74, 2017.

ZHANG, K. *et al.* Development and Identification of SSR Markers Associated with Starch Properties and  $\beta$ -Carotene Content in the Storage Root of Sweet Potato (*Ipomoea batatas* L.) **Frontiers in Plant Science**, [S.l.], v. 7, 2016.

SILVA, J.C. de O.; ANDRADE JÚNIOR, V.C. de; BUENO FILHO, J.S. de. *S. et al.* Mixed model-based indices for selection of sweet potato genotypes for different agronomic aptitudes. **Euphytica**, [S.l.], v. 218, n. 86, 2022.

SOUZA, M.C.; OLIVEIRA SILVA, J.C. de; SILVA, E.A. da. *et al.* Characterization of sweet potato genotypes with landscaping potential. **Euphytica**, [S.l.], v. 218, n. 156, 2022.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. *et al.* **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**. (Trad.). In: MASTROBERTI, A. A. OLIVEIRA, P. L. (Rev.). 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

TBCA. **Tabela Brasileira de Composição de Alimentos**. Universidade de São Paulo (USP). Food Research Center (FoRC). Versão 7.2. São Paulo, USP, 2022.

WANG, H.; YANG, Q.; FERDINAND, U.; GONG, I.; YANG QU, WENCHUAN, G. *et al.* Isolation and characterization of starch from light yellow, orange, and purple sweet potatoes. **International Journal of Biological Macromolecules**, [S.l.], v. 160, p. 660-668, 2020.

ZEIST, A.R.; LEAL, M.H.S.; RESENDE, J.T.V.; RECH, C.; SILVA JÚNIOR, A.D.; TOROCO, B.R.; OLIVEIRA, J.N.M.; OLIVEIRA, G.J.A. Selecting orange-fleshed sweet potato genotypes using selection indices. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 40, p. 231-237, 2022.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J. Genotype by Yield\*Trait (GYT) Biplot: a Novel Approach for Genotype Selection based on Multiple Traits. **Sci Rep.**, [S.l.], v. 8, n. 8242, 2018.

YU, J-K.; YONG-SUN, M. "Amido de milho: melhoria da qualidade e quantidade para usos industriais" **Plants**, [S.l.], v. 11, n. 1, p. 92. 2022.

ZEIST, A.R.; LEAL, M.H.S.; RESENDE, J.T.V.; RECH, C.; SILVA JÚNIOR, A.D.; TOROCO, B.R.; OLIVEIRA, J.N.M.; OLIVEIRA, G.J.A. Selecting orange-fleshed sweet potato genotypes using selection indices. **Horticultura Brasileira**, [S.l.], v. 40, p. 231-237, 2022.

ZUO, S. S.; NIU, D.Z.; NING, T.T.; ZHENG, M.L.; JIANG, D.; XU, C.C. Protein Enrichment of Sweet Potato Beverage Residues Mixed with Peanut Shells by *Aspergillus oryzae* and *Bacillus subtilis* Using Central Composite Design. **Waste Biomass Valorization**. [S.l.], v. 9, n. 5, p. 835-44, 2018.



## APÊNDICE B

Figura 10 - Croqui e Planejamento Estrutural do Experimento da segunda época (Ano 2).

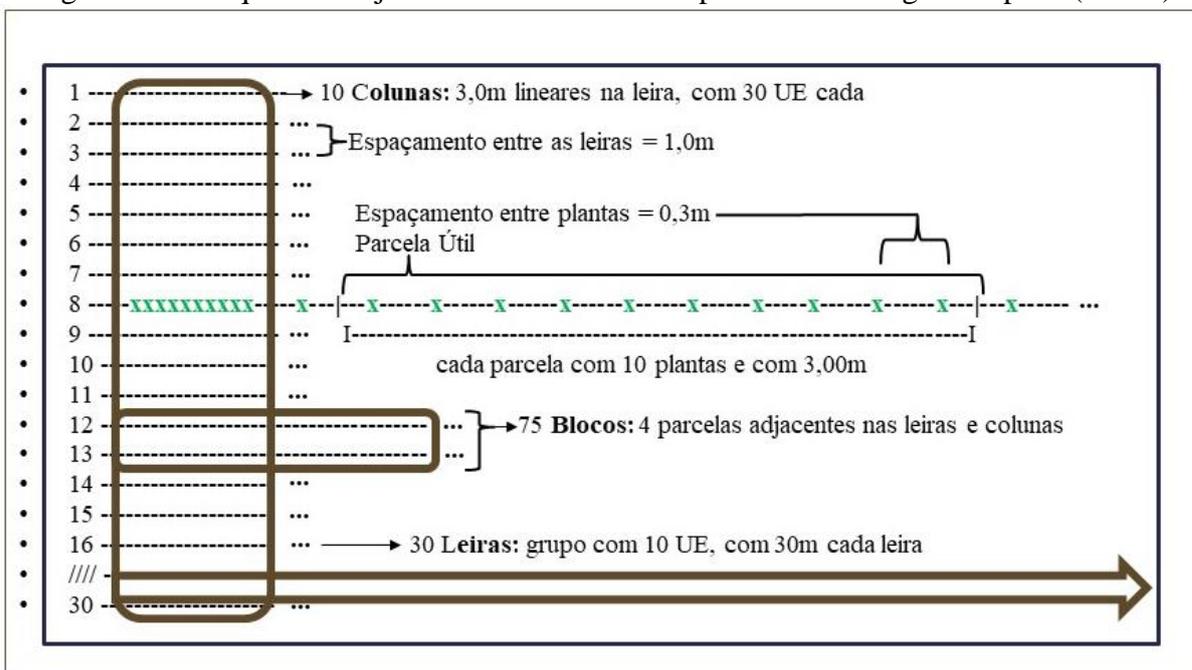
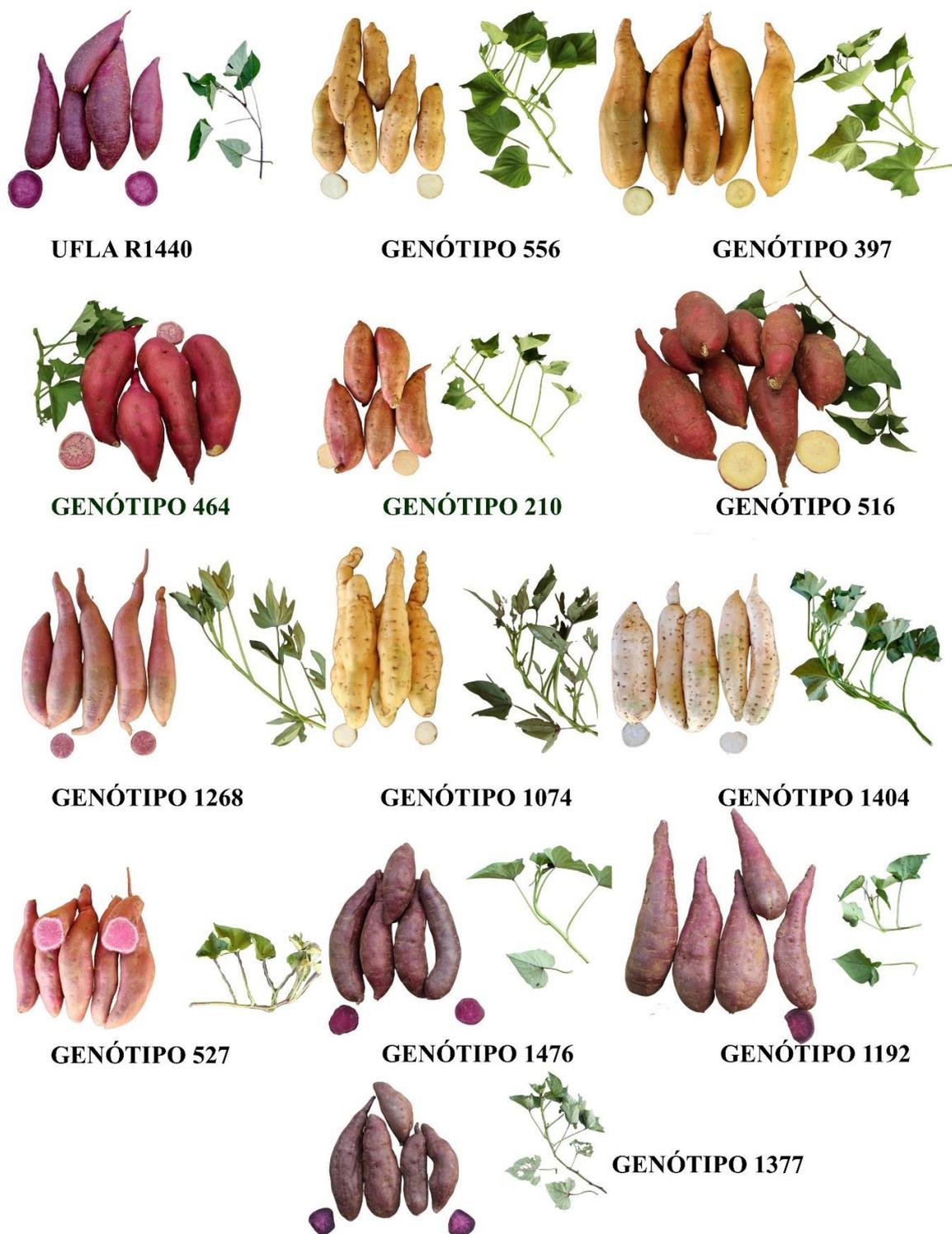


Imagem do plantio e colheita da área experimental

Fonte: Do autor (2023).

## APÊNDICE C

Figura 11 - Diagrama de genótipos elite por seleção independente.



Fonte: Do autor (2023).