



MAYRA ALEJANDRA RINCÓN RUEDA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE UM PAINEL DE CLONES
AVANÇADOS DE BATATA SOB CONDIÇÕES TROPICAIS**

**LAVRAS - MG
2023**

MAYRA ALEJANDRA RINCÓN RUEDA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE UM PAINEL DE CLONES AVANÇADOS DE
BATATA SOB CONDIÇÕES TROPICAIS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte da exigência do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal
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).**

Rueda, Mayra Alejandra Rincón.

Diversidade genética de um painel de clones avançados de batata sob condições tropicais / Mayra Alejandra Rincón Rueda. - 2023.

84 p.

Orientador(a): Tiago de Souza Marçal.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2023.

Bibliografia.

1. Solanum tuberosum. 2. Análises de agrupamento. 3. Seleção de genitores. I. Marçal, Tiago de Souza. II. Título.

MAYRA ALEJANDRA RINCÓN RUEDA

**DIVERSIDADE GENÉTICA DE UM PAINEL DE CLONES AVANÇADOS DE
BATATA SOB CONDIÇÕES TROPICAIS**

**GENETIC DIVERSITY OF A PANEL OF ADVANCED POTATO CLONES UNDER
TROPICAL CONDITIONS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte da exigência do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 17 de julho de 2023

Dra. Lucimara Cruz de Souza

UFLA

Dr. Vinicius Quintão Carneiro

UFLA

Dra. Jussara Mencialha

UFV

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal
Orientador

**LAVRAS -MG
2023**

AGRADECIMENTOS

A Deus por me dar tudo, vida, saúde e força para realizar cada um dos meus sonhos e objetivos.

À minha mãe e melhor amiga Maria Ligia por ser minha fonte de inspiração, meu grande amor, por ser minha motivação, por sempre acreditar em mim, me apoiar, me aconselhar em todos os momentos e me incentivar a continuar.

Ao meu pai Felix Antonio (*in-memoriam*), que é o anjo que ajuda a cuidar de mim, que está presente em todas as minhas decisões e que vive no meu coração a cada momento. Para ele também é cada conquista da minha vida, para sempre.

Aos meus irmãos José Alfredo, Andrés Fernando e Jimena pelo amor, apoio e por sempre me deixarem saber que sou motivo de orgulho para vocês. Sua existência e bem-estar é a razão da minha felicidade.

A meu namorado Ivan, por estar juntos desde que o vir para o Brasil a fazer nosso mestrado foi só uma ideia, que foi o objetivo e pelo qual os dois temos trabalhado, concretizado e hoje estamos concluindo. Obrigada pelo amor, apoio, paciência e por ser parte fundamental no meu dia a dia.

A cada um dos meus familiares e amigos que desde da Colômbia, têm me apoiado e desejado.

Ao meu professor Tiago por ser um orientador excepcional, um profissional íntegro, sempre disposto a compartilhar seus conhecimentos com toda paciência e dedicação. Obrigada por toda a ajuda e apoio ao longo do meu mestrado.

A todos e cada um dos professores com quem tive oportunidade de ter aula e que contribuíram para minha formação, obrigada.

A todos meus colegas de PROBATATA e a Ramón, pelos momentos compartilhados, pela ajuda, por brindar-me apoio em cada uma das fases do meu mestrado, pelos sorrisos, conselhos e conhecimento compartilhado, Obrigada.

À Universidade Federal de Lavras, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e a cada um dos funcionários pela oportunidade de crescimento cursando o mestrado.

À CAPES pelo apoio concedido ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na formação de mestres e doutores.

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

RESUMO

A batata é considerada uma das espécies mais cultivadas no mundo, contribuindo para a segurança alimentar. A cultura apresenta uma ampla diversidade de recursos genéticos, o que possibilita a obtenção de cultivares adaptadas a diferentes condições ambientais e com resistência a pragas e doenças, bem como com qualidade tecnológica compatível com os diferentes segmentos de mercado. Para quantificar a diversidade genética da batata pode-se lançar mão da caracterização fenotípica e molecular, de maneira isolada ou conjunta. A dissimilaridade genética pode ser estimada por meio da caracterização morfo-agronômica dos clones, considerando as diferenças fenotípicas simultâneas para o conjunto de caracteres avaliados. Com o auxílio de técnicas multivariadas pode-se realizar o agrupamento dos clones com base nos seus padrões de dissimilaridade, permitindo otimizar o processo de seleção de parentais ou grupo de parentais para cruzamentos dirigidos, acelerando a obtenção de novos genótipos com fenótipos desejáveis, pois o cruzamento entre os clones divergentes favorece a liberação de variabilidade, além de favorecer a introdução de novos alelos.

Palavras chaves: *Solanum tuberosum*. Análises de agrupamento. Seleção de genitores. Melhoramento de batata.

ABSTRACT

Potato is considered one of the most cultivated species in the world, contributing to food security. The crop exhibits a wide diversity of genetic resources, which allows for the development of cultivars adapted to different environmental conditions, resistant to pests and diseases, and with technological quality compatible with different market segments. To quantify the genetic diversity of potatoes, phenotypic and molecular characterization can be used, either independently or in combination. Genetic dissimilarity can be estimated through the morpho-agronomic characterization of clones, considering simultaneous phenotypic differences for the set of evaluated traits. With the help of multivariate techniques, clustering of clones based on their dissimilarity patterns can be performed, optimizing the process of selecting parents or groups of parents for directed crosses, accelerating the development of new genotypes with desirable phenotypes. Crossing divergent clones promotes the release of variability and facilitates the introduction of new alleles.

Keywords: *Solanum tuberosum*. Morpho-agronomic descriptors. Clustering analysis. Potato breeding.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1-** Aptidão dos clones avaliados na safra de inverno em relação ao teor de massa seca (TMS %) e formato de tubérculo (FT). Ressalta-se a distribuição dos melhores clones para as médias de produtividade total de tubérculos ($PTT > 37 \text{ t.ha}^{-1}$) e distúrbios fisiológicos ($DF = 0\%$). Códigos dos clones de acordo com o apêndice B 49
- Figura 2-** Distribuição dos clones avaliados na safra de verão em relação ao teor de massa seca (TMS %) e formato de tubérculo (FT). Ressalta-se os clones que na safra de inverno apresentaram as médias de produtividade total de tubérculos ($PTT > 37 \text{ t.ha}^{-1}$) e distúrbios fisiológicos ($DF = 0\%$). Códigos dos clones de acordo com o apêndice B..... 49
- Figura 3-** Coeficientes de parentesco (CP) entre e dentro de grupos gerados pelo método de otimização de Tocher na safra de inverno e verão para cada tipo de aptidão..... 56

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Grupos de clones avaliados na safra de inverno e verão, número total de famílias e número total de clones de batata para cada grupo, com seu respectivo ano de obtenção.....	39
Tabela 2- Descritores morfológicos na avaliação de planta e tubérculo e as notas para cada descritor.	41
Tabela 3- Média, mínimo (Min), máximo (Máx), desvio padrão (DP) e correlação da dissimilaridade univariada com a multivariada (r_D) para os caracteres de parte aérea, tubérculo e agronômicos dos clones avaliados na safra de inverno e verão.....	47
Tabela 4- Técnicas de agrupamento: UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), Tocher, e a técnica de análise de dimensionalidade: PCoA (Análise das Coordenadas Principais) para caracteres morfológicos e agronômicos dos clones de batata avaliados na safra de inverno e verão.....	52
Tabela 5- Agrupamento de clones de batata pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agronômicos na safra de inverno.	54
Tabela 6- Agrupamento de clones de batata pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agronômicos na safra de verão.	55

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE	11
1 INTRODUÇÃO	12
2 REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1 Cultura da batata	15
2.1.1 Importância econômica e nutricional	15
2.1.2 Segmentos de mercado	16
2.1.3 Diversidade genética	17
2.2 Caracterização da diversidade genética	19
2.2.1 Caracterização morfo-agronômica	20
2.3 Técnicas para estimar a diversidade	21
2.4 Aplicação de métodos multivariados para o estudo da diversidade	22
REFERÊNCIAS	26
SEGUNDA PARTE	34
ARTIGO 1- DIVERSIDADE GENÉTICA DE UM PAINEL DE CLONES AVANÇADOS DE BATATA SOB CONDIÇÕES TROPICAIS	35
1 INTRODUÇÃO	37
2 MATERIAL E MÉTODOS	38
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	44
4 CONCLUSÕES	57
REFERÊNCIAS	58
APÊNDICES	65

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO

A batata é a cultura de maior importância alimentar depois do trigo e do arroz, sendo responsável pela alimentação de mais de um bilhão de pessoas em todo o mundo (STOKSTAD, 2019; FAOSTAT, 2021). Além disso, a demanda mundial de batata deve ser impulsionada nos próximos anos devido à tendência no aumento do consumo principalmente na Ásia e África (WIJESINHA; MOUILLÉ, 2019).

A batata é cultivada em 155 países que, conjuntamente, produzem aproximadamente 470 milhões de toneladas anualmente, em cerca de 24 milhões de hectares (FAOSTAT, 2021), e é considerada um dos pilares da segurança alimentar e nutricional em nível global. Além de caracterizar-se como um alimento saudável e versátil que pode ser incluído em uma dieta nutritiva e balanceada (DEVAUX et al., 2021a; ZHAO et al., 2023).

Embora, a produtividade média mundial de batata tenha aumentado nos últimos anos, ainda está distante da produtividade potencial da cultura que pode chegar a 120 t.ha⁻¹ (PANDEY; SINGH; SARKAR, 2005). Essa discrepância está associada a fatores bióticos e abióticos que reduzem e limitam significativamente a produtividade, além de gerar irregularidades no desenvolvimento dos tubérculos e estimular a presença de distúrbios fisiológicos (HASTILESTARI et al., 2018; DAHAL et al., 2019; THORNTON; OLSEN; LIANG, 2020; LAL et al., 2022).

No Brasil, a falta de adaptação das cultivares utilizadas é uma das principais causas do baixo nível de produtividade, que atualmente está em torno de 33 t.ha⁻¹ (FAOSTAT, 2021). Isto, justificado pelas condições ambientais adversas e a maior pressão das pragas e doenças típicas das condições tropicais (FAGUNDES et al., 2010).

Neste contexto, o uso de tecnologias que permitam a mitigação de tais fatores tem um papel importante no incremento da produtividade. No âmbito do melhoramento de plantas, este objetivo pode ser atingido por meio do desenvolvimento de clones mais tolerantes a estresses bióticos e mais adaptados a diferentes condições ambientais (STOKSTAD, 2019). Assim, pode-se aumentar a sustentabilidade na cadeia produtiva da batata, melhorar a gestão e eficiência nos recursos com o menor impacto ambiental possível (DEVAUX et al., 2021), assim como a diversificação de cultivares destinados ao fornecimento de matéria prima para os diferentes segmentos do mercado.

Em função das características físicas e químicas do clone de batata, é determinado o mercado alvo da cultura, podendo ser utilizada para o consumo *in natura* ou para o processamento industrial na forma de *chips*, pré-frita congelada, palha, entre outros (ZHANG

et al., 2017; HUSSEN, 2019). Atualmente, a principal forma de consumo no mercado nacional é *in natura*, entretanto há uma tendência de crescimento pela demanda de produtos industrializados, o que deve impulsionar o consumo de batatas fritas e pré-fritas congeladas (ABBA, 2022).

No consumo *in natura*, as características de formato do tubérculo de preferência alongado e teor de massa seca inferior a 20,6% são importantes para satisfazer as preferências dos consumidores (SCHIPPERS, 1976; NEELE; NAB; LOUWES, 1991). Por outro lado, na indústria de processamento de batatas fritas e de modo geral, há preferência pelo uso de cultivares que apresentem tubérculos de tamanho e formato uniformes com baixa incidência de distúrbios fisiológicos e baixos teores de açúcares redutores e glicoalcalóides, mas com teor de massa seca maior a 20,6% (GENET, 1992; ARAÚJO et al., 2016; WAYUMA; CHOI; SEOK, 2019; THORNTON; OLSEN; LIANG, 2020). Portanto, para atender as diferentes exigências de consumo do mercado, além de incrementar os níveis de resistência a pragas e doenças e aumentar a produtividade, é necessário desenvolver e identificar cultivares adequadas para cada finalidade (GOPAL, 2015; MORI et al., 2015; WAYUMA; CHOI; SEOK, 2019).

O desenvolvimento de cultivares superiores depende de uma cuidadosa seleção dos genitores e do planejamento estratégico dos cruzamentos, o que aumenta significativamente a probabilidade de obter indivíduos com características superiores, pois máxima incorporação de alelos favoráveis (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017; PANDEY et al., 2021).

Os métodos de seleção parental de batata tradicionalmente usados, incluem o desempenho *per se*, a diversidade genética baseada na caracterização fenotípica, molecular ou parentesco, e a capacidade combinatória dos potenciais candidatos (CAMPOS; ORTIZ, 2019; AL-KHAYRI; JAIN; JOHNSON, 2021; RUIZ et al., 2022). Em que o estudo da diversidade genética representa uma alternativa na seleção preliminar de genitores, principalmente quando se depara com um grande número de clones e a realização de um grande número de cruzamentos se torna inviável. Além disso, esse estudo amplia o conhecimento sobre o germoplasma disponível por meio da caracterização fenotípica (PRIYADARSHINI et al., 2020; SEID; MOHAMMED; ABEBE, 2021). Dessa forma, os bancos de germoplasma são de grande importância para conservar, caracterizar e utilizar essa diversidade a fim de gerar novas combinações e selecionar clones mais adequados aos objetivos dos programas de melhoramento (BONIERBALE; PLAISTED; TANKSLEY, 1993; NASIRUDDIN; ALI; RAFIUL, 2017).

Além disso, a diversidade genética pode ser associada com o parentesco entre os clones avaliados, maximizando a probabilidade de identificar cruzamentos promissores nos programas de melhoramento genético (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020). Assim, o objetivo do

presente trabalho é avaliar a diversidade genética de um painel de clones avançados de batata sob condições tropicais.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura da batata

2.1.1 Importância econômica e nutricional

A cultura da batata é reconhecida por ser parte dos principais alimentos que garantem a segurança alimentar no mundo (AHMADU; ABDULLAHI; AHMAD, 2021).

O fato das batatas serem de crescimento rápido, alto rendimento e a capacidade de responder a baixos insumos tornam as batatas uma escolha de cultivo extremamente atrativa principalmente para países em desenvolvimento (WIJESINHA; MOUILLÉ, 2019). Além disso, se tornou um produto de interesse econômico, social e nutricional, o que resultou em um crescimento constante da produção e do consumo do tubérculo em diversos países desenvolvidos e em desenvolvimento (ORTIZ; MARES, 2017; BERGER, 2018; AHMADU; ABDULLAHI; AHMAD, 2021). Os principais países produtores de batata estão localizados em regiões em desenvolvimento, e se estima que o consumo de batata continua a aumentar tanto na África quanto na Ásia (WIJESINHA; MOUILLÉ, 2019).

Mundialmente são plantados aproximadamente 23 milhões de hectares de batata que produzem cerca de 470 milhões de toneladas, os principais países produtores são China com 94,3 milhões de toneladas e Índia com 54,2 milhões de toneladas. Na América Latina, os maiores produtores são Peru com 5,6 milhões de toneladas, seguido de Brasil e Argentina com 3,8 e 2,9 milhões de toneladas, os quais têm uma produtividade média de 17,12 t.ha⁻¹, 33,10 t.ha⁻¹ e 34,85 t.ha⁻¹ respectivamente (FAOSTAT, 2021).

No Brasil, são plantados aproximadamente 116.422 hectares de batata, que produzem anualmente cerca de 3,85 milhões de toneladas e geram um valor de produção de 5,6 milhões de reais, sendo os principais estados produtores Minas Gerais, Paraná, São Paulo e Rio Grande do Sul (FAOSTAT, 2021, IBGE, 2021).

Na área alimentar sua importância é ressaltada pela combinação de fenótipos oferecidos pelo conjunto de cultivares selvagens e das cultivares modernas que incluem principalmente produtividade, sabor, textura, processabilidade, entre outras (DE HAAN et al., 2019). Adicionalmente, a batata disponibiliza uma ampla variedade de genótipos capazes de atender os requisitos dos diversos segmentos de mercado, suprimindo assim as demandas da população brasileira, a qual tem aumentado o interesse por incluir a batata em sua dieta, atingindo estimativas de consumo entre 15 a 18 kg/pessoa/ano (SUINAGA; SILVA, 2015 ;

SHIMOYAMA, 2022), relacionado à versatilidade de sabores e possibilidades de preparações, além da capacidade de fornecer saciedade, grande quantidade de nutrientes e energia (BEALS, 2019).

O tubérculo da batata é composto por cerca de 80% de água e é considerado um alimento energético por apresentar um alto teor de carboidratos (SILVA, 2015). Além disso, é uma boa fonte nutricional contendo principalmente vitamina B e C, tiamina e riboflavina, além de ser uma importante fonte de micronutrientes (DEVAUX et al., 2021). A batata tem capacidade antioxidante e suas proteínas são livres de alérgenos, o que aumenta o interesse na alimentação de recém-nascidos e de pessoas convalescentes (MOONEY et al., 2013; SILVA, 2015; DRAMIĆANIN et al., 2018 ; HUSSAIN et al., 2021; SALAS et al., 2021). O teor de amido da batata varia entre 12% e 19%, geralmente as cultivares podem apresentar diferenças significativas enquanto às propriedades físico-químicas, funcionais e estruturais dessa molécula, o que permite sua utilização como ingrediente principal em diferentes sistemas alimentares e industriais (GARCIA et al., 2015 ; BARRAZA-JÁUREGUI et al., 2020 ; WANG et al., 2020).

2.1.2 Segmentos de mercado

Devido as suas diversas características físicas, químicas e sensoriais, a batata é um produto que apresenta grande diversidade de uso tanto para consumo *in natura* quanto na indústria de alimentos processados (HUAMAN et al., 2021; PINO; VERGARA, 2021). As batatas produzidas em todo o mundo são geralmente consumidas frescas como ingrediente tradicional em várias cozinhas, no entanto, estima-se que mais de 50% da produção mundial de batata é consumida na forma processada (BURGOS; HANN, 2019; EUROSTAT, 2021). A importância relativa das batatas para processamento e para consumo *in natura* varia de acordo com o país e a demanda do mercado, sendo que ambos os setores têm um papel importante na produção e consumo de batatas em todo o mundo (BADAR et al., 2020).

Estima-se que o consumo de batata *in natura* representa cerca de dois terços da produção, no entanto, na Europa e na América do Norte, diminuiu devido ao aumento da demanda da indústria de processamento (CAMPOS; ORTIZ, 2019). Enquanto na América Latina tem aumentado o interesse na obtenção de cultivares de batata biofortificada, para melhorar perfis nutricionais, principalmente para genótipos de consumo *in natura*, devido ao seu alcance mais amplo a pessoas com necessidades nutricionais especiais (OJWANG et al., 2023).

No Brasil, a maior parte da produção de batata é para consumo *in natura*, e aproximadamente 10% é utilizada para o processamento industrial, principalmente nas formas de palito pré-frito congelado, *chips* e batata palha, sendo esses os produtos mais importantes em termos de agregação de valor de produção (SUINAGA; SILVA, 2015 ; SHIMOYAMA, 2022; EUROSTAT, 2019). Porém, os hábitos de consumo tendem a mudar com o tempo, gerando aumentos na demanda de batata processada, especialmente do tipo pré-frita, o que pode diminuir gradualmente o consumo de batata fresca (OLIVEIRA et al., 2020).

Para seu consumo *in natura*, a aparência do tubérculo é a característica de maior importância, com preferências principalmente pelas cultivares que apresentam polpa predominantemente amarelada, periderme de textura lisa e formato alongado (KUMARI; KUMAR; SOLANKEY, 2018; SHARMA, 2019; OLIVEIRA et al., 2020). Para o processamento industrial são exigidas características que garantem uma ótima qualidade de fritura, sendo as mais importantes: alto teor de massa seca, baixo teor de açúcares redutores e ausência de distúrbios fisiológicos (SILVA et al., 2018).

Para atender as exigências do mercado no Brasil, diferentes genótipos têm sido utilizados segundo sua aptidão culinária, a Ágata e BRS Camila são consideradas adequadas para o consumo *in natura*, Atlantic para fritar na forma de *chips* e a cultivar Asterix que possui dupla aptidão de uso, ou seja, serve tanto para fritar em forma de palito ou para consumo *in natura* (ABBA, 2020; CLEMENTE et al., 2020).

A divergência nas preferências e as mudanças nas exigências do mercado tornam necessária uma avaliação contínua dos objetivos dos programas de melhoramento genético (DVRIES et al., 2023), portanto, é necessário conhecer a diversidade genética dos genótipos existentes nos bancos de germoplasma e, assim, identificar combinações promissoras na obtenção de novas cultivares que atendam às necessidades dos diversos segmentos de mercado de forma eficiente e com alta produtividade (CAMPOS; ORTIZ, 2019; JO et al., 2022).

2.1.3 Diversidade genética

A batata (*Solanum tuberosum* L.) pertence à família Solanaceae e encontra-se classificada botanicamente no gênero *Solanum*, representado por cerca de 1400 espécies (BOHS, 2005), incluindo algumas que estão entre as culturas mais importantes do mundo, *S. lycopersicum*, *S. melongena* e *S. tuberosum* (EL-GAZZAR; MOUSTAFA, 2021). No Brasil

encontram-se 283 espécies desse gênero, das quais 138 são endêmicas, sendo esse um indicador de alto grau de biodiversidade genética do gênero no país (SOTO et al., 2013; BFG, 2018).

No mundo são conhecidos aproximadamente 5.000 cultivares de batata, tornando a cultura geneticamente mais diversa entre as espécies cultivadas do gênero *Solanum* (PETROPOULOS et al., 2019; STOKSTAD, 2019), o que pode favorecer a obtenção e seleção de genótipos com resistência a pragas e doenças, altos rendimentos e com características organolépticas que impactem o mercado (ANOUMAA et al., 2017).

As espécies tuberosas do gênero *Solanum* incluem espécies diploides, triploides, tetraploides, pentaploides e hexaploides, com o número cromossômico básico de doze ($x = 12$) (GAVRILENKO, 2011). Cerca de 70% das espécies selvagens de batata são diploides com $2n = 2x = 24$, as espécies restantes são poliploides, principalmente tetraploides ($2n = 4x = 48$) ou hexaploides ($2n = 6x = 72$), onde poliplóides têm sido valiosas fontes de genes para resistência a doenças, tolerância ao estresse e melhoria da qualidade dos tubérculos (SPOONER et al., 2008; JANSKY; SPOONER, 2017).

A origem da batata é controversa, no entanto a partir de evidências botânicas, é sugerido uma origem monofilética a partir do componente peruano do complexo *S. brevicaulis*, sendo amplamente distribuído sob condições do ecossistema alto andino (SPOONER et al., 2005). A batata do tipo selvagem ocorre principalmente em 16 países, onde 88% dos registros estão na região central em áreas tropicais de elevada altitude da Argentina, Bolívia, México e Peru, sendo o último, o país com maior número de espécies reconhecidas (ELLIS et al., 2020). Além disso, os primeiros habitantes da cordilheira dos Andes nessa região, iniciaram a seleção de genótipos através da escolha de tubérculos com maior tamanho, portanto o Peru pode ser considerado um centro de origem e domesticação desta espécie (BRADSHAW, 2021).

A batata é conhecida por sua notável capacidade de adaptação a uma ampla gama de condições ambientais, incluindo regiões andinas de até 4500 metros de altitude, onde geadas, condições semidesérticas e desérticas ocorrem frequentemente, além disso, essa espécie se espalhou como cultura por todo o mundo, adaptando-se à maioria das zonas agroecológicas (BRADSHAW; RAMSAY, 2009; FAOSTAT, 2021). No Brasil a batata é cultivada principalmente nos estados de Minas Gerais, Paraná, São Paulo e Rio Grande do Sul em altitudes desde 300 até 1700 metros acima do nível do mar, contemplando diferentes condições edafoclimáticas (IBGE, 2020).

Considerando as características morfológicas da espécie, em geral, a altura da planta pode variar de 0,40 a 1,40 m de altura, possui caules geralmente alados, pubescentes ou glabros, com coloração que varia do verde ao roxo, apresentando folhas imparipenadas e alternadas. A

raiz forma um sistema fibroso com ausência de raiz principal e geralmente se desenvolve nos primeiros 20 cm de profundidade estendendo-se lateralmente de 30 a 60 cm, as flores são hermafroditas dispostas em inflorescências que possuem de 4 a 25 flores, e podem apresentar a cor branca, rosa, roxa ou azul, com diferentes intensidades de cor (HUAMÁN; SPOONER, 2002; ROMÁN; HURTADO, 2002).

No processo de fecundação, o ovário se desenvolve e se torna um fruto do tipo baga, cuja forma pode variar de esférica a cônica, sua cor geralmente é verde e em algumas variedades pode apresentar áreas pigmentadas. O fruto contém inúmeras sementes podendo chegar a mais de 200 dependendo da fertilidade de cada cultivar, essas são de tamanho pequeno (1.000-1.500 sementes/grama) e de formato ovalado (INOSTROZA; MÉNDEZ; SOTOMAYOR, 2009)

A batata pode se reproduzir por sementes, porém é frequentemente propagada de forma vegetativa, obtendo-se "batatas-semente" que são tubérculos contendo gemas que produzem um caule aéreo, onde se desenvolve a ramificação a partir das gemas axilares das folhas inferiores, essa ramificação vai parar seu crescimento para dar lugar ao acúmulo de substâncias de reserva nas áreas próximas ao ápice, esse processo é chamado de tuberização e termina com a formação da periderme (GIL et al., 2017).

Segundo Román e Hurtado (2002) as fases fenológicas do cultivo da batata com propagação vegetativa são divididas em: emergência, com início de 10 à 12 dias após o plantio; desenvolvimento simultâneo da folhagem e raízes, de 20 à 30 dias; floração, que pode ser indicativa em alguns genótipos do início da tuberização, e que ocorre de 30 à 60 dias após do plantio, com duração de aproximadamente 30 dias; e por fim, a maturidade fisiológica, ocorrendo aproximadamente de 75 à 120 dias em genótipos precoces e tardios, respectivamente.

2.2 Caracterização da diversidade genética

Segundo Núñez e Escobedo (2015) fazer uma caracterização de genótipos consiste em determinar suas características particulares para diferenciá-lo claramente de qualquer outro.

A caracterização tem múltiplos objetivos entre os quais estão: a identificação dos genótipos para sua alocação em grupos homogêneos, o estudo científico da diversidade genética e suas inter-relações, o desenho de estratégias de conservação, a gestão de bancos de germoplasma através da eliminação de genótipos duplicados, a busca de marcadores de caracteres de interesse agrônomico, e a seleção de genitores nos programas de melhoramento genético (GUZMÁN; ENGELS; RAO, 2005; GONZÁLEZ, 2001).

A coleta de informações dos genótipos vegetais através da caracterização fenotípica fornece informações valiosas para melhorar o manejo de genótipos e identificar variabilidade genética, o que auxilia na tomada de decisões sobre a multiplicação e conservação de alelos de interesse, promovendo a preservação e otimização de programas de melhoramento genético, além que permite identificar cruzamentos promissores para gerar genótipos de alto rendimento e qualidade (GUZMÁN; ENGELS; RAO, 2005; TEMESGEN, 2021; SINGH; RAIGAR; CHAHOTA, 2022).

A caracterização de genótipos pode ser realizada por diferentes práticas, tanto por meio da detecção de diferenças com marcadores moleculares de DNA, quanto por meio de uma lista tradicional de descritores morfológicos e agronômicos (AGUILERA et al., 2019; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020). Esse processo requer descritores que ajudem a diferenciar e expressar a característica de forma mais precisa e uniforme, contribuindo para a simplificação do processo de classificação, armazenamento, recuperação e utilização da informação (FRANCO; HIDALGO, 2003).

Os descritores de caracterização permitem uma discriminação fácil e rápida entre fenótipos para caracteres de alta herdabilidade e fácil detecção visual, enquanto que os descritores de avaliação necessitam de métodos experimentais especiais para serem avaliados e podem envolver métodos complexos de caracterização molecular (IPGRI, 2003; ALERCIA, 2011).

Para estudos de diversidade genética têm sido utilizadas medidas de dissimilaridade com base em informações obtidas de variáveis quantitativas contínuas ou discretas, variáveis qualitativas binárias e/ou variáveis qualitativas multicategóricas (DARLINGTON; HAYES, 2017; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Os caracteres que compõem a caracterização fenotípica geralmente estão relacionados à descrição morfológica da planta e são chamados de descritores morfológicos, que são agrupados em botânicos, taxonômicos e morfo-agronômicos (FRANCO; HIDALGO, 2003).

2.2.1 Caracterização morfo-agronômica

A caracterização morfológica é uma atividade que otimiza o manejo e a conservação dos recursos genéticos, a partir da identificação, descrição e diferenciação de genótipos de uma mesma espécie com a coleta de caracteres qualitativos e quantitativos para gerar uma estimativa inicial da variabilidade entre genótipos (BURLE; OLIVEIRA, 2010). Os descritores são características que se apresentam bastante estáveis em diferentes condições ambientais, que

permitem que os indivíduos sejam identificados (GOMEZ, 2014), e são registrados por meio de escalas de notas. Os caracteres qualitativos geralmente são binários, ordinais ou nominais, enquanto que quantitativos geralmente são discretos ou contínuos (FRANCO; HIDALGO, 2003).

Alguns exemplos de caracteres são aqueles relacionados a forma e cor dos principais órgãos da planta, hábito de crescimento, tipos de ramificação, bem como os relacionados aos componentes da produtividade que originam informações para conhecer o potencial produtivo das cultivares (FRANCO; HIDALGO, 2003 ; IICA, 1996). Segundo Figàs et al. (2018) os descritores morfológicos são muito úteis para a determinação da diversidade, já que contribuem na discriminação das cultivares.

Para o cultivo da batata existem vários descritores morfológicos baseados principalmente nas características do tubérculo, caule, folha, flor, fruto, entre outros fornecidos por entidades como o Conselho Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (IBPGR), que define critérios de classificação para cada uma das características presentes na variabilidade fenotípica das cultivares (IBPGR, 1991).

Gomez (2014) demonstrou que para batatas existem extensas listas de características a serem avaliadas, mas aquelas que mais contribuem para os programas de melhoramento devem ser priorizadas e geralmente são avaliadas em vários estágios: crescimento e desenvolvimento, floração, frutificação, colheita e/ou brotação. Os agricultores tradicionalmente identificam as diferentes cultivares principalmente por meio de características facilmente observáveis do tubérculo, como cor e forma, e outras no campo, como o formato da folha, além disso, costumam classificar a batata de acordo com o tamanho e segundo a finalidade da seguinte forma: grande para o mercado, médio para semente e pequeno para consumo doméstico (BINIAM et al., 2014).

Através da caracterização morfológica e agrônômica e da aplicação de diversas medidas para estimar a diversidade em um grupo de genótipos avaliados, torna-se mais simples identificar parentais promissores no desenvolvimento de características de interesse o que é crucial na orientação de cruzamentos e na seleção de combinações genéticas favoráveis (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

2.3 Técnicas para estimar a diversidade

A diversidade genética dos recursos vegetais a serem explorados em programas de melhoramento genético pode ser prevista principalmente por meio de dois métodos: o de natureza quantitativa, através da realização de análises dialélicas ou através de métodos

preditivos que quantificam as diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares entre genótipos em medidas de dissimilaridade (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020; KANAKA et al., 2023).

Para identificar a divergência genética entre indivíduos podem ser utilizadas medidas de dissimilaridade ou similaridade (REGAZZI; CRUZ, 2020; FUCHS; DI LASCIO; DURANTE, 2021).

Existem diversas técnicas para medir a dissimilaridade entre indivíduos ou populações. Duas medidas amplamente utilizadas são a distância euclidiana e a distância de Cole-Rogers. A distância euclidiana é baseada no teorema de pitágoras, porém aplicada a inúmeros eixos ortogonais, e tem sido amplamente utilizada entre os genótipos nos estudos de diversidade (GOWER, 1982 ; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020; PALACIO; APODACA; CRISCI, 2020).

Devido a sua natureza nominal, os caracteres multicategóricos dificultam a classificação dos genótipos, para os quais uma medida adequada seria o índice de dissimilaridade de Cole-Rodgers modificada, que considera a coincidência e discordância de valores nas várias categorias de uma mesma variável multicategórica, facilitando os estudos de similaridade e dissimilaridade (COLE-RODGERS; SMITH; BOSLAND, 1997; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Após obter as estimativas de distância entre todos os pares de genótipos, torna-se mais fácil realizar a visualização e análise dos dados por meio da aplicação de um procedimento de agrupamento ou representação gráfica (PRIYADARSHAN, 2019). Assim a análise das diferenças dos valores fenotípicos entre indivíduos pode ser realizada por meio de técnicas multivariadas, que podem contribuir para a identificação dos genitores ou grupo de genitores adequados ao cruzamento (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

2.4 Aplicação de métodos multivariados para o estudo da diversidade

As análises multivariadas reúnem diversos métodos estatísticos em que se analisa um grande número de caracteres de cada indivíduo simultaneamente, permitindo principalmente a descrição dos genótipos, o estudo da relação entre as variáveis, a quantificação da associação entre os indivíduos, e o agrupamento dos indivíduos em relação ao conjunto de variáveis (FRANCO; HIDALGO, 2003; SANTOS, 1994; RAMARDI, 2002). Geralmente as metodologias multivariadas são baseadas nos conceitos de distância e dependência linear, onde, a partir das distâncias entre pares de dados multivariados é possível inferir sobre semelhanças

e diferenças das observações (BALZARINI et al., 2015). Para Regazzi e Cruz (2020) as principais vantagens da análise multivariada consistem na utilização conjunta das variáveis e na geração de uma estrutura de classificação dos indivíduos.

Os métodos multivariados podem ser classificados principalmente em análise de agrupamento e métodos de redução de dimensionalidade (VICINI et al., 2018). Nos métodos de redução de dimensionalidade, é gerada uma representação gráfica do conjunto de dados dos genótipos em uma dimensionalidade reduzida, em que as distâncias entre os pontos refletem as diferenças originais dos dados, um exemplo disso é a análise de coordenadas principais (PcoA) que foi inicialmente proposta por Torgerson (1958) e Gower (1966), a qual tem se mostrado eficiente para a representação da diversidade genética (PRIYADARSHAN, 2019; SANT'ANNA et al., 2020).

Por sua vez, a análise de agrupamento tem como objetivo principal fornecer uma estrutura de classificação a partir da qual seja possível identificar a existência de grupos de amostras, populações ou indivíduos semelhantes entre si e diferentes dos elementos dos demais grupos, ou seja, onde a maioria da diferença é encontrada entre os grupos gerados e sua classificação pode obedecer a leis naturais ou qualquer conjunto de características comuns aos acessos (FRANCO; HIDALGO, 2003; WINZER et al., 2010; CRUZ; MEDEIROS; PESSONI, 2020 ; REGAZZI; CRUZ, 2020)

Segundo Cruz, Medeiros e Pessoni (2020), na análise de agrupamento existem abordagens particulares, dentre as quais estão às técnicas que geram dendogramas e são divididas em duas fases, na primeira é obtida a matriz de distância com medidas de similaridade ou dissimilaridade entre os pares de elementos e na segunda são gerados grupos por meio de processos de aglomeração ou divisão, e as técnicas onde a partir das etapas da análise os indivíduos podem se deslocar para fora ou dentro do mesmo grupo e de outros grupos. Portanto, as técnicas de agrupamento podem ser caracterizadas pela sumarização das informações das observações que compõem a matriz de dissimilaridade (REGAZZI; CRUZ, 2020).

Os métodos de agrupamento que contêm medidas de distância podem ser divididos em hierárquicos e não hierárquicos. Os não hierárquicos são caracterizados por dividir o conjunto de tratamentos em um número pré-selecionado de conglomerados sem representar uma estrutura hierárquica (DILLON; GOLDSTEIN, 1987; SIEGMUND; LAIRD; LAIRD-OFFRINGA, 2004 ; PALACIO; APODACA; CRISCI, 2020) e métodos hierárquicos, agrupam os genótipos através de um processo repetitivo até que seja construído um dendrograma ou diagrama de árvore e cujo principal interesse não está no número de grupos formados, mas sim em cada um dos ramos que são obtidos (CRUZ; MEDEIROS; PESSONI, 2020 ; FRANCO;

HIDALGO, 2003). Além disso, são baseados em medidas de similaridade ou dissimilaridade em que os indivíduos subordinados fazem parte de um grupo maior ou inclusivo (PALACIO; APODACA; CRISCI, 2020).

Os principais métodos hierárquicos são o método do vizinho mais próximo, o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) o método do centroide e o método da variância mínima de Wars, todos são baseados na matriz de distâncias, buscando percorrer todos os dados originais (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Em estudos de diversidade genética é comumente utilizado o método UPGMA que emprega um algoritmo de agrupamento sequencial, no qual as relações são construídas em ordem decrescente de similaridade gerando passo a passo um dendrograma com o cálculo repetitivo de novas distâncias, usando a média das distâncias entre um ponto de dados simples e os constituintes do ponto de dados composto até que todos os pontos de dados sejam incluídos (GARCIA; PUIGBÒ, 2002). Segundo Cruz, Medeiros e Pessoni (2020) o método UPGMA tem uma vantagem sobre os demais métodos porque considera médias aritméticas das medidas de dissimilaridade por valores extremos entre os elementos considerados.

Um dos métodos não hierárquico mais comumente utilizado em estudos de diversidade de diferentes espécies é o método de otimização de Tocher (LIMA et al., 2020; CHANDRA REDDY et al., 2022; KUMAR et al., 2023) em que a representação da matriz de dissimilaridade começa com a identificação do par de indivíduos mais similares, os quais formam o grupo inicial e a partir do qual novos indivíduos são adicionados ao grupo se a distância média dentro do grupo for menor do que a distância média entre grupos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020; KUMAWAT; SHAHI; KUMAR, 2020).

A obtenção de informações precisas do grau de diversidade genética, desempenha um papel fundamental ao auxiliar o melhorista na escolha criteriosa dos genitores divergentes para serem utilizados em cruzamentos intencionais com o alvo de explorar a heterose (UGWUEZE, 2020; SINGH et al., 2021). Porém, quando se desconhece as informações de parentesco e se cruzam indivíduos estreitamente aparentados, além de reduzir a probabilidade de produzir vigor híbrido, aumenta-se o risco de acúmulo de alelos recessivos prejudiciais, podendo conduzir à depressão endogâmica, o que acontece comumente na batata (LIAN et al., 2019; MUTHONI; SHIMELIS; MELIS, 2019; ZHANG et al., 2019).

É por isto que as informações de parentesco complementam a determinação dos melhores genótipos ou grupos de genótipos, que serão incluídos em futuros ciclos seletivos para obtenção de híbridos superiores com características desejáveis (TEMESGEN, 2021; WIBOWO; MARTONO, 2022). A adoção do coeficiente de parentesco é uma alternativa de

fácil implementação para estimar a dissimilaridade genética entre um grupo de genótipos, desde que existam informações referentes a sua genealogia (VIEIRA et al., 2005). Além disso podem ser geradas informações úteis, no planejamento de cruzamentos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA, 2010). Segundo Silveira et al. (2015), o uso de distâncias genéticas baseadas em dados morfo-agronômicos, juntamente com dados de relacionamento entre genótipos, é recomendado para obter uma melhor identificação de potenciais genitores.

REFERÊNCIAS

- ABBA. Qual o futuro da Cadeia Brasileira da Batata. **Batata Show**, v. 64, 2022.
- ABBA - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA BATATA. **Situação Atual da Produção de Batata no Brasil**. Acesso em: 27 maio. 2023.
- AGUILERA, J. G.; MARIM, B. G.; SETOTAW, T. A.; ZUFFO, A. M.; NICK, C.; DA SILVA, D. J. H. The combination of data as a strategy to determine the diversity of tomato subsamples. **Amazonian Journal of Plant Research**, v. 3, n. 1, p. 276–289, 2019. doi: 10.26545/ajpr.2019.b00035x.
- AHMADU, T.; ABDULLAHI, A.; AHMAD, K. The Role of Crop Protection in Sustainable Potato (*Solanum tuberosum* L.) Production to Alleviate Global Starvation Problem: An Overview. Em: **Solanum tuberosum: A Promising Crop for Starvation Problem**. [s.l: s.n.] p. 19–52. 2021.
- ALERCIA, A. **Key Characterization and Evaluation Descriptors: Methodologies for the Assessment of 22 Crops**. Rome, Italy: Bioersivity International, 2011.
- ANOUMAA, M.; YAO, N. K.; KOUAM, E. B.; KANMEGNE, G.; MACHUKA, E.; OSAMA, S. K.; NZUKI, I.; KAMGA, Y. B.; FONKOU, T.; OMOKOLO, D. N. Genetic Diversity and Core Collection for Potato (*Solanum tuberosum* L.) Cultivars from Cameroon as Revealed by SSR Markers. **American Journal of Potato Research**, v. 94, n. 4, p. 449–463, 1 ago. 2017. doi: 10.1007/s12230-017-9584-2.
- ARAÚJO, T. H.; PÁDUA, J. G.; SPOTO, M. H.; ORTIZ, V. D.; MARGOSSIAN, P. L.; DIAS, C. T.; MELO, P. C. T. Productivity and quality of potato cultivars for processing as shoestrings and chips. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 4, p. 554–560, 1 out. 2016. doi: 10.1590/S0102-053620160415. Acesso em: 19 jul. 2022.
- BADAR, H.; MOHSIN, Z.; MUSHTAQ, K.; AHMAD, B.; MEHDI, M.; ABDULLAH; RASOOL, A. An assessment of consumer preferences for fresh potatoes in Punjab, Pakistan. **Pakistan Journal of Agricultural Sciences**, v. 57, n. 3, p. 773–778, 1 jun. 2020. doi: 10.21162/PAKJAS/20.9820.
- BALZARINI, M.; BRUNO, C.; CÓRDOBA, M.; TEICH, I. **Herramientas en el Análisis Estadístico Multivariado**. [s.l: s.n.].
- BARRAZA-JÁUREGUI, G.; SORIANO-COLCHADO, J.; OBREGÓN, J.; MARTÍNEZ, P.; PEÑA, F.; VELEZMORO, C.; SICHE, R.; MIANO, A. C. Physicochemical, functional and structural properties of starches obtained from five varieties of native potatoes (*Solanum tuberosum* L.). Em: Proceedings of the LACCEI international Multi-conference for Engineering, Education and Technology, **Anais...Latin American and Caribbean Consortium of Engineering Institutions**, 2020. doi: 10.18687/LACCEI2020.1.1.623.
- BEALS, K. A. Potatoes, Nutrition and Health. **American Journal of Potato Research**, v. 96, p. 102–110, 2019. doi: 10.1007/s12230-018-09705-4. Acesso em: 27 out. 2021.
- BERGER, T. Adopting a new technology: potatoes and population growth in the periphery. **Economic History Review**, v. 00, n. 0, p. 1–28, 2018. Acesso em: 27 out. 2021.
- BFG. **Brazilian flora 2020: Innovation and collaboration to meet target 1 of the global strategy for plant conservation (GSPC)**Rodriguésia Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, 1 out. 2018. . doi: 10.1590/2175-7860201869402.
- BINIAM, M. G.; GITHIRI, S. M.; TADESSE, M.; KASILI, R. W. Potato Seed Supply, Marketing and Production Constraints in Eritrea. **American Journal of Plant Sciences**, v. 5, p. 3684–3693, 2014. doi: 10.4236/ajps.2014.524384. Acesso em: 27 out. 2021.

BOHS, L. MAJOR CLADES IN SOLANUM BASED ON ndhF SEQUENCE DATA. Em: [s.l.: s.n.]2005.

BONIERBALE, M. W.; PLAISTED, R. L.; TANKSLEY, S. D. A test of the maximum heterozygosity hypothesis using molecular markers in tetraploid potatoes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 86, n. 4, p. 481–491, maio 1993. doi: 10.1007/BF00838564. Acesso em: 15 jun. 2022.

BRADSHAW, J. **Potato Breeding: Theory and Practice**. [s.l.] Springer Nature Switzerland, 2021.

BRADSHAW, J. E.; RAMSAY, G. Potato Origin and Production. Em: **Advances in Potato Chemistry and Technology**. [s.l.] Elsevier, 2009. p. 1–26. 2009.

BURGOS, G.; HANN, S. **Potencial nutricional de la papa Composición nutricional de la papa**. [s.l.: s.n.].

BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. do S. P. de. Manual de Curadores de Germoplasma – Vegetal: Caracterização Morfológica. **Embrapa Documentos**, p. 16, 2010.

CAMPOS, H.; ORTIZ, O. **The potato crop: Its agricultural, nutritional and social contribution to humankind**. Lima, Peru: Springer International Publishing, 2019.

CHANDRA REDDY, B.; SHINDE, J.; NAIR, B. M.; RANANAWARE, S.; SAGAR PRAJAPATI, S.; GUJAR, M.; MATE, A. Genetic diversity in exotic linseed germplasm for yield and yield contributing traits. **The Pharma Innovation Journal**, v. 11, n. 11, p. 1205–1209, 2022.

CLEMENTE, A.; DE OLIVEIRA, S.; THAÍS, &; DE ARAÚJO, H.; SPERS, E. E.; HERMES, &; RIBEIRO DA SILVA, M.; MALUF DE LIMA, L. Consumer Preferences for Potato Cultivars with Different Culinary Aptitudes: a Case Study from São Paulo. **American Journal of Potato Research**, v. 97, p. 535–546, 2020. doi: 10.1007/s12230-019-09756-1. Acesso em: 27 maio. 2023.

COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using capsicum as an example. **Crop Science**, v. 37, p. 1000–1002, 1997.

CRUZ, C.; FERREIRA, F.; PESSONI, L. **BIOMETRIA APLICADA AO ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA**. 2a. edição ed. Viçosa -MG: Universidade Federal de Viçosa UFV; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais -FAPEMIG, 2020.

DARLINGTON, R.; HAYES, A. **Regression analysis and linear models**. [s.l.: s.n.]

DE HAAN, S.; BURGOS, G.; LIRIA, R.; RODRIGUEZ, F.; CREED-KANASHIRO, H. M.; BONIERBALE, M. The Nutritional Contribution of Potato Varietal Diversity in Andean Food Systems: a Case Study. **American Journal of Potato Research**, v. 96, n. 2, p. 151–163, 15 abr. 2019. doi: 10.1007/s12230-018-09707-2.

DEVAUX, A.; GOFFART, J. P.; KROMANN, P.; ANDRADE-PIEDRA, J.; POLAR, V.; HAREAU, G. The Potato of the Future: Opportunities and Challenges in Sustainable Agri-food Systems. **Potato Research**, v. 64, n. 4, p. 681–720, 1 dez. 2021a. doi: 10.1007/S11540-021-09501-4/FIGURES/10. Acesso em: 14 jun. 2022.

DEVAUX, A.; GOFFART, J. P.; KROMANN, P.; ANDRADE-PIEDRA, J.; POLAR, V.; HAREAU, G. **The Potato of the Future: Opportunities and Challenges in Sustainable Agri-food Systems** **Potato Research** Springer Science and Business Media B.V., , 1 dez. 2021b. . doi: 10.1007/s11540-021-09501-4.

DEVAUX, A.; GOFFART, J. P.; KROMANN, P.; ANDRADE-PIEDRA, J.; POLAR, V.; HAREAU, G. The Potato of the Future: Opportunities and Challenges in Sustainable Agri-food Systems. **Potato Research**, v. 64, n. 4, p. 681–720, 1 dez. 2021c. doi: 10.1007/S11540-021-09501-4/FIGURES/10. Acesso em: 11 jun. 2023.

DRAMICANIN, A. M.; ANDRIĆ, F. L.; POŠTIĆ, D.; MOMIROVIĆ, N. M.; MILOJKOVIĆ-OPSENICA, D. M. Sugar profiles as a promising tool in tracing differences between potato cultivation

systems, botanical origin and climate conditions. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 72, p. 57–65, 1 set. 2018. doi: 10.1016/J.JFCA.2018.06.005. Acesso em: 27 out. 2021.

DVRIES, M. E.; ADAMS, J. R.; EGGERS, E. J.; YING, S.; STOCKEM, J. E.; KACHEYO, O. C.; DIJK, L. C. M.; KHERA, P.; BACHEM, C. W.; LINDHOUT, P.; VOSSEN, E. A. G. Converting Hybrid Potato Breeding Science into Practice. **Plants** **2023**, Vol. 12, Page 230, v. 12, n. 2, p. 230, 4 jan. 2023. doi: 10.3390/PLANTS12020230. Acesso em: 13 jun. 2023.

EL-GAZZAR, A.; MOUSTAFA, N. A. The Taxonomic Significance of Gross Morphology, Indumentum and Cellular Inclusions in *Solanum* L. (Solanaceae). **Egyptian Journal of Botany**, v. 61, n. 3, p. 759–771, 1 dez. 2021. doi: 10.21608/EJBO.2021.35429.1519.

ELLIS, D.; SALAS, A.; CHAVEZ, O.; GOMEZ, R.; ANGLIN, N. Ex Situ Conservation of Potato [*Solanum* section *Petota* (Solanaceae)]. Em: CAMPOS, H.; ORTIZ, O. (Ed.). **The Potato Crop**. [s.l.] Springer, 2020. p. 109–138. 2020.

EUROSTAT. **El sector de la patata de la UE - estadísticas sobre producción, precios y comercio - Explicación de las estadísticas**. . Acesso em: 25 out. 2021.

EUROSTAT. **Germany tops potato production in the EU**. [s.l.: s.n.]

FAGUNDES, J.; PAULA, G.; LAGO, I.; STRECK, N.; BISOGNIN, D. Aquecimento global: efeitos no crescimento, no desenvolvimento e na produtividade de batata. **Ciência Rural, Santa Maria**, v. 40, n. 6, p. 1464–1472, 2010.

FAOSTAT. **Crops and livestock products**.

FIGÀS, M. R.; PROHENS, J.; CASANOVA, C.; FERNÁNDEZ-DE-CÓRDOVA, P.; SOLER, S. Variation of morphological descriptors for the evaluation of tomato germplasm and their stability across different growing conditions. **Scientia Horticulturae**, v. 238, p. 107–115, 19 ago. 2018. doi: 10.1016/J.SCIENTA.2018.04.039. Acesso em: 5 dez. 2021.

FRANCO, T.; HIDALGO, R. **Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos**. [s.l.] Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, 2003.

FUCHS, S.; DI LASCIO, F. M. L.; DURANTE, F. Dissimilarity functions for rank-invariant hierarchical clustering of continuous variables. **Computational Statistics and Data Analysis**, v. 159, 1 jul. 2021. doi: 10.1016/j.csda.2021.107201.

GARCIA, É.; CARMO, E. L. do; PÁDUA, J. G. de; LEONEL, M. Potencialidade de processamento industrial de cultivares de batatas. **Ciência Rural**, v. 45, n. 10, p. 1742–1747, 2015. doi: 10.1590/0103-8478cr20140072. Acesso em: 24 maio. 2022.

GARCIA, S.; PUIGBÒ, P. **DendroUPGMA: A dendrogram construction utility**D-UPGMA, 2015.

GAVRILENKO, T. Application of Molecular Cytogenetics in Fundamental and Applied Research of Potato. Em: **Genetics, Genomics and Breeding of Potato**. [s.l.: s.n.]2011.

GENET, R. A. Potatoes—the quest for processing quality. **Proceedings Agronomy Society**, v. 22, 1992.

GIL, S.; PASCUALIDES, A.; PERISSE, P.; SEISDEDOS, L.; BELTRAMINI, V.; REYNA, M. **Morfología de las Angiospermas de Interés Agronómico. Una visión integradora**. [s.l.: s.n.]

GOMEZ, R. **Potato biodiversity View project Caracterización de la Diversidad Genética Local y Repatriada de papas nativas View project**. [s.l.: s.n.].

GONZÁLEZ, F. La caracterización vegetal: objetivos y enfoques. Em: **Caracterización de los recursos fitogenéticos**. [s.l.: s.n.] p. 189–198. 2001.

GOWER, J. Euclidean Distance Geometry. **Math. Scientist**, v. 7, p. 1–14, 1982.

GOWER, J. C. A. Q. Technique for the Calculation of Canonical Variates. v. 53, n. 3, p. 588–590, 1966. Acesso em: 29 jun. 2023.

GUZMÁN, F.; ENGELS, J.; RAO, R. Genetic characterization and its use in decision-making for the conservation of crop germplasm. **The role of biotechnology**, 2005. Acesso em: 26 maio. 2022.

HALLAUER, A.; CARENA, M.; MIRANDA, J. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. [s.l.] Springer, 2010.

HASTILESTARI, B. R.; LORENZ, J.; REID, S.; HOFMANN, J.; PSCHIEDT, D.; SONNEWALD, U.; SONNEWALD, S. Deciphering source and sink responses of potato plants (*Solanum tuberosum* L.) to elevated temperatures. **Plant, Cell & Environment**, v. 41, n. 11, p. 2600–2616, 1 nov. 2018. doi: 10.1111/PCE.13366. Acesso em: 17 jun. 2023.

HUAMAN, J.; ARECHE, F.; GOMEZ, R.; AGUIRRE, L. Evaluation of three varieties of native potatoes (*Solanum tuberosum* L.) in the processing of fried flakes. **Polo del conocimiento**, v. 6, n. 11, p. 658–669, 2021.

HUSSEN, E. S. Review on Genetic Variation in Potato (*Solanum Tuberosum* L.) for Processing Quality Traits. **Journal of Natural Sciences Research**, v. 9, n. 12, 2019. doi: 10.7176/JNSR.

IBGE. Produção de Batata.

IBPGR. MINIMUM LIST OF CHARACTERISTICS OF POTATO VARIETIES. Rome: International Board For Plant Genetic Resources, 1985.

IICA. Conservacion de germoplasma vegetal. Em: PUIGNAU, J.; CUNHA, R. (Ed.). [s.l.: s.n.]1996.

INOSTROZA, J.; MÉNDEZ, P.; SOTOMAYOR, L. **BOTÁNICA Y MORFOLOGÍA DE LA PAPA.** [s.l.: s.n.].

IPGRI. **Descriptores del Ulluco *Ullucus tuberosus*.** [s.l.] Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, 2003.

JANSKY, S. H.; SPOONER, D. M. The Evolution of Potato Breeding. **Plant Breeding Reviews**, v. 41, p. 169–214, 28 dez. 2017. doi: 10.1002/9781119414735.CH4. Acesso em: 26 jun. 2023.

JO, K. R.; CHO, S.; CHO, J. H.; PARK, H. J.; CHOI, J. G.; PARK, Y. E.; CHO, K. S. Analysis of genetic diversity and population structure among cultivated potato clones from Korea and global breeding programs. **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, 1 dez. 2022. doi: 10.1038/s41598-022-12874-2.

KANAKA, K. K.; SUKHIJA, N.; CHANDRA GOLI, R.; SINGH, S.; GANGULY, I.; DIXIT, S. P.; DASH, A.; ANAND MALIK, A. On the concepts and measures of diversity in the genomics era. **Current Plant Biology**, v. 33, p. 2214–6628, 2023. doi: 10.1016/j.cpb.2023.100278. Acesso em: 29 jun. 2023.

KUMAR, A.; HUSAIN, D.; LAL, R. K.; SINGH, S.; SINGH, V.; GUPTA, A. K. Genetic diversity and future prospects in *Withania somnifera* (L.) Dunal: an assessment based on quantitative traits in different accessions of Ashwagandha. **The Nucleus**, v. 66, n. 2, p. 151–159, 23 ago. 2023. doi: 10.1007/s13237-023-00423-9.

KUMAWAT, G.; SHAHI, J. P.; KUMAR, M. Assessment of genetic diversity of maize (*Zea mays* L.) hybrids under water logging condition. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 11, n. 1, p. 28–34, 2020. doi: 10.37992/2020.1101.042.

- LAL, M. K.; TIWARI, R. K.; KUMAR, A.; DEY, A.; KUMAR, R.; KUMAR, D.; JAISWAL, A.; CHANGAN, S. S.; RAIGOND, P.; DUTT, S.; LUTHRA, S. K.; MANDAL, S.; SINGH, M. P.; PAUL, V.; SINGH, B. **Mechanistic Concept of Physiological, Biochemical, and Molecular Responses of the Potato Crop to Heat and Drought Stress** *Plants* MDPI, , 1 nov. 2022. . doi: 10.3390/plants11212857.
- LIAN, Q.; TANG, D.; BAI, Z.; QI, J.; LU, F.; HUANG, S.; ZHANG, C. **Acquisition of deleterious mutations during potato polyploidization** *Journal of Integrative Plant Biology* Blackwell Publishing Ltd, 1 jan. 2019. . doi: 10.1111/jipb.12748.
- LIMA, B. C. de; DUDEK, G.; CHAVES, M. H. M.; MARTINS, A. G.; MISSIO, V. C.; MISSIO, R. F. Diversidade genética em acessos de milho crioulo. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 10, p. 82712–82726, 2020. doi: 10.34117/bjdv6n10-631.
- MOONEY, S.; CHEN, L.; KÜHN, C.; NAVARRE, R.; KNOWLES, N. R.; HELLMANN, H. Genotype-Specific Changes in Vitamin B 6 Content and the PDX Family in Potato. **BioMed Research International**, v. 2013, 2013. doi: 10.1155/2013/389723. Acesso em: 25 out. 2021.
- MORI, K.; ASANO, K.; TAMIYA, S.; NAKAO, T.; MORI, M. Challenges of breeding potato cultivars to grow in various environments and to meet different demands. **Breeding Science**, v. 65, n. 1, p. 3–16, 2015. doi: 10.1270/JSBBS.65.3. Acesso em: 15 jun. 2022.
- MUTHONI, J.; SHIMELIS, H.; MELIS, R. Production of hybrid potatoes: Are heterozygosity and ploidy levels important? **AJCS**, v. 13, n. 05, p. 1835–2707, 2019. doi: 10.21475/ajcs.19.13.05.p1280. Acesso em: 2 jul. 2023.
- NASIRUDDIN, M.; ALI, F.; RAFIUL, A. Genetic diversity in potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes grown in Bangladesh. **International Research Journal of Biological Sciences**, 2017. Acesso em: 15 jun. 2022.
- NEELE, A. E. F.; NAB, H. J.; LOUWES, K. M. Components of Visual Selection in Early Clonal Generations of a Potato Breeding Programme. **Plant Breeding**, v. 106, p. 89–98, 1991.
- NÚÑEZ, C.; ESCOBEDO, D. Caracterización de germoplasma vegetal: la piedra angular en el estudio de recursos fitogenéticos. **Acta Agrícola y pecuaria**, v. 1, n. 1, p. 1–6, 2015.
- OJWANG, S. O.; OKELLO, J. J.; OTIENO, D. J.; MUTISO, J. M.; LINDQVIST-KREUZE, H.; COALDRAKE, P.; MENDES, T.; ANDRADE, M.; SHARMA, N.; GRUNEBERG, W.; MAKUNDE, G.; SSALI, R.; YADA, B.; MAYANJA, S.; POLAR, V.; OLOKA, B.; CHELANGAT, D. M.; ASHBY, J.; HAREAU, G.; CAMPOS, H. Targeting market segment needs with public-good crop breeding investments: A case study with potato and sweetpotato focused on poverty alleviation, nutrition and gender. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 15 mar. 2023. doi: 10.3389/fpls.2023.1105079.
- OLIVEIRA, A. C. S.; ARAÚJO, T. H.; SPERS, E. E.; SILVA, H. M. R.; LIMA, L. M. Consumer Preferences for Potato Cultivars with Different Culinary Aptitudes: a Case Study from São Paulo. **American Journal of Potato Research**, v. 97, n. 6, p. 535–546, 1 dez. 2020. doi: 10.1007/s12230-019-09756-1.
- ORTIZ, O.; MARES, V. The Historical, Social, and Economic Importance of the Potato Crop. Em: CHAKRABARTIM, K.; XIE, C.; KUMAR, T. (Ed.). **The Potato Genome. Compendio de genomas vegetales**. Cham: Springer, 2017. 2017.

PALACIO, F.; APODACA, M.; CRISCI, J. ANÁLISIS MULTIVARIADO PARA DATOS BIOLÓGICOS: Teoría y su aplicación utilizando el lenguaje R. **Fundación de Historia Natural Félix de Azara**, p. 268, 2020. Acesso em: 12 jun. 2022.

PETROPOULOS, S. A.; SAMPAIO, S. L.; DI GIOIA, F.; TZORTZAKIS, N.; ROUPHAEL, Y.; KYRIACOU, M. C.; FERREIRA, I. Grown to be Blue Antioxidant Properties and Health Effects of Colored Vegetables. Part I: Root Vegetables. **Antioxidants**, v. 8, n. 12, p. 617, 4 dez. 2019. doi: 10.3390/ANTIOX8120617. Acesso em: 11 jun. 2023.

PINO, M.; VERGARA, C. Red and purple flesh potatoes a healthy and attractive alternative associated with new market. Em: MUSTAFA, Y.; OZGEN, Y. (Ed.). **Solanum tuberosum a promising crop for starvation problem**. [s.l.] ItechOpen, 2021. 2021.

PRIYADARSHAN, P. M. PLANT BREEDING: Classical to Modern. **PLANT BREEDING: Classical to Modern**, 2019. doi: 10.1007/978-981-13-7095-3/COVER. Acesso em: 29 jun. 2023.

REGAZZI, A.; CRUZ, C. **ANÁLISE MULTIVARIADA APLICADA**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2020.

ROMÁN, M.; HURTADO, G. **Guia técnica cultivo de la papa**. [s.l.: s.n.].

SALAS, E.; BASTOS, C.; MACCERA, C.; CEVALLOS, D.; DE BOECK, B.; CAMPOS, H. Potenciales nuevas variedades de papa biofortificada con altos contenidos de hierro y zinc, para contribuir a la seguridad alimentaria y nutricional en agricultura familiar alto andina. [s.l.: s.n.]. doi: 10.4160/9789290605935.

SANT'ANNA, I. de C.; SILVA, G. N.; CARNEIRO, V. Q.; PONTES, D. S.; NASCIMENTO, M.; CRUZ, C. D. Comparison of projection of distance techniques for genetic diversity studies. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 42, 2020. doi: 10.4025/actasciagron.v42i1.42483.

SANTOS, L. Divergência Genética e Fenética Multivariada na Predição de Híbridos e Preservação de Germoplasma de Cacao (**Theobroma cacao L.**). [s.l.: s.n.].

SCHIPPERS, P. A. The relationship between specific gravity and percentage dry matter in potato tubers. **American Potato Journal**, v. 53, 1976.

SHARMA, C. Sensory and consumer profiling of potatoes grown in the USA. 2019. Acesso em: 5 dez. 2021.

SHIMOYAMA, N. Opções de Consumo. **Batata Show: A Revista da Batata**, p. 1–51, mar. 2022.

SIEGMUND, K. D.; LAIRD, P. W.; LAIRD-OFFRINGA, I. A. A comparison of cluster analysis methods using DNA methylation data. **Bioinformatics**, v. 20, n. 12, p. 1896–1904, 2004. doi: 10.1093/bioinformatics/bth176. Acesso em: 11 jun. 2022.

SILVA, G. O. da. Composição Nutricional. Em: EMBRAPA HORTALIÇAS (Ed.). **Sistema de Produção da Batata**. 2. ed. [s.l.] Embrapa Hortaliças, 2015. p. 2–4. 2015.

SILVA, G.; PEREIRA, A.; AZEVEDO, F.; CARVALHO, A.; PINHEIRO, J. Selection of potato clones for tuber yield, vine maturity and frying quality. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 276–281, 2018. doi: 10.1590/S0102-053620180222. Acesso em: 24 maio. 2022.

- SINGH, H. P.; PRAKASH RAIGAR, O.; RAKESH, .; CHAHOTA, K. Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding. **The Botanical Review**, v. 88, p. 413–435, 2021. doi: 10.1007/s12229-021-09274-y. Acesso em: 2 jul. 2023.
- SINGH, H. P.; RAIGAR, O. P.; CHAHOTA, R. K. Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding. **Botanical Review**. Springer, 1 set. 2022. . doi: 10.1007/s12229-021-09274-y.
- SOTO, J.; MEDINA, T.; AQUINO, Y.; ESTRADA, R. Diversidad genética de papas nativas (*Solanum* spp.) conservadas en cultivares nativos del Perú. **Revista Peruana de Biología**, v. 20, n. 3, 14 mar. 2013. Acesso em: 16 out. 2021.
- SPOONER, D. M.; MCLEAN, K.; RAMSAY, G.; WAUGH, R.; BRYAN, G. domestication. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 102, n. 41, p. 14694–14699, 3 out. 2005. doi: 10.1073/pnas.0507400102.
- SPOONER, D. M.; RODRÍGUEZ, F.; POLGÁR, Z.; BALLARD, H. E.; JANSKY, S. H. Genomic origins of potato polyploids: GBSSI gene sequencing data. **Crop Science**, v. 48, n. SUPPL. 1, mar. 2008. doi: 10.2135/cropsci2007.09.0504tpg.
- STOKSTAD, E. The new potato. **Science**, v. 363, n. 6427, p. 574–577, 8 fev. 2019. doi: 10.1126/SCIENCE.363.6427.574/ASSET/834729B8-0645-4669-B58E-DF08B3CFBFB0/ASSETS/GRAPHIC/363_574_F4.JPEG. Acesso em: 11 jun. 2023.
- SUINAGA, F.; SILVA, A. **Sistema de Produção da Batata**. [s.l: s.n.].
- TEMESGEN, B. Role and economic importance of crop genetic diversity in food security. **International Journal of Agricultural Science and Food Technology**, p. 164–169, 17 abr. 2021. doi: 10.17352/2455-815x.000104.
- THORNTON, M.; OLSEN, N.; LIANG, X. Physiological Disorders. Em: **Potato Production Systems**. [s.l.] Springer International Publishing, 2020. 2020.
- TORGERSON, W. S. **Theory and Methods of Scaling**. United States of America: John Wiley & Sons, Inc, 1958.
- UGWUEZE, C. U. Review on Genetic Variability and Divergence in Bread Wheat *Triticum aestivum* L. **Pacific International Journal**, v. 3, n. 3, p. 123–128, 30 set. 2020. doi: 10.55014/pij.v3i3.105.
- VICINI, L.; SOUZA, A.; MORALES, F.; SOUZA, F. **Técnicas multivariadas exploratorias: teorias y aplicaciones**. Santa Maria: UFSM, 2018.
- VIEIRA, E.; CARVALHO, F.; OLIVEIRA, A.; BENIN, G.; ZIMMER, P.; GONZALEZ, J.; MARTINS, A.; BERTAN, I.; SILVA, G.; SCHMIDT, D. Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia**, v. 64, n. 1, p. 51–60, 2005. Acesso em: 15 jul. 2022.
- WANG, H.; YANG, Q.; GAO, L.; GONG, X.; QU, Y.; FENG, B. Functional and physicochemical properties of flours and starches from different tuber crops. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 148, p. 324–332, 1 abr. 2020. doi: 10.1016/J.IJBIOMAC.2020.01.146. Acesso em: 27 out. 2021.
- WAYUMA, B.; CHOI, H.; SEOK, L. Selection and Evaluation of 21 Potato (*Solanum Tuberosum*) Breeding Clones for Cold Chip Processing. **foods**, p. 8–98, 2019.

WIBOWO, N. A.; MARTONO, B. The Diversity and Classification of Tea Germplasm Based on Morpho-Agronomic Characteristics. Em: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science, 1, **Anais...IOP Publishing Ltd**, 23 fev. 2022. doi: 10.1088/1755-1315/985/1/012008.

WIJESINHA, B. R.; MOUILLÉ, B. The Contribution of Potatoes to Global Food Security, Nutrition and Healthy Diets. **American Journal of Potato Research**, p. 96–139, 2019. doi: 10.1007/s12230-018-09697-1. Acesso em: 11 jun. 2023.

WINZER, N.; RENZO, M.; OLMOS, S.; IBAÑEZ, M. Métodos multivariados para estimar variabilidad genética. Em: **Biotecnología y Mejoramiento Vegetal II**. [s.l: s.n.]2010.

ZHANG, C.; WANG, P.; YANG, Z.; LU, F.; QI, J.; TAWARI, N. R.; SHANG, Y.; LI, C.; HUANG, S. The genetic basis of inbreeding depression in potato. **Nature Genetics**, v. 51, p. 374–378, 2019. doi: 10.1038/s41588-018-0319-1. Acesso em: 2 jul. 2023.

ZHANG, H.; XU, F.; WU, Y.; HU, H. hai; DAI, X. feng. Progress of potato staple food research and industry development in China. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 16, n. 12, p. 2924–2932, 1 dez. 2017. doi: 10.1016/S2095-3119(17)61736-2. Acesso em: 25 jun. 2023.

ZHAO, L.; ZOU, M.; DENG, K.; XIA, C.; JIANG, S.; ZHANG, C.; MA, Y.; DONG, X.; HE, M.; NA, T.; WANG, J.; XIA, Z.; WANG, F. Insights into the genetic determination of tuber shape and eye depth in potato natural population based on autotetraploid potato genome. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 2023. doi: 10.3389/fpls.2023.1080666.

SEGUNDA PARTE

ARTIGO 1- Diversidade genética de um painel de clones avançados de batata sob condições tropicais

(Artigo redigido conforme a norma para publicação periódica científica NBR 6022 (ABNT, 2018))

RESUMO

A batata é considerada umas das espécies mais cultivadas no mundo, sendo importante para a segurança alimentar e nutricional da população. Além disso, sua ampla variabilidade genética proporciona diversos recursos genéticos para os programas de melhoramento, que atuam na obtenção de cultivares com fenótipos desejáveis. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de um painel de clones avançados de batata, baseando-se na caracterização morfo-agronômica sob condições tropicais. O experimento foi conduzido durante a safra de inverno e a safra de verão no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras- Fazenda Muquém, situado no município de Lavras-MG. Foram avaliados caracteres morfo-agronômicos para 141 clones do programa de melhoramento genético de batata e duas cultivares comerciais. Com os dados obtidos realizou-se uma análise descritiva para os caracteres avaliados, e posteriormente estudou-se a divergência genética por meio das técnicas de agrupamento de Tocher e *Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*, bem como por meio da técnica de coordenadas principais. Após seleção do método mais promissor, os grupos formados foram classificados quanto a aptidão potencial e foi estimado o coeficiente de parentesco (CP) médio entre e dentro de grupos. Os resultados mostraram diferenças significativas entre os genótipos para todas as características agronômicas, além disso, os agrupamentos gerados pela técnica de Tocher foram eficazes para representar a dissimilaridade entre os genótipos, alocando-os em 32 e 38 grupos diferentes para a safra de inverno e verão. Foram obtidos baixos valores de CP entre os grupos para cada aptidão. Assim, a partir do uso de dados morfo-agronômicos, junto com as distâncias genéticas na análise da diversidade e complementadas com informações do CP, se revelou a ampla diversidade genética dos clones avaliados, fornecendo informações de interesse para futuros programas de seleção e recombinação, visando obtenção de genótipos com características ideais, tanto para o consumo *in natura*, como para a indústria do processamento.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*. Técnicas multivariadas. Caracterização morfo-agronômica.

1 INTRODUÇÃO

A batata é amplamente cultivada em todo o mundo, ocupando uma área de cerca de 24 milhões de hectares, nos quais acumula uma produção de aproximadamente 470 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2021). Sua importância reside no fato de ser uma cultura versátil que contribui para a segurança alimentar, desempenhando um papel importante na alimentação nutritiva e balanceada da população (HAAN et al., 2019; DEVAUX et al., 2021; ZHAO et al., 2023). O aumento da renda e a crescente ampliação da fronteira urbana, promovem uma maior necessidade de alimentos processados e que sejam facilmente encontrados nos supermercados, razão pela qual, e devido às propriedades físicas, químicas e sensoriais da batata, torna-la uma cultura valiosa para seu uso como matéria-prima essencial na indústria de alimentos processados (ZHANG et al., 2017; DEVAUX et al., 2021).

A batata se destaca por seu curto período de maturação e sua capacidade de adaptação a diferentes condições ambientais (DEVAUX et al., 2021). No entanto, baixas temperaturas e um fotoperíodo curto favorecem o crescimento e desenvolvimento dos tubérculos, já em condições contrárias, seu rendimento e qualidade se reduzem drasticamente, o que afeta seu potencial de armazenamento e processamento industrial (HAVERKORT; VERHAGEN, 2008). Porém, a resposta a fatores limitantes bióticos e abióticos, pode variar de acordo com o genótipo utilizado (ÁVILA-VALDÉS et al., 2020), o que aumenta as possibilidades de adaptação da cultura a ambientes cujas condições não são favoráveis. Vários estudos têm confirmado que a batata é uma espécie com alta diversidade genética, especialmente por sua natureza poliploide (SOTO et al., 2013; WANG et al., 2017; JANSKY; SPOONER, 2017; HAAN et al., 2019; SPANOGHE et al., 2022; NIGUSSIE et al., 2023).

Desde os primeiros dias da agricultura, a diversidade genética tem sido essencial no processo de melhoramento vegetal, que por meio da recombinação e seleção do melhorista, fornece o material genético necessário para a obtenção de novas cultivares com a capacidade de atender as necessidades de produtores e consumidores (SWARUP et al., 2021). Assim, para o sucesso dos programas de melhoramento é necessária a existência de divergência genética, a qual contribui na seleção cuidadosa dos genitores e uma orientação aprimorada dos cruzamentos, buscando aumentar a complementaridade e potencializar a heterose (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020; TEMESGEN, 2021). A caracterização de genótipos por meio de caracteres agrônômicos e morfológicos tem se mostrado eficiente na estimativa da diversidade genética entre cultivares (MOULIN et al., 2014). Na batata, a identificação de características morfológicas diferentes tem permitido a distinção de cultivares (HUAMÁN, 2008;

MAŃKOWSKA; ZARZYŃSKA; NASCIMENTO, 2022), além disso, o formato do tubérculo tem sido importante na identificação e separação de cultivares e distinção em segmentos específicos do mercado atingindo as exigências dos consumidores e promover seu processamento industrial (ZHAO et al., 2023).

Existe uma grande variedade de técnicas disponíveis para avaliar a diversidade genética entre genótipos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020). Utilizando informações fenotípicas, e a partir de medidas de dissimilaridade são geradas matrizes de distâncias entre pares de indivíduos (AGUILERA et al., 2019). A partir das matrizes geradas e pelo uso de técnicas de agrupamento e de análise da variabilidade em uma dimensão reduzida, são revelados padrões e relações entre os genótipos (ZUUR; LENO; SMITH, 2007; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020), que servem para resumir as informações e formar grupos (MENESES, 2019). Além disso, informações de parentesco complementam a determinação dos melhores genótipos ou grupos de genótipos, que serão incluídos em futuros ciclos seletivos para obtenção de híbridos superiores e recombinantes com fenótipos desejáveis (TEMESGEN, 2021; WIBOWO; MARTONO, 2022).

Por tanto, uma identificação preliminar dos genótipos e sua potencialidade no programa de melhoramento, permite orientar de maneira mais adequada os cruzamentos, além da seleção genitores promissores, reduzindo o tempo e recursos destinados na obtenção de novas cultivares. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de um painel de clones avançados de batata sob condições tropicais, visando a identificação de potenciais genitores.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Clones avaliados

Foram avaliados 141 clones oriundos do programa de melhoramento de batata da Universidade Federal de Lavras (PROBATATA/UFLA) junto com duas cultivares comerciais. Os 141 clones foram originalmente selecionados de 96 famílias clonais (cruzamentos biparentais), obtidas entre os anos de 1993 e 2015 (Tabela 1). Em geral, esses clones foram previamente selecionados para caracteres de produtividade de tubérculos, gravidade específica dos tubérculos, tolerância ao calor, resistência à podridão mole e resistência aos vírus PVX e PVY (LAMBER; PINTO; CICERO, 2006; BENITES, 2007; ASSIS, 2007; SIMON; PINTO;

LAMBERT, 2009; TEIXEIRA, 2009; OLIVEIRA, 2011; GUEDES, 2014; CAVALLIN, 2016; TORRES, 2016; BASTOS, 2019).

A genealogia dos clones avaliados é apresentada no apêndice A.

Tabela 1- Grupos de clones avaliados na safra de inverno e verão, número total de famílias e número total de clones de batata para cada grupo, com seu respectivo ano de obtenção.

Grupo	Famílias	Clones	Ano de obtenção
NES	1	2	1993
CBM	8	9	1996
SR1	3	3	2002
GSI	3	4	2003
RVS	2	2	2003
DGN	3	3	2004
GRO	3	3	2004
SR2	3	5	2004
DSM	1	1	2005
CTB	10	12	2006
CMA	6	6	2007
CLO	1	1	2010
GMR	10	13	2010
IND	5	8	2010
IRF	9	22	2010
SR3	5	7	2010
VNS	2	3	2011
MLG	11	15	2012
TSB	10	22	2015
Total	96	141	

Fonte: Do Autor (2023)

2.2. Descrição dos experimentos de campo

Foram estabelecidos dois experimentos em safras contrastantes em relação ao estresse por calor, safra das águas 2022 (verão) e safra de inverno 2022. Os experimentos foram conduzidos no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da UFLA, localizado no município de Lavras – MG, 21°14'43" latitude Sul e 44°59'59" longitude Oeste, com uma altura de 919 metros acima do nível do mar. Para cada experimento, foram avaliados os 143 clones descritos na seção 2.1, sob o delineamento parcialmente repetido (p-rep) aumentado (CULLIS; SMITH; COOMBES, 2006; WILLIAMS; PIEPHO; WHITAKER, 2011) com 21% das parcelas ocupadas com tratamentos repetidos ($p_N = 21\%$) (CULLIS; SMITH; COOMBES, 2006).

As parcelas experimentais foram constituídas de 5 plantas com espaçamento de 0,3 m entre plantas e 0,8 m entre linhas. Os tratos culturais foram realizados conforme a recomendação para o estado de Minas Gerais (BORÉM; NICK, 2017). Para a preparação do solo utilizou-se aração, gradagem e enxada rotativa. A adubação foi realizada com 1500 kg.ha⁻¹ do fertilizante formulado 08-28-16 (N-P₂O₅-K₂O) no momento do plantio, e 30 a 40 dias após o plantio foi feita a adubação de cobertura com 200 kg.ha⁻¹ de sulfato de amônio. Quando necessário, foi efetuada a irrigação por aspersão para suprir a demanda hídrica da cultura.

A avaliação morfológica dos genótipos foi realizada para as características da planta: hábito de crescimento (HC), cor do caule (CC), cor das flores (CF), asas (AS) e cobertura de folhagem (CH), de acordo com os descritores propostos por IBPGR (1985), Huamán (2008) e Gomez (2014). Para as características do tubérculo: textura da periderme (TP), formato de tubérculo (FT), profundidade das gemas vegetativas (PV), coloração da polpa (CP) e coloração da pele (CT), utilizando os descritores de Guedes et al. (2020) (Tabela 2). A porcentagem de tubérculos com presença de distúrbios fisiológicos (DF) foi obtida por meio da relação do número de tubérculos com presença de desordens fisiológicas (embonecamento, coração oco, mancha chocolate e rachadura) com o número total de tubérculos avaliados.

Para os caracteres agrônômicos foram avaliados: ciclo (CL), teor de massa seca (TMS, %), produtividade total de tubérculos (PTT, t.ha⁻¹) e a porcentagem de tubérculos graúdos (PG). Para CL foram quantificados o número de dias desde o plantio até que pelo menos duas plantas na parcela estiveram em senescência completa. O TMS foi calculado utilizando a balança hidrostática para determinar as massas dos tubérculos no ar e na água, para obter a gravidade específica (GE) [GE = massa de tubérculos no ar / (massa de tubérculos no ar - massa de tubérculos na água)], e por meio da expressão: $-217,2 + (221,2 \times GE)$ proposta por Schippers (1976), realizou-se a conversão para massa seca.

Para a PTT, foi registrada a produção de tubérculos para a área de 1,2 m² e depois convertida para t.ha⁻¹, e com aqueles tubérculos que apresentaram um diâmetro transversal superior a 45 mm, foi calculada a PG para cada genótipo avaliado.

Os clones foram classificados quanto a sua aptidão considerando os dados de TMS e FT com base nos dados da safra de inverno em: *in natura* (TMS < 20,6, FT: ≥ 3), pré-fritas (TMS $\geq 20,6$ e < 22,8 ; FT ≥ 3), *chips* (TMS $\geq 22,8$, FT < 3) (SCHIPPERS, 1976; GENET, 1992) e aqueles que estão fora dos limites foram classificados em uma categoria identificada como “outra” (GENET, 1992).

Tabela 2- Descritores morfológicos na avaliação de planta e tubérculo e as notas para cada descritor.

DESCRITORES MORFOLÓGICOS									
Características da parte aérea									
Nota	CF	Nota	CC	Nota	CH	Nota	HC	Nota	AS
1	Branca	1	Verde	1	Muito escasso	1	Ereto	1	Ausente
2	Vermelho rosa	2	Predominantemente verde	2	Escasso	2	Semi-ereto	2	Reta
3	Vermelho roxo	3	Verde-manchas pigmentadas	3	Moderado	3	Decumbente	3	Ondulada
4	Azul claro	4	Pigmentado-manchas verdes	4	Bom	4	Prostrado	4	Dentada
5	Azul roxo	5	Pigmentado	5	Denso				
6	Lilás	6	Vermelho						
7	Roxo	7	Roxo						
8	Violeta								
Características do tubérculo									
Nota	TP	Nota	PV	Nota	CT	Nota	CP	Nota	FT
1	Áspera-fosca	1	Muito profundas	1	Creme	1	Branca	1	Redondo
2	Áspera	2	Profundas	2	Bege claro	2	Amarela Clara	2	Redondo-ovalado
3	Fosca	3	Ligeiramente profundas	3	Vermelho claro	3	Amarela média	3	Oval
4	Lisa	4	Ligeramente Superficiais	4	Vermelho	4	Creme	4	Oval-alongado
5	Lisa-brilhante	5	Superficiais	5	Vermelho claro	5	Amarela Escura	5	Alongado

Características morfológicas de planta e tubérculo. HC (Habito de crescimento), CC (Cor do caule), CF (cor das flores), AS (asas), CH (cobertura de folhagem), TP (Textura da periderme), FT (formato de tubérculo), PV (profundidade das gemas vegetativas), CP (coloração da polpa), CT (Coloração da pele).

Fonte: Do Autor (2023)

2.3. Análises estatísticas

Com os caracteres morfo-agronômicos, primeiramente foi realizada uma análise descritiva geral, onde foram obtidas as médias para cada caráter com a respectiva amplitude dos dados. Para cada variável estimou-se o desvio padrão [DP = $\sqrt{(\sum(x - \bar{x})^2 / (n - 1))}$], em que x correspondeu a cada uma das observações fenotípicas; \bar{x} é a média geral; n é o número total de clones. Foi obtida a correlação da matriz de dissimilaridade de cada caracter individual com sua respectiva matriz de dissimilaridade, da parte aérea, tubérculo ou agronômicos (r_D).

2.3.1. Dissimilaridade via caracteres multicatégoricos

Os caracteres morfológicos de planta e tubérculo descritos na seção 2.2., foram convertidos em variáveis binárias, sendo essas submetidas à análise de divergência genética. Como medida de dissimilaridade foi utilizada a distância de Cole-Rodgers modificada (COLE-RODGERS; SMITH; BOSLAND, 1997), onde a dissimilaridade entre os genótipos é dada por $d_{ii'} = [(D_j) / C_{pj} + D_j]$, em que $d_{ii'}$ é a dissimilaridade entre os genótipos i e i' ; D_j é o número de discordâncias entre categorias para a j -ésima variável e C_{pj} é o número de concordâncias envolvendo a presença de categoria no par de genótipos.

2.3.2. Dissimilaridade via Caracteres agronômicos

Cada um dos caracteres agronômicos descritos na seção 2.2., foram submetidos a análise de variância individual por meio do modelo linear misto, descrito na equação (1).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{X}_c\boldsymbol{\tau}_c + \mathbf{Z}_b\mathbf{u}_b + \mathbf{e} \quad (1)$$

Em que \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas; $\boldsymbol{\mu}$ é o intercepto associado a um vetor de uns $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$, em N representa o número de parcelas; $\boldsymbol{\tau}_c^{(c \times 1)}$ é o vetor de efeitos fixos de clones associado à matriz de incidência $\mathbf{X}_c^{(N \times c)}$, em que c é o número de clones; $\mathbf{u}_b^{(b \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de blocos associado à matriz de incidência $\mathbf{Z}_b^{(N \times b)}$, em que b é o número de blocos; \mathbf{e} é o vetor de erros aleatórios, com $\mathbf{e} \sim N(\mathbf{0}, \sigma_e^2, \mathbf{I}_N)$.

A significância indicada pelo teste F-Snedecor a 5% de probabilidade para o efeito dos tratamentos, foi adotada como critério para a manutenção das características nas abordagens multivariadas subsequentes.

Após a realização das análises individuais foram obtidos os vetores de médias ajustadas de clones (2).

$$\mathbf{y}_c = \mathbf{L}_c \boldsymbol{\tau} \quad (2)$$

Em que: \mathbf{y}_c ($c \times 1$) é o vetor de médias ajustadas de clones; \mathbf{L}_c ($c \times N\tau$) é uma matriz de coeficientes de combinações lineares para estimar as médias ajustadas de clones, sendo $N\tau$ o número de efeitos no vetor $\boldsymbol{\tau}$, sendo $\boldsymbol{\tau} = (\mu, \tau_c, \tau_b)$ para cada análise individual.

Para a obtenção da matriz de dissimilaridade, as médias para cada caráter em cada safra foram padronizadas (3).

$$X_{ij}^p = \frac{X_{ij} - \bar{X}_j}{\sigma_j} \quad (3)$$

Em que X_{ij}^p é o dado padronizado do i-ésimo tratamento no j-ésimo caráter, sendo X_{ij} o dado observado do i-ésimo tratamento no j-ésimo caráter; \bar{X}_j média do caráter e σ_j o desvio padrão do j-ésimo caráter.

A matriz de dissimilaridade entre os tratamentos foi estimada pela distância euclidiana média padronizada obtida pela expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_j (X_{ij}^p - X_{i'j}^p)^2} \quad (4)$$

Em que $d_{ii'}$ é a medida de dissimilaridade sendo n o número de caracteres avaliados e X_{ij}^p é o dado padronizado no i-ésimo tratamento em referência a j-ésima característica.

Após a obtenção das matrizes de dissimilaridade individualmente para cada conjunto de caracteres (agronômicos e morfológicos), foram obtidas as respectivas matrizes padronizadas e as mesmas foram somadas, obtendo-se outra matriz de dissimilaridade (geral), a qual foi comparada com as matrizes originais.

2.3.3. Análise de agrupamento e dimensionalidade

Para analisar a variabilidade dos dados em uma dimensão reduzida, foi realizada a análise de coordenadas principais (PCoA) utilizando as respectivas matrizes de dissimilaridade para cada grupo de caracteres.

Para a análise de agrupamento dois métodos foram utilizados: o método de otimização de Tocher, no qual se maximiza as divergências entre os clones de grupos diferentes (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020) e o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) no qual um dendrograma é construído passo a passo utilizando um algoritmo de agrupamento sequencial com relações inferidas em ordem crescente de

dissimilaridade (GARCIA; PUIGBÒ, 2002), onde a distância entre o tratamento k e um grupo formado pelos tratamentos i e j vai ser dada por:

$$d_{(ij)k} = \text{média} (d_{ik}; d_{jk}) = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2} \quad (5)$$

Para avaliar a correspondência entre a matriz de dissimilaridade e os agrupamentos gerados pelos dois métodos, foi calculado o coeficiente de correlação cofenética (SOKAL; ROHLF, 1962). Foi obtida a correlação da matriz de dissimilaridade de cada tipo de caracter (a parte aérea, tubérculo e agronômicos) com matriz de dissimilaridade geral (r_D). Além disso, por meio das informações genealógicas dos clones avaliados foi construída a matriz de parentesco aditivo poliploide e foram extraídas informações sobre os coeficientes de parentesco entre os grupos e dentro de cada grupo gerado pelo método selecionado (AMADEU et al., 2016).

A matriz de parentesco aditivo é construída utilizando as informações da genealogia para estimar as relações de parentesco entre os indivíduos. Essas relações genéticas são expressas na forma de coeficientes de parentesco, que indicam a similaridade genética entre os indivíduos.

Todas as análises foram realizadas por meio do programa R (R CORE TEAM, 2021) com auxílio dos pacotes, AGHmatrix (AMADEU et al., 2022), MultivariateAnalysis (AZEVEDO, 2022) e ggplot2 (WICKHAM et al., 2023), além do programa Echidna Mixed Models (GILMOUR, 2021).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para os caracteres morfológicos multicategóricos avaliados, de modo geral houve maior variabilidade na safra de verão, com os maiores valores de desvio padrão em comparação com a safra de inverno. Além disso, os caracteres AS, CC e CH apresentaram as maiores diferenças de variabilidade entre as duas safras (Tabela 3), possivelmente como resposta à influência das altas temperaturas no verão, as quais tendem a causar alterações no desenvolvimento e coloração da parte aérea na planta de batata (LAL et al., 2022; MAŃKOWSKA; ZARZYŃSKA; NASCIMENTO, 2022).

McCaukey e Evert (1988) afirmaram que, à medida que o caule da batata se desenvolve, as asas se tornam cada vez mais pronunciadas, assim, uma maior variabilidade tanto de AS quanto de CH no verão, pode estar relacionada ao fato de que as condições climáticas desta safra contribuem na alteração da partição de biomassa, favorecendo a translocação de

fotoassimilados para a parte aérea, o que favorece o seu desenvolvimento em relação com a safra de inverno (HASTILESTARI et al., 2018; LAL et al., 2022; ZHOU et al., 2023).

Lazarevic et al. (2022), avaliando o efeito de altas temperatura na cultura da batata, constatou, que existem mudanças notáveis na morfologia da planta, principalmente em termos de altura e alteração do teor de antocianina na parte aérea. Pesquisas têm demonstrado que, sob condições de estresse térmico há um acúmulo das espécies reativas de oxigênio (ROS), resultando em danos oxidativo nas plantas (HASANUZZAMAN et al., 2020). Assim, como resposta de defesa da planta são produzidas antocianinas que auxiliam na estabilização das membranas celulares, as quais produzem cores vermelhas, roxas e azuis, a partir da transcrição de genes que estão envolvidos na sua biossíntese a qual é mediada pela sinalização de ROS (NAING; KIM, 2021). Essa resposta bioquímica possivelmente contribui na geração da variabilidade para CC durante a safra de verão, onde foi observada uma maior incidência da coloração roxa do caule em relação à safra de inverno.

Uma maior variabilidade na ocorrência de DF nos tubérculos avaliados foi observada na safra de verão, com alguns genótipos apresentando 100% de incidência nos tubérculos avaliados (Tabela 3). Zhou et al. (2023), pesquisando o efeito do estresse térmico na batata, observaram que as altas temperaturas afetam negativamente o desenvolvimento dos tubérculos, aumentando a presença de deformações e anormalidades.

A tuberização da batata é uma característica poligênica complexa (SINGH; KUKREJA; GOUTAM, 2020), e a presença de distúrbios fisiológicos nos tubérculos abriga uma rede de processos que ainda não estão completamente compreendidos (THORNTON; OLSEN; LIANG, 2020). Porém, é sabido que uma maior variabilidade de DF, pode estar associada a modificações na expressão gênica nos genótipos, que levam a alterações nos processos metabólicos e da resposta celular, em decorrência à exposição de períodos prolongados de alta temperatura e umidade no solo, e alteração nutricional (SINGH; KUKREJA; GOUTAM, 2020; THORNTON; OLSEN; LIANG, 2020), condições predominantes durante o verão e que restringem o bom desenvolvimento dos tubérculos.

Os maiores valores de r_D para a safra de inverno, corresponderam para às características da parte aérea de CC e CT, enquanto, para a safra de verão os maiores valores foram para a CF e PV (Tabela 3). Destaca-se maior associação da diversidade medida em cada um desses caracteres, em relação à diversidade geral para cada grupo de caracteres avaliados.

Os caracteres CC, CT e CF apresentam maior associação linear com a diversidade total, isto relacionado aos diferentes padrões de pigmentação gerados por uma possível variabilidade entre os genótipos, com a presença e distribuição de antocianinas nos diferentes órgãos da

batata, uma vez que esses pigmentos demonstraram desempenhar um papel importante na identificação da variabilidade genética da espécie (LI et al., 2019; STRYGINA; KOCHETOV; KHLESTKINA, 2019; RIVEROS-LOAIZA et al., 2022). Dutta et al. (2022) reportaram elevada variabilidade no teor de antocianinas entre os diferentes genótipos avaliados.

Enquanto à associação significativa de PV em relação à diversidade total, pode ser um indicador da resposta diferencial dos clones às condições de verão. Essa safra exerce forte pressão sob a geração nas alterações morfológicas do tubérculo, influenciando possivelmente na diferenciação dos genótipos através deste carácter (SINGH; KUKREJA; GOUTAM, 2020).

Em relação aos caracteres agronômicos (Tabela 3), o efeito de clone foi significativo ($p < 0,05$) para todos os caracteres agronômicos avaliados nas duas safras, sugerindo a existência de variabilidade genética entre os clones, além disso, a maior variabilidade é encontrada predominantemente na safra de inverno. Em trabalhos anteriores, já foi relatada a existência de diferenças significativas entre genótipos de batata para caracteres agronômicos, onde por sua vez identificaram uma importante influência do ambiente sobre essas características (TESSEMA; MOHAMMED; ABEBE, 2020; LENARTOWICZ; PIEPHO; PRZYSTALSKI, 2020; ZELEKE; ABEBE; GETAHUN, 2021).

As condições climáticas de inverno para a batata permitem uma maior diferenciação dos indivíduos, possivelmente porque nessas condições o potencial de cada genótipo em termos de caracteres agronômicos pode ser claramente expresso (RODRIGUEZ, 2010; KRAVCHENKO, 2019), o que pode ser verificado com maior média geral para a safra de inverno nos caracteres MMTG, PTT, TMS e PG em relação a safra de verão (Tabela 3). Na safra de verão a batata se desenvolve sob condições climáticas desfavoráveis, como altas temperaturas e umidades relativas, que influenciam negativamente esses caracteres agronômicos e podem reduzir significativamente o rendimento e a qualidade dos tubérculos (OBIERO; MILROY; BELL, 2019; FRANCINI; SEBASTIANI, 2019; ZHOU et al., 2023).

A MMTG foi a característica mais relevante em termos de r_D tanto na safra de inverno quanto na safra de verão (Tabela 3), possivelmente pela influência significativa tanto das condições climáticas contrastantes nas safras quanto pela contribuição da variabilidade na constituição genética entre os genótipos avaliados (KRAVCHENKO, 2019; TESSEMA; MOHAMMED; ABEBE, 2020).

Tabela 3- Média, mínimo (Min), máximo (Máx), desvio padrão (DP) e correlação da dissimilaridade univariada com a multivariada (r_D) para os caracteres de parte aérea, tubérculo e agronômicos dos clones avaliados na safra de inverno e verão.

Caracteres ¹	Inverno					Verão					
	Média	Min.	Máx.	DP	r_D	Média	Min.	Máx.	DP	r_D	
Parte Aérea	AS	1,12	1	3	0,32	0,47	1,69	1	4	0,77	0,47
	CC	1,55	1	4	0,73	0,54	2,08	1	5	1,18	0,44
	CF						2,05	1	6	1,79	0,49
	CH	3,22	1	5	1,29	0,49	5,08	1	5	1,77	0,41
	HC	2,24	1	4	0,70	0,52	2,24	1	5	0,68	0,46
Tubérculo	CT	1,89	1	5	0,86	0,49	2,14	1	5	0,74	0,40
	CP						2,45	1	5	0,91	0,40
	FT	3,25	1	5	0,81	0,47	3,20	1	5	0,84	0,41
	DF	6,57	0	55	9,64	0,34	30,97	0	100	18,09	0,40
	PV	3,34	2	5	0,64	0,47	3,42	2	5	0,69	0,43
	TP	2,52	1	5	0,81	0,47	2,53	1	4	0,78	0,40
Agronômicos	CL	113,37*	80	135	11,9	0,54	100,66*	94	123	2,47	0,37
	MMTG	137,86*	67	297	43,84	0,71	75,43*	44	200	25,5	0,63
	PTT	24,15*	1	81	13,65	0,66	8,87*	1	33	3,8	0,49
	TMS	21,04*	14	29	2,13	0,47	15,86*	4	22,5	2,84	0,46
	PG	73,47*	0	99	20,81	0,61	26,88*	0	90	11,59	0,48

¹Asas (AS); Cor do caule (CC); Cor da flor (CF); Cobertura de folhagem (CH); Hábito de crescimento (HC); Coloração da pele (CT); Coloração da polpa (CP); Formato de tubérculo (FT); Tubérculos com distúrbios fisiológicos (DF, %); Profundidade das gemas vegetativas (PV); Textura da periderme (TP); Ciclo (CL); Massa média do tubérculo graúdo (MMTG); Produtividade total (PTT, t/ha); Teor de massa seca (TMS); Porcentagem de grãos (PG); Contribuição relativa da variabilidade medida no caráter individual em relação à variabilidade total (r_D); * significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Fonte: Do Autor (2023).

Os 143 clones avaliados foram classificados enquanto à sua aptidão com base nos dados individuais de TMS e FT obtidos na safra de inverno (Figura 1 e Figura 2) na qual se expressa o melhor potencial dos clones para esses caracteres. Se identificaram 53, 47 e 4 clones de batata com aptidão para *in natura*, pré-fritas e *chips* respectivamente, e 39 clones que não se classificaram dentro de dos limites correspondentes para cada aptidão, além disso, 9 clones se destacaram considerando adicionalmente os caracteres DF (= 0%) e PTT (> 37 t.ha⁻¹) (Apêndice B). Os quais representam genótipos promissórios para futuros cruzamentos para obter ganhos em termos de produção, além de obter genótipos de alta qualidade para cada aptidão, livres de distúrbios fisiológicos, o que pode ter um impacto positivo na demanda e aceitação dos genótipos por produtores e consumidores (THORNTON; OLSEN; LIANG, 2020).

Baseados na aptidão gerada anteriormente, e com os valores de TMS e FT obtidos na safra de verão, gerou-se a Figura 2 na qual se observou uma translocação da posição dos clones, quando comparados com a Figura 1. Essa mudança na localização dos clones está influenciada principalmente pela diminuição no TMS na safra de verão, onde maioritariamente os clones se localizaram na faixa de 14% a 17%, enquanto na safra de inverno para o TMS, a maioria dos clones se concentraram entre o 18% e 24%.

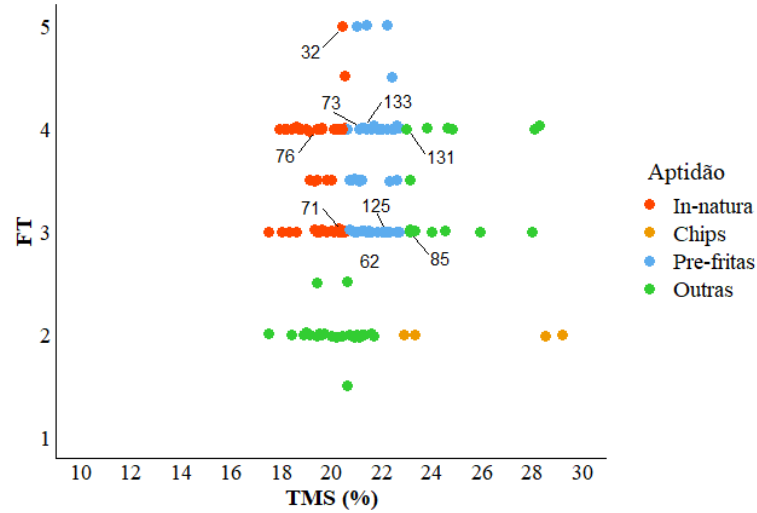
Os caracteres TMS e FT têm demonstrado uma importância maior para a classificação da batata, pois geram informações de qualidade externa e interna dos tubérculos, o que é decisivo na aceitabilidade dos genótipos em um segmento específico do mercado (HUSSEN, 2019). Um exemplo disso, são os trabalhos de Araújo et al. (2016) e Wayumba, Choi e Seok, (2019) onde TMS e FT contribuíram significativamente para a identificação de genótipos adequados para o processamento industrial.

Genet (1992) relatou a importância da obtenção de genótipos com alto TMS para fins de processamento, especialmente a sua contribuição na textura e rendimento do produto processado e a preferência por genótipos alongados para palitos, e os redondos para *chips*. Enquanto para consumo *in natura* são necessários TMS entre 18% a 20% e de preferência pelas formas alongadas (KUMARI; KUMAR; SOLANKEY, 2018).

As diferenças observadas na classificação entre os genótipos quanto à aptidão podem ser devidas principalmente, a diferenças na constituição genética dos genótipos. (WAYUMBA; CHOI; SEOK, 2019). Além disso, variações obtidas para as safras avaliadas em relação ao TMS podem ser indicativas de uma resposta variável em termos de estabilidade para este caráter (FLIS et al., 2014; BASHIR et al., 2023), associada a mecanismos moleculares que operam temporariamente para regular com precisão o desenvolvimento do tubérculo em condições de alta temperatura, prevalentes durante a safra de verão (PARK et al., 2022).

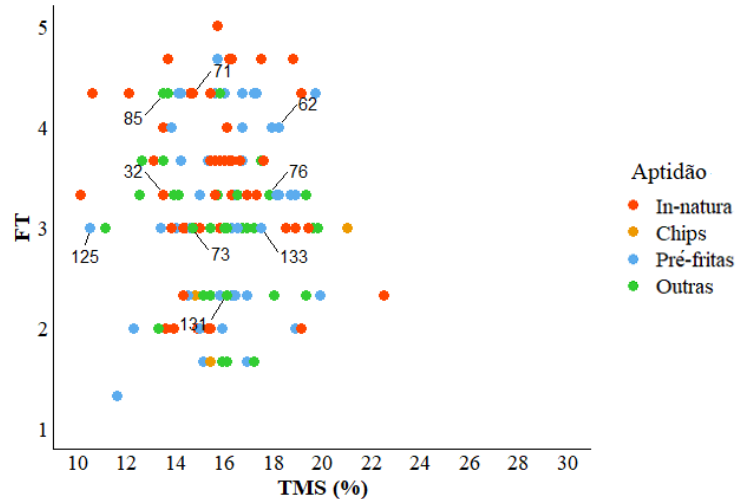
Pesquisas verificaram que as altas temperaturas diminuem a atividade fotossintética e a eficiência na produção e transporte de fotoassimilados para os tubérculos de batata (OBIERO; MILROY; BELL, 2019; LAL et al., 2022). Além disso, os dias mais longos na safra de verão estimulam o crescimento vegetativo em detrimento da acumulação de massa seca nos tubérculos (GOLOVKO; TABALENKOVA, 2019; SINGH et al., 2023), o que possivelmente explica a diminuição geral do TMS nos clones avaliados na safra de verão, do mesmo modo, Mohammed (2017) na avaliação de clones de batata identificou que o TMS foi significativamente afetado tanto pelas cultivares e quanto pela estação de cultivo.

Figura 1- Aptidão dos clones avaliados na safra de inverno em relação ao teor de massa seca (TMS %) e formato de tubérculo (FT). Ressalta-se a distribuição dos melhores clones para as médias de produtividade total de tubérculos ($PTT > 37 \text{ t.ha}^{-1}$) e distúrbios fisiológicos ($DF = 0\%$). Códigos dos clones de acordo com o apêndice B



Fonte: Do Autor (2023)

Figura 2- Distribuição dos clones avaliados na safra de verão em relação ao teor de massa seca (TMS %) e formato de tubérculo (FT). Ressalta-se os clones que na safra de inverno apresentaram as médias de produtividade total de tubérculos ($PTT > 37 \text{ t.ha}^{-1}$) e distúrbios fisiológicos ($DF = 0\%$). Códigos dos clones de acordo com o apêndice B.



Fonte: Do Autor (2023)

A partir da análise exploratória das técnicas de agrupamento e dimensionalidade, não foram considerados CF e CP, que foram avaliados apenas na safra de verão, a fim de homogeneizar o número de caracteres entre as safras para fins de comparação.

Baseado nas matrizes de dissimilaridade correspondentes aos caracteres da parte aérea, tubérculo e agronômicos, os valores de r_D foram semelhantes na safra de inverno para os três grupos de caracteres (Tabela 4). Maharijaya et al. (2021), avaliando genótipos de batata em um estudo de diversidade encontrou variabilidade entre os genótipos para caracteres, tanto agronômicos como morfológicos. Os resultados sugerem uma alta variabilidade nas características morfológicas e agronômicas como resultado de uma possível divergência genética entre os indivíduos, e são, portanto, marcadores úteis no estudo da diversidade (GHEBRESLASSIE et al., 2016).

Em relação à técnica de análise da variabilidade em uma dimensão reduzida PCoA das matrizes de distância para os caracteres de planta, tubérculo e agronômicos analisados individualmente, é possível explicar a variabilidade com apenas 3 eixos. No entanto, na análise geral de cada safra, há uma menor representatividade dos dados por esta técnica, pois são necessários mais eixos para explicar a variabilidade, sendo necessários de 5 e 6 eixos para a safra de inverno e verão, respectivamente (Tabela 4).

O objetivo do uso da técnica PCoA é analisar a variabilidade dos dados em uma dimensão reduzida, geralmente para dois ou três eixos principais (ZUUR; LENO; SMITH, 2007). No entanto, em casos em que a pré-seleção de características não pode ser realizada na análise de PCoA, são necessários vários eixos para representar a diversidade adequadamente as relações entre os indivíduos, o que pode dificultar a identificação de padrões, relações ou diferenças significativas (MOUILLOT et al., 2021).

Assim, duas coordenadas principais foram as responsáveis por representar 40% e 46% da variabilidade na matriz de distância geral da safra de inverno e verão, respectivamente. Essa representação é considerada baixa, ao não atingir o mínimo percentual satisfatório para a identificação de relações e padrões entre dos genótipos avaliados. Do mesmo modo, Rocha et al. (2020), em um estudo de diversidade em 144 genótipos de mandioca, observou um baixo percentual de variabilidade explicada pelos eixos um e dois, sendo de 45,2%.

Nas duas técnicas de agrupamento, o número de agrupamentos gerados foi variável para as duas safras, enquanto a partir da matriz de dissimilaridade geral, a técnica de Tocher foi superior em ambas as safras em termos do número de grupos formados, mostrando maior poder de discriminação (Tabela 4). Resultados semelhantes foram relatados por Oliveira et al. (2021) e Pedri et al. (2023), ao avaliar a divergência genética em genótipos de batata-doce e mandioca respectivamente. Constatou-se que o método de otimização de Tocher gerou maior número de grupos em relação a métodos hierárquicos. De acordo Azevedo et al. (2013), as diferenças entre

os resultados obtidos por diferentes métodos de análise multivariada são comuns, uma vez que os métodos se baseiam em diferentes técnicas de agrupamento.

As matrizes de dissimilaridade são melhores representadas pela técnica de Tocher, com o r_c predominantemente maior em relação ao UPGMA, tanto para os caracteres analisados em grupo, quanto a análise geral nas duas safras (Tabela 4). Um coeficiente de correlação cofenética maior a 0,70 para a análise geral, é indicador de boa representação da matriz de distância (SILVA et al., 2022), o que sugere que a estrutura de agrupamento determinada pela técnica de Tocher, captura com maior precisão as relações de dissimilaridade entre os genótipos analisados (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Tabela 4- Técnicas de agrupamento: UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), Tocher, e a técnica de análise de dimensionalidade: PCoA (Análise das Coordenadas Principais) para caracteres morfológicos e agronômicos dos clones de batata avaliados na safra de inverno e verão.

	Técnica	Resumo	Inverno				Verão			
			Parte Aerea	Tubérculo	Agronômicos	Geral	Parte Aerea	Tubérculo	Agronômicos	Geral
Agrupamento	UPGMA	NG	13	13	13	19	13	14	16	19
		rc	0,69	0,63	0,70	0,55	0,59	0,53	0,70	0,54
	Tocher	NG	19	10	9	32	30	26	11	38
		rc	0,82	0,65	0,76	0,73	0,84	0,72	0,66	0,77
Dimensionalidade	PCoA	CE ₁	0,38	0,38	0,59	0,24	0,32	0,24	0,43	0,24
		CE ₂	0,33	0,26	0,2	0,16	0,28	0,24	0,23	0,22
		CE ₃	0,26	0,24	0,09	0,14	0,21	0,2	0,16	0,16
		CA (E ₁ +E ₂)	0,71	0,64	0,79	0,40	0,60	0,48	0,66	0,46
		CA (E ₁ +E ₂ +E ₃)	0,97	0,88	0,88	0,54	0,81	0,68	0,82	0,62
		NE (80%)	3	3	3	6	3	4	3	5
	r _D	0,61	0,59	0,61	1,00	0,89	0,89	0,44	1,00	

Número de agrupamentos (NG); coeficiente de correlação cofenética (rc); contribuição relativa do eixo 1 (CE₁); contribuição relativa do eixo 2 (CE₂); contribuição relativa do eixo 3 (CE₃); contribuição acumulada (CA); eixo 1 (E₁); eixo 2 (E₂); eixo 3 (E₃); Número de eixos necessários para explicar 80% da variabilidade total (NE); contribuição relativa de cada grupo de características na diversidade total (r_D).

Fonte: Do autor (2023)

Com base nas técnicas de agrupamento, visto que as maiores diferenças são encontradas entre os grupos formados, promove-se uma seleção precisa dos genitores e um melhor direcionamento dos cruzamentos para obter maior complementaridade e maximizar a heterose (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020). Assim, explorando o agrupamento pela técnica do tocher, constatou-se que o conjunto de clones avaliados pode ser agrupado em 32 grupos para a safra de inverno (Tabela 5, apêndice D) e 38 grupos na safra de verão (Tabela 6, apêndice E).

Esses resultados revelam a existência de divergência entre os genótipos avaliados, o que possibilita a obtenção de indivíduos superiores em posteriores cruzamentos. Na safra de inverno, os grupos 1 e 2 reuniram o maior número de indivíduos, alocando 25,87% e 11,19% dos clones respectivamente, e para a safra de verão foram os grupos 2 e 3 com 14% e 11,19% dos genótipos avaliados, respectivamente.

Em relação a aptidão predominante em cada grupo formado de acordo com os dados de TMS e FT, na safra de inverno houve principalmente 9 grupos com a aptidão predominante para *in natura*, 6 grupos para *chips* e 5 grupos para pré-fritas (Tabela 5). Já para a safra de verão, foram encontrados 13 grupos principalmente para aptidão *in natura*, 2 com aptidão para *chips*, e 9 grupos com aptidão para pré-fritas (Tabela 6). Com base nessas informações, é possível direcionar cruzamentos entre os indivíduos de grupos diferentes, mas com a mesma aptidão, a fim de explorar o efeito heterótico (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020; NIGUSSIE et al., 2023), embora, outras características deverão ser levadas em consideração como DF e PPT.

Tem sido sugerido que várias estratégias devem ser usadas em combinação para identificar cruzamentos promissores, incluindo a utilização de coeficientes de parentesco, uma vez que o cruzamento entre indivíduos com um alto coeficiente de parentesco pode levar à depressão endogâmica (GOPAL, 2015).

Segundo Graebner et al. (2022), ao cruzar indivíduos de grupos de pais diferentes, maior variabilidade genética pode ser introduzida na população, além de reduzir a probabilidade de manifestação de características genéticas negativas.

Assim, para a safra de inverno, com o auxílio das informações do CP (Figura 3) para o segmento *in natura*, recomenda-se priorizar o cruzamento de indivíduos alocados nos demais grupos desse segmento com o grupo 15 e indivíduos dos grupos 12 e 4 com os grupos 31 e 32. Para *chips*, cruzamentos com o grupo 20, e os grupos 28 e 29 com o grupo 10. E para o segmento de pré-fritas cruzamentos com o grupo 15. Na safra de verão, partir das informações do CP (Figura 3) para o segmento *in natura*, recomenda-se priorizar o cruzamento de indivíduos dessa

aptidão com os grupos 16, 22 e 28, para *chips* cruzamentos principalmente com os matérias do grupo 9, e para o segmento de pré-fritas cruzamentos com o grupo 6, 29 e 20.

A variação de valores encontrados para CP nesta pesquisa variou de 0 a 0,50 (Figura 3), onde a predominância de valores baixos pode indicar alta diversidade genética nos genótipos avaliados (GOPAL; OYAMA, 2005; SILVEIRA et al., 2015). Esta predominância de valores baixos no CP, tem sido importante na avaliação de clones avançados de batata, onde aqueles indivíduos com divergência genética máxima (CP = 0), podem ser considerados como potenciais geradores de populações altamente heterozigotas (GOPAL; OYAMA, 2005).

Tabela 5- Agrupamento de clones de batata pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agrônômicos na safra de inverno.

Grupo	Núm. de clones	Aptidão	Grupo	Núm. de Clones	Aptidão
1	37	<i>In-natura</i>	17	2	<i>Chips</i>
2	16	<i>In-natura</i>	18	2	Pré-fritas
3	11	<i>In-natura</i>	19	2	<i>Chips</i>
4	6	<i>In-natura</i> / Pré-fritas	20	1	<i>Chips</i>
5	8	<i>Chips</i> / <i>In-natura</i> / Pré-fritas	21	1	Pré-fritas
6	7	<i>Chips</i> / <i>In-natura</i> / Pré-fritas	22	1	Pré-fritas
7	7	<i>Chips</i>	23	1	Outra
8	8	<i>In-natura</i>	24	1	Outra
9	3	<i>In-natura</i>	25	1	Outra
10	2	<i>Chips</i> / Pré-fritas	26	1	Pré-fritas
11	5	Pré-fritas	27	1	Outra
12	5	<i>In-natura</i>	28	1	<i>Chips</i>
13	2	Outra	29	1	<i>Chips</i>
14	3	<i>Chips</i>	30	1	Outra
15	2	<i>In-natura</i> / Pré-fritas	31	1	<i>In-natura</i>
16	2	<i>In-natura</i>	32	1	<i>In-natura</i>

Fonte: Do autor (2023)

Tabela 6- Agrupamento de clones de batata pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agrônômicos na safra de verão.

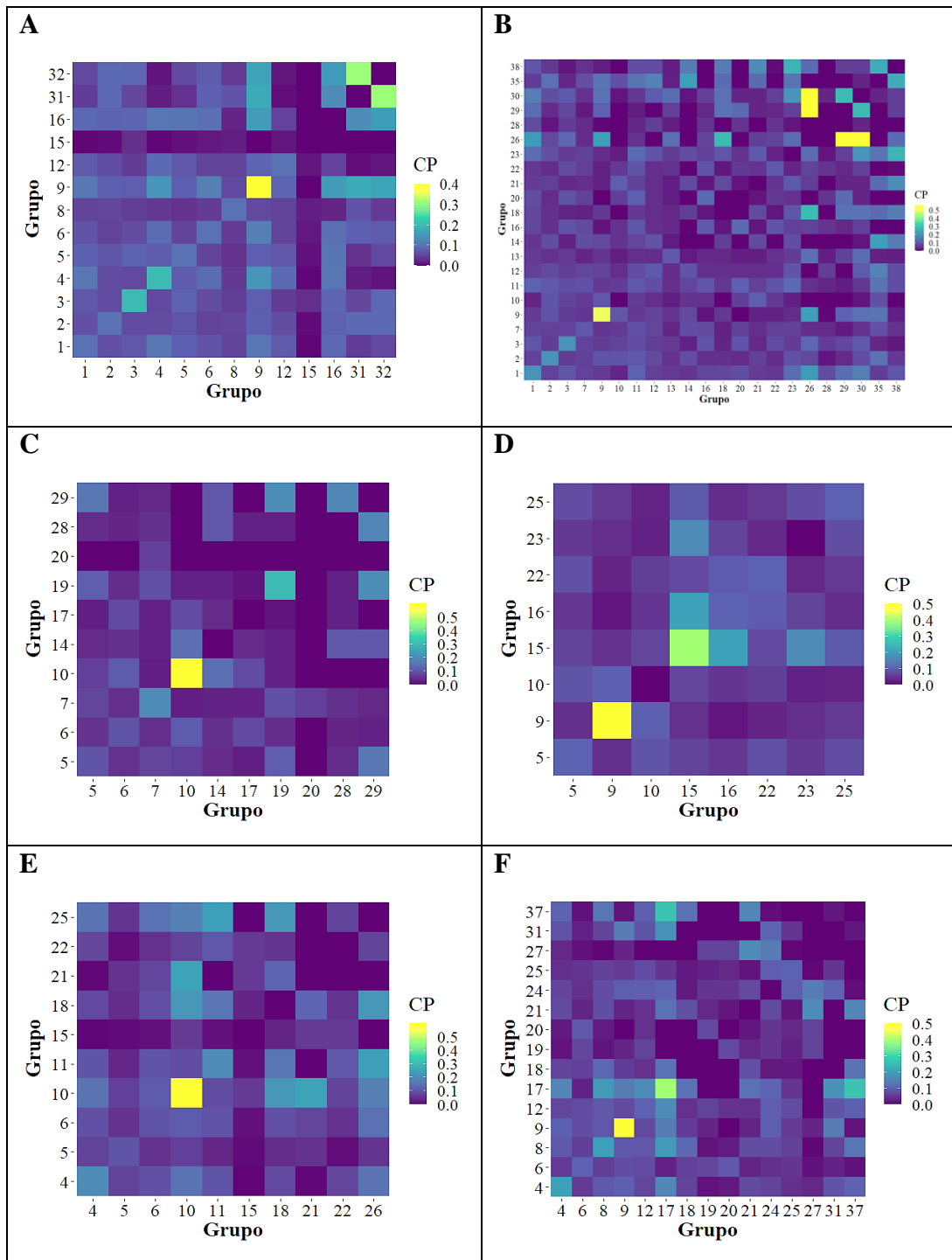
Grupo	Núm. de Clones	Aptidão	Grupo	Núm. de Clones	Aptidão
1	12	<i>In natura</i>	20	2	<i>In natura</i> , Pré-fritas
2	20	<i>In natura</i>	21	2	<i>In natura</i> , Pré-fritas
3	16	<i>In natura</i>	22	2	<i>Chips</i> , <i>In natura</i>
4	15	Pré-fritas	23	2	<i>Chips</i> , <i>In natura</i>
5	10	<i>Chips</i>	24	2	Pré-fritas
6	3	Pré-fritas	25	2	<i>Chips</i> , Pré-fritas
7	7	<i>In natura</i>	26	1	<i>In natura</i>
8	6	Pré-fritas	27	1	Pré-fritas
9	5	<i>Chips</i> , <i>In natura</i> , Pré-fritas	28	1	<i>In natura</i>
10	2	<i>Chips</i> , <i>In natura</i>	29	1	<i>In natura</i>
11	3	<i>In natura</i>	30	1	<i>In natura</i>
12	3	<i>In natura</i> , Pré-fritas	31	1	Pré-fritas
13	4	<i>In natura</i>	32	1	Outra
14	2	<i>In natura</i>	33	1	Outra
15	2	<i>Chips</i>	34	1	Outra
16	2	<i>Chips</i> , <i>In natura</i>	35	1	<i>In natura</i>
17	2	Pré-fritas	36	1	Outra
18	2	<i>In natura</i> , Pré-fritas	37	1	Pré-fritas
19	2	Pré-fritas	38	1	<i>In natura</i>

Fonte: Do autor (2023)

É importante ressaltar que os indivíduos alocados no grupo identificado como "outra" (Tabela 5 e Tabela 6), excedem os limites TMS para *chips* ou pré-frituras e possivelmente dão origem a produtos duros, secos e quebradiços (MOHAMMED, 2016), porém, podem ser potencialmente explorados como parentais em cruzamentos, tanto para obter ganho de TMS e contribuir na geração de genótipos para a indústria do processamento, quanto na seleção para FT e serem alocados dentro de um segmento específico.

Gopal e Minocha (1997) relataram que estudos de divergência genética têm o potencial de contribuir significativamente na seleção de grupos de genitores para gerar progênie heterótica. A integração das informações de parentesco com os caracteres morfológicos e agrônômicos na análise de agrupamento permite a identificação de grupos para futuros cruzamentos e ciclos de seleção, com o objetivo de obter genótipos diferenciados para cada mercado-alvo.

Figura 3- Coeficientes de parentesco (CP) entre e dentro de grupos gerados pelo método de otimização de Tocher na safra de inverno e verão para cada tipo de aptidão.



Aptidão por safra: Inverno A, C e E para *in natura*, *chips* e *pré-fritas* respectivamente; Verão B, D e F para *in natura*, *chips* e *pré-fritas* respectivamente.

Fonte: Do autor (2023)

4 CONCLUSÕES

Os resultados deste estudo indicaram a presença de uma ampla diversidade genética entre os genótipos de batata avaliados em termos de caracteres morfológicos e agronômicos.

Os genótipos 32, 62, 71, 73, 76, 85, 125, 131 e 133 devem ser avaliados em programas de seleção e cruzamentos, pois são promissores para melhorar as características de qualidade dos tubérculos e gerar possíveis aumentos de produtividade.

Observou-se que tanto a variabilidade genética nos genótipos da batata quanto as condições ambientais em cada safra, bem como sua possível interação, desempenharam um papel relevante na modificação dos padrões de agrupamento.

REFERÊNCIAS

- AGUILERA, J. G.; MARIM, B. G.; SETOTAW, T. A.; ZUFFO, A. M.; NICK, C.; DA SILVA, D. J. H. The combination of data as a strategy to determine the diversity of tomato subsamples. **Amazonian Journal of Plant Research**, v. 3, n. 1, p. 276–289, 2019. doi: 10.26545/ajpr.2019.b00035x.
- AMADEU, R.; FERRAO, L.; CELLON, C.; LARA, L.; RESENDE, M.; OLIVEIRA, I.; MUNOZ, P.; GARCIA, A. Package “AGHmatrix”. Relationship Matrices for Diploid and Autopolyploid Species, 2022.
- AMADEU, R. R.; CELLON, C.; OLMSTEAD, J. W.; GARCIA, A. A. F.; RESENDE, M. F. R.; MUÑOZ, P. R. AGHmatrix: R Package to Construct Relationship Matrices for Autotetraploid and Diploid Species: A Blueberry Example. **The Plant Genome**, v. 9, n. 3, 2016. doi: 10.3835/PLANTGENOME2016.01.0009.
- ARAÚJO, T. H.; PÁDUA, J. G.; SPOTO, M. H.; ORTIZ, V. D.; MARGOSSIAN, P. L.; DIAS, C. T.; MELO, P. C. T. Productivity and quality of potato cultivars for processing as shoestrings and chips. **Horticultura Brasileira**, v. 34, n. 4, p. 554–560, 2016. doi: 10.1590/S0102-053620160415.
- ARSLANOGLU, F.; AYTAC, S.; KARACA ONER, E. Morphological characterization of the local potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes collected from the Eastern Black Sea region of Turkey. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 6, p. 922–932, 2011. doi: 10.5897/AJB10.1602.
- ASSIS, C. J. **Resistência de clones de batata à podridão-mole (*Erwinia carotovora* subsp. *carotovora*)**. 2007. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.
- AZEVEDO, A. M. Package “MultivariateAnalysis”. Pacote Para Analise Multivariada, 2022.
- AZEVEDO, A. M.; JÚNIOR, V. C. de A.; OLIVEIRA, C.; FERNANDES, J.; PEDROSA, C.; DORNAS, M. F.; BÁRBARA M DE C E CASTRO. Seleção de genótipos de alface para cultivo protegido: divergência genética e importância de caracteres. **Horticultura Brasileira**, v. 31, n. 2, p. 260–265, 2013.
- BASHIR, I.; NARDINO, M.; CAROLINE, .; CASTRO, M.; HEIDEN, G. Genotypic response and selection of potato germplasm under heat stress. **Potato Research**, v. 66, p. 85–104, 2023. doi: 10.1007/s11540-022-09573-w.
- BASTOS, R. A. J. **Caracteres agronômicos e trocas gasosas na identificação de genótipos de batata tolerantes ao calor**. 2019. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2019.
- BENITES, G. F. R. **Seleção recorrente em batata visando tolerância ao calor**. 2007. Tese Doutorado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.
- BORÉM, A.; NICK, C. **Batata: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2017.
- CAVALLIN, I. C. **Respostas de clones de batata ao armazenamento em baixas temperaturas e ao acondicionamento**. 2016. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.
- COLE-RODGERS, P.; SMITH, D. W.; BOSLAND, P. W. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using capsicum as an example. **Crop Science**, v. 37, p. 1000–1002, 1997. doi: <http://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183x003700030050x>.

CRUZ, C.; FERREIRA, F.; PESSONI, L. **Biometria Aplicada ao Estudo Da Diversidade Genética**. 2. ed. Viçosa -MG: Universidade Federal de Viçosa UFV; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais -FAPEMIG, 2020.

DE HAAN, S.; BURGOS, G.; LIRIA, R.; RODRIGUEZ, F.; CREED-KANASHIRO, H. M.; BONIERBALE, M. The Nutritional Contribution of Potato Varietal Diversity in Andean Food Systems: a Case Study. **American Journal of Potato Research**, v. 96, n. 2, p. 151–163, 2019. doi: 10.1007/s12230-018-09707-2.

DEVAUX, A.; GOFFART, J. P.; KROMANN, P.; ANDRADE-PIEDRA, J.; POLAR, V.; HAREAU, G. The Potato of the Future: Opportunities and Challenges in Sustainable Agri-food Systems. **Potato Research**, v. 64, n. 4, p. 681–720, 2021. doi: 10.1007/S11540-021-09501-4/FIGURES/10.

DEVAUX, A.; KROMANN, P.; ORTIZ, O. Potatoes for Sustainable Global Food Security. **Potato Research**, v. 54, p. 185–199, 2014. doi: 10.1007/s11540-014-9265-1.

DUTTA, S.; CHAKRABORTY, S.; JAYASANKAR REDDY, B.; NAG, S.; NATH, S.; ROUTH, S.; BEHERA, V.; JESUMAHARAJA LAZAR, G.; MONIKA, B.; HIJAM, L.; CHAKRABORTY, M.; KUMAR ROY, S.; CHOUDHURY, A.; HEMBRAM, S.; KANTI DEBNATH, M.; MANDAL, R. Assessment of local potato cultivars found in Cis-Himalayan region of West Bengal through morphology and biochemical profiling. **Biorxiv**, 2022. doi: 10.1101/2022.04.27.489635.

FAOSTAT (Food and Agriculture Organization of the United Nations). (2021). **Crops and livestock products**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>.

FLIS, B.; DOMAŃSKI, L.; ZIMNOCH-GUZOWSKA, E.; POLGAR, Z.; POUSA, S. Á.; PAWLAK, A.; FLIS, B.; DOMAŃSKI, L.; ZIMNOCH-GUZOWSKA, E.; POLGAR, Z.; POUSA, S. Á.; PAWLAK, A. Stability Analysis of Agronomic Traits in Potato Cultivars of Different Origin. **American Journal of Potato Research**, v. 91, p. 404–413, 2014. doi: 10.1007/s12230-013-9364-6.

FRANCINI, A.; SEBASTIANI, L. Abiotic Stress Effects on Performance of Horticultural Crops. **Horticulturae**, v. 5, n. 4, p. 67. 2019. doi: 10.3390/horticulturae5040067.

GARCIA-VALLVÉ, S.; PUIGBÒ, P. **DendroUPGMA**: A dendrogram construction utility D-UPGMA, Biochemistry and Biotechnology Department. Rovira i Virgili University, Tarragona, Spain. 2002. Disponível em: <http://genomes.urv.cat/UPGMA/>.

GENET, R. A. Potatoes-the quest for processing quality. **Proceedings Agronomy Society**, v. 22, 1992.

GHEBRESLASSIE, B. M.; GITHIRI, S. M.; M., T.; KASILI, R. W. Morphological Diversity of Farmers' and Improved Potato (*Solanum tuberosum*) Cultivars Growing in Eritrea. **Journal of Plant Studies**, v. 5, n. 2, p. 63, 2016. doi: 10.5539/jps.v5n2p63.

GILMOUR, A. R. **Echidna Mixed Model Software**. Disponível em: <https://www.echidnamms.org/>, 2021.

GOLOVKO, T. K.; TABALENKOVA, G. N. Source–Sink Relationships in Potato Plants. **Russian Journal of Plant Physiology**, v. 66, n. 4, p. 313–320, 2019. doi: 10.1134/S1021443719030051.

GOMEZ, R. Guía para las Caracterizaciones Morfológicas Básicas en Colecciones de Papas Nativas. Lima: [s. n.], 2000. 28p.

GOPAL, J. Challenges and Way-forward in Selection of Superior Parents, Crosses and Clones in Potato Breeding. **Potato Research**, v. 58, p. 165–188, 2015. doi: 10.1007/s11540-015-9292-6.

GOPAL, J.; OYAMA, K. Genetic base of Indian potato selections as revealed by pedigree analysis. **Euphytica**, v. 142, n. 1–2, p. 23–31, jan. 2005. doi: 10.1007/s10681-005-0448-3.

GRAEBNER, R. C.; HAYNES, K.; CHARLTON, B. A.; YILMA, S.; VIDYASAGAR SATHUVALLI, . Evaluation of yield and quality traits in Russet-Chipper and 4x-2x crosses in potato (*Solanum tuberosum* L.). **American Journal of Potato Research**, 2022. doi: 10.1007/s12230-021-09858-9.

GUEDES, M. L. **Seleção de clones de batata para aparência de tubérculos e resistência aos vírus PVX e PVY**. 2014. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

GUEDES, M. L.; ANDRADE, M. H. M. L.; CHAGAS, R. R.; CARVALHO, R. P.; FERNANDES FILHO, C. C.; PINTO, C. A. B. P. Escalas diagramáticas para avaliação do fenótipo de tubérculos de batata. *Cultura Agronômica: Revista de Ciências Agrônomicas*, v. 29, n. 2, p. 274–288, 2020. doi: 10.32929/2446-8355.2020v29n2p274-288.

HAAN, S.; BURGOS, G.; LIRIA, R.; RODRIGUEZ, F.; CREED-KANASHIRO, H. M.; BONIERBALE, M. The Nutritional Contribution of Potato Varietal Diversity in Andean Food Systems: a Case Study. **American Journal of Potato Research**, v. 96, p. 151–163, 2019. doi: 10.1007/s12230-018-09707-2.

HASANUZZAMAN, M.; BORHANNUDDIN BHUYAN, M. H. M.; ZULFIQAR, F.; RAZA, A.; MOHSIN, S. M.; AL MAHMUD, J.; FUJITA, M.; FOTOPOULOS, V. Reactive Oxygen Species and Antioxidant Defense in Plants under Abiotic Stress: Revisiting the Crucial Role of a Universal Defense Regulator. **Antioxidants**, v. 9, 2020. doi: 10.3390/antiox9080681.

HASTILESTARI, B. R.; LORENZ, J.; REID, S.; HOFMANN, J.; PSCHIEDT, D.; SONNEWALD, U.; SONNEWALD, S. Deciphering source and sink responses of potato plants (*Solanum tuberosum* L.) to elevated temperatures. **Plant, Cell & Environment**, v. 41, n. 11, p. 2600–2616, 2018. doi: 10.1111/PCE.13366.

HUAMÁN, Z. **Descriptores morfológicos de la papa (*Solanum tuberosum* L.)**. [s.l.] Centro de Conservación de la Biodiversidad Agrícola de Tenerife, 2008.

HUSSEN, E. S. Review on Genetic Variation in Potato (*Solanum tuberosum* L.) for Processing Quality Traits. **Journal of Natural Sciences Research**, v. 9, n. 12, 2019. doi: 10.7176/JNSR.

IBPGR. **Minimum List of Characteristics Of Potato Varieties**. Rome: International Board For Plant Genetic Resources, 1985.

JANSKY, S. H.; SPOONER, D. M. The Evolution of Potato Breeding. **Plant Breeding Reviews**, v. 41, p. 169–214, 28 dez. 2017. doi: 10.1002/9781119414735.CH4.

KRAVCHENKO, N. V. Manifestation of the average mass of commercial tubers in interspecific hybrids of potatoes, their backcrosses depending on the place and years of the test. *Bulletin of Sumy National Agrarian University. The series: Agronomy and Biology*, n. 4(38), p. 22–29, 25 dez. 2019. doi: 10.32845/agrobio.2019.4.4.

KUMARI, M.; KUMAR, M.; SOLANKEY, S. Breeding Potato for Quality Improvement. Em: **Potato: From Incas to All Over the World**. [s.l.] IntechOpen, 06 jun. 2018. doi:10.5772/intechopen.71482.

- LAL, M. K.; TIWARI, R. K.; KUMAR, A.; DEY, A.; KUMAR, R.; KUMAR, D.; JAISWAL, A.; CHANGAN, S. S.; RAIGOND, P.; DUTT, S.; LUTHRA, S. K.; MANDAL, S.; SINGH, M. P.; PAUL, V.; SINGH, B. Mechanistic Concept of Physiological, Biochemical, and Molecular Responses of the Potato Crop to Heat and Drought Stress. **Plants**, v. 11, n. 21, p. 2857.1 2022. doi: 10.3390/plants11212857.
- LAMBER, E. de S.; PINTO, B. P. A. C.; CICERO, M. B. Potato improvement for tropical conditions: I. Analysis of stability. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 129–135, 2006.
- LAZAREVIĆ, B.; CAROVIĆ-STANKO, K.; SAFNER, T.; POLJAK, M. Study of High-Temperature-Induced Morphological and Physiological Changes in Potato Using Nondestructive Plant Phenotyping. **Plants**, v. 11, n. 24, p. 3534, 1 dez. 2022. doi: 10.3390/PLANTS11243534/S1.
- LENARTOWICZ, T.; PIEPHO, H.-P.; PRZYSTALSKI, M. Stability Analysis of Tuber Yield and Starch Yield in Mid-Late and Late Maturing Starch Cultivars of Potato (*Solanum tuberosum*). **Potato Research**, v. 63, p. 179–197, 2020. doi: 10.1007/s11540-019-09434-z.
- LI, Z.; VICKREY, T. L.; MCNALLY, M. G.; SATO, S. J.; CLEMENTE, T. E.; MOWER, J. P. Assessing Anthocyanin Biosynthesis in Solanaceae as a Model Pathway for Secondary Metabolism. **Genes**, v. 10, p. 559, 2019. doi: 10.3390/genes10080559.
- MAHARIJAYA, A.; SYUKUR, M.; SALMA, L. N.; SANUBARY, U. L. Diversity and performance of eight new promising potato (*Solanum tuberosum*) genotypes in garut district, west java, indonesia. **Biodiversitas**, v. 22, n. 5, p. 2848–2858, 2021. doi: 10.13057/biodiv/d220549.
- MAŃKOWSKA, B. D.; ZARZYŃSKA, K.; NASCIMENTO, W. B. Potato (*Solanum tuberosum* L.) Plant Shoot and Root Changes under Abiotic Stresses—Yield Response. **Plants**, v. 11, n. 24, 1 dez. 2022. doi: 10.3390/plants11243568.
- MENESES, J. Introducción al análisis multivariante. Barcelona: FUOC, 2019. 52 p.
- MOHAMMED, W. Specific Gravity, Dry Matter Content, and Starch Content of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Varieties Cultivated in Eastern Ethiopia. **East African Journal of Sciences**, v. 10, n. 2, p. 87-102, 2016.
- MOHAMMED, W. Genotype x environment interaction, stability and coheritability of tuber internal quality traits in potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars in Ethiopia. **African Journal of Food, Agriculture, Nutrition and Development**, v. 17, n. 4, p. 12930–12952, 2017. doi: 10.18697/ajfand.80.16245.
- MOUILLOT, D.; LOISEAU, N.; GRENIÉ, M.; ALGAR, A.C.; ALLEGRA, M.; CADOTTE, W.; CASAJUS, N.; DENELLE, P.; GUÉGUEN, M.; MAIRE, A.; MAITNER, B.; MCGILL, B.J.; MCLEAN, M.; MOUQUET, N.; MUNOZ, F.; THULLER, W.; VILLÉGER, S.; VIOLLE, C.; AUBER, A. The dimensionality and structure of species trait spaces. **Ecology Letters**, v. 24, p. 1988-2009, 2021. doi: 10.1111/ele.13778.
- MOULIN, M. M.; DOS, C.; BENTO, S.; CRISTIANO, A.; JÚNIOR, S.; RODRIGUES, R. Caracterização de acessos de batata-doce baseado em características morfológicas. **Biológicas e Saúde**, v. 4, n. 12, 2014.
- NAING, A. H.; KIM, C. K. Abiotic stress-induced anthocyanins in plants: Their role in tolerance to abiotic stresses. **Physiologia Plantarum**, v. 172, n. 3, p. 1711–1723, 1 jul. 2021. doi: 10.1111/PPL.13373.

- NANBOL, K. K.; OTSANJUGU, A. T. N. The Contribution of Root and Tuber Crops to Food Security: A Review. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 9, n. 4, 28 abr. 2019. doi: 10.17265/2161-6264/2019.04.001.
- NIGUSSIE, H. L.; ANILAY, A. M.; GETIE, M. A.; KASSSA, M. W. Variability and association among tuber yield and yield related traits of potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes in Debre markos district, north west Ethiopia. **Ecological Genetics and Genomics**, v. 28, p. 100180, 2023. doi: 10.1016/J.EGG.2023.100180.
- OBIERO, C. O.; MILROY, S. P.; BELL, R. W. Importance of whole plant dry matter dynamics for potato (*Solanum tuberosum* L.) tuber yield response to an episode of high temperature. **Environmental and Experimental Botany**, v. 162, p. 560-571, 2019. doi: 10.1016/j.envexpbot.2019.04.001.
- OLIVEIRA, D. J. L. S. F.; OTOBONI, M. E. F.; PAVAN, B. E.; ANDRADE, M. I.; VARGAS, P. F. Genetic divergence of sweet potato genotypes based on morpho-agronomic traits. **Horticultura Brasileira**, v. 39, n. 2, p. 229–235, 2021. doi: 10.1590/S0102-0536-20210215.
- OLIVEIRA, L. C. **Avaliação agrônômica e reação de clones de batata à canela preta e podridão mole**. 2011. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.
- PARK, J. S.; PARK, S. J.; KWON, S. Y.; SHIN, A. Y.; MOON, K. B.; PARK, J. M.; CHO, H. S.; PARK, S. U.; JEON, J. H.; KIM, H. S.; LEE, H. J. Temporally distinct regulatory pathways coordinate thermo-responsive storage organ formation in potato. **Cell Reports**, v. 38, n. 13, 29 mar. 2022. doi: 10.1016/j.celrep.2022.110579.
- PEDRI, E. C. M.; HOOGERHEIDE, E. S. S.; TIAGO, A. V.; CARDOSO, E. dos S.; ZORTÉA, K. É. M.; DOS SANTOS, L. L.; WOLF, M. S.; ROSSI, A. A. B. Divergência genética entre etnovariedades de mandioca com base em caracteres agrônômicos quantitativos. **Contribuciones a las Ciencias Sociales**, v. 16, n. 6, p. 3577–3590, n2023. doi: 10.55905/revconv.16n.6-032.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria R Foundation for Statistical Computing, 2021.
- RIVEROS-LOAIZA, L. M.; BENHUR-CARDONA, N.; LOPEZ-KLEINE, L.; SOTO-SEDANO, J. C.; PINZÓN, A. M.; MOSQUERA-VÁSQUEZ, T.; RODA, F. Uncovering anthocyanin diversity in potato landraces (*Solanum tuberosum* L. Phureja) using RNA-seq. **PLoS ONE**, v. 17, n. 9 September, 1 set. 2022. doi: 10.1371/journal.pone.0273982.
- ROCHA, V. P. C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; ORTIZ, A. H. T.; VALENTINI, G.; FERREIRA, R. C. U.; GONÇALVES, T. M.; LACANALLO, G. F.; VIDIGAL FILHO, P. S. Population Structure and Genetic Diversity in Sweet Cassava Accessions in Paraná and Santa Catarina, Brazil. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 38, n. 1, p. 25–38, 2020. doi: 10.1007/s11105-019-01175-0.
- RODRIGUEZ, P. L. Ecophysiology of the potato (*Solanum tuberosum* L.) crop. **Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas**, v. 4, n. 1, p. 97–108, 2010.
- SCHIPPERS, P. A. The relationship between specific gravity and percentage dry matter in potato tubers. **American Potato Journal**, v. 53, 1976.
- SILVA, F.; GONÇALVES, S. T.; PATERNO, G.; PROVETE, D.; VANCINE, MH. Análises Multidimensionais. Em: **Análises ecológicas no R**. [s.l.] Nupeea: Recife, 2022. p. 640. 2022.

- SILVEIRA, C. L.; BRASILEIRO, P. B.; KIST, V.; DAROS, E.; PETERNELLI, L. A. Genetic diversity and coefficient of kinship among potential genitors for obtaining cultivars of energy cane. **Revista Ciência Agronômica** v. 46, n. 2, p. 358–368, 2015. doi: 10.5935/1806-6690.20150015.
- SIMON, G. A.; PINTO, B. P. C. A.; LAMBERT, S. E. A. Seleção de clones de batata resistentes à pinta preta e tolerantes ao calor. **Revista Ceres**, v. 56, n. 1, p. 31–37, 2009.
- SINGH, B.; KUKREJA, S.; GOUTAM, U. Impact of heat stress on potato (*Solanum tuberosum* L.): present scenario and future opportunities. **Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, v. 95, n. 4, p. 407-424, 2020. doi: 10.1080/14620316.2019.1700173.
- SINGH, P.; ARIF, Y.; SIDDIQUI, H.; UPADHYAYA, P.; PICHTEL, J.; HAYAT, S. Critical Factors Responsible for Potato Tuberization. **The Botanical Review**, 2023. doi: 10.1007/s12229-023-09289-7.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The Comparison of Dendrograms by Objective Methods. **Taxon**, v. 11, n. 2, p. 33 – 40, 1962. <https://doi.org/10.2307/1217208>.
- SOTO, J.; MEDINA, T.; AQUINO, Y.; ESTRADA, R. Diversidad genética de papas nativas (*Solanum* spp.) conservadas en cultivares nativos del Perú. **Revista Peruana de Biología**, v. 20, n. 3, 14 mar. 2013.
- SPANOGHE, M.; MARIQUE, T.; NIRSHA, A.; ESNAULT, F.; LANTERBECQ, D. Genetic Diversity Trends in the Cultivated Potato: A Spatiotemporal Overview. **Biology**, v. 11, n. 4, p. 604, 1 abr. 2022. doi: 10.3390/BIOLOGY11040604/S1.
- STRYGINA, K. V.; KOCHETOV, A. V.; KHLESTKINA, E. K. Genetic control of anthocyanin pigmentation of potato tissues. **BMC Genetics**, v. 20, 18 mar. 2019. doi: 10.1186/s12863-019-0728-x.
- SWARUP, S.; CARGILL, E. J.; CROSBY, K.; FLAGEL, L.; KNISKERN, J.; GLENN, K. C. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. **Crop Science**, v. 61, p. 839– 852, 2021. doi: 10.1002/csc2.20377.
- TEIXEIRA, L. A. **Avaliação de clones de batata tolerantes ao calor**. 2009. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.
- TEMESGEN, B. Role and economic importance of crop genetic diversity in food security. **International Journal of Agricultural Science and Food Technology**, v. 71, n. 1, p. 164–169, 2021. doi: 10.17352/2455-815x.000104.
- TESSEMA, L.; MOHAMMED, W.; ABEBE, T. Evaluation of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Varieties for Yield and Some Agronomic Traits. **Open Agriculture**, v. 5, n. 1, p. 63–74, 2020. doi: 10.1515/OPAG-2020-0006.
- THORNTON, M.; OLSEN, N.; LIANG, X. Physiological Disorders. In: STARK, J.C.; M. THORNTON, M.; Nolte, P, (Eds.). **Potato Production Systems**. Springer International Publishing, 2020. p. 447-478. *E-book*, Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-030-39157-7_14
- TORRES, P. A. J. Avanços no programa de melhoramento de batata da ufla visando tolerância ao calor. 2016. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.
- WANG, J.; HOU, L.; WANG, R. yu; HE, M. miao; LIU, Q. chang. Genetic diversity and population structure of 288 potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasms revealed by SSR and

AFLP markers. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 16, n. 11, p. 2434–2443, 1 nov. 2017. doi: 10.1016/S2095-3119(16)61619-2.

WAYUMBA, B. O.; CHOI, H. S.; SEOK, L. Y. Selection and evaluation of 21 potato (*Solanum tuberosum*) breeding clones for cold chip processing. **Foods**, v. 8, n. 3, 1 mar. 2019. doi: 10.3390/foods8030098.

WIBOWO, N. A.; MARTONO, B. The Diversity and Classification of Tea Germplasm Based on Morpho-Agronomic Characteristics. *In: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1, **Anais [...]**IOP Publishing Ltd, 2022. doi: 10.1088/1755-1315/985/1/012008.

WICKHAM, H.; CHANG, W.; HENRY, L.; PEDERSEN, T.; TAKAHASHI, K.; WILKE, C.; WOO, K.; YUTANI, H.; DUNNINGTON, D. **Package “ggplot2”**. Create Elegant Data Visualisations Using the Grammar of Graphics, 2023.

ZELEKE, A. A.; ABEBE, T. D.; GETAHUN, B. B. Estimation of Genetic Variability, Heritability and Genetic Advance in Potato (*Solanum tuberosum* L.) Genotypes for Tuber Yield and Yield Related Traits. **Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology**, v. 9, n. 12, p. 2124–2130, 24 dez. 2021. doi: 10.24925/TURJAF.V9I12.2124-2130.4301.

ZHANG, H.; XU, F.; WU, Y.; HU, H. hai; DAI, X. feng. Progress of potato staple food research and industry development in China. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 16, n. 12, p. 2924–2932, 1 dez. 2017. doi: 10.1016/S2095-3119(17)61736-2.

ZHAO, L.; ZOU, M.; DENG, K.; XIA, C.; JIANG, S.; ZHANG, C.; MA, Y.; DONG, X.; HE, M.; NA, T.; WANG, J.; XIA, Z.; WANG, F. Insights into the genetic determination of tuber shape and eye depth in potato natural population based on autotetraploid potato genome. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, 2023. doi: 10.3389/fpls.2023.1080666.

ZHOU, J.; LI, K.; LI, Y.; LI, M.; GUO, H. Responses of Aerial and Belowground Parts of Different Potato (*Solanum tuberosum* L.) Cultivars to Heat Stress. **Plants**, v. 12, n. 4, p. 818, 1 fev. 2023. doi: 10.3390/PLANTS12040818/S1.

ZUUR, A. F.; LENO, E. N.; SMITH, G. M. Principal coordinate analysis and non-metric multidimensional scaling. *In: Analysing Ecological Data*, Statistics for Biology and Health. Springer, New York p. 259–264, 28 ago. 2007. doi: 10.1007/978-0-387-45972-1_15.

APÊNDICES

Apêndice A – Genealogia dos clones avaliados (Continua)

ID	Mãe	Pai	ID	Mãe	Pai
XY10	0	0	RVS20-06	0	ESL09-04
FONTANE	0	0	KARLENA	0	0
SINORA	0	0	GBA02-08	CHIQUITA	KARLENA
NES01-08	MONALISA	CHIQUITA	XY14	0	0
CBM09-28	BARAKA	LT9	BZURA	0	0
CMA217	OAS03-30	JUG02-20	XY2	BZURA	LT7
CBM09-10	BARAKA	LT9	OAS02-103	XY2	XY14
CBM19-11	LT8	BARAKA	RVS10-06	0	ESL05-05
CMA413	OAS03-30	JUG02-20	ESL05-05	PI-279291-12	APUA
CMA192	OAS03-30	JUG02-20	RVS10-09	0	ESL05-05
CMA300	OAS03-30	JUG02-20	PRM461	CFK69.1	I853
CMA146	OAS03-30	JUG02-20	CBM26-22	LT8	EPAMIG76-0580
CMA314	OAS03-30	JUG02-20	CFK69.1	0	0
ESL13-24	PI-279291-12	APUA	PRM466	CFK69.1	I853
IBITU	0	0	CBM22-10	LT9	EPAMIG76-0580
CMA141	OAS03-30	JUG02-20	PRM516	ARACY	I853
CMA270	OAS03-30	JUG02-20	GOVERNSTEIN	0	0
ANA	0	0	CBM07-12	LT7	EPAMIG76-0580
MONDIAL	0	0	SR105-08	CBM22-19	CBM02-06
CMA346	OAS03-30	JUG02-20	SR104-01	CBM04-16	CBM03-26
CMA37	OAS03-30	JUG02-20	CUPIDO	0	0
CMA399	OAS03-30	JUG02-20	CBM04-48	BARONESA	LT7
CBM11-03	ITARARE	ARACY	CAESAR	0	0
SR106-11	CBM04-16	CBM11-03	SR250-02	CBM16-16	ESL02-18
SR235-06	ESL09-04	SR105-08	ESL09-04	PI-279291-12	APUA
SR107-40	CBM16-16	ATLANTIC	SR235-05	ESL09-04	SR105-08

Apêndice A – Genealogia dos clones avaliados (Continua).

ID	Mãe	Pai	ID	Mãe	Pai
SR110-02	CHIQUITA	CBM16-16	SR104-19	CBM04-16	CBM03-26
SR221-02	ESL02-18	SR110-02	MARKIES	0	0
VOYAGER	0	0	CBM07-38	LT7	EPAMIG76-0580
CBM07-78	EPAMIG76-0580	LT7	DESIREE	0	0
CLAUSTAR	0	0	CBM05-08	DTO28	DESIREE
MS91.18	0	0	CBM02-06	LT7	ARACY
I853	0	0	SR111-03	CBM02-06	CBM03-26
PRM530	I853	MS91.18	NATURELA	0	0
C83.119	0	0	575049	0	0
XY4	LT8	C83.119	XY13	LT8	575049
JUG06-08	XY9	XY4	JUG02-20	XY9	XY13
C83.551	0	0	Y84.007	0	0
XY19	LT8	C83.551	ATLANTIC	0	0
JUG05-11	XY9	XY19	XY9	ATLANTIC	Y84.007
AVRDC-1287.19	0	0	OAS03-30	XY9	XY10
XY17	LT8	AVRDC-1287.19	CHIQUITA	0	0
JUG03-25	XY17	XY9	PI-229895-1	0	0
CBM02-21	LT7	ARACY	ESL58	PI-229895-1	CHIQUITA
VIVALDI	0	0	RVS06-37	0	ESL58
CBM08-20	BARONESA	DTO28	CBM03-26	DTO28	ITARARE
ONA	0	0	HYDRA	0	0
MONALISA	0	0	RADOSA	0	0
APUA	0	0	EPAMIG76-0580	RADOSA	HYDRA
PI-279291-12	0	0	LT9	0	0
ESL02-18	PI-279291-12	APUA	BARAKA	0	0
CBM04-16	BARONESA	LT7	LT8	0	0

Apêndice A – Genealogia dos clones avaliados (Continua).

ID	Mãe	Pai	ID	Mãe	Pai
DTO28	0	0	CTB16-24	CBM16-16	ESL02-18
ITARARE	0	0	CTB26-13	MONALISA	CBM22-19
BARONESA	0	0	CTB27-38	ASTERIX	CBM22-19
ARACY	0	0	CTB32-11	MONALISA	SR111-03
LT7	0	0	CTB32-26	MONALISA	SR111-03
AGATA	0	0	CTB32-31	MONALISA	SR111-03
ASTERIX	0	0	CTB33-03	MONALISA	SR104-19
CBM02-03	LT7	ARACY	CTB36-17	ONA	CBM08-20
CBM04-02	BARONESA	LT7	CTB39-13	VIVALDI	CBM02-21
CBM11-10	ITARARE	ARACY	DGN24-02	JUG03-25	CHIQUITA
CBM16-16	0	0	DGN39-08	JUG05-11	CHIQUITA
CBM18-10	ARACY	DTO28	DGN51-04	JUG06-08	CHIQUITA
CBM18-11	ARACY	DTO28	DSM24-06	PRM530	CLAUSTAR
CBM19-39	LT8	BARAKA	GMR01-21	MONALISA	CBM07-78
CBM22-19	LT9	EPAMIG76-0580	GMR03-15	VOYAGER	SR221-02
CBM24-06	DTO28	LT9	GMR03-54	VOYAGER	SR221-02
CLO05-03	CBM03-26	RVS06-37	GMR05-04	VOYAGER	SR235-05
CMA031	OAS03-30	JUG02-20	GMR10-27	MARKIES	SR250-02
CMA085	OAS03-30	JUG02-20	GMR12-02	MARKIES	CBM22-19
CMA194	OAS03-30	JUG02-20	GMR12-10	MARKIES	CBM22-19
CMA347	OAS03-30	JUG02-20	GMR12-23	MARKIES	CBM22-19
CMA370	OAS03-30	JUG02-20	GMR13-48	MARKIES	CBM07-78
CMA385	OAS03-30	JUG02-20	GMR15-38	VIVALDI	CBM22-19
CTB03-02	NATURELA	SR111-03	GMR16-57	VIVALDI	SR250-02
CTB09-22	CBM05-08	CBM07-38	GMR22-35	CAESAR	CBM04-48
CTB11-26	MARKIES	SR104-19	GMR24-15	CUPIDO	SR250-02

Apêndice A – Genealogia dos clones avaliados (Continua).

ID	Mãe	Pai	ID	Mãe	Pai
GRO01-03	SR104-01	SR104-19	IRF06-46	SR107-40	SR235-06
GRO02-06	SR104-01	SR105-08	IRF07-33	SR107-04	CBM22-19
GRO14-14	CBM07-12	GOVERNSTEIN	IRF07-61	SR107-04	CBM22-19
GSI01-17	PRM516	CBM22-10	IRF09-18	SR257-02	SR250-04
GSI05-10	PRM466	CBM26-22	IRF09-44	SR257-02	SR250-04
GSI05-33	PRM466	CBM26-22	IRF10-24	SR250-02	CBM22-19
GSI11-04	PRM461	CBM03-26	IRF10-44	SR250-02	CBM22-19
IND01-50	RVS10-09	RVS10-06	IRF10-55	SR250-02	CBM22-19
IND02-37	JUG02-20	RVS10-09	IRF13-02	SR107-40	SR235-05
IND02-44	JUG02-20	RVS10-09	IRF14-31	SR250-02	SR235-05
IND02-58	JUG02-20	RVS10-09	IRF31-05	CBM24-06	SR235-05
IND04-22	OAS02-103	GBA02-08	MLG01-02	CMA399	MONALISA
IND07-53	ATLANTIC	DESIREE	MLG01-06	CMA399	MONALISA
IND07-59	ATLANTIC	DESIREE	MLG02-12	CMA385	MONALISA
IND08-47	OAS02-103	RVS20-06	MLG03-03	CMA370	MONALISA
IRF01-08	SR107-04	CBM07-78	MLG04-11	CMA37	MONALISA
IRF01-41	SR107-04	CBM07-78	MLG05-01	CMA399	CAESAR
IRF01-52	SR107-04	CBM07-78	MLG05-09	CMA399	CAESAR
IRF01-83	SR107-04	CBM07-78	MLG09-03	CMA346	CAESAR
IRF01-96	SR107-04	CBM07-78	MLG15-01	CMA385	MONDIAL
IRF02-12	SR250-02	CBM07-78	MLG17-48	CMA370	ANA
IRF02-46	SR250-02	CBM07-78	MLG22-23	CMA270	ANA
IRF02-68	SR250-02	CBM07-78	MLG22-34	CMA270	ANA
IRF02-71	SR250-02	CBM07-78	MLG23-19	CMA346	ANA
IRF02-91	SR250-02	CBM07-78	MLG23-33	CMA346	ANA
IRF06-104	SR107-40	SR235-06	MLG24-36	CMA141	ANA

Apêndice A – Genealogia dos clones avaliados (Conclusão).

ID	Mãe	Pai	ID	Mãe	Pai
NES08-74	MONALISA	IBITU	TSB06-08	CMA192	ANA
NES08-78	MONALISA	IBITU	TSB07-04	CBM22-19	ANA
RVS24-09	0	ESL13-24	TSB07-05	CBM22-19	ANA
SR104-03	CBM22-19	CBM11-03	TSB07-07	CBM22-19	ANA
SR106-14	CBM04-16	CBM11-03	TSB08-04	CMA413	ANA
SR107-08	CBM16-16	ATLANTIC	TSB08-12	CMA413	ANA
SR230-03	SR235-06	CBM07-78	TSB10-03	CBM19-11	ANA
SR250-04	CBM16-16	ESL02-18	TSB10-05	CBM19-11	ANA
SR257-02	SR105-08	SR106-11	TSB10-08	CBM19-11	ANA
SR257-11	SR105-08	SR106-11	TSB10-11	CBM19-11	ANA
SR304-30	CBM24-06	SR250-02	TSB10-13	CBM19-11	ANA
SR310-04	SR250-02	CBM22-19	TSB11-04	CBM09-10	ANA
SR312-06	SR257-02	SR250-02	TSB11-18	CBM09-10	ANA
SR317-04	CBM04-48	SR250-04	TSB11-25	CBM09-10	ANA
SR317-09	CBM04-48	SR250-04	TSB12-06	CMA217	ANA
SR332-09	CBM04-48	CBM07-78	TSB12-16	CMA217	ANA
SR332-16	CBM04-48	CBM07-78	TSB13-16	CBM09-28	ANA
TSB02-07	CMA314	ANA	TSB13-22	CBM09-28	ANA
TSB03-10	CMA146	ANA	VNS01-09	NES01-08	SINORA
TSB03-11	CMA146	ANA	VNS01-17	NES01-08	SINORA
TSB04-05	CMA300	ANA	VNS02-03	NES01-08	FONTANE

Apêndice B– Média dos clones avaliados na safra de inverno em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Continua).

Código	Clone	TMS	MMTG	PG	PTT	FT	PD	Aptidão
1	AGATA	19.1	93.7	55.4	8.7	3.5	0	<i>In-natura</i>
2	ASTERIX	20.5	159.5	81.4	19.8	4.5	36	<i>In-natura</i>
3	CBM02-03	23.3	114.3	82.0	22.2	3.0	25	Outra
4	CBM04-02	17.9	165.9	96.6	41.4	4.0	17	<i>In-natura</i>
5	CBM11-10	19.4	130.6	88.9	17.7	3.0	0	<i>In-natura</i>
6	CBM16-16	21.2	131.4	85.1	35.6	3.5	0	Pré-fritas
7	CBM18-10	20.9	97.5	58.3	14.5	3.5	8	Pré-fritas
8	CBM18-11	20.5	113.0	76.2	13.7	4.0	0	<i>In-natura</i>
9	CBM19-39	20.6	138.8	51.9	11.5	3.0	0	Pré-fritas
10	CBM22-19	20.5	118.2	64.5	23.2	4.0	0	<i>In-natura</i>
11	CBM24-06	19.4	117.1	83.5	16.8	2.5	0	Outra
12	CLO05-03	28.1	232.6	96.7	60.4	4.0	9	Outra
13	CMA031	19.1	187.4	95.2	21.3	2.0	0	Outra
14	CMA085	18.0	227.1	92.3	20.6	3.0	9	<i>In-natura</i>
15	CMA194	18.9	119.6	67.5	14.7	2.0	0	Outra
16	CMA347	22.2	132.2	84.2	22.4	5.0	0	Pré-fritas
17	CMA370	21.1	162.2	85.8	33.8	3.5	17	Pré-fritas
18	CMA385	19.7	164.7	93.9	24.5	2.0	28	Outra
19	CTB03-02	20.6	122.4	55.0	14.7	4.0	0	Pré-fritas
20	CTB09-22	22.0	119.8	81.3	17.7	4.0	0	Pré-fritas
21	CTB11-26	20.3	155.8	86.1	19.6	3.0	22	<i>In-natura</i>
22	CTB16-24	22.6	148.4	90.0	23.6	3.5	0	Pré-fritas
23	CTB26-13	21.8	1.5	4.5	11.9	3.0	0	Pré-fritas
24	CTB27-38	23.3	167.3	82.8	25.6	2.0	8	Chips
25	CTB32-11	19.8	90.1	32.3	16.3	3.5	0	<i>In-natura</i>
26	CTB32-26	21.2	96.8	28.4	5.9	2.0	0	Outra
27	CTB32-31	20.4	111.1	73.8	17.5	4.0	0	<i>In-natura</i>
28	CTB33-03	20.8	126.0	81.6	23.1	3.5	0	Pré-fritas
29	CTB36-17	21.3	120.6	79.8	11.8	2.0	21	Outra
30	CTB39-13	20.6	101.8	76.6	14.8	2.5	0	Outra
31	DGN24-02	21.9	239.5	98.0	65.5	4.0	3	Pré-fritas
32	DGN39-08	20.4	154.5	82.9	38.3	5.0	0	<i>In-natura</i>
33	DGN51-04	24.8	177.3	59.1	51.1	4.0	17	Outra
34	DSM24-06	21.3	156.9	92.2	30.4	3.0	4	Pré-fritas
35	GMR01-21	20.0	120.7	76.2	23.2	3.5	0	<i>In-natura</i>
36	GMR03-15	19.4	168.2	83.8	33.1	3.5	23	<i>In-natura</i>

Apêndice B– Média dos clones avaliados na safra de inverno em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Continua).

Código	Clone	TMS	MMTG	PG	PTT	FT	PD	Aptidão
37	GMR03-54	20.1	150.1	86.7	29.3	4.0	0	<i>In-natura</i>
38	GMR05-04	19.3	107.5	55.7	13.9	3.0	0	<i>In-natura</i>
39	GMR10-27	21.1	153.2	75.1	19.8	3.5	0	Pré-fritas
40	GMR12-02	18.8	257.1	91.0	53.0	4.0	26	<i>In-natura</i>
41	GMR12-10	21.0	126.4	65.4	26.7	5.0	0	Pré-fritas
42	GMR12-23	22.6	104.4	56.2	6.2	3.0	14	Pré-fritas
43	GMR13-48	22.7	162.3	83.4	10.2	3.0	0	Pré-fritas
44	GMR15-38	21.4	138.4	83.8	35.4	4.0	0	Pré-fritas
45	GMR16-57	21.7	95.0	55.7	7.4	2.0	0	Outra
46	GMR22-35	22.0	94.9	48.9	8.6	3.0	0	Pré-fritas
47	GMR24-15	21.3	145.4	92.8	35.8	2.0	0	Outra
48	GRO01-03	20.0	148.4	85.5	30.9	3.0	0	<i>In-natura</i>
49	GRO02-06	20.6	78.9	27.6	3.0	1.5	0	Outra
50	GRO14-14	24.0	103.6	45.2	6.1	3.0	1	Outra
51	GSI01-17	21.5	125.1	85.6	40.5	3.0	13	Pré-fritas
52	GSI05-10	20.1	115.6	65.4	17.0	3.0	0	<i>In-natura</i>
53	GSI05-33	20.9	130.8	79.1	28.5	3.0	0	Pré-fritas
54	GSI11-04	22.4	117.9	37.3	15.0	4.0	4	Pré-fritas
55	IND01-50	19.8	117.1	74.5	11.3	3.0	14	<i>In-natura</i>
56	IND02-37	21.5	234.6	99.3	29.6	3.0	0	Pré-fritas
57	IND02-44	20.0	109.5	73.7	24.2	2.0	8	Outra
58	IND02-58	21.1	107.3	82.9	25.7	2.0	0	Outra
59	IND04-22	28.0	147.6	89.1	29.3	3.0	22	Outra
60	IND07-53	23.1	135.3	75.9	22.5	3.5	0	Outra
61	IND07-59	20.5	190.4	97.9	39.4	3.0	12	<i>In-natura</i>
62	IND08-47	21.4	143.0	82.4	37.5	3.0	0	Pré-fritas
63	IRF01-08	22.3	102.9	56.6	15.0	3.5	0	Pré-fritas
64	IRF01-41	19.6	98.6	70.7	15.5	2.0	10	<i>In-natura</i>
65	IRF01-52	20.7	124.9	87.8	22.8	2.0	0	<i>In-natura</i>
66	IRF01-83	28.5	94.5	70.8	17.6	2.0	0	Chips
67	IRF01-96	18.4	138.4	82.0	20.0	2.0	0	Outra
68	IRF02-12	21.2	91.8	51.5	20.0	3.0	0	Pré-fritas
69	IRF02-46	21.7	181.2	98.6	30.7	4.0	14	Pré-fritas
70	IRF02-68	19.6	183.4	89.4	46.2	4.0	6	<i>In-natura</i>
71	IRF02-71	20.4	151.1	93.3	52.6	3.0	1	<i>In-natura</i>
72	IRF02-91	20.5	147.7	85.1	31.8	3.0	22	<i>In-natura</i>

Apêndice B– Média dos clones avaliados na safra de inverno em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Continua).

Código	Clone	TMS	MMTG	PG	PTT	FT	PD	Aptidão
73	IRF06-104	21.2	129.7	90.7	41.2	4.0	0	Pré-fritas
74	IRF06-46	22.3	86.9	39.6	13.7	3.0	1	Pré-fritas
75	IRF07-33	25.9	120.8	74.3	18.3	3.0	0	Outra
76	IRF07-61	19.4	137.7	85.6	45.2	4.0	0	<i>In-natura</i>
77	IRF09-18	20.5	126.6	81.8	35.2	3.0	0	<i>In-natura</i>
78	IRF09-44	22.9	116.7	85.5	29.6	2.0	0	Chips
79	IRF10-24	20.3	202.1	86.8	52.6	4.0	11	<i>In-natura</i>
80	IRF10-44	21.8	135.6	88.2	30.7	3.0	0	Pré-fritas
81	IRF10-55	21.6	113.4	82.2	20.5	3.0	0	Pré-fritas
82	IRF13-02	19.0	119.1	57.7	16.4	4.0	0	<i>In-natura</i>
83	IRF14-31	23.1	86.8	23.2	6.9	3.0	0	Outra
84	IRF31-05	19.6	193.5	96.7	32.9	3.0	8	<i>In-natura</i>
85	MLG01-02	23.1	295.0	92.6	48.6	3.0	0	Outra
86	MLG01-06	21.6	294.8	93.0	50.3	4.0	15	Pré-fritas
87	MLG02-12	20.7	145.3	89.7	29.4	2.0	33	Outra
88	MLG03-03	23.1	125.7	73.6	25.6	3.0	0	Outra
89	MLG04-11	22.5	223.2	96.8	37.1	4.0	9	Pré-fritas
90	MLG05-01	19.6	233.6	82.1	21.9	4.0	0	<i>In-natura</i>
91	MLG05-09	19.4	178.9	86.1	21.8	4.0	0	<i>In-natura</i>
92	MLG09-03	18.6	99.0	64.4	4.1	4.0	0	<i>In-natura</i>
93	MLG15-01	21.4	124.3	81.3	10.2	4.0	0	Pré-fritas
94	MLG17-48	22.1	163.6	89.8	28.9	3.0	0	Pré-fritas
95	MLG22-23	28.3	154.7	86.0	33.4	4.0	14	Outra
96	MLG22-34	22.7	108.7	96.0	19.7	4.0	0	Pré-fritas
97	MLG23-19	19.5	163.8	94.4	32.6	3.0	1	<i>In-natura</i>
98	MLG23-33	19.5	128.2	64.9	12.4	2.0	0	Outra
99	MLG24-36	22.6	121.5	94.2	18.1	4.0	0	Pré-fritas
100	NES08-74	18.6	120.0	40.9	12.6	3.0	12	<i>In-natura</i>
101	NES08-78	17.5	95.8	29.4	17.9	2.0	6	Outra
102	RVS06-37	18.1	162.6	95.8	19.9	4.0	7	<i>In-natura</i>
103	RVS24-09	21.6	100.9	44.0	10.7	2.0	0	Outra
104	SR104-03	19.4	150.1	89.2	35.2	2.0	3	Outra
105	SR106-14	24.5	73.3	19.3	8.1	3.0	0	Outra
106	SR107-08	20.9	92.1	79.0	15.6	2.0	0	Outra
107	SR230-03	23.2	92.3	40.5	13.7	3.0	0	Outra

Apêndice B– Média dos clones avaliados na safra de inverno em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Conclusão).

Código	Clone	TMS	MMTG	PG	PTT	FT	PD	Aptidão
108	SR230-08	18.2	97.5	52.3	12.6	4.0	0.2	<i>In-natura</i>
109	SR250-04	18.7	103.5	57.4	16.3	4.0	0.4	<i>In-natura</i>
110	SR257-02	20.4	122.5	86.3	9.4	2.0	36.1	Outra
111	SR257-11	20.3	118.4	64.6	15.5	3.0	18.5	<i>In-natura</i>
112	SR304-30	22.4	185.9	95.9	33.9	4.0	0.3	Pré-fritas
113	SR310-04	18.3	137.1	63.3	8.9	3.0	32.1	<i>In-natura</i>
114	SR312-06	20.2	100.5	46.2	6.8	2.0	12.2	Outra
115	SR317-04	19.6	90.1	46.1	15.8	3.0	18.7	<i>In-natura</i>
116	SR317-09	19.3	122.8	70.3	25.3	3.5	13.9	<i>In-natura</i>
117	SR332-09	19.0	84.3	36.6	1.8	2.0	16.2	Outra
118	SR332-16	29.2	105.6	18.1	5.9	2.0	0.5	Chips
119	TSB02-07	18.4	172.7	93.6	56.5	4.0	4.7	<i>In-natura</i>
120	TSB03-10	22.2	182.5	91.2	34.6	4.0	0.5	Pré-fritas
121	TSB03-11	21.8	101.6	35.6	5.9	4.0	0.1	Pré-fritas
122	TSB04-05	17.5	146.0	84.9	26.0	3.0	36.7	<i>In-natura</i>
123	TSB06-08	18.2	202.1	92.9	41.7	4.0	20.2	<i>In-natura</i>
124	TSB07-04	21.0	109.5	85.2	11.4	2.0	8.9	Outra
125	TSB07-05	22.2	206.1	86.7	38.0	3.0	0.4	Pré-fritas
126	TSB07-07	21.4	151.9	91.6	26.7	5.0	8.7	Pré-fritas
127	TSB08-04	21.0	211.2	94.2	65.8	3.0	11.1	Pré-fritas
128	TSB08-12	22.4	149.0	76.5	35.2	4.5	17.1	Pré-fritas
129	TSB10-03	19.0	117.5	80.4	25.8	4.0	6.5	<i>In-natura</i>
130	TSB10-05	19.5	96.8	61.5	19.6	3.0	0.4	<i>In-natura</i>
131	TSB10-08	23.0	191.6	93.6	40.3	4.0	0.5	Outra
132	TSB10-11	17.4	134.0	77.0	22.3	5.0	0.3	<i>In-natura</i>
133	TSB10-13	21.3	114.1	82.3	49.7	4.0	0.3	Pré-fritas
134	TSB11-04	23.8	95.3	31.6	7.9	4.0	0.3	Outra
135	TSB11-18	20.2	109.8	53.3	15.9	4.0	0.2	<i>In-natura</i>
136	TSB11-25	18.1	106.2	39.4	13.5	4.0	24.2	<i>In-natura</i>
137	TSB12-06	19.5	142.8	86.1	24.7	4.0	21.1	<i>In-natura</i>
138	TSB12-16	24.6	238.4	92.1	51.4	4.0	23.9	Outra
139	TSB13-16	20.3	121.9	83.9	19.3	3.0	0.3	<i>In-natura</i>
140	TSB13-22	20.7	141.2	81.4	12.2	3.0	17.5	Pré-fritas
141	VNS01-09	21.1	119.4	50.8	11.6	4.0	0.3	Pré-fritas
142	VNS01-17	19.1	125.4	77.5	18.5	4.0	36.1	<i>In-natura</i>
143	VNS02-03	20.7	102.6	45.8	10.3	3.5	0.1	Pré-fritas

Apêndice C– Média dos clones avaliados na safra de verão em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de grãos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Continua).

Código	Clone	TMS	MMTG	PG	PTT	TMS	FT	PD	Aptidão
1	AGATA	13.6	22.2	10.5	4.9	13.6	2.0	36	<i>In-natura</i>
2	ASTERIX	16.2	79.8	13.5	10.1	16.2	4.7	57	<i>In-natura</i>
3	CBM02-03	15.4	22.2	10.5	5.8	15.4	2.3	23	Outra
4	CBM04-02	14.4	84.9	34.0	8.9	14.4	3.0	26	<i>In-natura</i>
5	CBM11-10	16.0	74.4	15.2	8.4	16.0	3.7	10	<i>In-natura</i>
6	CBM16-16	18.9	53.1	21.9	15.6	18.9	2.0	19	Pré-fritas
7	CBM18-10	14.0	81.4	30.9	9.6	14.0	3.0	23	Pré-fritas
8	CBM18-11	14.9	89.0	29.3	6.8	14.9	2.0	18	<i>In-natura</i>
9	CBM19-39	16.4	83.1	32.1	14.1	16.4	3.3	17	Pré-fritas
10	CBM22-19	13.7	84.9	18.5	15.1	13.7	4.7	58	<i>In-natura</i>
11	CBM24-06	17.5	89.1	46.2	14.7	17.5	3.7	3	Outra
12	CLO05-03	13.3	69.5	17.7	5.5	13.3	2.0	26	Outra
13	CMA031	19.3	89.7	40.5	10.7	19.3	3.3	15	Outra
14	CMA085	18.9	77.9	26.5	11.3	18.9	3.0	43	<i>In-natura</i>
15	CMA194	16.1	33.6	8.7	7.3	16.1	1.7	40	Outra
16	CMA347	17.9	91.8	19.7	6.6	17.9	4.0	17	Pré-fritas
17	CMA370	13.4	74.4	16.1	7.4	13.4	3.0	18	Pré-fritas
18	CMA385	15.1	91.8	36.2	6.7	15.1	2.3	33	Outra
19	CTB03-02	16.7	57.0	16.5	5.6	16.7	3.7	58	Pré-fritas
20	CTB09-22	16.7	74.4	40.5	5.9	16.7	4.0	36	Pré-fritas
21	CTB11-26	15.0	74.4	22.5	6.2	15.0	3.0	18	<i>In-natura</i>
22	CTB16-24	16.7	80.2	27.4	13.0	16.7	4.3	27	Pré-fritas
23	CTB26-13	15.6	90.1	16.6	11.8	15.6	4.3	28	Pré-fritas
24	CTB27-38	14.8	88.3	39.8	13.6	14.8	2.3	21	Chips
25	CTB32-11	17.5	100.5	40.5	17.3	17.5	4.7	35	<i>In-natura</i>
26	CTB32-26	14.1	22.2	10.5	4.6	14.1	3.3	37	Outra
27	CTB32-31	5.8	126.7	26.9	5.5	5.8	4.3	42	<i>In-natura</i>
28	CTB33-03	19.7	57.0	18.0	5.0	19.7	4.3	12	Pré-fritas
29	CTB36-17	14.3	74.4	21.1	7.2	14.3	3.0	19	Outra
30	CTB39-13	15.1	80.2	39.1	8.4	15.1	2.3	0	Outra
31	DGN24-02	16.3	86.0	36.9	8.6	16.3	3.0	55	Pré-fritas
32	DGN39-08	13.5	74.4	18.0	6.9	13.5	3.3	31	<i>In-natura</i>
33	DGN51-04	15.6	86.0	32.5	10.2	15.6	3.3	30	Outra
34	DSM24-06	16.9	81.1	30.9	12.5	16.9	2.3	33	Pré-fritas
35	GMR01-21	16.6	80.2	20.8	10.2	16.6	3.7	7	<i>In-natura</i>
36	GMR03-15	17.3	77.9	27.1	10.6	17.3	3.3	32	<i>In-natura</i>

Apêndice C– Média dos clones avaliados na safra de verão em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Continua).

Código	Clone	TMS	MM	PG	PTT	TMS	FT	PD	Aptidão
37	GMR03-54	16.0	83.1	38.5	12.0	16.0	3.7	9	<i>In-natura</i>
38	GMR05-04	13.5	83.1	25.0	6.5	13.5	4.0	24	<i>In-natura</i>
39	GMR10-27	15.6	91.8	35.8	13.2	15.6	3.3	33	Pré-fritas
40	GMR12-02	14.8	91.8	17.5	8.3	14.8	3.0	33	<i>In-natura</i>
41	GMR12-10	13.8	80.2	24.8	7.9	13.8	4.0	100	Pré-fritas
42	GMR12-23	17.3	116.6	49.7	17.0	17.3	4.3	24	Pré-fritas
43	GMR13-48	19.9	62.0	23.1	12.5	19.9	2.3	20	Pré-fritas
44	GMR15-38	16.0	102.4	31.4	15.0	16.0	4.3	22	Pré-fritas
45	GMR16-57	17.8	105.8	40.5	9.7	17.8	3.3	45	Outra
46	GMR22-35	16.4	74.4	18.0	9.7	16.4	2.3	23	Pré-fritas
47	GMR24-15	14.1	87.5	38.6	7.4	14.1	3.3	18	Outra
48	GRO01-03	15.4	83.1	21.4	13.3	15.4	2.0	13	<i>In-natura</i>
49	GRO02-06	11.1	78.8	34.1	7.5	11.1	3.0	73	Outra
50	GRO14-14	12.6	74.4	15.8	7.8	12.6	3.7	31	Outra
51	GSI01-17	15.1	68.6	18.1	10.6	15.1	1.7	5	Pré-fritas
52	GSI05-10	15.8	74.4	25.5	7.1	15.8	3.0	24	<i>In-natura</i>
53	GSI05-33	16.9	22.2	10.5	3.2	16.9	1.7	60	Pré-fritas
54	GSI11-04	18.2	80.2	21.8	9.9	18.2	4.0	65	Pré-fritas
55	IND01-50	22.5	91.8	34.5	2.0	22.5	2.3	13	<i>In-natura</i>
56	IND02-37	15.8	80.2	30.5	6.2	15.8	2.3	29	Pré-fritas
57	IND02-44	18.0	109.2	35.5	7.0	18.0	2.3	24	Outra
58	IND02-58	16.7	81.4	28.1	11.0	16.7	3.0	23	Outra
59	IND04-22	19.6	83.1	33.2	12.5	19.6	3.0	27	Outra
60	IND07-53	17.2	77.9	33.4	8.9	17.2	3.0	15	Outra
61	IND07-59	19.1	91.8	28.3	10.4	19.1	2.0	15	<i>In-natura</i>
62	IND08-47	18.2	91.8	28.3	8.5	18.2	4.0	45	Pré-fritas
63	IRF01-08	12.3	65.7	27.2	5.2	12.3	2.0	0	Pré-fritas
64	IRF01-41	17.2	91.8	26.9	8.6	17.2	1.7	19	<i>In-natura</i>
65	IRF01-52	15.6	74.4	64.6	4.4	15.6	3.3	50	<i>In-natura</i>
66	IRF01-83	21.0	70.9	27.3	9.2	21.0	3.0	15	Chips
67	IRF01-96	14.7	68.6	29.0	6.2	14.7	3.0	13	Outra
68	IRF02-12	18.7	65.7	23.0	6.2	18.7	3.3	38	Pré-fritas
69	IRF02-46	14.2	87.5	28.5	10.1	14.2	3.7	28	Pré-fritas
70	IRF02-68	16.3	22.2	10.5	4.6	16.3	3.3	38	<i>In-natura</i>
71	IRF02-71	14.7	65.7	20.5	6.4	14.7	4.3	30	<i>In-natura</i>
72	IRF02-91	9.0	74.4	21.4	6.6	9.0	3.0	50	<i>In-natura</i>

Apêndice C– Média dos clones avaliados na safra de verão em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Continua).

Código	Clone	TMS	MM	PG	PTT	TMS	FT	PD	Aptidão
73	IRF06-104	14.6	74.4	33.0	4.5	14.6	3.0	70	Pré-fritas
74	IRF06-46	15.9	88.3	27.7	5.7	15.9	2.0	57	Pré-fritas
75	IRF07-33	15.9	54.1	11.2	6.4	15.9	1.7	12	Outra
76	IRF07-61	17.8	86.1	45.7	24.0	17.8	3.3	21	<i>In-natura</i>
77	IRF09-18	18.8	83.1	28.0	5.9	18.8	4.7	13	<i>In-natura</i>
78	IRF09-44	15.4	22.2	10.5	4.4	15.4	1.7	29	Chips
79	IRF10-24	16.2	91.8	25.5	8.7	16.2	3.7	43	<i>In-natura</i>
80	IRF10-44	14.1	78.4	34.1	8.7	14.1	4.3	23	Pré-fritas
81	IRF10-55	16.0	79.8	33.5	4.8	16.0	3.0	40	Pré-fritas
82	IRF13-02	10.6	22.2	10.5	4.3	10.6	4.3	42	<i>In-natura</i>
83	IRF14-31	15.8	74.4	22.5	6.4	15.8	4.3	70	Outra
84	IRF31-05	14.6	74.4	25.5	4.0	14.6	4.3	33	<i>In-natura</i>
85	MLG01-02	13.5	95.7	44.1	8.9	13.5	4.3	52	Outra
86	MLG01-06	14.2	96.8	34.8	13.5	14.2	4.3	40	Pré-fritas
87	MLG02-12	15.4	74.4	19.5	8.1	15.4	3.0	30	Outra
88	MLG03-03	12.5	97.6	43.0	8.7	12.5	3.3	44	Outra
89	MLG04-11	15.0	78.8	36.9	8.6	15.0	2.0	44	Pré-fritas
90	MLG05-01	16.3	117.9	28.8	8.3	16.3	4.7	21	<i>In-natura</i>
91	MLG05-09	16.1	91.8	35.8	8.9	16.1	4.0	62	<i>In-natura</i>
92	MLG09-03	13.1	22.2	10.5	6.9	13.1	3.7	75	<i>In-natura</i>
93	MLG15-01	16.3	57.0	18.0	4.6	16.3	2.3	13	Pré-fritas
94	MLG17-48	8.5	22.2	10.5	4.1	8.5	3.3	18	Pré-fritas
95	MLG22-23	19.4	121.7	34.5	16.4	19.4	3.0	56	Outra
96	MLG22-34	14.5	74.4	36.2	6.7	14.5	2.3	45	Pré-fritas
97	MLG23-19	13.8	74.4	18.0	6.1	13.8	3.0	19	<i>In-natura</i>
98	MLG23-33	17.8	78.8	31.6	8.2	17.8	3.3	50	Outra
99	MLG24-36	18.9	22.2	10.5	4.3	18.9	3.3	50	Pré-fritas
100	NES08-74	14.3	91.8	21.4	8.6	14.3	3.0	53	<i>In-natura</i>
101	NES08-78	13.9	97.6	37.4	15.5	13.9	3.3	31	Outra
102	RVS06-37	12.1	70.9	19.8	4.4	12.1	4.3	42	<i>In-natura</i>
103	RVS24-09	15.7	77.9	33.4	8.8	15.7	3.3	22	Outra
104	SR104-03	16.5	64.0	30.5	6.5	16.5	3.3	17	Outra
105	SR106-14	19.8	65.7	18.8	8.3	19.8	3.0	45	Outra
106	SR107-08	16.1	126.7	43.3	10.3	16.1	3.0	10	Outra
107	SR230-03	19.3	117.9	24.3	16.2	19.3	2.3	8	Outra

Apêndice C– Média dos clones avaliados na safra de verão em relação a: teor de massa seca (TMS), massa média de tubérculos graúdos (MMTG, g), porcentagem de graúdos (PG), produtividade total de tubérculos (PTT, t ha⁻¹), formato do tubérculo (FT), porcentagem de tubérculos com distúrbio fisiológicos (DF) com sua respectiva aptidão e código de identificação (Conclusão).

Código	Clone	TMS	MM	PG	PTT	TMS	FT	PD	Aptidão
108	SR230-08	15.3	74.4	19.5	5.7	15.3	2.0	20	<i>In-natura</i>
109	SR250-04	15.4	92.4	24.3	13.6	15.4	4.3	17	<i>In-natura</i>
110	SR257-02	14.7	22.2	10.5	3.3	14.7	3.0	40	Outra
111	SR257-11	15.6	92.6	31.0	9.2	15.6	3.3	33	<i>In-natura</i>
112	SR304-30	15.3	87.5	49.7	18.0	15.3	3.7	16	Pré-fritas
113	SR310-04	16.9	77.3	54.4	18.4	16.9	3.3	7	<i>In-natura</i>
114	SR312-06	16.9	65.7	15.3	11.2	16.9	3.0	25	Outra
115	SR317-04	15.6	83.1	19.2	15.6	15.6	3.7	30	<i>In-natura</i>
116	SR317-09	13.9	91.8	25.5	7.0	13.9	2.0	0	<i>In-natura</i>
117	SR332-09	16.1	109.2	25.5	9.2	16.1	3.0	32	Outra
118	SR332-16	18.5	65.7	37.8	6.0	18.5	3.0	27	Chips
119	TSB02-07	16.3	88.9	36.1	10.5	16.3	3.7	48	<i>In-natura</i>
120	TSB03-10	17.2	74.4	20.0	8.1	17.2	4.3	34	Pré-fritas
121	TSB03-11	18.2	22.2	10.5	6.8	18.2	3.3	31	Pré-fritas
122	TSB04-05	15.4	87.5	32.2	14.6	15.4	3.7	12	<i>In-natura</i>
123	TSB06-08	18.5	91.8	38.2	9.4	18.5	3.0	14	<i>In-natura</i>
124	TSB07-04	16.0	94.1	51.0	15.1	16.0	3.0	7	Outra
125	TSB07-05	9.6	22.2	10.5	3.1	9.6	3.0	33	Pré-fritas
126	TSB07-07	15.0	139.7	40.4	6.0	15.0	3.3	50	Pré-fritas
127	TSB08-04	16.5	73.6	21.5	13.2	16.5	3.0	9	Pré-fritas
128	TSB08-12	18.1	77.3	34.3	9.7	18.1	3.3	23	Pré-fritas
129	TSB10-03	17.6	80.2	22.5	9.5	17.6	3.7	30	<i>In-natura</i>
130	TSB10-05	15.8	91.8	26.5	5.0	15.8	3.7	40	<i>In-natura</i>
131	TSB10-08	16.1	22.2	10.5	4.4	16.1	2.3	23	Outra
132	TSB10-11	33.3	22.2	10.5	4.9	33.3	4.3	75	<i>In-natura</i>
133	TSB10-13	17.5	109.2	22.0	6.5	17.5	3.0	0	Pré-fritas
134	TSB11-04	13.7	22.2	10.5	4.7	13.7	4.3	47	Outra
135	TSB11-18	19.1	91.8	44.8	4.5	19.1	4.3	21	<i>In-natura</i>
136	TSB11-25	10.1	33.6	11.6	6.2	10.1	3.3	24	<i>In-natura</i>
137	TSB12-06	19.4	13.1	6.5	5.0	19.4	3.0	29	<i>In-natura</i>
138	TSB12-16	13.5	74.4	29.5	5.5	13.5	3.7	33	Outra
139	TSB13-16	14.3	88.0	59.1	8.3	14.3	2.3	6	<i>In-natura</i>
140	TSB13-22	11.6	22.2	10.5	3.5	11.6	1.3	50	Pré-fritas
141	VNS01-09	15.7	106.3	51.0	8.5	15.7	4.7	67	Pré-fritas
142	VNS01-17	15.7	74.4	16.1	6.9	15.7	5.0	28	<i>In-natura</i>
143	VNS02-03	16.7	74.4	21.1	8.3	16.7	4.3	52	Pré-fritas

Apêndice D– Agrupamento de clones de batata pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agrônômicos na safra de inverno e sua respectiva aptidão.

Grupo	Clones												Aptidão	Grupo	Clones			Aptidão
1	20	60	94	125	140	110	70	81	53	65	37	<i>In-natura</i>	15	1	143	<i>In-natura</i> / Pré-fritas		
	91	15	64	111	13	116	17	104	16	8	108		16	40	123			
	69	106	84	34	58	139	73	48	35	77	44		17	12	138			
	99	4	76	51	18	89	131											
2	5	135	113	126	102	27	52	93	9	54	41	<i>In-natura</i>	19	66	75	Chips		
	82	115	129	39	68	20	2	Chips										
3	26	49	100	92	25	50	141	10	107	121	134	<i>In-natura</i>	21	28	Pré-fritas			
4	56	80	18	36	14	67	<i>In-natura</i> / Pré-fritas	22	31	Pré-fritas								
5	55	124	42	46	90	117	83	23	Chips / <i>In-natura</i> / Pré-fritas	23	43	Outra						
6	97	120	88	21	59	38	22	Chips / <i>In-natura</i> / Pré-fritas	24	63	Outra							
7	11	57	47	112	78	114	24	Chips	25	95	Outra							
8	109	130	142	74	45	19	7	30	<i>In-natura</i>	26	96	Pré-fritas						
9	72	137	122	<i>In-natura</i>	27	98	Outra											
10	85	86	Chips / Pré-fritas	28	105	Chips												
11	6	128	32	119	133	Pré-fritas	29	118	Chips									
12	61	79	71	62	33	<i>In-natura</i>	30	127	Outra									
13	101	103	Outra	31	132	<i>In-natura</i>												
14	3	29	87	Chips	32	136	<i>In-natura</i>											

Apêndice E– Agrupamento de clones de batata pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agrônômicos na safra de verão e sua respectiva aptidão.

Grupo	Clones												Aptidão	Grupo	Clones			Aptidão
1	64	79	69	43	23	51	37	9	97	113	72	134	<i>In-natura</i>	19	45	141	Pré-fritas	
2	47	96	56	19	102	32	98	65	124	67	108	117	<i>In-natura</i>	20	4	39	<i>In-natura</i> / Pré-fritas	
	8	88	91	100	138	49	18	87	21	27	140	<i>In-natura</i> / Pré-fritas						
3	2	35	20	109	80	55	11	58	89	81	21	114	<i>In-natura</i>	22	5	78	Chips / <i>In-natura</i>	
	90	22	115	71	23	66	135	Chips / <i>In-natura</i>										
4	52	130	38	139	111	104	57	16	120	17	143	41	Pré-fritas	24	63	86	Pré-fritas	
	7	54	128	25	60	74	Chips / Pré-fritas											
5	82	94	26	105	29	83	34	30	25	106	Chips	26	10		<i>In-natura</i>			
6	42	112	31	27	28		Pré-fritas											
7	77	142	129	59	46	68	13	<i>In-natura</i>	28	36		<i>In-natura</i>						
8	62	127	103	126	119	75	Pré-fritas	29	40		<i>In-natura</i>							
9	12	15	14	24	44	Chips / <i>In-natura</i> / Pré-fritas	30	76		<i>In-natura</i>								
10	48	85	31	Chips / <i>In-natura</i>	31	93	Pré-fritas											
11	3	70	137	<i>In-natura</i>	32	95	Outra											
12	6	123	33	<i>In-natura</i> , Pré-fritas	33	101	Outra											
13	61	73	84	53	<i>In-natura</i>	34	110	Outra										
14	92	132	<i>In-natura</i>	35	122	<i>In-natura</i>												
15	107	118	Chips	36	131	Outra												
16	50	116	Chips / <i>In-natura</i>	37	133	Pré-fritas												
17	99	121	Pré-fritas	38	136	<i>In-natura</i>												
18	1	125	<i>In-natura</i> / Pré-fritas															

Apêndice F– Médias dos grupos formados pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agronômicos na safra de inverno. Coeficiente de parentesco (CP) entre clones do mesmo grupo e sua respectiva amplitude de variação (Continua).

Caráter	Médias dos grupos (*) formados pelo método de otimização de Tocher															
	1(*)	2(*)	3(*)	4(*)	5(*)	6(*)	7(*)	8(*)	9(*)	10(*)	11(*)	12(*)	13(*)	14(*)	15(*)	16(*)
MM	138.9	124.9	101.4	178.1	104.0	147.3	134.6	103.7	145.5	294.9	144.3	144.3	98.4	98.4	98.2	229.6
PG	83.3	67.4	42.0	89.9	51.4	82.9	80.1	60.2	85.4	92.8	84.1	84.1	36.7	36.7	50.6	92.0
PTT	26.3	17.8	10.0	26.4	10.0	25.6	24.7	14.9	27.5	49.5	43.1	43.1	14.3	14.3	9.5	47.4
TMS	20.6	20.2	21.2	19.8	21.1	22.1	21.4	20.4	19.2	22.4	20.7	20.7	19.6	19.6	19.9	18.5
CL	114.0	112.4	100.6	122.7	107.1	120.2	117.1	102.8	122.1	127.7	110.3	110.3	100.4	100.4	89.9	129.1
FT	2.9	3.0	2.8	2.5	2.4	2.9	2.1	3.0	3.0	3.5	3.8	3.8	2.0	2.0	3.5	4.0
PV	1.4	2.5	3.7	2.7	1.0	1.0	2.0	1.1	1.0	1.0	2.0	2.0	2.5	2.5	1.5	2.5
TP	1.5	1.4	1.5	1.5	1.9	1.6	2.0	3.3	1.3	1.0	1.4	1.4	2.0	2.0	4.0	1.5
CT	1.7	1.9	1.0	2.0	1.9	1.1	1.6	1.1	2.7	1.0	3.2	3.2	2.0	2.0	2.0	3.5
PD	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.7	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	2.0
HC	2.2	2.4	2.5	3.0	1.9	3.0	1.9	3.0	2.0	2.0	2.2	2.2	1.0	1.0	2.0	2.0
CC	1.1	1.9	1.0	1.0	1.0	2.0	2.1	1.9	1.0	1.5	2.0	2.0	4.0	4.0	1.5	2.0
AS	1.0	1.2	1.4	1.0	1.8	1.1	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0
CH	3.6	2.8	1.7	4.0	1.5	5.0	3.6	3.3	3.0	3.0	4.6	4.6	2.0	2.0	3.0	5.0
CP	0.1	0.1	0.2	0.2	0.1	0.1	0.2	0.1	0.4	0.6	0.2	0.1	0.0	0.0	0.0	0.0
Mín.	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.4	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Max.	0.7	0.3	0.5	0.7	0.3	0.4	0.6	0.3	0.4	0.6	0.4	0.3	0.0	0.0	0.0	0.0

Apêndice G– Médias dos grupos formados pelo método de otimização de Tocher baseado em caracteres morfológicos e agronômicos na safra de verão. Coeficiente de parentesco (CP) entre clones do mesmo grupo e sua respectiva amplitude de variação (Continua).

Caráter	Médias dos grupos (*) formados pelo método de otimização de Tocher																		
	1(*)	2(*)	3(*)	4(*)	5(*)	6(*)	7(*)	8(*)	9(*)	10(*)	11(*)	12(*)	13(*)	14(*)	15(*)	16(*)	17(*)	18(*)	19(*)
MM	75.5	81.7	82.1	82.5	67.0	96.7	78.7	87.7	74.4	89.4	19.1	77.0	65.7	22.2	91.8	83.1	75.5	22.2	106.0
PG	26.1	31.5	27.9	28.1	24.8	45.4	25.9	28.5	24.8	32.7	9.2	30.9	24.3	10.5	31.0	20.6	26.1	10.5	45.8
PTT	10.4	7.3	9.4	7.8	8.4	14.6	8.8	8.9	10.6	11.1	5.1	11.7	5.5	5.9	11.1	7.4	10.4	4.0	9.1
TMS	15.3	14.8	15.9	15.9	14.9	16.3	18.0	16.3	15.8	14.4	17.0	17.7	16.3	13.1	18.9	13.3	15.3	11.6	16.8
CL	99.1	102.1	100.4	100.8	99.9	101.9	101.0	99.6	101.5	98.1	101.4	100.8	100.8	102.3	99.3	98.1	99.1	97.1	101.2
FT	2.6	2.7	3.2	3.2	3.1	3.0	3.3	2.7	2.2	3.0	2.7	2.7	2.3	3.5	2.5	2.5	2.6	2.0	3.5
PV	2.9	3.2	3.2	3.0	3.1	2.7	4.0	3.7	3.2	2.5	3.3	2.7	3.0	2.5	2.5	2.5	2.9	3.0	2.5
TP	2.0	2.3	2.4	2.2	2.2	2.3	2.6	2.2	2.2	2.5	2.3	1.7	2.3	2.5	1.5	2.5	2.0	2.5	2.0
CT	2.3	2.2	1.9	2.2	2.1	1.7	1.9	3.0	2.0	3.0	1.7	2.3	1.5	2.0	2.0	1.5	2.3	2.5	1.5
PD	1.7	2.4	1.8	2.1	2.0	1.3	1.7	2.0	2.0	1.5	2.0	1.3	2.5	4.0	1.5	1.5	1.7	2.0	2.0
HC	2.0	2.0	2.0	3.0	3.0	3.0	1.0	2.7	2.6	1.0	3.0	2.0	2.0	2.0	3.0	3.0	2.0	2.0	3.0
CC	1.0	2.6	1.9	1.7	1.0	1.3	1.0	3.0	2.0	1.0	3.0	5.0	1.3	3.0	3.0	1.0	1.0	2.0	4.0
AS	2.0	1.1	2.0	1.0	2.0	3.0	1.6	2.0	1.0	2.0	1.0	2.7	1.0	1.0	1.0	3.0	2.0	1.0	3.0
CH	7.0	4.9	4.9	3.8	5.0	5.0	5.3	6.3	5.0	7.0	4.3	8.0	3.0	4.0	7.0	5.0	7.0	3.0	3.0
CP	0.2	0.2	0.2	0.2	0.1	0.1	0.1	0.2	0.5	0.0	0.1	0.1	0.1	0.0	0.4	0.1	0.4	0.0	0.0
Min	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.1	0.0	0.0	0.3	0.0	0.1	0.1	0.0	0.0	0.4	0.1	0.4	0.0	0.0
Max	0.6	0.6	0.6	0.7	0.5	0.1	0.2	0.4	0.7	0.0	0.1	0.1	0.2	0.0	0.4	0.1	0.4	0.0	0.0

