

**SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA
PORTADORES DO ALELO *Ry_{adg}* DE
RESISTÊNCIA AO PVY POR MEIO DE
MARCADOR MOLECULAR**

CRISTIANA MOURA ANDRADE

2008

CRISTIANA MOURA ANDRADE

**SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA PORTADORES DO ALELO Ry_{adg} DE
RESISTÊNCIA AO PVY POR MEIO DE MARCADOR MOLECULAR**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. César Augusto Brasil Pereira Pinto

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2008

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da
Biblioteca Central da UFLA**

Andrade, Cristiana Moura.

Seleção de clones de batata portadores do alelo *Ry_{adg}* de resistência
ao PVY por meio de marcador molecular / Cristiana Moura Andrade. –
Lavras : UFLA, 2008.

59 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2008.

Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto.

Bibliografia.

1. Batata. 2. Vírus Y da batata. 3. Resistência. 4. Melhoramento
genético. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 635.213

CRISTIANA MOURA ANDRADE

**SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA PORTADORES DO ALELO *Ry_{adg}* DE
RESISTÊNCIA AO PVY POR MEIO DE MARCADOR MOLECULAR**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 25 de agosto de 2008.

Prof. Dr. João Bosco do Santos UFLA

Prof. Dr. Wilson Roberto Maluf UFLA

Prof. Dr. César Augusto Brasil Pereira Pinto
UFLA
(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

Dedico,

Aos meus pais, Carlos e Marian, pela vida, por tudo que representam, pelo incentivo, amor e carinho para que eu pudesse continuar sempre.

Ao meu irmão, Adriano, pelo apoio constante, conselhos precisos e ajuda indispensável.

À minha avó, Mariana, por estar sempre por perto quando precisamos.

Ao Neander, pelo amor, compreensão e companheirismo.

AGRADECIMENTOS

À Deus, sempre presente em minha vida iluminando meus caminhos.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Biologia pelo curso ofertado e oportunidades oferecidas durante todos estes anos.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor César Brasil pela orientação, paciência, disponibilidade, incentivo e amizade em todos os anos de convivência.

Ao professor João Bosco, pelos ensinamentos, conhecimentos e pela disponibilização do Laboratório de Genética Molecular, fundamental neste trabalho.

Aos professores Magno, João Cândido, Lisete, Ângela, Elaine e Flávia pela importância em minha formação e amizade.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, em especial ao Raimundo, peça fundamental para o sucesso dos experimentos e grande companheiro do grupo de melhoramento da batata.

À Elaine, Rafaela e Zélia pela amizade, paciência e ajuda em todas as horas.

Ao professor José Eduardo Brasil, pela casa de vegetação para realização dos cruzamentos. Ao funcionário do Laboratório de Cultura de Tecidos, Evaldo, pelo auxílio e apoio quando precisei.

Aos colegas batateiros, de hoje e os que se foram, pela importante e indispensável ajuda na condução dos experimentos, sem os quais não seria possível o trabalho com batata. Agradeço principalmente pela ajuda nos momentos mais difíceis, viagens longas e desconfortáveis, em que sempre estiveram comigo, André, Alex, Baiano, Diogo, Guilherme, Mariney, Peruano, Realino e Ximena.

Ao amigo Leandro, 'Baiano', pela ajuda com as análises estatísticas.

A todos do Laboratório de Genética Molecular pelo auxílio na parte final do trabalho. Às inovações e conhecimentos dos colegas Diogo, Karla e Igor. E, principalmente, ao laboratorista Lamartine, que não mede esforços em nos ajudar.

Não poderia deixar de agradecer a imensa ajuda de minha amiga Silvia, não só no laboratório, como em todo resto em que me apoiou, inclusive na área pessoal e emocional.

Aos colegas de GEN, pela convivência e conhecimentos trocados. À Gra pela ajuda quando estive fora. Aos que já foram do GEN, mas estão sempre no meu coração, Aisy e Jú.

Pelos colegas de curso, período em que construí grandes amizades, como Isabela e Lidianne, minhas 'comadres'.

Às minhas amigas, companheiras, irmãs Clarissa, Tathi, Rê, Tarsila, Gabi e Pri, por todos os momentos que passamos juntas e por estarem sempre ao meu lado, nas mais diversas situações.

A todos, meu muito obrigada!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT	ii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 A batata como alimento	3
2.2 Doenças viróticas e suas implicações na bataticultura.....	4
2.3 <i>Potato virus Y</i> (PVY).....	5
2.4 Resistência ao PVY	8
2.5 Herança tetrassômica	13
2.6 Melhoramento visando à resistência ao <i>Potato virus Y</i>	16
3 MATERIAL E MÉTODOS	18
3.1 Material.....	18
3.2 Desempenho agrônômico	19
3.3 Determinação da constituição genética.....	20
3.3.1 Extração de DNA.....	21
3.3.2 Reação de PCR	22
3.4 Análises estatísticas	23
3.4.1 Modelo estatístico	23
3.4.2 Estimativa da herdabilidade.....	24
3.4.3 Cálculo do índice b	24
3.4.4 Índice de Mulamba e Mock	25
3.4.5 Constituição genética.....	25
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4.1 Avaliação do desempenho agrônômico	26

4.2 Identificação dos clones com o marcador SCAR	30
4.3 Considerações finais	36
5 CONCLUSÕES	38
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	39
ANEXO	48

RESUMO

ANDRADE, Cristiana Moura. **Seleção de clones de batata portadores do alelo *Ry_{adg}* de resistência ao PVY por meio de marcador molecular.** 2008. 59 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras. *

O melhoramento da batata (*Solanum tuberosum* L.) visando à resistência ao PVY é de grande importância devido aos prejuízos que esse vírus pode causar à cultura. A obtenção de clones triplex (Ry Ry Ry ry) e quadriplex (Ry Ry Ry Ry) como genitores resistentes, é muito desejada em programas de melhoramento, uma vez que esses genótipos apresentam a maioria de sua descendência com o alelo de resistência ao PVY. O objetivo deste trabalho foi selecionar clones com múltiplas doses do alelo *Ry_{adg}* de populações provenientes do cruzamento de clones duplex (Ry Ry ry ry), identificar seus genótipos e avaliá-los agronomicamente. Para identificação dos genótipos portadores do alelo *Ry_{adg}* realizaram-se cruzamentos-teste com genótipo nuliplex (ry ry ry ry) e o alelo *Ry_{adg}* identificado com uso do marcador SCAR, desenvolvido por Kasai et al. (2000). O desempenho agrônomo foi avaliado em um experimento conduzido em Camanducaia, M.G., durante a safra das águas 2007/08. O marcador SCAR permitiu a identificação de clones com o alelo *Ry_{adg}* e possibilitou realizar inferências a respeito de seus genótipos. Provavelmente alguns clones são triplex, porém, para certificação de seu genótipo é necessário avaliar progênies mais numerosas. Foram identificados clones com o alelo *Ry_{adg}* que apresentaram desempenho agrônomo superior ao das testemunhas.

* Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto

ABSTRACT

ANDRADE, Cristiana Moura. **Selection of potato clones carrying the Ry_{adg} allele for PVY resistance using molecular marker.** 2008. 59 p. Dissertation (Master in Plant Genetics and Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras.*

Potato (*Solanum tuberosum* L.) breeding for PVY resistance is of utmost importance, given the great losses that can be caused to the crop by the virus. Selection of triplex ($Ry Ry Ry ry$) or quadruplex ($Ry Ry Ry Ry$) clones as parents is highly desirable, because their offspring is composed largely of clones with the PVY resistance allele. The purpose of this work was to select clones with three to four copies of the Ry_{adg} allele for resistance, from a population derived from cross between duplex clones ($Ry Ry ry ry$), identify their genotypes and to assess them for horticultural traits. For the identification of genotypes concerning the Ry_{adg} allele, testcrosses with a nuliplex genotype ($ry ry ry ry$) were performed and the Ry_{adg} allele identified by a SCAR marker developed by Kasai et al. (2000). Horticultural traits of the clones were assessed in a field trial at Camanducaia, MG - Brazil, during the rainy season of 2007/08. The SCAR marker RYSC3 allowed for the identification of clones with the Ry_{adg} allele, and inferences were made about their genotypes. Clones were identified as likely to be triplex, but confirmation should require a larger number of progeny to be tested. A number of clones with the Ry_{adg} allele and superior performance relative to the check cultivars were identified.

* Adviser Professor: César Augusto Brasil Pereira Pinto

1 INTRODUÇÃO

O fato da batata ser propagada vegetativamente, propicia a disseminação de doenças, principalmente viróticas as quais originam degeneração da cultura (Secor & Rivera-Varas, 2004). As que mais causam prejuízos econômicos são as motivadas pelo vírus do enrolamento das folhas da batata (PLRV), pelo vírus Y da batata (PVY) e pelo vírus X da batata (PVX) (Ross, 1986; De Bokx & Van der Want, 1987). Atualmente o PVY tem produzido maior prejuízo nas lavouras e superado em importância o PLRV o que leva a perdas de até 80% (Valkonen, 2007).

Os isolados do PVY têm sido incluídos em grupos distintos de estirpes: PVY^O, PVY^C e PVY^N (Salazar, 1996; Beemster & De Bokx, 1987) e pode, ainda, haver variantes dentro desses grupos, como do PVY^N, denominadas de PVY^{NTN} e PVY^{NW}. Devido à existência de diversas estirpes, os sintomas variam desde infecção latente até a necrose pronunciada das folhas e morte das plantas (Hooker, 1981).

O controle das viroses é dificultado em virtude de sua disseminação ser feita por vetores, principalmente, o pulgão *Myzus persicae*, de forma não persistente (Salazar, 1996). A medida de controle mais eficaz, portanto, é a resistência genética. A resposta de uma planta a uma doença virótica pode se dar na forma de hipersensibilidade, tolerância, resistência extrema ou imunidade. A resposta de hipersensibilidade é caracterizada pelo desenvolvimento de sintomas necróticos nos tecidos. Tolerância refere-se à capacidade das plantas suportarem a infecção por patógeno sem que ocorram danos significativos em sua produção. Resistência extrema é caracterizada pela incapacidade do vírus se multiplicar no hospedeiro ou de fazê-lo de uma forma muito baixa (Swiezynski, 1994). E,

finalmente, imunidade é definida como um estado absoluto de isenção de infecção em nível celular (Valkonen, 1994a).

O melhoramento para resistência ao PVY é facilitado pelo fato do controle ser monogênico, alta herdabilidade e durável (Mendoza, 1994; Baldauf, 2006). Os genes *Ry*, que controlam o tipo de resistência extrema, proporcionam uma proteção completa a todas as estirpes de PVY, pois já foram identificados o *Ry_{adg}*, oriundo de *S. tuberosum* spp. *andigena* e *Ry_{sto}*, de *S. stoloniferum*, dentre outros (Cockerham, 1970; Jones, 1990).

Embora os genótipos duplex (*RyRyryry*), triplex (*RyRyRyry*) e quadriplex (*RyRyRyRy*) apresentem o mesmo nível de resistência do genótipo simplex, sua grande vantagem se relaciona à proporção de descendentes resistentes. Assim, enquanto o cruzamento entre genótipos simplex e outro nuliplex (*Ryryryry* x *ryryryry*) produz apenas 50% de descendentes resistentes, o cruzamento entre clones triplex com outro nuliplex produz praticamente toda a descendência resistente (Mihovilovich, 1996). Já o cruzamento de um genótipo nuliplex com um quadriplex produzirá toda descendência resistente. Ambos casos facilitam muito o programa de melhoramento.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi selecionar com o emprego de marcador SCAR, clones portadores do alelo *Ry_{adg}* a partir do cruzamento de genótipos duplex e avaliar seus comportamentos agrônômicos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. A batata como alimento

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é o quarto alimento mais consumido no mundo, perdendo apenas para o arroz, milho e trigo, sendo plantada em pelo menos 125 países (Secor & Rivera-Varas, 2004). Essa hortaliça possui alto teor de proteínas e calorias disponíveis e fica à frente de alguns cereais, o que a torna uma ótima opção alimentar para povos de países subdesenvolvidos ou em desenvolvimento (Talbert et al., 1979). Não por acaso, metade da produção mundial de batata, em 2006, foi produzida em países em desenvolvimento. China e Índia, juntas, produzem quase um terço do total mundial (Macêdo, 2008; Agriannual, 2008).

Em 2007 sua produção alcançou 320 milhões de toneladas (FAO, 2008). O Brasil é o 25º produtor mundial, tendo três safras distintas, da seca, das águas e de inverno, registrando uma produção acima de três milhões de toneladas (Agriannual, 2008).

Segundo dados da FAO (2008), nos próximos 20 anos, é esperado que a população mundial aumente em 100 milhões de pessoas ao ano, mais de 95% desse percentual nos países em desenvolvimento. Por isso é fundamental assegurar a capacidade de alimentação dessas gerações, sendo a batata um dos alimentos mais nutritivos para o homem.

Do ponto de vista nutricional, a batata apresenta características importantes, como proteínas de alto valor biológico e digestibilidade. Ocupa o terceiro lugar na relação proteína/caloria, ou seja, a quantidade de proteína existente em relação à massa energética do alimento. É também fonte de vitaminas para a nutrição humana, principalmente de ácido ascórbico (vitamina

C) e vitaminas do complexo B, além de ser bastante rica em potássio (Pereira, 1987).

Por toda importância que possui, o ano de 2008 foi escolhido pela Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO) como o Ano Internacional da Batata, com intuito de conscientizar a população mundial do quão importante é a batata como alimento, contribuindo para erradicação da fome e da pobreza.

2.2 Doenças viróticas e suas implicações na bataticultura

O fato de a batata ser propagada vegetativamente facilita a disseminação de doenças juntamente com os tubérculos utilizados como sementes. A utilização de batata-semente, advinda de grande número de multiplicações sucessivas, tem como consequência o acúmulo de virose nos tubérculos e podem resultar em um campo contaminado, inviabilizando a cultura (Câmara et al., 1986; Secor & Rivera-Varas, 2004).

Segundo Stevenson et al. (2001) já foram descritas 60 moléstias principais; 35 causadas por fungos, sete devido a bactérias, seis por nematóides e 12 causadas por vírus. Se enfermidades de menor importância ou de etiologia, ainda não descrita, forem consideradas, a cultura é afetada por pelo menos 100 doenças. Dessa forma, comprova-se a importância da qualidade sanitária da batata-semente para obtenção de boa produtividade.

A batata-semente se degenera rapidamente devido à incidência de moléstias, principalmente viróticas, exigindo freqüentes renovações dos tubérculos para o plantio (Daniels, 2004; Souza-Dias, 1995; Buso, 1990).

A mais rápida degenerescência da cultura que se verifica em países tropicais e subtropicais, está em grande parte associada à maior população de afídeos vetores, que se reproduzem durante todo o ano, favorecendo a

disseminação e estabelecimento das principais viroses em campos de produção (Gallotti et al., 1992).

As viroses mais importantes para a bataticultura são o vírus do enrolamento das folhas da batata (*Potato leafroll virus* – PLRV), o vírus Y da batata (*Potato virus Y* – PVY), seguido pelo vírus X da batata (PVX) (Ross, 1986; De Bokx & Van der Want, 1987). A maior ou menor queda da produtividade depende da cultivar, da estirpe do vírus e das condições edafoclimáticas da área de cultivo (Mizubuti, 1981).

No Brasil, o PVY vem crescendo em importância nos principais estados produtores (Figueira, 1995; Souza-Dias, 1995; Daniels, 1995) e, atualmente, é possível que esse vírus tenha superado o PLRV quanto aos prejuízos causados (Daniels & Pereira, 2004; Valkonen, 2007).

2.3 *Potato virus Y* (PVY)

O PVY é o representante mais importante do gênero *Potyvirus*. Possui partículas flexuosas e alongadas com 730 x 11 nm, com RNA de fita simples, do tipo infeccioso (Salazar, 1996). A principal família infectada é a Solanaceae, incluindo espécies de importância econômica, como tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.), pimentão (*Capsicum annuum* L.) e fumo (*Nicotiana tabacum* L.). Alguns membros das famílias Amaranthaceae, Chenopodiaceae, Asteraceae e Fabaceae, contudo, também são suscetíveis (Beemster & De Bokx, 1987).

O vírus pode ser transmitido por inoculação mecânica, por enxertia ou, ainda, por afídeos. *Myzus persicae* e *Macrosiphum euphorbiae* são os vetores naturais mais importantes, sendo o primeiro responsável pela maior disseminação em campo (Beemster & De Bokx, 1987). Esses não são os únicos insetos transmissores do PVY, vários outros afídeos já foram identificados como capazes de transmitir a virose. Essa transmissão por vetores se dá de forma não

persistente. Nesse tipo de propagação, o vírus é associado ao estilete, não ocorrendo replicação viral no vetor. A aquisição das partículas virais ocorre logo após alguns segundos de alimentação nos tecidos da epiderme da planta. Os afídeos estão aptos a transmitir a virose, imediatamente após a aquisição, não havendo período latente. Permanecem virulentos, no entanto, por apenas alguns minutos e, então, perdem a habilidade de transmitir o vírus após sua ecdise (Salazar, 1996). Embora os insetos não mantenham a capacidade transmissiva por muito tempo, o fato de não haver período latente dificulta sobremaneira o controle por meio de inseticidas.

Ao PVY já foram atribuídos diversos nomes, como *potato virus 20*, *potato virus C*, *potato acropetal necrosis virus*, *potato leafdrop streak virus*, *potato severe mosaic virus*, *potato stipple streak virus*, *potato streak virus*, *potato veinal necrosis virus*, *Solanum virus 2*, *tobacco veinal banding virus* e *tobacco veinal necrosis virus* (Valkonen et al., 1996). Esses nomes não foram usados por muito tempo, ou se referem ao que hoje se considera estirpes do vírus. Por exemplo, *potato virus C* (Cockerham, 1943) é agora uma nova estirpe do vírus Y (PVY^C).

Diversas falhas em campos de batata são atribuídas ao PVY, principalmente, quando se encontra em combinação com PVX, sendo mais destrutivo, produzindo o mosaico rugoso (Hooker, 1981). Em razão da existência de diversas estirpes, os sintomas variam desde infecção latente até a necrose pronunciada das folhas e morte das plantas. O sintoma mais comum, entretanto, é de mosaico leve ou severo (Hooker, 1981). Seus isolados têm sido incluídos em grupos distintos de estirpes: PVY^O, PVY^C e PVY^N (Salazar, 1996; Beemster & De Bokx, 1987). Pode ainda haver variantes dentro desses grupos, como variantes do PVY^N denominadas de PVY^{NTN} e PVY^{NW}. Em condições de campo não se consegue diferenciar as diversas estirpes, mas com o auxílio de técnicas laboratoriais, como o método sorológico DAS-ELISA e a técnica RT-

PCR, ou ainda pelo uso de plantas indicadoras, isso é possível (Blanco-Urgoiti et al., 1998; Glais et al., 2002; Balme-Sinibaldi et al., 2006).

O PVY^O (estirpe comum) é mundialmente disseminado e seus sintomas são necrose das nervuras, mosaico, senescência e queda das folhas. Esses são encontrados quando em infecção primária, ou seja, durante a estação corrente. Já em infecções secundárias, quando o vírus é perpetuado pela batata-semente, as plantas apresentam tamanho reduzido, folhas com mosaico e necrose, esses mais agressivos que na infecção primária. Os indivíduos infectados pelo PVY^O podem apresentar aspecto de ‘palmeira’, em virtude da necrose de pecíolos e queda das folhas mais velhas, tanto na infecção primária como na secundária (Hooker, 1981; Souza-Dias, 2001). Essa estirpe é diferenciada, principalmente, pelos fortes sintomas que causa em *Nicotiana glutinosa* L. e *Physalis floridiana* Rydd. (Kahn e Monroe, 1963).

A estirpe necrótica, PVY^N é assim designada por produzir severa necrose nas nervuras de *Nicotiana tabacum*. Em plantas de batata, entretanto, geralmente, manifesta-se na forma de mosqueamento leve, variações de amarelo internerval e ondulação do limbo foliar (Hooker, 1981). É importante ressaltar que a letra ‘N’, que acompanha o nome do vírus, refere-se à necrose, porém não em plantas de batata. A variante PVY^{NTN}, além de mosaico bastante evidente, com folíolos apicais ondulados e de tamanho menor que os de plantas saudáveis, causa anéis necróticos na superfície do tubérculo. Foi primeiro descrito na Hungria por Beczner (1984). A presença de anéis necróticos nos tubérculos é uma das identificações biológicas mais evidentes e aceita como indicativa desta variante. Outra variante do PVY^N foi reportada na Polônia por Chrzanowska (1987) e, assim, como a estirpe necrótica, induz necrose nas nervuras de plantas de fumo, porém é sorologicamente relacionado ao PVY^O (McDonald & Singh, 1996), foi designada como PVY^{N-W}, por ter sido detectada na cultivar de batata

‘Wilja’. Essa variante não é facilmente detectável em inspeções de campo, necessitando, assim, de uma detecção molecular específica (Glais, 2005).

O PVY^C, diferentemente das outras estirpes, não é transmitido pelo afídeo *Myzus persicae*, importante vetor do PVY. Seus sintomas podem aparecer da forma de mosaico brando e alguns isolados causam reações de hipersensibilidade em cultivares de batata. As plantas afetadas, porém, apresentam o tamanho reduzido e podem ter morte prematura (Hooker, 1981).

Jones (1990), estudando isolados de PVY, identificou um grupo que não induzia necrose em tabaco e não foi classificado como PVY^C nem como PVY^O, baseado em reações necróticas em cultivares de batata diferenciadoras. Foi assim chamada de estirpe PVY^Z. Posteriormente, essa estirpe foi incluída como variante do PVY^O por Blanco-Urgoiti et al. (1998), por meio de testes biológicos, sorológicos e moleculares.

2.4 Resistência ao PVY

O nível de resistência pode ser influenciado por diversos fatores, entre eles a variação genética do vírus e da planta hospedeira, condições ambientais e, ainda, interação vírus-hospedeiro (Swiezynski, 1994). Por causa dessa grande variabilidade, são vários os tipos e níveis de resistência a viroses em batata que têm sido relatados na literatura (Swiezynski, 1994; Cockerham, 1970; Valkonen, 1994a; Barker, 1996; Gebhardt & Valkonen, 2001).

Plantas inoculadas com vírus podem apresentar resposta de imunidade, resistência extrema, hipersensibilidade ou tolerância.

Indivíduos imunes são aqueles que, mesmo após a inoculação do vírus não apresentam infecção, ou seja, o vírus não consegue penetrar na célula da planta, que nesse caso é não-hospedeira (Valkonen, 1994a).

Resistência extrema é identificada pela baixa ou extremamente baixa acumulação do vírus. As plantas geralmente não apresentam sintomas e a multiplicação viral é reduzida (Swiezynski, 1994). O termo 'resistência extrema', tem sido usado para descrever um alto nível de resistência controlado por alelos dominantes de efeito principal (Ross, 1986).

Resistência associada à hipersensibilidade se caracteriza pela rápida necrose das células no sítio de invasão, restringindo a expansão do patógeno. É mediada pelo reconhecimento específico entre o produto gênico de avirulência do patógeno e o produto do gene de resistência do hospedeiro. A estirpe ou raça, portanto, que não possuir os genes de avirulência necessários para desencadear a reação de hipersensibilidade, é considerada virulenta, ou seja, capaz de causar a doença (Fritig et al., 1987).

Uma das maneiras de diferenciar resistência extrema de hipersensibilidade é, segundo Ross (1986), pela enxertia da batata em uma planta previamente infectada pelo vírus. Se o vírus não translocar da planta infectada, utilizada como porta-enxerto, para partes da planta enxertada, confirma-se a resistência.

Tolerância refere-se à capacidade das plantas suportarem a infecção por patógeno sem que ocorram danos significativos em sua produção. De acordo com Valkonen (1994a), a tolerância é útil quando não houver outras fontes de resistência disponíveis.

As plantas podem ainda apresentar resistência à infecção, também conhecida como resistência de campo, em que não são facilmente infectadas e, também, resistência aos vetores, devido à presença de estruturas na planta, como tricomas que evitam a atividade do vetor. Na resistência à infecção não é considerado o motivo pelo qual essas plantas não são infectadas, sendo que essa resistência pode estar associada à hipersensibilidade ou tolerância; pode também estar associada a outros fatores, como por exemplo, aqueles que interferem no

contato da partícula viral com a célula do hospedeiro propriamente dita (Swiezynski, 1994). Por incluir vários mecanismos diferentes, contribui para a natureza poligênica desse tipo de resistência (Solomon-Blackburn & Barker, 2001).

Como dito anteriormente, a resistência pode ser classificada de acordo com o tipo de reação da planta à inoculação. Reação de hipersensibilidade (HR) causa necrose, é conferida pelos genes *N*. Por sua vez, resistência extrema (ER), que produz sintomas pouco visíveis ou não-visíveis, é conferida por genes *R*. Após a inoculação, os vírus, geralmente, podem ser recuperados de plantas com genes *N*, mas não daquelas que possuem genes do tipo *R* (Barker, 1996). Se ambos tipos de genes agem no mesmo vírus e ocorrem juntos, o gene *R* é epistático ao do tipo *N*. O gene *N* é, provavelmente, uma forma mutada do gene *R* (Cockerham, 1970).

Com a identificação dos genes de HR e ER os melhoristas têm dado ênfase em utilizar esses mecanismos do que outras formas de resistência aos *potyvirus*, gênero ao qual pertence o PVY. Isso provavelmente porque a seleção que é feita para este tipo de resistência é relativamente direta e pode ser realizada em casa-de-vegetação e, também, porque a HR e ER são eficientes, relativamente duráveis e de herança simples. Herança essa monogênica, com dominância para resistência, ou seja, o alelo que confere resistência domina o alelo que confere suscetibilidade (Solomon-Blackburn & Barker, 2001).

Algumas espécies primitivas de *Solanum* possuem resistência ao vírus Y controlada por genes maiores (Valkonen, 1994a), alguns dos quais têm sido transferidos para *S. tuberosum*.

Os genes *Ny* podem ser encontrados em algumas cultivares, como Pentland Crown e em espécies silvestres como *S. chacoense*, *S. demissum*, *S. tuberosum* ssp. *andigena* (Cockerham, 1970; Valkonen, 1994b) (Tabela 1).

Os genes *Ry*, que controlam o tipo de resistência extrema, proporcionam uma proteção completa a todas as estirpes de PVY (Cockerham, 1970; Jones, 1990). Esses genes não são úteis na diferenciação das estirpes, porém são muito importantes para o melhoramento da cultura da batata. Os mais utilizados por melhoristas são *Ry_{adg}*, oriundos de *S. tuberosum* spp. *andigena* (Muñoz et al., 1975), e *Ry_{sto}*, de *S. stoloniferum* (Cockerham, 1970).

Os genes *Ny* e *Ry* conferem resistência a mais de um tipo de virose (Tabela 1). Isso pode ocorrer devido a dois fatores principais, ligação ou pleiotropia. Genes são considerados ligados, quando situados no mesmo cromossomo a uma distância menor que 50 cM, não obedecendo à segunda Lei de Mendel. A ligação pode ser completa, quando estão muito próximos, não havendo possibilidade de separação entre eles ou, quando há permuta, a ligação é dita parcial. Genes muito próximos, sem possibilidade de permuta, constituem um ‘cluster’, agindo como um bloco de genes. Com o mapa de ligação, consegue-se saber a localização dos genes nos cromossomos. No caso da pleiotropia é somente um gene controlando dois ou mais caracteres (Ramalho et al., 2000).

Muñoz et al. (1975), analisando alguns acessos de *S. tuberosum* sbsp. *andigena*, obtidos do Instituto John Innes, Reino Unido, identificaram um alelo dominante que controlava a resistência ao vírus Y. A incapacidade de recuperação do vírus, após a inoculação de plantas indicadoras, confirmou a presença de resistência extrema. Ross (1986) refere-se a esse gene com *Ry_{adg}*.

TABELA 1. Lista de genes de resistência ao vírus Y identificado em *Solanum* spp.

Espécie	Gene	Atuação	Tipo de Resistência	Referência
<i>S. chacoense</i> Bitt.	<i>Ny_{chc}</i>	PVY, PVA	HR	Cockerham, 1970
	<i>Ry_{chc}</i>	PVY	ER	Asama et al., 1982
<i>S. demissum</i> Lindl.	<i>Ny_{dms}</i>	PVY, PVA	HR	Cockerham, 1970
<i>S. hougasii</i>	<i>Ry_{hou}</i>	PVY, PVA	ER	Cockerham, 1970
<i>S. stoloniferum</i>	<i>Ry_{sto}</i>	PVY, PVA, PVV	ER	Barker, 1997
<i>S. tuberosum</i> L.	<i>Ny_{tbr}</i>	PVY ^O	HR	Jones, 1990
	<i>Ny_C</i>	PVY ^C	HR	Jones, 1990
<i>S.t. ssp. andigena</i>	<i>Ry_{adg}</i>	PVY, PVA	ER (Y) HR (A)	Hämäläinen et al., 2000
	<i>Ny_{adg}</i>	PVY ^O	HR	Valkonen, 1994b

HR = reação de hipersensibilidade

ER = resistência extrema

A partir de análises moleculares, Hämäläinen et al. (1997) localizaram o gene *Ry_{adg}* na extremidade do cromossomo XI. No mesmo cromossomo são encontrados, também, os genes *Na_{adg}*, *R_{Mcl}* e *Sen1* que conferem resistência ao PVA, nematóides e fungos, respectivamente (Gebhardt & Valkonen, 2001). É interessante notar que um mesmo bloco gênico confere resistência a duas viroses diferentes, com controles diferentes, uma vez que o *Ry_{adg}* codifica para resistência extrema, e o gene *Na_{adg}* codifica para a resposta de HR. Existe, também, a possibilidade de que o gene *Ry_{adg}* reconheça ambas viroses, mas apresentando tipos de resposta diferente a cada vírus (Hämäläinen et al., 2000).

Em 1997, Brigneti et al. sugeriram que o gene *Ry_{sto}* estaria no mesmo cromossomo XI que o *Ry_{adg}*, podendo estar ligado a genes de resistência deste grupo de ligação. Posteriormente, Flis et al. (2005) mapearam o gene *Ry* proveniente de *S. stoloniferum* no cromossomo XII. Os genes *Ry_{adg}* e *Ry_{sto}*, portanto, encontram-se em cromossomos diferentes, não constituindo um bloco de ligação, tendo segregação independente.

Uma vantagem do gene *Ry_{adg}* sobre outros genes que conferem resistência ao PVY, é que esse parece ser bem estável, uma vez que não se tem relato de sua superação, diferentemente, de outros genes. De acordo com Beemster & De Bokx (1987), o gene *Ny_{tbr}* foi superado pela estirpe PVY^N. O mesmo foi verificado por Baldauf (2006), em que o gene *Ny_{tbr}*, presente na cultivar Allegany, teve sua resistência superada por vários isolados americanos. Nenhum isolado, contudo, incluindo dois causadores de necrose nos tubérculos da cultivar Yunkon Gold, foi capaz de superar a resistência conferida pelo gene *Ry_{adg}*.

Valkonen et al. (1994b) encontraram evidências de que a expressão de *Ry_{adg}* mostrou-se ser epistática à expressão do *Ny_{adg}*, ou seja, o primeiro inibindo a expressão do segundo.

2.5 Herança tetrassômica

A batata é um autotetraplóide ($2n=4x=48$) com herança tetrassômica, apresentando segregação bem discrepante da herança dissômica, que ocorre em espécies diplóides (Sybenga, 1992). Nos autotetraplóides cada gene está representado quatro vezes, possibilitando a formação de cinco genótipos diferentes em função do número de alelos dominantes: *bbbb* – nuliplex; *Bbbb* – simplex; *BBbb* – duplex; *BBBb* – triplex; *BBBB* – quadriples (Bradshaw, 1994; Gebhart & Valkonen, 2001).

Na meiose três tipos de segregação podem ocorrer: segregação cromossômica, segregação cromatídica e segregação equacional máxima (Burnham, 1962). A segregação cromossômica ocorre para genes localizados próximos ao centrômero, onde não há ocorrência de quiasma ou quando não há formação de quadrivalentes (quatro homólogos pareados), mas apenas bivalentes. Considerando a formação de gametas em um simplex (*Bbbb*), no qual somente são formados bivalentes, as duas cromátides portadoras de alelos dominantes estão sempre reunidas pelo mesmo centrômero. Conseqüentemente, vão sempre para o mesmo pólo na Anáfase I e sempre se separam na Anáfase II. Logo, os dois alelos dominantes nunca aparecem no mesmo gameta. É importante ressaltar que, quando o loco em questão mostra ligação absoluta com o centrômero, os resultados obtidos são exatamente os mesmos, ainda que sejam sempre formados quadrivalentes (Sybenga, 1992).

Os dois outros tipos de segregação (cromatídica e equacional máxima) permitem a ocorrência de cromátides irmãs em um mesmo gameta. Com a formação de quadrivalentes, pode haver permuta entre o loco considerado e o centrômero, os dois cromossomos permutados podem ir para o mesmo pólo na Anáfase I, e as duas cromátides irmãs irem para o mesmo pólo durante a Anáfase II. Esse fenômeno é conhecido por redução dupla (Mather, 1935), e seu coeficiente (α) é definido como a probabilidade de duas cromátides irmãs irem para o mesmo gameta (Fisher & Mather, 1943). Dessa forma, um indivíduo simplex *Bbbb* pode produzir também gametas do tipo *BB* devido à ocorrência de permuta genética entre o centrômero e o gene em questão.

A redução dupla é um fenômeno dependente de posição, ou seja, pode variar de acordo com o cromossomo em que o loco em questão reside, porque os cromossomos podem variar sua propensão a formar multivalentes e, também, devido à distância entre o centrômero e o gene que podem estar parcialmente ligados (Wu et al., 2001). Admitindo ser α a frequência dos gametas originados

pela redução dupla, a frequência dos gametas originados de diferentes cromátides é $1 - \alpha$. Como os quatro gametas resultantes da redução dupla são igualmente assíduos, a frequência de cada um é $\alpha/4$. Do mesmo modo, como os outro seis gametas são igualmente freqüentes, cada um ocorrerá na proporção $(1 - \alpha)/6$. Assim, para um indivíduo simplex seriam formados gametas BB, Bb e bb nas frequências $\alpha/4$, $(1 - \alpha)/2$ e $(2 + \alpha)/4$. A Tabela 2 mostra as frequências gaméticas esperadas para indivíduos simplex, duplex e triplex.

A frequência da redução dupla (α) assume valores de 0 (segregação cromossômica) a $1/6$ (segregação equacional máxima) (Mather, 1935).

TABELA 2. Frequência gamética esperada para indivíduos simplex, duplex e triplex para um gene B, admitindo redução dupla (α).

Gametas	Constituição Genética		
	Simplex (Bbbb)	Duplex (BBbb)	Triplex (BBBb)
BB	$\alpha/4$	$(1+2\alpha)/6$	$(2+\alpha)/4$
Bb	$(1-\alpha)/2$	$2(1-\alpha)/3$	$(1-\alpha)/2$
bb	$(2+\alpha)/4$	$(1+2\alpha)/6$	$\alpha/4$

2.6 Melhoramento visando à resistência ao *Potato virus Y*

O controle efetivo do PVY é melhor conseguido pela incorporação de resistência genética devido à ampla diversidade de espécies de afídeos colonizadores e não-colonizadores capazes de transmitir o vírus (De Bokx, 1987; Salazar, 1996) e por causa de sua rápida transmissão, de maneira não-persistente, o que dificulta o controle dos vetores com uso de inseticida (Novy et al., 2002).

O melhoramento para resistência ao PVY é facilitado pelo fato do controle ser monogênico, alta herdabilidade e durável (Mendoza, 1994). A resposta conferida pelo alelo *Ry*, originário da subespécie *andigena* (*Ry_{adg}*) é do tipo resistência extrema, proporcionando resistência completa já na forma simplex (*Ryryryry*) (Swiezynski, 1994).

Quando um genitor apresentando reação de resistência extrema (*Ry_ _ _*) é intercruzado com um genitor suscetível (*ry ry ry ry*), resultará em uma relação de 1:1, se o parental for simplex; 5:1, se o parental apresentar constituição duplex; ou ∞ :0, quando for triplex ou quadriplex. Essa proporção é observada sempre que o gene estiver ligado ao centrômero, havendo, dessa maneira, somente segregação cromossômica. Se houver segregação cromatídica ou redução dupla, haverá um excesso de descendentes recessivos, dando uma razão de 0,86:1, no caso de simplex; 3,67:1, em duplex; 27:1, para triplex; e finalmente ∞ :0, no caso do genitor ser quadriplex (Bradshaw, 1994; Mendoza, 1994).

Uma estratégia que tem sido adotada no CIP (Centro Internacional de La Papa – Peru), é o melhoramento populacional visando ao aumento das freqüências dos alelos para resistência ao PVY (Mendoza, 1990). Esse aumento na freqüência dos alelos permite primeiramente identificar genitores simplex e posteriormente duplex. O intercruzamento de clones duplex permite obter

genótipos triplex e quadriplex (Mihovilovich, 1996), os quais podem apresentar toda descendência resistente, considerando somente segregação cromossômica. No caso da redução dupla, genótipos triplex podem gerar uma pequena proporção de indivíduos suscetíveis, mas ainda assim apresentam a maior parte da descendência resistente.

Trabalhando com uma população numerosa, Mendoza et al. (1994) verificaram, a partir da identificação de clones triplex para o alelo *Ry_{adg}* através de inoculação mecânica, a ocorrência de redução dupla para esse loco, cuja frequência foi estimada como sendo $\alpha=0,1566$. Esse valor é coerente com os encontrados em literatura, uma vez que sua magnitude está compreendida entre os valores mínimo e máximo que o α pode assumir (0 a 0,1667) apontados por Bradshaw (1994).

O marcador molecular SCAR, desenvolvido por Kasai et al. (2000), específico ao alelo *Ry_{adg}* tem sido utilizado com sucesso no auxílio a programas de melhoramento. Gadum (2001) demonstrou a vantagem em usar o marcador à inoculação mecânica, uma vez que identificou um clone de constituição genética simplex, anteriormente identificado como duplex, quando avaliado pelo método sorológico DAS-ELISA. Esse resultado mostrou que a inoculação com o PVY pode não ser eficaz, ocorrendo escape, criando um falso resultado. Já Ribeiro et al. (2006), com a utilização do mesmo marcador, conseguiu a identificação de clones simplex e duplex e que apresentaram boas características agronômicas.

3 MATERIAL E MÉTODOS

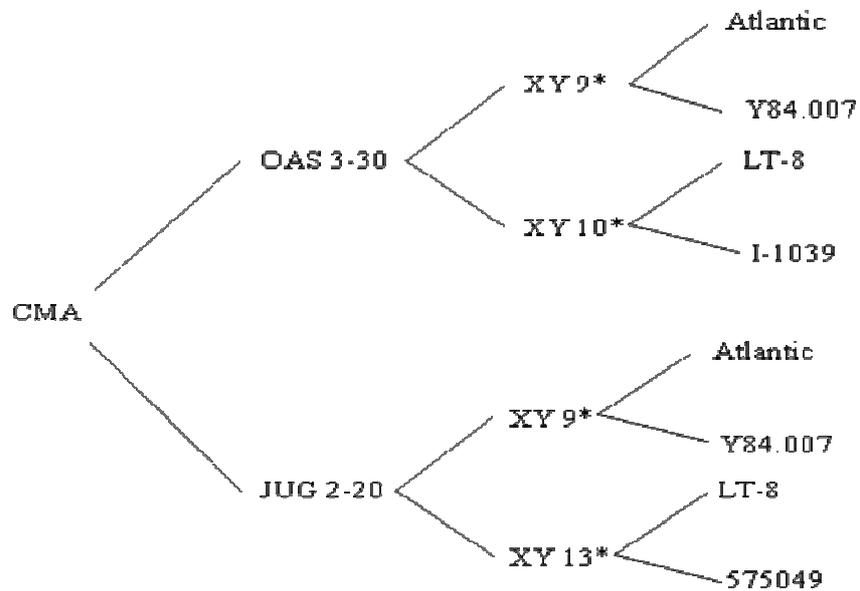
3.1 Material genético

Aproximadamente 3000 clones oriundos de cruzamentos entre os clones duplex OAS 3-30 e JUG 2-20 (Ribeiro et al., 2006) foram avaliados. A genealogia dos clones genitores está apresentada na Figura 1. Os clones provenientes desse cruzamento foram designados por CMA.

As sementes botânicas foram tratadas com ácido giberélico a 1500 ppm, por 24 horas no escuro, para quebra de dormência, e plantadas em substrato organo-mineral em casa-de-vegetação no Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras. Os tubérculos foram colhidos aproximadamente, 70 dias após a semeadura (geração plântula).

Após a brotação, um tubérculo de cada clone da geração plântula foi plantado em casa-de-vegetação, em substrato organo-mineral e transplantados para o campo, aproximadamente, aos 40 dias após o plantio. O ensaio foi conduzido no período de abril a junho de 2007, no espaçamento de 1,0m x 1,0m, para multiplicação do material.

Realizou-se uma seleção visual para aparência geral dos tubérculos, baseada no formato, aspereza da pele e profundidade de olhos.



* Clones provenientes do CIP

FIGURA 1. Genealogia dos clones experimentais.

3.2 Desempenho agrônômico

Para avaliação dos caracteres agrônômicos, foi conduzido um ensaio no período de dezembro de 2007 a abril de 2008, em uma área de produção comercial no município de Camanducaia, MG, com altitude 1050 m e clima tropical de altitude (IBGE, 2008).

Dos 3000 clones iniciais, selecionaram-se 341 de acordo com a aparência geral. Empregou-se o delineamento de blocos aumentados (Federer, 1956), com os 341 clones, como tratamentos regulares, distribuídos em vinte e um blocos com dezessete tratamentos cada. Como tratamentos comuns foram

utilizadas as cultivares Asterix, Atlantic e Monalisa (testemunhas). A parcela foi constituída por uma linha de quatro plantas espaçadas de 0,3 m e entre linhas de 0,8 m.

Os procedimentos agronômicos foram feitos de acordo com o indicado para a cultura, como adubação de plantio, aplicação de inseticida de solo, adubação de cobertura, amontoa e tratos fitossanitários, visando a mantê-los sem a competição de plantas invasoras e danos por pragas e doenças.

Os caracteres avaliados foram:

- a) produção de tubérculos: produção total dividida pelo número de plantas da parcela ($\text{g} \times \text{planta}^{-1}$);
- b) porcentagem de tubérculos graúdos: produção de tubérculos graúdos ($\varnothing > 45\text{mm}$) dividida pela produção total $\times 100$;
- c) peso médio de tubérculos comerciáveis: produção de tubérculos com diâmetro transversal acima de 33mm, dividida pelo número de tubérculos comerciáveis da parcela (g);
- d) porcentagem de matéria seca dos tubérculos: estimada pela expressão $MS = -217,2 + 221,2D$ (Schippers, 1976), onde D é o peso específico, obtido pela fórmula, $D = \text{peso no ar} / (\text{peso ar} - \text{peso água})$. Os pesos no ar e na água foram determinados em balança hidrostática;
- e) nota de aparência dos tubérculos, levando em consideração formato, aspereza da pele, profundidade de olhos ou gemas. As notas variaram de 1 (má aparência) a 5 (ótima aparência) e foram tomadas por três avaliadores.

3.3 Determinação da constituição genética dos clones

Dos 341 clones avaliados em campo, apenas 61 puderam ser testados para a constituição genética com relação ao alelo Ry_{adg} , para os demais não foram obtidas sementes. Para isso foram realizados cruzamentos-teste,

envolvendo os clones CMA e a cultivar suscetível Chiquita (ry ry ry ry). A descendência de cada clone foi plantada em bandejas de isopor, contendo substrato organo-mineral. Após, aproximadamente, 20 a 30 dias as mudas foram transplantadas para vasos plásticos. Em torno de 20 a 30 dias após o transplante, coletaram-se folhas jovens das plantas para extração de DNA.

Foi utilizado o par de *primers* SCAR, identificado por Kasai et al. (2000), designado por RYSC3 e que amplifica uma região dentro do gene *Ry*, produzindo fragmentos de 321 pb. As seqüências dos primers são:

5' ATA CAC TCA TCT AAA TTT GAT GG 3' (F)

5' AGG ATA TAC GGC ATC ATT TTT CCG A 3' (R)

3.3.1 Extração de DNA

Para a extração de DNA, foi utilizado o método descrito por Ferreira e Grattapaglia (1998) com modificações. Coletaram-se 180mg de folhas de cada planta, as quais foram maceradas com nitrogênio líquido, juntando-se ao macerado 730µL do tampão de extração (0,2g de brometo de centiltrimetilamônio (CTAB), 1mL de Tris 1M, 0,4mL de EDTA 0,5M, 0,82g de NaCl, 0,1g de polivinilpirrolidona 40.000, 8,6mL de água pura) previamente adicionado de 2-β-mercaptoetanol na proporção de 2%. Em seguida, o macerado foi mantido em banho-maria, a 65°C por 60 minutos, agitando-se a cada 10 minutos. Passado esse período, adicionaram-se 600µl da solução 24 clorofórmio:1 álcool isoamílico, seguindo para a centrifugação do material por 8 minutos a 12.000 rpm. O sobrenadante foi coletado e adicionado 400µl de isopropanol frio. Esse preparado foi, então, mantido no freezer de um dia para o outro para a precipitação do DNA. Em seguida, foi centrifugado por 7 minutos a 12.000 rpm, para a formação de um pellet. O sobrenadante foi descartado e o pellet submetido a duas lavagens, uma com 1mL de etanol 70% e outra em etanol

absoluto, intercalando-se com centrifugações por 5 minutos a 12.000 rpm. Eliminado o etanol, na última lavagem, deixou-se o pellet secar e realizou-se a sua diluição com 50µl de TE (Tris 1mM e EDTA 0,1mM, pH 8,0). O DNA extraído foi quantificado comparando-se com padrões de DNA Low Mass Ladder, nas concentrações de 40, 80 e 100 ng/µl, por meio de eletroforese em gel de agarose em TBE (tris, ácido bórico e EDTA) sob uma corrente de 120V. Posteriormente, o DNA foi diluído com TE para concentração de 10 ng/µL, que foi utilizado nas análises de PCR.

3.3.2 Reação de PCR

A reação de PCR, para identificar genótipos portadores do alelo *Ry_{adg}* foi preparada de modo semelhante ao processo de Nienhuis et al. (1995), com modificações contendo: 250µM dNTPs, 0,6 unidades de Taq DNA polimerase, 0,26µM de cada primer, tampão de reação (50mM TRIS, 2,0mM MgCl₂; 20mM KCl; 250µg/mL de albumina soro bovino; 1% de ficoll 400; 1mM de tartrazine), 2,25µL de DNA genômico a 10 ng/µL e água pura até completar o volume de 12µl. Foi utilizado o par de primers SCAR RYSC3.

As reações de amplificação foram realizadas em microtubos de 0,2mL, utilizando termociclador Eppendorf Mastercycle Gradient. O seguinte programa foi utilizado para a reação de PCR: 95°C por 2 minutos, para desnaturação inicial, seguida de 33 ciclos a 94°C por 20'', 60°C por 20'' e 72°C por 20'', seguido de uma extensão final de 4 minutos a 72°C.

Após a amplificação, os produtos da reação foram separados por eletroforese em gel de agarose a 1% em tampão TBE (TRIS, ácido bórico e EDTA) e em corrente de 90V, durante uma hora e meia. Os fragmentos de DNA foram corados com brometo de etídio por 20 minutos. O gel foi fotografado em câmara digital Kodak DC290 Zoom, em luz ultravioleta.

Como testemunhas suscetíveis foram utilizadas as cultivares Chiquita e Monalisa, e como testemunhas resistentes, os clones simplex XY14 e XY17, originados no CIP (Peru).

3.4 Análises estatísticas

3.4.1 Modelo estatístico

Os dados foram submetidos à análise de variância, para cada caráter separadamente, usando o modelo de blocos aumentados (Federer, 1956).

$$Y_{ij} = \mu + t_i + t_{i(j)} + b_j + e_{j(i)}$$

em que:

Y_{ij} : é a observação do i -ésimo tratamento regular ou i' -ésimo tratamento comum no j -ésimo bloco;

μ : é o efeito fixo da média geral do ensaio;

t_i : é o efeito fixo do i -ésimo tratamento comum ($i' = 1, 2, 3$);

$t_{i(j)}$: é o efeito aleatório do i -ésimo tratamento regular ($i = 1, 2, \dots, 341$) dentro do j -ésimo bloco;

b_j : é o efeito aleatório do j -ésimo bloco incompleto ($j = 1, 2, \dots, 21$);

$e_{j(i)}$: é o efeito aleatório do erro experimental do i -ésimo tratamento comum dentro do j -ésimo bloco, assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 .

As análises de variância foram realizadas utilizando o programa GENES (Cruz, 2006).

3.4.2 Estimativa da herdabilidade

A herdabilidade no sentido amplo para cada caráter foi estimada de acordo com o procedimento de Vencovsky & Barriga (1992), de acordo com a seguinte expressão:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_e^2 + \sigma_g^2} \times 100$$

em que:

σ_g^2 : variância genética;

σ_e^2 : variância ambiental.

3.4.3 Cálculo do índice b

Os coeficientes de variação genético e o índice b (relação CV_g/CV_e), para as características avaliadas, foram estimados a partir das seguintes expressões:

$$CV_g (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu} \times 100$$

$$b = \frac{CV_g}{CV_e}$$

em que:

CV_g : coeficiente de variação genético em porcentagem;

CV_e : coeficiente de variação ambiental em porcentagem;

μ : média geral.

3.4.4 Índice de Mulamba e Mock

Para classificação dos clones empregou-se o índice da soma de postos de Mulamba e Mock, (1978), considerando os caracteres de produção, porcentagem de tubérculos graúdos, peso médio de tubérculos comerciáveis, porcentagem de matéria seca e nota de aparência.

3.4.5 Constituição genética

Para testar a constituição genética dos clones, foi empregado o teste χ^2 , considerando a frequência de redução dupla $\alpha=0,1566$, segundo Mendoza et al. (1996) e com as hipóteses:

Nuliplex:

H_0 : 0,00 (com banda) : 1,00 (sem banda)

Simplex:

H_0 : 0,4608 (com banda) : 0,5392 (sem banda)

Duplex:

H_0 : 0,7811 (com banda) : 0,2189 (sem banda)

Triplex:

H_0 : 0,9608 (com banda) : 0,0392 (sem banda)

Quadriplex:

H_0 : 1,00 (com banda) : 0,00 (sem banda)

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Avaliação do desempenho agronômico

Os resumos das análises de variância, para produção de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso médio de tubérculos comerciáveis, porcentagem de matéria seca e aparência de tubérculos são apresentados na Tabela 3.

Para todos os caracteres avaliados, os tratamentos diferiram significativamente, indicando haver variabilidade genética (Tabela 3).

Os coeficientes de variação ambiental (CV) foram altos para produção de tubérculos e porcentagem de graúdos. Coeficientes dessas magnitudes, porém, são comuns em experimentos com batata, principalmente, para caracteres relacionados à produção (Vermeer, 1990). Outro fato que pode ter acarretado maior valor de CV foi que o tamanho dos tubérculos utilizados como semente não era uniforme, o qual pôde afetar no desenvolvimento e produtividade dos clones. No entanto, o valor encontrado para o CV de produção de tubérculos foi semelhante ao encontrado por Silva (1999) que trabalhou com delineamento em blocos aumentados e com clones resistentes ao PVY, de constituição genética semelhante aos clones do presente trabalho. Por outro lado, como salienta Ramalho et al. (2005), o erro experimental nesse tipo de delineamento é estimado a partir dos tratamentos comuns e os tratamentos regulares não têm nenhuma influência na estimativa do erro.

TABELA 3. Resumo da análise de variância para produção de tubérculos, % tubérculos graúdos, peso médio de tubérculos comerciáveis, % de matéria seca e aparência dos tubérculos apresentadas pelos clones CMA.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio				
		Produção (g x planta ⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência
Tratamento	343	55264,76*	582,58**	506,22**	8,03**	0,5534**
Erro	40	38338,55	207,58	128,05	1,47	0,1113
Médias		521,33	48,8	80,04	21,35	2,83
CV (%)		37,63	31,53	14,61	5,84	11,33

ns não significativo

* significativo a 8% de probabilidade

** significativo a 1% de probabilidade

Quanto aos parâmetros genéticos estimados, os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram moderados para todos os caracteres (Tabela 4). Embora esse parâmetro não seja imutável, variando em função das populações e das condições experimentais, estão de acordo com os encontrados na literatura. Lambert (2004) e Bearzoti (1994) observaram herdabilidades variando de 35% a 81%, respectivamente, para produção de tubérculos.

Apesar dos valores de herdabilidade terem sido moderados, é possível realizar a seleção de clones superiores para porcentagem de graúdos, peso médio de tubérculos, porcentagem de matéria seca e aparência, uma vez que apresentaram o valor de $b (CV_g/CV_e)$ superior a 1,00, indicando ser a maior parte da variação devido à variância genética (Tabela 4).

Na Tabela 5 são mostradas as médias para produção, porcentagem de graúdos, peso médio dos tubérculos, porcentagem de matéria seca e aparência dos trinta melhores clones, de acordo com a classificação com base na soma de postos (Mulamba & Mock, 1978). O índice proposto por estes autores consiste

em classificar os materiais em relação a cada um dos caracteres. As ordens referentes a cada caráter são somadas, resultando em uma medida tomada como índice para seleção dos materiais. Os índices variaram de 35, clone de melhor desempenho, a 317, clone de pior desempenho. Nota-se que trinta genótipos superaram as testemunhas com base no índice.

De modo geral, os clones experimentais apresentaram maior teor de matéria seca dos tubérculos, evidenciando sua melhor qualidade para fritura (Tabela 5). Os clones mais produtivos ultrapassaram 1,0 Kg x planta⁻¹ e superaram a testemunha mais produtiva (cultivar Atlantic) em mais de 50%. Alguns clones apresentaram ótima aparência de tubérculos semelhante à da cultivar Monalisa e, portanto, possuem potencial como clones de mesa. Apresentam ainda a vantagem de serem mais produtivos e com maior teor de matéria seca (Tabela 5).

TABELA 4. Estimativas dos parâmetros de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), variância genética (σ^2_g), variância ambiental (σ^2_e), coeficiente de variação genético (CV_g) e índice b (CV_g/ CV_e) para os caracteres avaliados.

Parâmetros	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência
h^2_a	33,23	65,99	76,5	77,64	76,14
σ^2_g	19083,12	402,75	416,78	5,12	0,36
σ^2_e	38338,55	207,58	128,05	1,47	0,11
CV_g	26,31	40,76	25,4	10,59	21,09
b	0,7055	1,39	1,8	1,86	1,79

TABELA 5. Médias dos trinta melhores clones e das testemunhas para produção, % de grãos, peso médio de tubérculos comerciáveis, % de matéria seca e aparência, selecionados com base no índice de Mulamba e Mock.

Clones	Prod (g x planta ⁻¹)	% Grãos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 233	1118,85	87,24	146,91	21,93	3,91	35
CMA 177	957,73	86,73	125,12	21,85	3,52	48
CMA 141	872,32	78,32	105,55	21,75	4,41	50
CMA 321	886,90	83,53	117,49	22,37	3,13	57
CMA 154	559,82	80,65	95,10	24,67	3,91	58
CMA 165	782,73	98,66	126,69	21,35	3,52	58
CMA 169	1095,23	90,25	102,17	22,25	3,02	60
CMA 322	811,90	73,90	89,62	22,32	3,96	63
CMA 238	856,35	47,24	104,86	24,71	3,74	66
CMA 303	743,15	92,06	134,24	19,77	4,52	66
CMA 105	780,65	77,10	106,11	21,57	3,41	70
CMA 148	872,32	81,45	151,27	20,48	3,41	70
CMA 386	1007,73	71,31	98,26	22,23	3,24	70
CMA 99	738,98	78,53	92,65	22,95	3,19	70
CMA 416	807,73	92,33	152,81	21,12	3,13	70
CMA 155	1009,82	86,03	94,72	25,08	2,41	74
CMA 191	795,23	79,91	127,62	19,64	3,85	74
CMA 144	616,07	79,37	104,68	21,07	4,58	76
CMA 419	882,73	94,70	130,44	20,96	2,96	77
CMA 113	611,90	74,33	92,31	24,94	3,08	78
CMA 229	631,35	74,60	102,58	24,15	2,91	79
CMA 136	736,21	70,94	127,34	22,03	3,02	79
CMA 393	788,98	57,29	92,89	22,41	3,74	82
CMA 94	701,48	69,85	84,50	22,87	3,52	83
CMA 366	682,55	89,06	106,93	20,81	3,33	83
CMA 225	762,60	68,72	119,58	22,37	2,91	83
CMA 159	655,65	92,70	122,70	20,26	3,41	84
CMA 367	707,55	62,38	91,72	21,81	4,17	84
CMA 411	291,07	88,95	101,28	25,27	3,46	85
CMA 296	820,93	72,30	79,02	24,90	3,02	86
Asterix	321,92	18,52	66,59	17,74	3,37	242
Atlantic	681,80	39,66	59,19	19,16	2,89	207
Monalisa	481,98	21,60	59,13	16,18	4,46	221

4.2 Identificação dos clones com o marcador SCAR

A avaliação das plantas do cruzamento-teste com o marcador RYSC3, (Kasai et al., 2000), permitiu a identificação do alelo Ry_{adg} , inferindo-se a respeito da constituição genética do clone parental. A banda que marca esse alelo é de fácil identificação, não deixando dúvidas quanto à presença do mesmo.

Para determinação da constituição genética dos clones, inicialmente, foram utilizados apenas dez descendentes de cada clone ao permitir uma avaliação de maior número dos clones. Posteriormente, para os clones que apresentaram maior probabilidade de serem triplex, foram avaliados vinte descendentes.

O fato do loco Ry_{adg} se localizar na extremidade do cromossomo XI, segundo Hämäläinen et al. (1997), facilita a ocorrência de redução dupla, já que aumenta a probabilidade de ocorrer permuta entre o loco e o centrômero. Assim, utilizou-se como frequência de redução dupla (α) o valor encontrado por Mendoza et al. (1996).

A partir do cruzamento dos clones duplex (OAS 3-30 x JUG 2-20) e, considerando segregação cromossômica ($\alpha=0$), espera-se uma proporção de 1/36 quadriplex : 8/36 triplex : 18/36 duplex : 8/36 simplex : 1/36 nuliplex. No entanto, considerando redução dupla, com $\alpha=0,1566$ (Mendoza et al. 1996), a segregação esperada é de aproximadamente 1/21 quadriplex : 5/21 triplex : 9/21 duplex : 5/21 simplex : 1/21 nuliplex. Contudo, nesse trabalho não foi possível verificar o ajuste a essas proporções em função da ambigüidade de resultados (Tabela 6).

TABELA 6. Frequências observadas da descendência do cruzamento-teste com presença (+) e ausência (-) da banda de 321 pb e valores e significância dos testes de χ^2 para as constituições genéticas nuliplex, simplex, duplex, triplex e quadripex, considerando frequência de redução dupla $\alpha=0,1566$.

Genótipos	Bandas		Total	Constituição Genética							
	+	-		Nuliplex	Simplex	Duplex	Tripex	Quadripex			
CMA 229	0	10	10	0,00 ns	8,55 **	35,68 **	245,75 **	**	**		
CMA 109	2	8	10	**	2,74 ns	19,75 **	154,10 **	**	**		
CMA 218	2	8	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 365	3	6	9	**	0,59 ns	10,55 **	94,34 **	**	**		
CMA 40	3	7	10	**	1,04 ns	13,54 **	116,26 **	**	**		
CMA 87	3	7	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 194	3	7	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 245	3	7	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 307	3	7	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 114	4	5	9	**	0,01 ns	5,97 *	63,89 **	**	**		
CMA 93	4	6	10	**	0,15 ns	8,49 **	83,74 **	**	**		
CMA 254	4	6	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 360	4	6	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 379	4	6	10	**	ns	**	**	**	**		
CMA 22	5	4	9	**	0,32 ns	2,68 ns	39,36 **	**	**		
CMA 30	5	5	10	**	0,06 ns	4,62 *	56,54 **	**	**		
CMA 31	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 58	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 85	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 122	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 249	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 299	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 315	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 372	5	5	10	**	ns	*	**	**	**		
CMA 111	6	3	9	**	1,53 ns	0,69 ns	20,74 **	**	**		
CMA 6	6	4	10	**	0,78 ns	1,92 ns	34,67 **	**	**		
CMA 29	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 52	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 168	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 182	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 184	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 268	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 308	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		
CMA 370	6	4	10	**	ns	ns	**	**	**		

“...continua...”

“TABELA 6.Cont.”

Genótipos	Bandas		Total	Constituição Genética						
	+	-		Nuliplex	Simplex	Duplex	Triplex	Quadriplex		
CMA 63	7	3	10	**	2,30 ns	0,38 ns	18,12 **	**		
CMA 84	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 106	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 201	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 246	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 293	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 327	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 374	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 385	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 420	7	3	10	**	ns	ns	**	**		
CMA 37	8	2	10	**	4,63 *	0,02 ns	6,89 **	**		
CMA 80	8	2	10	**	*	ns	**	**		
CMA 238	8	2	10	**	*	ns	**	**		
CMA 310	8	2	10	**	*	ns	**	**		
CMA 346	8	2	10	**	*	ns	**	**		
CMA 357	8	2	10	**	*	ns	**	**		
CMA 104	9	1	10	**	7,76 **	0,83 ns	0,99 ns	**		
CMA 330	9	1	10	**	**	ns	ns	**		
CMA 355	9	1	10	**	**	ns	ns	**		
CMA 382	9	1	10	**	**	ns	ns	**		
CMA 77	10	0	10	**	11,70 **	2,80 ns	0,41 ns	0,00 ns		
CMA 141	10	0	10	**	**	ns	ns	ns		
CMA 170	10	0	10	**	**	ns	ns	ns		
CMA 270	10	0	10	**	**	ns	ns	ns		
CMA 325	10	0	10	**	**	ns	ns	ns		
CMA 341	10	0	10	**	**	ns	ns	ns		
CMA 399	10	0	10	**	**	ns	ns	ns		

ns não significativo

* significativo a 5%

** significativo a 1%

Na Tabela 6 estão apresentados os valores e as significâncias dos testes de χ^2 para as constituições nuliplex, simplex, duplex, triplex e quadriplex. Observa-se que, quando a proporção de plantas que apresentam bandas (+) para as que não apresentam (-) é inferior a 9:1, respectivamente, há maior probabilidade de que o clone testado não apresente constituição triplex ou

quadriplex, o que no presente trabalho leva a seu descarte. Assim, os clones CMA 104, CMA 330, CMA 355, CMA 382, CMA 77, CMA 141, CMA 170, CMA 270, CMA 325, CMA 341 e CMA 399 com resposta não significativa para a constituição triplex foram avaliados com progênies de 20 plantas (Tabela 7).

Os clones CMA 355, CMA 104, CMA 382 e CMA 170, por apresentarem grande número de descendentes sem a banda, provavelmente, não têm a constituição triplex. Já os clones CMA 325 e CMA 330 podem apresentar constituição duplex ou triplex (Tabela 7). Para certificar as suas constituições genéticas é necessário avaliar maior número de descendentes.

TABELA 7. Número de indivíduos da descendência com presença (+) e ausência (-) da banda de 321 pb e valores e significância dos testes de χ^2 para as constituições genéticas nuliplex, simplex, duplex, triplex e quadriplex para 11 clones que apresentaram $\geq 90\%$ descendência resistente pela primeira análise com marcador SCAR, admitindo redução dupla ($\alpha=0,1566$).

Genótipos	Bandas		Total	Constituição genética						
	+	-		Simplex	Duplex	Triples	Quadriplex			
CMA 355	9	4	13	2,80	ns	0,60	ns	24,96	**	**
CMA 104	15	5	20	6,73	**	0,11	ns	23,68	**	**
CMA 382	16	4	20	9,26	**	0,04	ns	13,78	**	**
CMA 170	17	3	20	12,19	**	0,56	ns	6,55	*	**
CMA 325	18	2	20	15,52	**	1,65	ns	1,97	ns	**
CMA 330	18	2	20	15,52	**	ns		ns		**
CMA 77	19	1	20	19,26	**	3,34	ns	0,06	ns	**
CMA 141	19	1	20	19,26	**	ns		ns		**
CMA 341	19	1	20	19,26	**	ns		ns		**
CMA 399	19	1	20	19,26	**	ns		ns		**
CMA 270	20	0	20	23,39	**	5,60	*	0,81	ns	0,00 ns

ns não significativo

* significativo a 95%

** significativo a 99%

Por outro lado, os clones CMA 77, CMA 141, CMA 341 e CMA 399, apesar de apresentar não significância no teste de χ^2 para as constituições duplex e triplex, têm pela distribuição binomial de probabilidade, cerca de 9 vezes mais chances de ser triplex do que duplex, o que pode ser verificado pelos cálculos a seguir:

Considerando $\alpha=0,1566$,

- Um clone duplex cruzado com um nuliplex apresentará:
0,7811 descendentes resistentes e 0,2189 suscetíveis.
- Um clone triplex cruzado com um nuliplex apresentará:
0,9609 descendentes resistentes e 0,0391 suscetíveis.

Pela distribuição binomial de probabilidade, a probabilidade de um indivíduo duplex apresentar, dos 20 descendentes analisados obtidos pelo cruzamento-teste, 19 com a banda e somente 1 sem a banda é de:

$$P_{Dup} = \frac{20!}{1! 19!} (0,7811)^{19} (0,2189)^1$$
$$P_{Dup} = 0,04 = 4\%$$

Já a probabilidade de um clone triplex apresentar, dos 20 descendentes analisados, somente 1 sem a banda é de:

$$P_{Tri} = \frac{20!}{1! 19!} (0,9609)^{19} (0,0391)^1$$
$$P_{Tri} = 0,3665 = 36,65\%$$

Já o clone CMA 270, que apresentou todos os descendentes com bandas (Figura 2), pode ser triplex ou quadriplex. A probabilidade desse clone ter a constituição duplex é 63 vezes inferior a dele ser triplex, da mesma forma de acordo com a distribuição binomial de probabilidade.

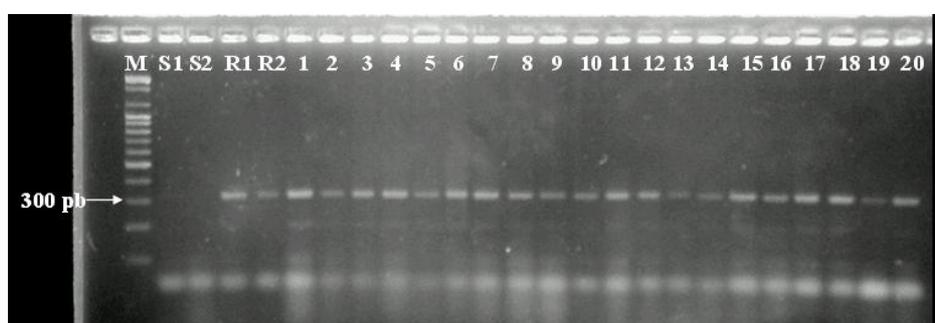


FIGURA 2. Presença de bandas identificadas pelo par de primers RYSC3 em 20 plantas (1 a 20) da descendência do cruzamento-teste do clone CMA 270, das testemunhas suscetíveis S1 (Monalisa) e S2 (Chiquita) e das testemunhas resistentes R1 (XY14) e R2 (XY17). M é o marcador 100 pb DNA Ladder. Note que todas as plantas da descendência apresentaram a banda de 321 pb, indicando que este clone pode ter constituição genética triplex ou quadriplex.

4.3 Considerações Finais

Dos 341 clones avaliados em campo, foi possível testar com o marcador molecular SCAR apenas 61.

O clone CMA 141 ficou entre os trinta melhores, de acordo com o índice de Mulamba e Mock, obtendo o terceiro menor valor (Tabela 5) e apresentou não significância para a constituição genética triplex. Esses resultados demonstram ser um material de grande valor tanto para ser usado em programas de melhoramento, como para ser lançado como cultivar. Um fato de destaque é que esse clone apresentou aparência dos tubérculos semelhante à da cultivar Monalisa, utilizada como padrão de mercado, caráter bastante almejado pelos melhoristas atualmente.

Embora o clone CMA 238, provavelmente, não apresente constituição triplex (Tabela 6), é portador do alelo *Ry_{adg}*, também, tendo potencial para ser lançado como cultivar, já que superou os índices das testemunhas (Tabela 5).

Outros materiais que apresentaram não significância para a constituição genética triplex ou quadriplex pela análise molecular e que não ficaram entre os trinta melhores, mostraram-se bastante produtivos, com elevada porcentagem de tubérculos graúdos e alto teor de matéria seca, relativamente às testemunhas. Foi o caso do CMA 270, que apresentou todos os 20 descendentes com a banda e mostrou-se produtivo na avaliação de campo (488,74 g x planta⁻¹), tendo uma produção de tubérculos semelhante à da cultivar Monalisa, no entanto com uma porcentagem de tubérculos graúdos e teor de matéria seca mais elevado que de todas as testemunhas, 71,11% e 20,79%, respectivamente (Tabela 1A).

Todos clones identificados como possuidores do alelo *Ry_{adg}*, mesmo sem se destacarem dentre os trinta melhores quanto à avaliação dos caracteres agrônômicos, apresentaram teores de matéria seca mais altos que as testemunhas (Tabela 1A), sendo esse um caráter desejado pelas indústrias. Além disso,

servem como fonte de resistência ao PVY. Esses clones são promissores para serem usados em programas de melhoramento de batata, visando à obtenção de materiais com resistência múltipla a doenças e caracteres agronômicos desejáveis.

5 CONCLUSÕES

É possível fazer inferências sobre a constituição genética dos clones por meio da descendência do cruzamento-teste, com o uso do marcador SCAR RYSC3.

Alguns clones apresentaram constituição genética provavelmente triplex.

Para certificar com maior precisão a constituição genética dos clones é necessário utilizar progênies mais numerosas.

Foram identificados clones portadores do alelo Ry_{adg} e com desempenho agrônômico superior às cultivares testemunhas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANUÁRIO DA AGRICULTURA BRASILEIRA. AGRIANUAL 2008. São Paulo: FNP Consultoria e Comércio, 2008.
- ASAMA, K.; ITO, H.; MURAKAMI, N.; ITOH, T. New potato variety “Konafubuki”. **Bull Hokkaido Pref Agr Exp Stn**, v. 94, p. 98-203, 1982.
- BALDAUF, P. M. Bioçogical and serological properties of *Potato virus Y* isolates in northeastern United States potato. **Plant Disease**, v. 90, n. 5, p. 559-566, 2006.
- BALME-SINIBALDI, V.; TRIBODET, M. CROIZAT, F.; LEFEUVRE, P.; KERLAN C.; JACQUOT, E. Improvement of *Potato virus Y* (PVY) detection and quantitation using PVY^N- and PVY^O- specific real-time RT-PCR assays. **Journal of Virological Methods**, 134, p. 261-266, 2006.
- BARKER, H. Inheritance of resistance to potato viruses Y and A in progeny obtained from potato cultivars containing gene Ry: evidence for a new gene for extreme resistance to PVA. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p. 710-716, 1996.
- BARKER, H. Extreme resistance to potato virus V in clones of *Solanum tuberosum* that are also resistant to potato viruses Y and A: evidence for a locus conferring broad-spectrum resistance. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 95, p. 1258-1262, 1997.
- BEARZOTI, E. **Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento**. 1994. 128 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras.
- BECZNER, L.; HORVATH, H.; ROMHANYI, L. FORSTER, H. Studies on the etiology of tuber necrotic ringspot disease in potato. **Potato Research**, v. 27, p. 339-352, 1984.
- BEEMSTER, A. B. R.; DE BOKX, J. A. Survey of properties and symptoms. In: DE BOKX, J. A.; VAN DER WANT, J. P. H. **Viruses of potatoes and seed-potato production**. 2 ed. Wageningen: Pudoc, 1987. Cap. 6, p. 84-113.

BLANCO-URGOITI, B.; TRIBODET, M.; LECLERE, S.; PONZ, F.; SAN ROMÁN, C. P. de; LEGORBURU, F. J.; KERLAN, C. Characterization of potato Potyvirus Y (PVY) isolates from seed potato batches. Situation of the NTN, Wilga and Z isolates. **European Journal of Plant Pathology**, v. 104, p. 811-819, 1998.

BRADSHAW, J. E. Quantitative genetics theory for tetrasomic inheritance. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. **Potato Genetics**, Wallingford, U.K.: CAB International, 1994. Cap. 3, p. 71-100.

BRIGNETI, G.; GARCIA-MAS, J.; BAULCOMBE, D. C. Molecular mapping of the potato virus Y resistance gene *Ry_{sto}* in potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 94, p. 198-203, 1997.

BURNHAM, C. R. **Discussions in Cytogenetics**. Univ. Minnesota, Saint Paul, 393 p., 1962.

BUSO, J. A.; AVILA, A. C. de; BEEK, M. A.; PUENTE, F. de la; REIFSCHNEIDER, F. J. B. Melhoramento para resistência a viroses em batata no Brasil: Metodologia de avaliação e resultados. In: HIDALGO, O. A.; RINCON, H. **Avances en el Mejoramiento Genético de la Papa en los Países del Cono Sur**. CIP, Lima, Peru, 1990. p. 95-100.

CÂMARA, F. L. A.; CUPRETINO, F. P.; FILGUEIRA, F. A. R. Incidência de vírus em cultivares de batata multiplicadas sucessivamente em Goiás. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 11, n. 3, p. 711-716, out. 1986.

CHRZANOWSKA, M. Differentiation of *Potato 40nfer Y* (PVY) isolates. **Phytopathologica Polonica**, 8, 15-20, 1994.

COCKERHAM, G. The reactions of potato varieties to viruses X, A, B and C. **Annals of Applied Biology**, v. 30, p. 338-344, 1943.

COCKERHAM, G. Genetical studies on resistance to potato viruses X and Y. **Heredity**, v. 25, p. 309-348, Aug. 1970.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: Estatística experimental e matrizes**. Viçosa : UFV, 2000. 285 p.

DANIELS, J. Viroses da batata e suas implicações na produção de batata-semente no Rio Grande do Sul. **Summa Phytopathologica**, Piracicaba, v. 21, n. 3-4, p.269-270, 1995.

DANIELS, J.; PEREIRA, A. da S. Resistência de genótipos de batata ao vírus do enrolamento da folha da batata (PLRV) e ao vírus Y (PVY). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 521-524, jul./set. 2004.

DE BOKX, J. A.; VAN DER WANT, J. P. H. **Viruses of potatoes and seed-potato production**. 2 ed. Wageningen: Pudoc, 1987. 259 p.

DE BOKX, J. A. Biological properties. In: DE BOKX, J. A.; VAN DER WANT, J. P. H. **Viruses of potatoes and seed-potato production**. 2 ed. Wageningen: Pudoc, 1987. Cap. 5, p. 58-83.

FAO. **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. 2008. Disponível em: <<http://www.potato2008.org/>>. Acesso em: 03 jun 2008.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record**, Honolulu, v. 55, p. 191-208, 1956.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3. 41n. Brasília: Embrapa-CENARGEN, 1998. 220 p

FIGUEIRA, A. R. Viroses da batata e suas implicações na produção de batata-semente do estado de Minas Gerais: histórico do problema e soluções. **Summa Phytopathologica**, Piracicaba, v. 21, n. 3-4, p.268-269, 1995.

FISHER, R. A.; MATHER, K. The inheritance of style length in *Lythrum salicaria*. **Annals of Eugenics**, v. 12, p. 1-23, 1943.

FLIS, B.; HENNIG, J.; STRZELCZYK-ZYTA, D. The *Ry-f_{sto}* gene from *Solanum stoloniferum* for extreme resistant to *Potato Virus Y* maps to potato chromosome XII and is diagnosed by PCR marker GP122718 in PVY resistant potato cultivars. **Molecular Breeding**, v.15, p. 95–101, 2005.

FRITIG, B.; KAUFMANN, S.; DUMAS, B.; FEOFFROY, P.; KOPP, M.; LEGRAND, M. Mechanisms of the hypersensitive reaction in plant. In: EVERED, D.; HARNETT, S. **Plant Resistance to Viruses**. CIBA Symposium, 1987. Chap. 133, p. 92-107.

GADUM, J. **Desempenho agrônômico e reação de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.) ao PVY**. 2001. 39p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

GALLOTTI, G. J. M.; HIRANO, E.; BERTOCINI, O. Virose da batata: principais causas de degenerescência. **Agropecuário Catarinense**, Canoinhas, v. 5, n. 4, p. 47-48, dez. 1992.

GEBHARDT, C.; VALKONEN, J. P. T. Organization of genes controlling disease resistance in the potato genome. **Annual Review of Phytopathology**, v. 39, 79-102, 2001.

GEBHARDT, C.; BELLIN, D.; HENSELEWSKI, H.; LEHMANN, W.; SCHWARZFISCHER, J.; VALKONEN, J. P. T. Marker-assisted combination of major genes for pathogen resistance in potato. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 112, p. 1458-1464, 2006.

GLAIS, L.; TRIBODET, M.; KERLAN, C. Genomic variability in *Potato Potyvirus Y* (PVY): evidence that PVY^{NW} and PVY^{NTN} variants are single to multiple recombinants between PVY^O and PVY^N isolates. **Archives of Virology**, 147, p. 363-378, 2002.

GLAIS, L.; TRIBODET, M.; KERLAN, C. Specific detection of the PVY^{NW} variant of *Potato virus Y*. **Journal of Virological Methods**, v. 125, p. 131-136, 2005.

HÄMÄLÄINEN, J. H.; WATANABE, K. N.; VALKONEN, J. P. T.; ARIHARA, A.; PLAISTED, R. L.; PEHU, E.; MILLER, L.; SLACK, S. A. Mapping and marker-assisted selection for a gene for extreme resistance to potato virus Y. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 94, p. 192-197, 1997.

HÄMÄLÄINEN, J. H.; KEKARAINEN, T.; GEBHARDT, C.; WATANABE, K. N.; VALKONEN, J. P. T. Recessive and dominant genes interfere with the vascular transport of *Potato virus A* in diploid potatoes. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, v. 13, n. 4, p. 402-412, 2000.

HOOKE, W. J. **Compendium of potato disease**, St Paul: American Phytopathological Society, 1981. 125 p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. 2008. Disponível em: <<http://42nf.ibge.gov.br>>. Acesso em: 19 maio 2008.

JONES, R. A. C. Strain group specific and virus specific hypersensitive reactions to infection with potyviruses in potato cultivars. **Annals of Applied Biology**, v. 117, p. 93-105, 1990.

KAHN, P. K.; MONROE, R. L. Detection of the 43nferme veinal necrosis strains of *Potato Virus Y* in *Solanum tuberosum* and *S. andigena* introduced into United States. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 53, n. 11, p. 1356-1359, Sept. 1963.

KASAI, K.; MORIKAWA, Y.; SORRI, V. A.; VALKONEN, J. P. T.; GEBEHARDT, C.; WATANABE, K. N. Development of SCAR markers to the PVY resistance gene *Ry^{adg}* based on a common feature of plant disease resistance genes. **Genome**, v. 43, p. 1-8, 2000.

LAMBERT, E. S. **Estratégias para o melhoramento da batata para condições tropicais**. 2004. 142 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

MACÊDO, A. FAO anuncia comemorações no ano internacional da batata. **Batata Show**, Itapetininga, n. 20, p. 58-60, mar. 2008.

MATHER, K. Reductional and equational separation of the chromosomes in bivalents and enfermedad. **Journal of Genetics**, v. 30, p. 53-78, 1935.

MCDONALD, J. G.; SINGH, R. P. Host range, symptomology, and serology of isolates of potato virus Y (PVY) that share properties with both the PVY^N and PVY^O strain groups. **American Journal of Potato Research**, v. 73, p. 309-315, 1996.

MENDOZA, H. A. Mejoramiento de papa para resistencia a los virus Y, X, así como al enrollamiento de las hojas: estrategia de investigación para procedimientos de selección. In: HIDALGO, O. A.; RINCON, H. R. **Avances en el Mejoramiento Genético de la Papa en los países Del Cono Sur**. Lima: CIP, 1990. p. 133-147.

MENDOZA, H. A. Development of potatoes with multiple resistance to abiotic stress. In: ZEHNDER, G. W.; POWELSON, M. L.; JANSSON, R. K.; RAMAN, K. V. **Advances in potato pest: biology and management**. Lima: CIP, 1993. p. 249-257.

MENDOZA, H. A. Development of potatoes with multiple resistance to abiotic stress. In: ZEHNDER, G. W. M.; POWELSON, M. L.; JANSSON, R. K. **Advances in potato pest: biology and management**. Lima: CIP, 1994. p. 627-642.

MENDOZA, H. A.; MIHOVILOVICH, E. J.; SAGUMA, F. Identification of triplex (YYYY) *Potato virus Y* (PVY) immune progenitors derived from *Solanum tuberosum* spp. *Andigena*. **American Potato Journal**, v. 73, p. 13-19, 1996.

MIHOVILOVICH, E. J. Combatiendo las 44 enfermedades de la papa: Desarrollo de clones parentales inmunes a los virus X e Y de la papa. In: HOOKER, W. J. **Compendio de enfermedades de la papa**. Lima: CIP, 1996. v. 22, n. 2, p. 6-9.

MIZUBUTI, A. Principais viroses da batateira sob condições de Brasil central. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 17, n. 76, p. 46-50, abr. 1981.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the method Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Citology**, Giza, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

MUÑOZ, F. J.; PLAISTED, R. L.; THURSTON, H. D. Resistance to potato virus Y in *Solanum tuberosum* spp. *Andigena*. **American Potato Journal**, v. 52, p. 107-115, 1975.

NIENHUIS, J.; TIVANG, J.; SCKROCH, P.; SANTOS, J. B. dos. Genetic relations among cultivars and lines of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD marker. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 120, n. 2, p. 300-306, Mar. 1995.

NOVY, R. G.; NASRUDDIN, A.; RAGSDALE, D. W.; RADCLIFFE, E. B. Genetic resistances to *Potato Leafroll Virus*, *Potato Virus Y*, and green peach aphid in progeny of *Solanum tuberosum*. **American Journal of Potato Research**, v. 79, p. 9-18, 2002.

PEREIRA, A. S. Composição química, valor nutricional e industrialização. In: REIFSCHNEIDER, F. J. B. **Produção de batata**. Brasília: Linha gráfica e editora, 1987. v. 1, p. 12-28.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. de. **Experimentação em Genética e melhoramento de plantas**. 2 ed. ver. e atual. Lavras: UFLA, 2005. 322 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. 2 ed. ver. e ampl. Lavras: UFLA, 2000. 472 p.

RIBEIRO, A. M.; PINTO, C. A. B. P.; ANDRADE, C. M.; SANTOS, J. B. dos; FIGUEIRA, A. R. SCAR marker for the selection of Ry-duplex potato clones immune to *Potato Virus Y*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 6, p. 1-8, 2006.

RODRIGUES, G. B. **Seleção divergente para duração do ciclo vegetativo em batata**. 2006. 55 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras.

ROSS, H. **Potato Breeding: problems and perspectives**. Berlin: Paul Parey Verlag, 1986. 132 p.

SALAZAR, L. F. **Potato viruses and their control**, Lima, Peru: CIP, 214 p., 1996.

SCHIPPERS, P. A. The relationship between specific gravity and percentage dry matter in potato tubers. **American Potato Journal**, Orono, v. 53, n. 4, p. 111-112, apr. 1976.

SECOR, G. A.; RIVERA-VARAS, V. V. Emerging diseases of cultivated potato and their impact on Latin America. **Revista Latinoamericana de la Papa**, 2004. Suplemento.

SILVA, O. A. **Identificação de clones de batata imunes ao PVX e PVY, adaptados a região Sul de Minas Gerais**. 1999. 46 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras.

SOLOMON-BLACKBURN, R. M.; BARKER, H. A review of host major-gene resistance to potato viruses X, Y, A and V in potato: genes, genetic and mapped locations. **Heredity**, v. 86, p. 8-16, 2001.

SOUZA-DIAS, J. A. C. de; VIVARELLI, J. B.; FILHO, J. C. Viroses da batata e suas implicações na produção de batata-semente no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, Piracicaba, v. 21, n. 3-4, p.264-266, 1995.

SOUZA-DIAS, J. A. C. de. Raças do vírus Y da batata (PVY) e a questão da variante NTN. **Batata Show**, v. 1, n. 2, p. 16-21, jul. 2001.

STEVENSON, W. R., LORIA, R., FRANCE, G. D.; WEINGARTNER, D.P. **Compendium of Potato Diseases**. St Paul, Minnesota: The American Phytopathological Society, 2001.

SYBENGA, J. **Cytogenetics in Plant Breeding**. Berlin:Springer, 469 p., 1992.

SWIEZYNSKI, K. M. Inheritance to resistance to viruses. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. **Potato Genetics**, Wallingford, U.K: CAB International, 1994. Cap. 15, p. 339-363.

TALBURT, W. F.; SCHWIMMER, S.; BURR, H. K. Structure and chemical composition of the potato tubers. In: TALBURT, W. F.; SMITH, O. **Potato Processing**, 1975. p. 11-42.

VALKONEN, J. P. T. Natural genes and mechanisms for resistance to viruses in cultivated and wild potato species (*Solanum* spp.). **Plant Breeding**, v. 112, p. 1-16, 1994a.

VALKONEN, J. P. T.; SLACK, S. A.; PLAISTED, R. L.; WATANABE, K. N. Extreme resistance is epistatic to hypersensitive resistance to potato virus Y⁰ in a *Solanum tuberosum* subsp. *Andigena*-derived potato genotype. **Plant Disease**, v. 78, p. 1177-1180, 1994b.

VALKONEN, J. P. T.; JONES, R. A. C.; SLACK, S. A.; WATANABE, K. N. Resistance specificities to viruses in potato: Standardization of nomenclature. **Plant Breeding**, v. 115, p. 433-438, 1998.

VALKONEN, J. P. T. Potato viruses: economical losses and biotechnological potential. In: VIOLA, R.; GEBHART, C.; GOVERS, F.; VREUGDENHIL, D.; MACKERRON, D. **Potato biology and biotechnology**, San Diego, Elsevier, 2007. p. 619-941.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VERMEER, H. Optimising potato breeding. I. The genotypic, environmental and genotype-environment coefficients of variation for tuber yield and other traits in potato (*Solanum tuberosum* L.) under different experimental conditions. **Euphytica**, v. 49, n. 3, p. 229-236, Sept. 1990.

WU, R.; GALLO-MEAGHER, M.; LITTLE, R. C.; ZENG, Z. A general polyploidy model for analyzing gene segregation in outcrossing tetraploid species. **Genetics**, v. 159, p. 869-882, Oct. 2001.

ANEXO

ANEXO A	Página
TABELA 1A Média dos 341 clones avaliados e das testemunhas para produção, % tubérculos graúdos, peso médio de tubérculos comerciáveis, % matéria seca, aparência e índice de Mulamba e Mock.....	48

TABELA 1A. Médias dos 341 clones avaliados e das testemunhas para produção, % de tubérculos graúdos, peso médio de tubérculos comerciáveis, % de matéria seca, aparência e índice de Mulamba e Mock.

Clones	Prod (g x planta ⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 233	1118,85	87,24	146,91	21,93	3,91	35
CMA 177	957,73	86,73	125,12	21,85	3,52	48
CMA 141	872,32	78,32	105,55	21,75	4,41	50
CMA 321	886,90	83,53	117,49	22,37	3,13	57
CMA 154	559,82	80,65	95,10	24,67	3,91	58
CMA 165	782,73	98,66	126,69	21,35	3,52	58
CMA 169	1095,23	90,25	102,17	22,25	3,02	60
CMA 322	811,90	73,90	89,62	22,32	3,96	63
CMA 238	856,35	47,24	104,86	24,71	3,74	66
CMA 303	743,15	92,06	134,24	19,77	4,52	66
CMA 105	780,65	77,10	106,11	21,57	3,41	70
CMA 148	872,32	81,45	151,27	20,48	3,41	70
CMA 386	1007,73	71,31	98,26	22,23	3,24	70
CMA 99	738,98	78,53	92,65	22,95	3,19	70
CMA 416	807,73	92,33	152,81	21,12	3,13	70
CMA 155	1009,82	86,03	94,72	25,08	2,41	74
CMA 191	795,23	79,91	127,62	19,64	3,85	74
CMA 144	616,07	79,37	104,68	21,07	4,58	76
CMA 419	882,73	94,70	130,44	20,96	2,96	77
CMA 113	611,90	74,33	92,31	24,94	3,08	78
CMA 229	631,35	74,60	102,58	24,15	2,91	79
CMA 136	736,21	70,94	127,34	22,03	3,02	79
CMA 393	788,98	57,29	92,89	22,41	3,74	82
CMA 94	701,48	69,85	84,50	22,87	3,52	83
CMA 366	682,55	89,06	106,93	20,81	3,33	83
CMA 225	762,60	68,72	119,58	22,37	2,91	83
CMA 159	655,65	92,70	122,70	20,26	3,41	84

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 367	707,55	62,38	91,72	21,81	4,17	84
CMA 411	291,07	88,95	101,28	25,27	3,46	85
CMA 296	820,93	72,30	79,02	24,90	3,02	86
CMA 226	831,35	69,17	71,17	25,09	3,24	89
CMA 103	1101,48	83,37	93,67	20,33	3,08	89
CMA 387	976,48	73,97	97,46	22,63	2,58	91
CMA 390	1145,23	70,82	100,98	19,35	3,58	91
CMA 236	831,35	67,70	76,15	23,17	3,24	94
CMA 182	1032,73	70,37	112,59	18,36	3,35	98
CMA 395	632,73	59,02	89,24	24,26	3,08	99
CMA 204	916,07	75,56	131,97	19,15	2,96	100
CMA 213	928,57	80,18	103,07	20,14	2,80	100
CMA 158	753,57	63,16	90,55	20,27	3,91	100
CMA 221	506,35	82,48	114,92	23,39	2,58	101
CMA 394	632,73	60,63	81,92	24,58	3,24	101
CMA 194	645,23	68,86	105,50	21,42	3,02	102
CMA 354	634,63	61,63	80,61	22,81	3,67	103
CMA 162	888,98	62,08	71,77	21,82	3,85	103
CMA 274	626,24	56,99	96,13	23,51	2,92	105
CMA 173	870,23	82,75	100,90	19,67	2,85	105
CMA 368	1382,55	79,27	102,63	19,70	2,67	107
CMA 74	797,32	62,94	85,92	22,66	2,74	108
CMA 228	606,35	69,52	84,26	23,08	2,91	110
CMA 166	595,23	85,25	90,62	21,48	2,85	111
CMA 126	773,71	75,69	104,19	22,51	1,85	112
CMA 234	431,35	68,19	89,08	27,11	2,91	112
CMA 17	684,82	72,71	96,10	20,22	3,02	113
CMA 327	728,57	49,71	84,91	21,20	4,13	113
CMA 66	534,82	74,05	100,59	21,14	3,08	114
CMA 275	438,74	57,92	87,00	24,89	3,26	114

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 101	674,40	73,29	88,08	23,19	2,41	115
CMA 185	1157,73	64,59	92,68	21,51	2,52	115
CMA 286	1052,18	56,15	81,31	20,12	3,85	116
CMA 137	804,96	77,51	117,68	19,11	2,69	116
CMA 107	568,15	71,93	101,20	27,17	1,74	117
CMA 237	381,35	51,52	99,92	24,73	3,24	118
CMA 95	176,48	62,99	97,00	22,63	4,19	119
CMA 409	999,40	84,58	120,66	19,39	2,30	119
CMA 273	782,49	63,01	90,87	21,78	2,59	120
CMA 235	631,35	64,98	87,62	23,44	2,58	120
CMA 184	657,73	65,92	87,17	22,98	2,52	121
CMA 178	695,23	78,58	93,95	21,49	2,35	122
CMA 2	734,82	61,15	85,66	18,64	4,02	122
CMA 391	932,73	67,20	110,69	20,59	2,41	122
CMA 382	720,23	80,07	101,22	21,91	1,74	122
CMA 163	501,48	75,44	88,74	21,14	3,19	123
CMA 371	595,05	47,01	97,35	21,33	3,50	123
CMA 87	688,98	85,09	81,03	21,28	2,69	124
CMA 335	686,90	41,85	79,54	22,03	3,96	124
CMA 73	847,32	55,29	80,79	19,54	4,41	125
CMA 283	289,68	98,87	249,16	16,33	5,00	125
CMA 143	672,32	52,28	79,72	22,83	3,08	126
CMA 265	601,24	55,00	85,84	23,46	2,76	126
CMA 151	438,98	78,61	123,89	15,69	3,74	127
CMA 207	597,32	58,56	82,70	21,88	3,13	127
CMA 140	404,96	77,09	104,34	17,29	4,69	128
CMA 20	709,82	54,26	92,46	20,30	3,19	128
CMA 377	532,55	61,77	75,46	21,97	3,67	129
CMA 104	493,15	51,30	72,12	27,07	3,41	130
CMA 129	492,46	57,39	76,60	24,30	3,19	130

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 357	110,88	102,85	150,98	23,05	2,50	130
CMA 90	576,48	66,86	84,74	21,79	2,85	130
CMA 156	188,98	84,13	115,55	19,16	4,41	131
CMA 289	377,18	87,27	95,59	18,27	3,85	132
CMA 80	651,48	74,21	109,96	18,44	2,74	133
CMA 7	659,82	64,18	95,36	23,12	1,52	133
CMA 147	647,32	82,26	98,89	21,63	1,74	133
CMA 381	438,98	83,21	130,39	21,73	2,24	133
CMA 413	620,23	53,27	121,62	19,64	3,13	133
CMA 349	638,80	79,61	84,31	19,31	3,00	135
CMA 370	607,55	51,80	89,65	21,15	3,17	135
CMA 8	709,82	48,38	92,98	21,26	2,85	135
CMA 211	741,07	53,44	80,69	23,48	2,46	136
CMA 18	584,82	64,40	109,12	22,54	1,85	136
CMA 223	306,35	57,29	83,37	24,27	3,24	136
CMA 218	491,07	61,40	89,02	21,00	3,30	137
CMA 417	651,48	55,89	100,68	20,00	2,96	138
CMA 150	559,82	94,75	115,55	20,95	1,91	139
CMA 64	472,32	67,24	89,13	20,26	3,24	140
CMA 121	411,21	76,23	126,70	18,88	3,02	140
CMA 89	530,65	67,07	84,83	21,85	2,69	140
CMA 372	707,55	59,32	75,26	22,45	2,67	140
CMA 240	643,85	57,18	73,47	20,91	3,58	141
CMA 201	628,57	69,13	95,36	21,53	2,13	142
CMA 282	798,01	31,37	62,96	23,47	3,35	142
CMA 190	557,73	57,01	102,53	21,73	2,52	142
CMA 360	609,63	27,01	62,75	27,02	3,67	143
CMA 319	943,15	62,42	84,04	18,90	2,85	143
CMA 333	1011,90	53,31	68,79	22,68	2,63	143
CMA 1	503,57	69,22	91,79	22,04	2,35	143

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 255	757,73	74,40	83,52	19,95	2,46	145
CMA 385	995,23	72,35	91,37	18,27	2,41	145
CMA 100	38,98	71,76	103,25	31,06	2,19	146
CMA 217	678,57	44,33	82,36	21,28	3,13	146
CMA 119	793,15	82,79	111,54	18,58	1,41	146
CMA 284	648,01	71,12	77,42	21,69	2,52	146
CMA 139	438,29	74,02	92,95	21,10	2,69	147
CMA 297	448,01	65,65	58,25	22,52	3,69	147
CMA 420	407,73	39,41	86,69	22,54	3,46	147
CMA 186	582,73	51,85	84,78	24,87	2,19	147
CMA 214	791,07	55,65	81,64	21,65	2,46	148
CMA 342	578,38	70,28	100,98	20,98	2,17	149
CMA 269	751,24	54,30	85,12	21,42	2,42	149
CMA 343	497,13	73,73	83,48	20,86	2,83	149
CMA 405	657,73	37,90	89,53	20,48	3,13	150
CMA 167	507,73	47,14	93,12	20,11	3,35	151
CMA 294	602,18	50,51	57,73	22,04	3,85	151
CMA 374	445,05	57,96	77,30	20,98	3,83	152
CMA 326	361,90	80,48	75,04	21,85	2,96	152
CMA 270	488,74	71,11	92,52	20,79	2,59	153
CMA 106	411,90	75,73	82,29	21,84	2,58	155
CMA 111	455,65	71,72	92,52	22,36	1,91	155
CMA 341	378,38	61,18	79,55	23,12	2,83	155
CMA 146	728,57	43,18	88,63	20,16	2,91	155
CMA 19	347,32	46,72	89,54	20,89	3,85	156
CMA 115	505,65	61,79	81,41	25,83	1,74	156
CMA 199	520,23	61,98	78,99	20,45	3,19	156
CMA 410	732,73	50,95	86,21	20,70	2,63	157
CMA 389	638,98	34,41	58,59	23,56	3,24	157
CMA 9	1409,82	55,65	82,93	20,57	2,19	158

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 37	711,21	53,39	87,24	20,65	2,46	159
CMA 206	478,57	63,04	75,36	22,52	2,63	159
CMA 403	866,07	62,65	77,86	21,25	2,13	159
CMA 399	682,73	60,44	80,98	21,64	2,24	159
CMA 355	359,63	66,95	82,80	25,87	2,00	161
CMA 149	547,32	56,12	82,22	17,20	3,74	162
CMA 316	768,15	24,58	47,63	21,84	4,02	162
CMA 227	225,10	45,11	77,04	24,84	3,41	162
CMA 325	586,90	54,62	71,44	22,62	2,63	162
CMA 330	553,57	56,08	68,96	22,49	2,80	162
CMA 406	616,07	69,70	96,07	17,82	2,46	163
CMA 12	559,82	72,22	93,65	19,65	2,19	163
CMA 384	495,23	25,68	78,30	22,86	3,24	163
CMA 118	324,40	62,14	74,64	22,04	3,08	165
CMA 179	301,48	47,14	70,34	22,67	3,85	165
CMA 25	371,62	36,89	71,40	22,91	3,80	165
CMA 263	513,74	67,46	87,95	19,81	2,59	166
CMA 401	291,07	48,95	138,78	18,34	3,63	166
CMA 55	658,43	46,35	86,73	20,87	2,58	166
CMA 13	509,82	49,28	67,01	21,59	3,35	167
CMA 68	884,82	43,15	72,46	19,62	3,08	167
CMA 153	534,82	31,62	80,94	22,25	2,91	168
CMA 176	495,23	24,93	74,68	25,66	2,85	168
CMA 189	374,40	60,45	89,15	19,47	3,19	168
CMA 160	722,32	51,16	70,55	17,57	3,58	169
CMA 304	1093,15	39,85	84,24	19,92	2,52	169
CMA 76	568,15	34,20	73,93	22,35	2,91	170
CMA 208	716,07	36,11	59,57	22,18	2,96	170
CMA 350	522,13	57,47	75,98	20,47	3,00	170
CMA 30	573,71	35,82	76,96	23,53	2,46	171

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 84	438,98	48,43	66,49	25,60	2,69	172
CMA 256	607,73	44,36	84,00	20,33	2,80	173
CMA 98	538,98	46,76	67,22	21,13	3,35	173
CMA 171	501,48	67,75	81,94	19,67	2,69	173
CMA 91	438,98	77,59	93,25	19,02	2,35	173
CMA 292	570,93	52,90	88,94	21,26	2,19	174
CMA 345	722,13	56,08	68,98	21,69	2,33	174
CMA 346	559,63	44,54	72,41	21,37	3,00	175
CMA 364	332,55	60,34	83,07	18,91	3,50	175
CMA 397	570,23	51,32	79,55	17,36	3,41	176
CMA 220	447,32	10,70	72,36	23,15	3,30	177
CMA 203	591,07	48,64	78,61	19,09	3,13	177
CMA 232	312,60	33,60	71,29	22,73	3,58	177
CMA 23	429,96	27,37	60,99	25,20	3,13	178
CMA 216	491,07	45,49	72,36	20,08	3,63	179
CMA 4	143,15	66,02	100,79	22,75	1,69	179
CMA 114	326,48	58,30	81,41	25,91	1,58	179
CMA 257	691,07	43,15	63,51	22,02	2,63	180
CMA 128	104,96	43,76	77,68	29,10	2,85	180
CMA 205	509,82	56,88	91,68	20,75	2,13	181
CMA 376	501,30	19,57	60,49	22,67	3,50	182
CMA 276	263,74	62,78	74,50	22,92	2,59	182
CMA 331	536,90	59,19	80,99	19,59	2,63	183
CMA 246	266,07	69,93	77,57	18,66	3,46	183
CMA 78	553,57	50,94	78,71	20,43	2,74	184
CMA 31	592,46	45,20	101,71	20,43	1,96	184
CMA 317	234,82	50,66	70,49	30,25	2,69	184
CMA 72	728,57	35,11	56,49	20,41	3,24	185
CMA 24	267,46	31,47	53,86	24,66	3,80	186
CMA 82	426,48	58,94	84,21	16,89	3,02	186

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 231	531,35	37,89	68,12	22,94	2,58	187
CMA 81	813,98	51,76	68,25	19,64	2,52	187
CMA 378	278,38	55,79	83,07	17,56	3,83	188
CMA 85	426,48	46,12	82,00	22,19	2,35	190
CMA 324	330,65	21,48	60,46	23,40	3,63	190
CMA 39	504,96	46,42	70,57	21,75	2,63	190
CMA 266	538,74	44,17	67,34	23,41	2,26	190
CMA 28	404,96	27,25	50,07	23,55	3,30	191
CMA 334	436,90	75,05	83,37	17,80	2,46	191
CMA 352	555,47	64,70	74,31	20,35	2,17	193
CMA 122	517,46	58,67	79,34	21,00	2,02	193
CMA 51	283,43	30,96	74,78	24,11	2,74	194
CMA 43	633,43	36,04	67,32	18,79	3,24	194
CMA 300	314,68	51,71	60,83	20,85	3,85	194
CMA 268	501,24	32,75	76,79	23,71	2,09	194
CMA 93	288,98	60,45	97,48	17,86	2,69	195
CMA 132	392,46	18,22	80,80	21,70	3,02	195
CMA 174	470,23	21,08	48,12	23,73	3,02	196
CMA 254	641,07	31,41	70,05	19,93	2,96	197
CMA 222	375,10	49,14	66,11	24,95	2,24	198
CMA 168	501,48	38,52	68,12	22,11	2,52	199
CMA 47	370,93	4,30	65,65	23,87	3,08	200
CMA 312	468,15	36,93	61,08	21,56	3,02	200
CMA 110	399,40	54,66	63,30	21,56	2,74	201
CMA 192	270,23	27,07	59,35	22,10	3,85	202
CMA 117	399,40	45,97	66,56	23,88	2,24	202
CMA 309	768,15	27,67	50,79	19,27	3,19	202
CMA 52	687,60	6,61	44,46	24,65	2,41	203
CMA 108	501,48	52,49	66,50	22,94	1,08	204
CMA 164	407,73	51,75	73,12	22,43	2,02	204

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 402	488,98	11,72	80,44	20,65	2,96	205
CMA 96	513,98	58,72	80,89	19,46	2,02	205
CMA 337	399,40	51,99	67,19	19,38	3,13	207
CMA 287	308,43	14,34	47,77	25,79	3,02	209
CMA 315	576,48	38,08	45,04	22,80	2,35	209
CMA 408	345,23	29,52	77,66	29,43	1,63	209
CMA 196	282,73	45,92	71,85	18,08	3,85	210
CMA 209	341,07	39,38	68,61	21,14	2,96	211
CMA 314	459,82	30,87	57,16	21,38	3,02	212
CMA 71	447,32	30,76	79,60	22,00	2,08	213
CMA 130	171,62	66,48	89,34	19,45	2,19	213
CMA 271	338,74	5,84	47,27	26,57	2,92	213
CMA 313	643,15	21,78	46,37	20,61	2,99	214
CMA 332	280,65	62,20	81,29	18,53	2,63	214
CMA 42	589,68	31,47	63,83	19,87	2,74	215
CMA 83	376,48	62,24	83,25	18,35	2,19	216
CMA 50	364,68	45,66	91,78	18,91	2,41	217
CMA 57	237,60	11,39	69,98	23,79	2,74	217
CMA 299	381,35	17,05	47,69	23,47	2,85	218
CMA 133	71,62	15,63	56,84	24,08	3,19	218
CMA 142	584,82	45,63	69,34	18,54	2,58	218
CMA 15	134,82	27,25	65,37	24,27	2,69	218
CMA 56	445,93	20,96	72,43	22,31	2,24	219
CMA 293	414,68	12,65	43,73	21,05	3,85	219
CMA 46	458,43	27,09	57,44	23,03	2,41	219
CMA 383	470,23	34,02	59,55	23,75	1,91	219
CMA 195	263,98	48,73	73,51	16,80	3,35	221
CMA 243	109,82	72,32	36,50	22,16	2,46	221
CMA 36	229,96	37,44	55,72	25,18	2,46	222
CMA 33	429,96	19,04	58,52	25,37	2,13	222

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 125	223,71	26,59	81,84	17,78	3,52	223
CMA 258	466,07	33,98	64,79	20,11	2,80	223
CMA 298	77,18	37,96	74,16	15,03	4,69	223
CMA 170	420,23	57,75	74,78	20,53	1,52	224
CMA 338	370,23	46,47	71,39	21,26	2,30	225
CMA 48	212,60	34,60	72,26	24,63	1,91	225
CMA 109	380,65	26,73	67,52	21,29	2,74	225
CMA 63	309,82	46,27	88,09	20,04	2,08	226
CMA 60	170,93	32,50	73,39	21,49	2,74	226
CMA 10	309,82	0,00	48,62	25,70	2,69	226
CMA 29	279,96	33,08	69,32	23,99	1,96	227
CMA 310	543,15	32,76	56,74	19,48	2,85	227
CMA 44	420,93	0,00	41,78	23,28	2,74	228
CMA 340	399,40	47,34	63,47	21,63	2,13	229
CMA 348	322,13	6,08	41,89	25,00	2,67	230
CMA 112	380,65	29,76	61,72	16,93	3,58	232
CMA 305	593,15	9,85	45,93	23,85	1,35	232
CMA 359	447,13	6,08	60,98	23,76	2,00	233
CMA 131	361,21	57,80	76,07	20,03	1,52	234
CMA 306	393,15	47,35	61,92	21,20	2,19	235
CMA 210	132,73	12,68	59,86	25,28	2,46	236
CMA 398	395,23	25,68	65,80	21,71	2,41	236
CMA 26	567,46	8,05	42,07	22,18	2,30	236
CMA 34	304,96	29,75	53,29	23,33	2,30	238
CMA 187	257,73	31,87	63,10	21,40	2,69	239
CMA 328	99,40	5,48	72,96	22,24	2,63	240
CMA 70	347,32	29,61	67,46	19,81	2,74	241
CMA 288	281,35	20,46	46,89	19,40	3,85	242
CMA 41	202,18	30,61	90,44	20,51	1,91	242
CMA 267	438,74	14,17	67,52	20,93	2,42	242

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 58	308,43	0,00	42,79	22,77	2,74	244
CMA 134	679,96	5,18	62,53	17,68	2,52	246
CMA 415	257,73	43,80	80,44	17,28	2,63	246
CMA 259	466,07	5,65	82,33	19,23	2,13	247
CMA 407	516,07	35,56	64,27	19,32	2,13	247
CMA 248	747,32	33,27	49,92	18,19	1,96	249
CMA 77	316,07	28,71	55,79	22,96	1,74	250
CMA 45	220,93	37,63	79,23	18,94	2,41	252
CMA 251	303,57	17,41	71,22	19,15	2,80	252
CMA 215	266,07	1,20	52,36	21,21	2,96	253
CMA 35	296,62	0,00	55,93	21,73	2,63	255
CMA 14	378,57	33,99	82,04	18,43	1,52	256
CMA 123	167,46	45,48	70,81	21,16	1,69	256
CMA 69	409,82	0,00	44,52	20,96	2,74	256
CMA 380	245,05	10,34	58,07	21,35	2,67	260
CMA 198	145,23	18,90	50,42	17,39	3,69	260
CMA 261	263,74	1,67	88,25	18,49	2,26	262
CMA 172	345,23	20,25	80,62	14,85	2,35	263
CMA 193	-29,77	0,00	46,85	23,86	2,35	264
CMA 86	313,98	5,09	66,59	21,65	1,85	266
CMA 412	307,73	23,17	61,00	21,04	2,13	267
CMA 54	158,43	0,96	46,83	24,46	1,91	268
CMA 6	228,57	8,99	57,61	19,73	2,85	268
CMA 32	454,96	27,48	63,07	18,46	1,96	270
CMA 318	418,15	18,98	61,92	20,64	1,52	271
CMA 281	39,68	7,96	49,16	17,21	3,52	273
CMA 16	151,48	0,00	59,12	22,40	2,02	273
CMA 339	286,90	14,31	70,46	19,96	2,13	273
CMA 200	116,07	0,00	40,60	18,90	3,52	273
CMA 353	138,80	43,58	63,48	20,28	1,83	274

“...continua...”

“TABELA 1A. Cont.”

Clones	Prod (g x planta⁻¹)	% Graúdos	Peso Médio (g)	% Matéria Seca	Aparência	Mulamba e Mock
CMA 252	278,57	52,32	64,00	15,75	1,46	281
CMA 307	443,15	21,45	42,76	19,35	2,02	282
CMA 22	79,96	0,00	38,07	18,23	3,30	283
CMA 244	197,32	52,71	59,00	12,32	1,96	286
CMA 301	436,90	19,96	39,10	16,29	2,35	289
CMA 262	263,74	1,67	48,66	21,35	1,76	290
CMA 379	282,55	37,01	55,79	18,05	2,00	291
CMA 253	541,07	12,59	45,00	15,63	1,80	291
CMA 135	263,29	13,76	71,01	17,35	2,02	293
CMA 260	341,07	18,98	61,50	17,65	1,96	294
CMA 308	393,15	3,60	30,49	19,71	2,02	295
CMA 62	128,57	0,00	47,46	18,05	2,74	297
CMA 40	254,96	22,61	58,52	14,31	2,30	299
CMA 65	122,32	0,00	47,46	13,62	2,41	317
Asterix	321,92	18,52	66,59	17,74	3,37	242
Atlantic	681,80	39,66	59,19	19,16	2,89	207
Monalisa	481,98	21,60	59,13	16,18	4,46	221