

**VIABILIDADE DA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS
DE BATATA EM GERAÇÕES PRECOSES**

DHEYNE SILVA MELO

2007

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

Melo, Dheyne Silva

Viabilidade da seleção de famílias de batata em gerações precoces / Dheyne
Silva Melo. -- Lavras : UFLA, 2007.

114 p. : il.

Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Batata. 2. Seleção de famílias. 3. Gerações precoces. 4. Melhoramento
genético. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-635.2123

DHEYNE SILVA MELO

**VIABILIDADE DA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS
DE BATATA EM GERAÇÕES PRECOSES**

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

Orientador

Prof. PhD. César Augusto Brasil Pereira Pinto

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL
2007

DHEYNE SILVA MELO

**VIABILIDADE DA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS
DE BATATA EM GERAÇÕES PRECOSES**

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

APROVADA em 2 de março de 2007.

Dr. Cícero Beserra de Menezes

SAKATA SEED SUDAMERICA

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA

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

LAVRAS
MINAS GERAIS – BRASIL

A minha inesquecível avó,
Maria Geraldina Lima (*in memoriam*)

OFEREÇO

Aos meus pais, Beto e Nailva, pelo apoio incondicional.
Aos meus irmãos, Diego e Laina, pelo carinho.
À minha namorada, Ana Luiza, pelo exemplo de amor e dedicação.
Aos demais membros da minha adorada e sólida família.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela forte presença em todas as etapas superadas e concretizadas de minha vida.

À Universidade Federal de Lavras, por meio do Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do Mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos professores Francisco Ivaldo Oliveira Melo, João Licínio Nunes de Pinho e Ervino Bleicher, pela iniciação na atividade científica.

Ao pesquisador João Rodrigues de Paiva, pelo incentivo e apoio inicial para a realização deste mestrado.

Ao professor César Augusto Brasil Pereira Pinto, pela orientação, amizade, compreensão, apoio, confiança e incentivos dedicados para a realização deste trabalho, além dos conhecimentos transmitidos para meu crescimento profissional.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho, pelo exemplo de dedicação à pesquisa e conhecimento científico, os quais foram muito importantes para minha formação.

Aos professores do Departamento de Biologia, pelos ensinamentos teóricos e práticos transmitidos ao longo de todo o curso.

Ao funcionário Raimundo, pelo seu excelente gosto futebolístico e pela expressiva contribuição na condução dos experimentos.

Aos demais funcionários do Departamento de Biologia, em especial à secretária Elaine, por sua alegria, eficiência e atenção.

Aos colegas do grupo da batata: Diogo, Josy, Flávio, André, Cristiana, Léo, Gabriel, Felipe, Suzana, Monik, César, Rogério e Guilherme, pela alegria e

discussão no barracão, pelo suporte inicial para o conhecimento da cultura, pelas festas da batata, enfim, pelo bom convívio durante todo o mestrado.

Aos colegas que entraram comigo no mestrado: Juarez, Josy, Aisy, Flavinha, Fabrício, Zé Ângelo, Vanessa, Zé Luís, Douglas e Eduardo, pelos estudos em grupo, pelas comemorações de aniversário e, principalmente, pela amizade, que será eterna.

Aos demais colegas do GEN, pela amizade, companheirismo e churrascos inesquecíveis.

A todos os amigos que fiz em Lavras, em especial à primeira dama da batata, Maria Gabriela de Abreu, e o grande Paulo Brasil (Paulo meu amigo...).

A todos que, de alguma forma, contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional, bem como para a realização deste trabalho.

De Lavras, ainda não sentirei saudades...

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	iii
CAPÍTULO 1.....	1
1 Introdução Geral.....	2
2 Referencial Teórico.....	4
2.1 Origem e importância econômica da batata.....	4
2.2 Considerações gerais sobre o melhoramento genético da batata no Brasil.....	5
2.3 Seleção precoce.....	7
2.4 Seleção de famílias.....	9
2.5 Seleção entre e dentro de famílias.....	11
2.6 Seleção combinada.....	12
2.7 Interação famílias x ambientes.....	13
2.8 Identificação de genótipos com ampla adaptação e estabilidade fenotípica.....	15
3 Referências Bibliográficas.....	23
CAPÍTULO 2: Viabilidade da seleção de famílias de batata em gerações precoces.....	31
Resumo.....	32
Abstract.....	33
1 Introdução.....	34
2 Material e Métodos.....	36
2.1 Geração <i>seedling</i>	36
2.2 Avaliação das famílias em campo.....	37
2.2.1 Primeira geração clonal (C1).....	37

2.2.2 Segunda geração clonal (C2).....	38
2.2.3 Terceira geração clonal (C3).....	38
2.3 Análises estatísticas.....	39
2.3.1 Análises individuais.....	39
2.3.2 Análises conjuntas.....	41
2.3.3 Ganhos esperados com as seleções de famílias e clonal.....	43
2.3.4 Ganhos e herdabilidades realizadas com a seleção de famílias.....	44
2.3.5 Ganhos esperados com as seleções entre e dentro de famílias e combinada.....	45
2.3.6 Estimação das correlações fenotípicas e genéticas.....	47
3 Resultados e Discussão.....	49
3.1 Análises individuais.....	49
3.1.1 Primeira geração clonal (C1) - Carrancas.....	49
3.1.2 Segunda geração clonal (C2).....	52
3.1.2.1 Lavras.....	52
3.1.2.2 São João da Mata.....	56
3.1.3 Terceira geração clonal (C3).....	60
3.1.3.1 Lavras.....	60
3.1.3.2 Alfenas.....	63
3.1.3.3 Careaçú.....	66
3.2 Análises conjuntas.....	69
3.3 Ganhos esperados com as seleções de famílias e clonal.....	73
3.4 Ganhos e herdabilidades realizadas com a seleção de famílias.....	75
3.5 Ganhos esperados com as seleções entre e dentro de famílias e combinada.....	76
3.6 Estimação das correlações fenotípicas e genéticas.....	80
4 Conclusões.....	83
5 Referências Bibliográficas.....	84

CAPÍTULO 3: Seleção de famílias clonais de batata com ampla	
adaptabilidade e estabilidade fenotípica em gerações precoces.....	87
Resumo.....	88
Abstract.....	89
1 Introdução.....	90
2 Material e Métodos.....	92
2.1 Geração <i>seedling</i>	92
2.2 Avaliação das famílias em campo.....	93
2.2.1 Primeira geração clonal (C1).....	93
2.2.2 Segunda geração clonal (C2).....	94
2.2.3 Terceira geração clonal (C3).....	94
2.3 Análises estatísticas.....	95
2.3.1 Análises conjuntas.....	95
2.3.2 Decomposição da interação famílias x ambientes.....	96
2.3.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.....	97
3 Resultados e Discussão.....	99
3.1 Análises conjuntas.....	99
3.2 Decomposição da interação famílias x ambientes.....	101
3.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.....	105
4 Conclusões.....	111
5 Referências Bibliográficas.....	112

RESUMO

MELO, Dheyne Silva. **Viabilidade da seleção de famílias de batata em gerações precoces**. 2007. 114 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

A seleção, em batata, é realizada por etapas, de acordo com o avanço das gerações clonais. Nas gerações precoces, inúmeras dificuldades limitam os ganhos obtidos com a seleção, como a elevada quantidade de indivíduos, o emprego da seleção visual e o pouco material propagativo de cada genótipo. Assim, as pesquisas têm sido voltadas para o emprego da seleção de famílias, na qual selecionam-se, inicialmente, apenas as melhores famílias e avaliam-se os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa. Nesse contexto, o trabalho teve como objetivos: verificar a viabilidade da seleção de famílias em gerações precoces e confrontar as seleções entre e dentro de famílias e combinada, utilizando diferentes intensidades de seleção; verificar a ocorrência da interação famílias x ambientes e identificar famílias com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Foram conduzidos seis experimentos, nos municípios de Carrancas, primeira geração clonal (C1); Lavras e São João da Mata, segunda geração clonal (C2); Lavras, Alfenas e Careçu, terceira geração clonal (C3), todos localizados em Minas Gerais. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas constituídas por dez plantas, exceto em Carrancas (C1), onde foram utilizadas quatro repetições e parcelas com 25 plantas. Avaliaram-se a produção de tubérculos (PT), o peso médio de tubérculos (PMT), a porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), o peso específico (PET) e a aparência de tubérculos (AT). As variâncias genéticas dentro de famílias foram, na maioria dos casos, superiores às variâncias genéticas entre famílias, mas as herdabilidades entre famílias quase sempre foram superiores às herdabilidades dentro das famílias, sugerindo que a seleção de famílias propiciaria ganhos maiores nas gerações precoces. A seleção de famílias foi mais eficiente que a seleção clonal, quando a seleção foi baseada na média dos ambientes. Os ganhos esperados com a seleção entre e dentro de famílias foram, geralmente, superiores aos ganhos da seleção combinada, independente das intensidades de seleção utilizadas. Foram superiores também quando se utilizou a média dos ambientes. A seleção poderia ser realizada já na geração C2, principalmente se forem utilizadas intensidades de seleção acima de 27%. A interação famílias x ambientes foi significativa para PTG, PET e AT, indicando que as famílias não apresentaram comportamento coincidente nos diferentes ambientes para esses caracteres. A maior parte da interação famílias x ambientes, para todos os caracteres, foi do tipo complexa.

* Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto – Universidade Federal de Lavras

Os resultados da análise AMMI foram semelhantes aos encontrados na análise conjunta. O método AMMI permitiu a identificação de famílias que apresentam maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

ABSTRACT

MELO, Dheyne Silva. **Viability of potato's family selection in the early generations**. 2007. 114 p. Dissertation (Master Program in Genetic and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

Potato selection is practiced according to the advancement of generations. In the early generations, a number of limitations hamper the genetic gains such as high number of clones, use of visual selection and limited numbers of tubers from each genotype. Thus, research has been directed toward family selection, which focus first in the selection of the best families and then clonal selection only within the selected families. The purposes of this study were to verify the viability of family selection in the early generations, to compare the within and between family selection with combined selection methods using different selection intensities, estimate families x environments interaction, and identify families with wide adaptability and phenotypic stability. Six experiments were conducted in Carrancas, first clonal generation (FCG); Lavras and São João da Mata, second clonal generation (SCG); Lavras, Alfenas and Careçu, third clonal generation (TCG), all places in the State of Minas Gerais. The experimental design was randomized complete blocks with three replications, and 10-plants plots, except in Carrancas, where four replications and 25-plants plots were used. The following traits were measured tuber yield (TY), tuber average weight (TAW), percentage of large tubers (PLT), tuber specific gravity (TSG), and tuber appearance (TA). Genetic variances within families were greater than between families, for most traits, but heritabilities between families were almost always larger than heritabilities within families. This result suggests that family selection would allow reasonable gains in the early generations. Family selection was more effective than clonal selection when selection was based on the mean of all environments. Expected gains from selection between and within families was superior than combined selection, despite the selection intensity used. They were also higher when the mean over environments were used. Selection could be practiced from as early as the SCG, especially if selection intensity is above 27%. Families x environments interactions were significant for PLT, TSG, and TA, showing that families did not present coincident behavior over environments. Most part of families x environments interaction was due to the complex effect. AMMI analysis showed similar results as the joint analysis, and this method allowed to point families with broad adaptation and phenotypic stability.

* Advisor: César Augusto Brasil Pereira Pinto – Universidade Federal de Lavras

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

Os programas de melhoramento de batata utilizam a técnica da hibridação, que consiste em cruzamentos entre clones elite do próprio programa e cultivares comerciais, gerando famílias de irmãos-germanos. Com esses cruzamentos, obtém-se um número elevado de sementes, a partir das quais são obtidos clones. A fase inicial do melhoramento, também denominada de geração plântula (*seedling*), geralmente se caracteriza por apresentar milhares de clones (Ross, 1986).

Na maioria dos programas, a seleção é realizada por etapas, de acordo com o avanço das gerações clonais. Nas gerações precoces, inúmeras dificuldades limitam os ganhos obtidos com a seleção, como a elevada quantidade de indivíduos (altos custos), o emprego da seleção visual (baixa eficiência) e o pouco material propagativo de cada genótipo, restringindo o tamanho das parcelas, o número de repetições e a quantidade de ambientes para avaliação (Pinto, 2000).

Segundo Simmonds (1996), na seleção em espécies de propagação vegetativa, o melhorista tem duas opções: considerar a população inteira e realizar a seleção clonal ou, em contraste, selecionar, inicialmente, apenas as melhores famílias e avaliar os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa. Os programas de melhoramento de batata adotam a primeira estratégia, atribuindo, implicitamente, mais peso à variância genética dentro de famílias do que à variância genética entre famílias. No entanto, há um consenso em torno da idéia de que grandes diferenças ocorrem entre famílias e que excelentes clones quase sempre são selecionados das melhores famílias.

Um ponto favorável à seleção de famílias, quando comparada com a seleção clonal, é que o seu desempenho pode ser mensurado em vários ambientes ainda nas etapas iniciais do processo seletivo. Ao estabelecer ensaios de famílias em mais de um local, é possível obter estimativas de herdabilidade com maior precisão, verificar a ocorrência da interação famílias x ambientes e realizar análises de estabilidade e adaptabilidade (Gopal, 2001; Jackson et al., 1995a,b).

No melhoramento, uma prática importante é a seleção de fenótipos superiores, indivíduos ou famílias. A escolha do método de seleção a ser aplicado depende das magnitudes e dos sentidos dos ganhos genéticos preditos, bem como da facilidade de sua aplicação. Neste contexto, a seleção entre e dentro e a seleção combinada surgem como opções. A seleção entre e dentro considera apenas um caráter e é simples de ser aplicada. Já a seleção combinada considera o desempenho individual associado ao desempenho da família em um único estádio.

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivos: verificar a viabilidade da seleção de famílias em gerações precoces e confrontar as seleções entre e dentro de famílias e combinada, utilizando diferentes intensidades de seleção; verificar a ocorrência da interação famílias x ambientes e identificar famílias com maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Origem e importância econômica da batata

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é originária da região dos Andes, na América do Sul, onde é cultivada desde a Antiguidade. No processo de dispersão, foi levada para a Europa, sendo introduzida na Espanha e na Inglaterra nos anos de 1570 e 1588, respectivamente. Nos ambientes europeus, sofreu seleção para se adaptar a dias longos, encontrados no período de cultivo desse continente (Hawkes, 1994). Da Europa, a batata foi levada à América do Norte, África do Sul e Austrália, no início do século XVIII, só chegando ao Brasil no final do século XIX (Fedalto, 1982; Hawkes, 1994).

A cultura da batata ocupa a quarta posição, em importância econômica, no mundo, com uma produção anual de 323 milhões de toneladas, sendo a Ásia o maior produtor (41,24%), seguida da Europa (40,97%), América do Norte (7,4%), África (4,8%) e América do Sul (4,3%). Em relação aos países, a China é a maior produtora, com 73 milhões de toneladas, seguida da Rússia, Índia, Ucrânia e Estados Unidos, com produções de 37,5; 25; 19,4 e 19 milhões de toneladas, respectivamente. Na América do Sul, o Peru tem a maior produção anual (3,3 milhões de toneladas), seguido de perto pelo Brasil, com quase três milhões de toneladas e pela Argentina, com dois milhões de toneladas (FAO, 2006). No Brasil, os estados de Minas Gerais (30%), Paraná (26%), São Paulo (20%) e Rio Grande do Sul (13%) são responsáveis pela maior parte da produção nacional (Agrianual, 2006).

No Brasil, as cultivares européias ocupam cerca de 80% da área plantada. Assim, quando as mesmas são submetidas às condições tropicais brasileiras, apresentam produtividades e qualidades culinárias abaixo dos seus

potenciais genéticos. A produtividade nacional é de apenas 21,8 t/ha, enquanto países como Holanda, Inglaterra, Escócia, País de Gales, Irlanda do Norte, Alemanha e Estados Unidos atingem produtividades em torno de 40 t/ha (FAO, 2006).

2.2 Considerações gerais sobre o melhoramento genético da batata no Brasil

Os programas de melhoramento genético de batata no Brasil enfrentam muitas dificuldades, em comparação aos programas conduzidos em países europeus, principalmente por fatores ligados ao clima, aos aspectos fitossanitários, ao solo, à forma de consumo, à importância sócio-econômica e, especialmente, à falta de recursos para a pesquisa, o que reflete na falta de infraestrutura apropriada e de pessoal qualificado.

Dentre os fatores climáticos, a temperatura e o fotoperíodo são os de maior importância. A temperatura média para o bom desenvolvimento da cultura está entre 10° e 20°C (Antunes & Fortes, 1981) e a faixa ideal para a formação de tubérculos e produção de matéria seca está entre 15° e 20°C (Van Der Zaag & Burton, 1978). Ambientes com temperaturas noturnas mais baixas e temperaturas diurnas que não ultrapassem os 25°C são recomendados por Fontes & Finger (1999). Segundo Menezes et al. (2001), a temperatura influencia significativamente no rendimento de tubérculos, uma vez que afeta tanto a fotossíntese líquida como a taxa de respiração da planta. Sua elevada magnitude pode chegar a limitar a produção de batata, principalmente em regiões tropicais.

No Brasil, a cultura da batata sofre uma acentuada queda de produção e qualidade de tubérculos, devido às elevadas temperaturas. As condições ideais de temperatura são encontradas nos países temperados que, além de possuírem temperaturas mais amenas, possuem também fotoperíodos mais longos, o que favorece rendimentos maiores, devido à manutenção da parte aérea por mais

tempo, devido ao aumento do período fotossintético (Khedher & Ewing, 1985). Vale ressaltar que, apesar do clima tropical não favorecer a produção comercial, ele é bastante importante para os programas de melhoramento, pois permite a realização de um maior número de ciclos de seleção por ano, o que não ocorre nos países de clima temperado.

A diversidade climática no Brasil, que permite o cultivo durante todo o ano, aliada à utilização de cultivares pouco adaptadas, favorece o aparecimento de pragas e doenças em maior intensidade do que em países de clima temperado. Isso faz com que o controle dessas pragas e doenças se torne uma atividade difícil e onerosa, chegando a representar 20% do custo total de produção (Brune et al., 1995).

Com relação à fertilidade dos solos, o Brasil também leva desvantagem em relação aos países europeus por possuir solos mais pobres, necessitando, assim, de maiores níveis de adubação, o que aumenta de maneira considerável o custo para implantação e condução da cultura, diminuindo substancialmente o lucro do produtor.

A forma de consumo é outro fator que complica os programas de melhoramento nacionais, pois, por consumir a maioria da batata *in natura*, a exigência do consumidor brasileiro por cultivares que possuam a pele lisa e brilhante aumenta a cada dia. Já nos países temperados, como a maioria da batata produzida é destinada à indústria, o aspecto visual pouco importa para o consumidor, haja vista que o mesmo irá consumir a batata já processada.

O aspecto sócio-econômico relaciona-se ao fato de que a batata, apesar de ser uma importante olerícola, não é a principal fonte de carboidratos na dieta da população brasileira, perdendo para o arroz. Isso reduz drasticamente os investimentos realizados na pesquisa com a cultura, o que dificulta o aumento da infra-estrutura dos programas de melhoramento, retardando o lançamento de novas cultivares, mais adaptadas às condições tropicais brasileiras. Além disso,

o número de programas e pesquisadores envolvidos com a cultura no Brasil é muito pequeno, contrastando com a quantidade de programas e, conseqüentemente, de melhoristas envolvidos nos países temperados. Outro grande trunfo dos programas de melhoramento de batata desses países é o grande suporte financeiro dispendido pelas empresas privadas que fazem parte da cadeia produtiva do agronegócio batata.

Diante do número de problemas enfrentados pelos programas brasileiros de melhoramento de batata, necessita-se de maior eficiência no processo seletivo, otimizando tempo e recurso para a condução dos experimentos.

2.3 Seleção precoce

A seleção realizada nas primeiras gerações nos programas de melhoramento é denominada de seleção precoce. A vantagem da seleção precoce é poder agilizar o programa e reduzir o número de ciclos de seleção.

Nas gerações iniciais dos programas de melhoramento da batata, a disponibilidade de tubérculos é limitada e o número de genótipos, geralmente, é elevado, impossibilitando avaliações com parcelas maiores e maior número de repetições. Assim, a seleção precoce diminui o número de clones a serem avaliados nas fases seguintes, viabilizando a avaliação com maior precisão dos clones remanescentes e a utilização de melhores delineamentos estatísticos.

Normalmente, os programas de melhoramento de batata iniciam-se com a realização de hibridações controladas, obtendo-se sementes botânicas, que constituem a geração *seedling*. As plântulas são cultivadas em vasos de pequeno volume, produzindo poucos tubérculos de tamanho reduzido. Mesmo nas subseqüentes gerações iniciais de multiplicação, a disponibilidade de tubérculos ainda é pequena, de maneira que a seleção deveria ser conduzida apenas para

características de alta herdabilidade, como cor e aspereza da película, formato de tubérculos e profundidade de gemas (Schaalje et al., 1987).

Em alguns programas de melhoramento, são produzidas de 30 a 50 mil plântulas, podendo atingir até 100 mil (Mackay, 1987). Esse grande número é necessário porque a segregação tetrassômica, que ocorre em batata, gera mais variabilidade do que a segregação dissômica, requerendo populações mais numerosas para aumentar a probabilidade de obtenção dos genótipos desejados (Bradshaw & Mackay, 1994; Pinto, 1999).

A seleção realizada nas primeiras gerações é uma prática comum nos programas de melhoramento de batata, mas sua eficiência é limitada quando são considerados caracteres de baixa herdabilidade, como produção de tubérculos e seus componentes (Pinto et al., 1994). Além disso, geralmente se utiliza a seleção visual, que apresenta baixa eficiência, resultando em decisões incorretas no processo seletivo (Anderson & Howard, 1981; Bradshaw et al., 1998; Brown et al., 1987; Tai, 1975).

Neele et al. (1989) avaliaram o conteúdo de matéria seca de 600 clones (primeira e segunda gerações clonais) e encontraram correlações variando de 0,45 a 0,69 entre as gerações, de forma que a seleção precoce só foi eficiente quando um terço dos clones foi descartado na primeira geração.

A seleção visual realizada a partir da avaliação da aparência geral é preferida, em vez de ser realizada por meio da avaliação de seus componentes individualmente (tamanho, diâmetro, textura da película). No entanto, a seleção precoce pode ser aplicada com base nesses componentes de aparência, considerando a herdabilidade de cada componente (Maris, 1988; Neele et al., 1991).

A eficiência da seleção precoce pode ser significativamente favorecida quando a avaliação de clones, considerando caracteres específicos, é realizada

em campo em vez de casa de vegetação, permitindo, assim, a expressão do potencial produtivo e de outros caracteres de interesse (Gopal et al., 1992).

2.4 Seleção de famílias

Na cultura da batata, as cultivares são representadas por um conjunto de indivíduos idênticos, denominados de clones, que se originam da propagação assexuada de uma planta altamente heterozigótica (Mackay, 1987). Já a família refere-se ao conjunto de indivíduos ou clones pertencentes ao mesmo cruzamento, podendo este ser um cruzamento biparental ou um cruzamento por polinização livre ou mistura de pólen, gerando famílias de irmãos-germanos e famílias de polinização livre ou meios-irmãos, respectivamente.

A seleção de famílias é uma ferramenta importante na identificação precoce dos melhores genótipos. Com isso, apenas esses genótipos são avaliados em experimentos, haja vista o custo relacionado com a manutenção dos tubérculos-semente, além do requerimento de área e mão-de-obra para a instalação dos experimentos (Pinto, 2000).

A circunstância principal sob a qual a seleção de famílias é preferida ocorre quando o caráter selecionado apresenta baixa herdabilidade. A eficiência da seleção baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular. Dessa forma, o valor fenotípico médio da família aproxima-se do valor genotípico médio e as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios do ambiente constituírem grande parte da variância fenotípica ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa (Falconer & Mackay, 1996).

Por outro lado, a variação do ambiente comum aos membros da família diminui a eficiência de sua seleção. Se este componente for grande, ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção

ineficiente. Outro fator importante, na eficiência da seleção, diz respeito ao número de indivíduos que representarão a família. Teoricamente, quanto maior for o seu número, maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio. É necessário um número relativamente pequeno de genótipos de cada progênie para representar o desempenho da família, sendo suficiente entre 20 e 80 (Bradshaw & Mackay, 1994; Diniz, 2002). Dessa forma, as condições em que a seleção de famílias poderia ser utilizada são: baixa herdabilidade do caráter, pequenas variações atribuídas ao ambiente comum e famílias com número representativo de indivíduos.

A seleção de famílias é uma estratégia que tem sido utilizada em batata (Bradshaw et al., 2000; Gopal, 1997; Gopal, 2001; Simon, 2005) e em cana-de-açúcar (Jackson et al., 1995a,b; Skinner et al., 1987).

Simon (2005) apresentou resultados que apontaram para uma possível eficiência da seleção de famílias em estádios precoces, aconselhando a realização de avaliações com famílias contendo maior número de clones. Além disso, recomendou avaliações além da segunda geração clonal, considerando que resultados mais confiáveis são obtidos em gerações mais avançadas nos programas de melhoramento de batata.

Em cana-de-açúcar, com a utilização da seleção clonal, ou individual, ocorreu uma menor eficiência no processo seletivo para a maioria dos caracteres de importância econômica, haja vista que cerca de 80% da variação foi devido a fatores ambientais e apenas 20% restantes devido a fatores genéticos. Em contraste, a seleção de famílias para estes caracteres foi efetiva, pois de 75% a 80% da variação fenotípica entre as famílias foi devido a fatores genéticos (Skinner et al., 1987).

Jackson et al. (1995b) apresentaram uma revisão sobre a seleção de famílias, também em cana-de-açúcar, descrevendo a implantação deste tipo de seleção nos programas de melhoramento regionais na Austrália. Eles concluíram

que a seleção de famílias apresentou boa adaptação aos sistemas de colheita e pesagem mecanizados, otimizando o trabalho empregado e mostrando-se superior à seleção clonal na maior parte das situações. Simmonds (1996) encorajou o uso da seleção de famílias e destacou que a mesma, até aquela época, estava sendo utilizada rotineiramente apenas na Austrália.

2.5 Seleção entre e dentro de famílias

O esquema da seleção entre e dentro de famílias, na sua estrutura tradicional, consiste em tomar as melhores plantas dentro das melhores famílias. Na ocasião em que foi proposto, este esquema foi considerado um marco da genética aplicada, por seu sucesso no melhoramento populacional de milho (Paterniani & Miranda Filho, 1978).

A eficiência da seleção de famílias, descrita no item anterior, pode ser aumentada, acrescentando-se a seleção entre indivíduos dentro das melhores famílias. Neste caso, o critério da seleção dentro de famílias consiste no desvio de cada indivíduo em relação ao valor médio da família à qual pertence (Falconer & Mackay, 1996).

Considerando as bases teóricas da seleção de famílias, cerca de 60% dos melhores indivíduos, normalmente, são encontrados entre as 10% melhores famílias. A maior eficiência da seleção de famílias em relação à seleção clonal é efetiva se o produto da raiz quadrada da herdabilidade pelo desvio padrão genotípico entre famílias for maior que o mesmo produto dentro das famílias (Simmonds, 1996).

No entanto, contrariando essas disposições, tem sido verificado que as variâncias fenotípicas e genéticas são maiores dentro de famílias do que entre famílias (Bradshaw et al., 1998; Diniz, 2002; Gopal, 2001). Isso indica que a seleção clonal seria mais eficiente que a seleção de famílias, mas que a seleção

de famílias poderia propiciar ganhos adicionais em função da maior herdabilidade entre famílias, bem como da repetibilidade da média das famílias ao longo das gerações. Segundo Cox et al. (1996) e McRae et al. (1993), em cana-de-açúcar, a seleção entre e dentro é mais eficiente que a seleção de família apenas.

2.6 Seleção combinada

Esse método foi, originalmente, proposto por Lush (1947) como uma combinação ótima, resultante da atribuição de pesos diferenciados às médias e ao valor dos indivíduos dentro das famílias. O autor comparou a seleção combinada com a seleção massal e com a seleção de famílias quanto aos progressos genéticos esperados por ciclo, chegando a uma série de considerações, das quais destacam-se:

1. a seleção combinada é sempre superior às demais;
2. esta superioridade é mais pronunciada nas seguintes situações: a) com valores de t (correlação fenotípica intraclasse) baixos e valores de r (correlação genotípica intraclasse) moderados; b) com valores de t muito maiores que valores de r ;
3. com $t > r$, as médias de famílias exercem papel “negativo” na seleção combinada, sendo mais úteis como indicadores de efeitos ambientais do que preditores apropriados dos valores genéticos dos genitores.

É necessário que se comente brevemente sobre os índices de seleção, uma vez que a seleção combinada agrega, simultaneamente, tanto a informação entre famílias quanto a informação dentro de famílias.

O emprego de índices para o melhoramento de um só caráter surgiu com Lush (1947), que comparou as seleções de famílias, massal e combinada entre e dentro de progênies com diferentes graus de parentesco, como relatado

anteriormente, no melhoramento animal. Burdon (1982) apresentou um índice para a seleção combinada, envolvendo, além dos efeitos genéticos, efeitos experimentais ostensivamente não genéticos (médias de repetições e parcelas experimentais).

Falconer & Mackay (1996), Lerner (1958) e Lush (1947), entre outros, descrevem as vantagens da seleção combinada, ponderando as medidas dos indivíduos e das médias de famílias, apresentando expressões para o progresso a partir de um só índice que é, em essência, o “índice ótimo” para um único caráter.

Evitar as complicações decorrentes da combinação de diversos caracteres no índice é desejado, principalmente quando o objetivo é o estudo da eficiência relativa de diferentes métodos de seleção. O mesmo é válido para a não inclusão de efeitos ostensivamente não genéticos. Em espécies florestais, o número de computações necessárias para a estimação dos índices clássicos é bem menor que para o uso dos BLPs (*best linear predictors*; procedimento estatístico utilizado para estimar efeitos fixos e, simultaneamente, predizer o valor do cruzamento), além de serem pequenas as modificações operacionais introduzidas pela seleção combinada em relação à seleção entre e dentro (Bueno Filho, 1992).

2.7 Interação famílias x ambientes

Como já comentado anteriormente, um ponto favorável à seleção de famílias, quando comparada com a seleção clonal, é que o seu desempenho pode ser mensurado em vários ambientes ainda nas etapas iniciais do processo seletivo.

A possibilidade de avaliação em vários ambientes torna-se ainda mais importante se as interações famílias x ambientes forem altas entre os diferentes

locais que abrangem o programa de melhoramento (Bressiani, 2001). Além disso, ao estabelecer experimentos de famílias em mais de um ambiente, é possível obter estimativas de herdabilidade com maior precisão e realizar análises de interação famílias x ambientes (Gopal, 2001; Jackson et al., 1995a,b).

O estudo da interação famílias x ambientes tem sido realizado com a cultura da batata. Avaliando 22 famílias de polinização livre em três ambientes, Simon (2005) comentou não haver interação significativa para a produção de tubérculos, recomendando a realização de outros experimentos para a confirmação dos resultados.

A interação famílias x ambientes também tem sido enfocada nos programas de melhoramento da cultura da cana-de-açúcar (Bressiani, 2001; Bull et al., 1992; Hogarth & Bull, 1990; Jackson et al., 1995a,b). Avaliando 33 famílias de cana-de-açúcar em dois locais, Bressiani (2001) observou interação significativa entre famílias e locais, para todos os caracteres avaliados, e destacou que as variâncias de famílias foram superiores às variâncias da interação famílias x locais. A decomposição da variância da interação famílias x locais, com base nos valores fenotípicos e genotípicos, mostrou-se complexa em quase sua totalidade, destacando-se a dificuldade na seleção de famílias adaptadas a ambos os locais.

Já estudos realizados na Austrália por Bull et al. (1992) e Hogarth & Bull (1990), na região de Bundaberg; por Jackson et al. (1995a,b), na região do rio Hebert e por McRae & Jackson (1995), na região de Burdekin, mostraram que as interações famílias x ambientes nas regiões de Bundaberg e Herbert foram tão importantes quanto o efeito das famílias para a produção de cana, o que não ocorreu para o teor de açúcar. Na região de Burdekin, a interação famílias x ambientes não foi significativa. Como resultado destes estudos, as famílias passaram a ser plantadas rotineiramente em dois ou mais ambientes nas

regiões de Bundaberg e Hebert. Além desses resultados, os autores relatam a possibilidade de se identificar famílias que apresentam ampla adaptação e estabilidade fenotípica.

2.8 Identificação de genótipos com ampla adaptação e estabilidade fenotípica

O estudo da estabilidade fenotípica permite sintetizar o enorme volume de informações obtidas, caracterizando a capacidade produtiva, a adaptação às variações ambientais e à estabilidade de novos genótipos. Diversos autores estudaram a interação genótipos x ambientes, os conceitos e os índices de estabilidade, além de sugerirem alguns métodos para estimar a estabilidade fenotípica em plantas (Raizer et al., 1999).

A adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos de responderem vantajosamente à melhoria do ambiente, enquanto a estabilidade refere-se à capacidade dos genótipos de apresentarem comportamento altamente previsível em função das variações ambientais. O genótipo ideal, tomado como padrão de adaptabilidade, é aquele que apresenta produtividade alta e constante em ambientes desfavoráveis, mas com capacidade de responder à melhoria das condições ambientais (Mariotti et al., 1976).

Nos programas de melhoramento, geralmente, as estratégias usadas visam selecionar materiais amplamente adaptados. Entre elas, é comum a prática da seleção em condições favoráveis, o que permite a maximização da variação genética (Byrne et al., 1995). Além disso, os ambientes considerados ótimos para seleção são aqueles representativos dos ambientes alvo de abrangência do programa (Blum, 1988).

Na literatura, existem diversos métodos estatísticos propostos para a determinação da adaptabilidade e da estabilidade (Annicchiarico, 1992;

Chakroun et al., 1990; Cruz et al., 1989; Eberhart & Russel, 1966; Evans, 1996; Finlay & Wilkinson, 1963; Lin et al., 1986; Lin & Binns, 1988; Silva & Barreto, 1985; Verma et al., 1978). Alguns desses métodos serão comentados mais adiante.

As metodologias mais empregadas para estudar a estabilidade são as que se baseiam em regressão linear. O índice ambiental é utilizado como medida de produtividade do ambiente para contornar a complexidade da formulação de relações com as muitas variáveis que influenciam a produção, como a precipitação, a temperatura, a fertilidade do solo, etc., que são de difícil mensuração e sobre as quais geralmente não se dispõe de dados (Silva, 1995a). Os parâmetros estimados pela análise de regressão que propiciam uma caracterização da relação entre genótipos e ambientes são o coeficiente de regressão e o quadrado médio do desvio de regressão, associados à produção média (Becker, 1981).

Finlay & Wilkinson (1963) estudaram a estabilidade em cultivares de cevada, considerando cada local ou ano como um ambiente. Os autores estabeleceram índices ambientais e determinaram os coeficientes de regressão linear entre a média da cultivar em cada ambiente e os índices ambientais correspondentes.

O método de Eberhart & Russel (1966) classifica os genótipos a partir da obtenção dos parâmetros: coeficiente de regressão (b), um indicador de que os genótipos são estáveis ($b=1$), adaptados a ambientes acima da média ($b>1$) ou a ambientes pobres ($b<1$), e o quadrado médio do desvio de regressão (s_d^2) que mede a confiabilidade de uma resposta linear, caracterizando um genótipo estável, quando próximo de zero. Um genótipo é considerado ideal se combinar estabilidade e elevada produção média (Becker, 1981; Silva, 1995a).

Em 1978, Verma et al. propuseram uma modificação nos métodos anteriores, dividindo os diversos ambientes de avaliação em dois subgrupos, que

representariam os ambientes desfavoráveis e favoráveis, de acordo com o desvio em relação à média geral dos locais.

Silva & Barreto (1985), adaptando o método proposto por Verma et al., propuseram um método capaz de representar a resposta de um genótipo aos ambientes por um gráfico composto por dois segmentos de reta, conectados no ponto correspondente ao índice ambiental nulo. Esse modelo permite distinguir os diversos padrões de resposta que compreendem as combinações de taxas de variação baixas, média e elevada nos ambientes desfavoráveis e favoráveis. O método de regressão linear simples não faz distinção entre esses padrões. De acordo com o método proposto, o genótipo ideal é aquele que combina elevada produção média, taxa de resposta baixa nos ambientes desfavoráveis e taxa elevada nos ambientes favoráveis. O modelo linear segmentado se reduz ao modelo de regressão linear simples, quando a diferença das declividades dos dois segmentos de reta é nula para cada genótipo (Silva, 1995a,b).

Lin & Binns (1988) propuseram um método em que a medida de superioridade do comportamento de um genótipo é definida como sendo a distância do quadrado médio entre a resposta do genótipo e a máxima resposta média sobre todos os locais. Considerando que M_j seja o máximo e P_i seja um desvio deste máximo, um baixo valor de P_i indica superioridade geral do genótipo em teste. Para evitar que um genótipo pobre em adaptabilidade geral, mas rico em adaptabilidade específica seja descartado, calcula-se também o componente genético pelo máximo; um valor baixo deste componente indica paralelismo de resposta nos ambientes. Esse método possibilita incluir genótipos de baixa estabilidade com o objetivo de identificar genótipos de adaptabilidade específica.

Cruz et al. (1989) realizaram uma modificação no método de Silva & Barreto, que permite uma simplificação na obtenção das estimativas dos parâmetros e das somas de quadrados, fornecendo estimativas com desvios

padrões menores e possibilitando uma avaliação mais exata da correlação genética que pode existir entre os padrões de estabilidade, para um dado caráter (Cruz et al., 1989; Duarte & Zimmermann, 1994).

Annicchiarico (1992) propôs outro método, conhecido como índice de confiança (*reliability index*), no qual se estima o risco de adoção de determinado genótipo. O resultado obtido para cada genótipo se refere à probabilidade de o mesmo apresentar desempenho abaixo do padrão considerado.

Os métodos de estabilidade que utilizam a análise de regressão são mais simples e mais fáceis de serem interpretados biologicamente, embora apresentem algumas importantes limitações. A primeira delas seria que a análise de regressão é informativa quando não apresenta linearidade; a segunda se dá pelo fato de esse tipo de análise ser altamente dependente do grupo de genótipos e ambientes utilizados, enquanto a terceira limitação envolve a tentativa de se simplificar demais o padrão de resposta, considerando a interação em apenas uma dimensão, quando, na realidade, ela pode ser mais complexa (Crossa, 1990).

Outra grande crítica que se faz aos métodos que utilizam a regressão é a não independência entre a média dos genótipos e a média ambiental. Uma alternativa para eliminar esse problema seria a utilização de outro índice ambiental que não fosse a média dos genótipos, como a adoção do desempenho das testemunhas como índice ambiental (Ferreira et al., 1992; Mendes, 1994).

A classificação dos genótipos em um dos tipos de estabilidade, citados anteriormente, é dificultado pelo fato de que a resposta do genótipo aos ambientes é multivariada, ainda que um método paramétrico tente transformá-la em um problema univariado, com a utilização de um índice de estabilidade. Para solucionar esse impasse, propôs-se o agrupamento dos genótipos, de acordo com suas estruturas de resposta. A vantagem seria que a classificação de um genótipo pode ser independente do grupo no qual foi analisado. A implicação disso seria a

preservação da estabilidade tipo 2, na qual a cultivar responde ao ambiente paralelamente ao desempenho médio de todas as cultivares avaliadas em todos os experimentos, mas sem a limitação desse tipo de estabilidade, ou seja, poder-se-ia generalizar os resultados (Lin et al., 1986).

Nesse sentido, Mandel (1971), propôs o método AMMI, que associa um modelo aditivo e multiplicativo, permitindo um detalhamento maior da soma de quadrados da interação (Zobel et al., 1988).

Oliveira et al. (2003) enumeram algumas vantagens desse método, tais como: análise mais detalhada da interação genótipos x ambientes, capitalizando as interações positivas com os ambientes; propicia estimativas mais precisas das respostas genótípicas e possibilita uma fácil interpretação dos resultados a partir de sua representação gráfica, na qual são “plotados” os escores dos efeitos da interação para cada genótipo e para cada ambiente, simultaneamente. Esse gráfico fornece informações sobre a estabilidade, além de permitir a realização de zoneamento ecológico (Duarte & Venconsky, 1998; Pereira & Costa, 1998).

O detalhamento da interação, por esse método, se faz pela decomposição da soma de quadrados original, em uma porção denominada padrão e outra denominada ruído. A primeira possibilita a identificação de fatores ambientais e genotípicos mais diretamente relacionados à interação, sendo obtida após o descarte de ruídos adicionais do erro experimental. Isso proporciona melhoria na capacidade preditiva das respostas fenotípicas (Gauch & Zobel, 1996; Oliveira et al., 2003).

Crossa (1990) e Zobel et al. (1988) compararam três análises estatísticas tradicionais, a análise de variância (ANAVA), a análise de componentes principais (PCA) e a regressão linear, com a análise AMMI. Os autores concluíram que a ANAVA falha no sentido de detectar a significância do componente de interação porque assume um modelo completamente aditivo, tratando a interação como um resíduo. Já a PCA não identifica e nem separa a

significância dos efeitos de genótipos e ambientes, uma vez que utiliza um modelo completamente multiplicativo. A regressão linear, por utilizar somente o coeficiente de regressão, participa com pequena porção da soma de quadrados da interação, perdendo-se, assim, a maioria da informação. A análise AMMI, por outro lado, revela um componente de interação altamente significativo, apresentando claramente um significado agrônomo. Os autores argumentam, ainda, que as análises tradicionais (ANAVA, PCA e regressão linear) são componentes da análise AMMI e podem ser detectadas pela mesma.

Alguns trabalhos foram realizados com a cultura da batata, com a finalidade de determinar a estabilidade fenotípica. Tai & Young (1972) apresentaram resultados de uma análise de estabilidade para cinco caracteres de oito cultivares, que foram testadas por um período de dez anos (1961-1970). O procedimento da análise de estabilidade fenotípica foi desenvolvido por Tai (1971), seguindo os métodos de análise de estabilidade fenotípica usados por Eberhart & Russel (1966) e Finlay & Wilkinson (1963). Os resultados da análise combinada de variância mostraram que o quadrado médio para cultivares, anos e a interação cultivares x anos foram altamente significativos para todos os cinco caracteres. Atenção especial foi dispensada aos caracteres considerados de valor econômico: produção comerciável, peso específico e produção de matéria seca. Das cultivares analisadas, Kennebec mostrou uma melhor adaptabilidade geral para a produção comerciável, Hunter para peso específico e Netted Gem para a produção de matéria seca.

Um estudo da estabilidade de cultivares e híbridos de batata imunes ao fungo *Synchytrium endobioticum* (Schilb) Perc., a partir de dados de nove ensaios, durante os anos de 1985/1986, foi feito por Gopal (1990). O autor também utilizou as análises de Eberhart & Russel (1966) e Finlay & Wilkinson (1963) e concluiu que a partição do ambiente mais a interação genótipos x ambientes em diferentes componentes revelou que o ambiente (linear) foi

altamente significativo, mostrando que a maior parte da interação foi uma função linear do componente ambiental. Observou, ainda, que tanto a interação genótipos x ambientes (linear) como os desvios combinados foram significativos, indicando a importância tanto do coeficiente de regressão (b), como do desvio da regressão (s_d^2), na determinação da estabilidade dos genótipos.

O método de Eberhart & Russel (1966) também foi usado para analisar dados da produção de sete cultivares de batata avaliadas em cinco locais, no período de 1976 a 1981. Os resultados indicaram que as cultivares Spunta e Favorita apresentaram produtividades médias altas. Porém, Kennebec, apesar de ter produzido menos, mostrou uma alta estabilidade de produção, concordando com o que foi encontrado por Tai & Young (1972).

No Brasil, alguns trabalhos sobre estabilidade fenotípica na cultura da batata já foram realizados (Gualberto, 1991; Maluf et al., 1983; Pereira & Costa, 1998).

Gualberto (1991) avaliou 14 cultivares, sendo 3 nacionais e 11 de origem européia, em nove ambientes localizados na região sul de Minas Gerais, utilizando o método proposto por Cruz et al. (1989). Este autor concluiu que, para o caráter produção comerciável, as cultivares com maiores rendimentos médios foram Baronesa e Itararé que, apesar de não terem sido estáveis nas condições testadas, mostraram tendência a serem responsivas aos ambientes desfavoráveis. As cultivares Bronka, Monalisa e Clarissa mostraram ser as mais estáveis para produção comerciável. Para o peso médio de tubérculos, as cultivares Bronka, Monalisa e Baraka foram as mais estáveis. A cultivar Bronka, novamente, se destacou em relação às demais, para o caráter porcentagem de tubérculos graúdos. As cultivares Bintje e Achat se mostraram bastante instáveis para todos os caracteres.

Pereira & Costa (1998), avaliando dez genótipos em 34 ambientes (combinações de local, período de cultivo e ano), no Rio Grande do Sul, em 1994 e 1995, concluíram que a análise AMMI foi mais eficiente em descrever a interação genótipos x ambientes que a regressão linear e que as cultivares Santo Amor e Trapeira foram as mais estáveis, com produção acima da média.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIANUAL 2006 - **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: FNP, Consultoria, 2006.
- ANDERSON, J. A. D.; HOWARD, H. W. Effectiveness of selection in the early stages of potato breeding programmes. **Potato Research**, Wageningen, v. 24, n. 3, p. 289-299, 1981.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfafa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics & Breeding**, Rome, v. 46, n. 3, p. 269-278, Sept. 1992.
- ANTUNES, F. Z.; FORTES, M. Exigências climáticas da cultura da batata. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 7, n. 76, p. 19-23, abr. 1981.
- BECKER, H. C. Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, n. 3, p. 835-840, Dec. 1981.
- BLUM, A. **Plant Breeding for stress environments**. Boca Raton, Florida: CRC Press, 1988. 223 p.
- BRADSHAW, J. E.; DALE, M. F. B.; SWAN, G. E. L.; TODD, D.; WILSON, R. N. Early-generation selection between and within pair crosses in potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 8, p. 1331-1339, Dec. 1998.
- BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. Breeding strategies for clonally propagated potatoes. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. (Ed.). **Potato genetics**. Wallingford: CAB International, 1994. p. 467-497.
- BRADSHAW, J. E.; TODD, D.; WILSON, R. N. Use of tuber progeny tests for genetical studies as part of a potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 100, n. 5, p. 772-781, May 2000.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 104 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

BROWN, J.; CALIGARI, P. D. S.; MACKAY, G. R.; SWAN, G. E. L. The efficiency of visual selection in early generations of a potato breeding programme. **Annals Applied Biology**, Warwick, v. 110, n. 2, p. 357-363, Apr. 1987.

BRUNE, S.; LOPES, C. A.; BUSO, J. A. Melhoramento genético da batata no Brasil para a resistência à pinta preta (*Alternaria solani*). In: CIP. **Control integrado de las principales enfermedades fungosas de la papa**. Lima, 1995. p. 35-37.

BUENO FILHO, J. S. S. **Seleção combinada versus seleção seqüencial no melhoramento de populações florestais**. 1992. 96 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

BULL, J. K.; HOGARTH, D. M.; BASFORD, K. E. Impact of genotype x environment interactions on response to selection in sugarcane. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v. 32, n. 6, p. 731-737, 1992.

BURDON, R. D. Selection indices using information from multiple sources for the single-trait case. **Silvae Genetica**, Frankfurt, v. 31, n. 2/3, p. 81-85, 1982.

BYRNE, P. F.; BOLANOS, J.; EDMEADES, G. O.; EATON, D. L. Gains from selection under drought *versus* multilocation testing in related tropical maize populations. **Crop Science**, Madison, v.35, n. 1, p.63-69, Jan./Feb. 1995.

CHAKROUN, M.; TALIAFERRO, C. M.; McNEW, R. W. Genotype-environment interactions of bermudagrass forage yields. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 1, p. 49-53, Jan./Feb. 1990.

COX, M. C.; McRAE, T. A.; BULL, J. K.; HOGARTH, D. M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of a sugarcane improvement program.; In: WILSON, J. R.; HOGARTH, D. M.; CAMPBELL, J. A.; GARSIDE, A. L. (Ed.). **Sugarcane: research towards efficient and sustainable production**. Brisbane: CSIRO Division of Tropical Crops and Pasture, 1996. p. 42-43.

CROSSA, J. Statistical analyses of multilocation trials. **Advances in Agronomy**, New York, v. 44, p. 55-85, 1990.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 3, p. 567-580, set. 1989.

DINIZ, M. C. D. R. **Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata**. 2002. 125 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes**: uma introdução à análise AMMI. Piracicaba: ESALQ / Departamento de Genética, 1998. 58 p.

DUARTE, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. de O. Adaptabilidade e estabilidade de rendimento de genótipos de feijoeiro comum. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 1, p. 25-32, Jan. 1994.

EBERHART, J. A.; RUSSEL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, Jan./Feb. 1966.

EVANS, L. T. **Crop evolution, adaptation and yield**. Cambridge, Grã-Bretanha: Cambridge University Press, 1996. 500 p.

FAO, 2006. Disponível em: <www.faostat.fao.org>. Acesso em: 2006.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman, 1996. 464 p.

FEDALTO, A. A. **Avaliação da produtividade de tubérculos de plantas oriundas de sementes sexuadas de batata (*Solanum tuberosum* L.) e da primeira geração de propagação vegetativa**. 1982. 70 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. de F. B. Utilização da testemunha na avaliação da estabilidade em ensaios de competição de cultivares. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 16, n.3, p.394-399, jul./set. 1992.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 14, n. 6, p. 742-754, 1963.

FONTES, P. C. R.; FINGER, F. L. Dormência dos tubérculos, crescimento da parte aérea e tuberização da batateira. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 20, n. 197, p. 24-29, mar./abr. 1999.

GAUCH JUNIOR, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH JUNIOR, H. G. **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton, Florida: CRC Press LLC, 1996. p. 85-122.

GOPAL, J. Between and within variation and family selection in potato breeding programmes. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 36, n. 2, p. 201-208, June 2001.

GOPAL, J. Progeny selection for agronomic characters in early generations of potato breeding programme. **Theoretical Applied Genetic**, Berlin, v. 95, n. 3, p. 307-311, Aug. 1997.

GOPAL, J. Stability of wart-immune hybrids and cultivars of potato (*Solanum tuberosum* L.). **Indian Journal of Agricultural Science**, New Delhi, v. 59, n. 6, p. 389-390, June 1990.

GOPAL, J.; GAUR, P. C.; RANA, M. S. Early generation selection for agronomic characters in a potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, n. 5/6, p. 709-713, Aug. 1992.

GUALBERTO, R. **Análise da estabilidade fenotípica de cultivares de batata (*Solanum tuberosum* L.) na região sul de Minas Gerais**. 1991. 101 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

HAWKES, J. G. Origins of cultivated potatoes and species relationships. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. **Potato genetics**. Wallingford: CAB International, 1994. p.3-42.

HOGARTH, D. M.; BULL, J. K. The implications of genotype x environment interactions for evaluation sugarcane families. I. Effect on selection. In: KANG, M. S. **GE interaction and plant breeding**. Baton Rouge: Louisiana State University, 1990. p. 335-346.

JACKSON, P. A.; McRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 109-118, 1995a.

JACKSON, P. A.; McRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association

with environmental factors. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 119-130, 1995b.

KHEDHER, M. B.; EWING, E. E. Growth analyses of eleven potato cultivars grown in the greenhouse under long photoperiods with and without heat stress. **American Potato Journal**, Orono, v. 62, n. 10, p. 537-554, Oct. 1985.

LERNER, I. M. **The genetic basis for selection**. New York: John Willey, 1958. 298 p.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A method of analyzing cultivar x location x year experiments: a new stability parameter. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 76, n. 3, p.425-430, 1988.

LIN, C. S.; BINNS, M. R.; LEFKOVITCH, L. P. Stability analysis. Where do we stand? **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 5, p. 894-900, Sept./Oct. 1986.

LUSH, J. L. Family merit and individual merit as basis for selection. **American Naturalist**, Chicago, v. 80, n. 800, p. 318-342, 1947.

MACKAY, F. R. Selection and breeding for better potato cultivars. In: ABBOTT, A. J.; ATKIN, R. K. (Ed.). **Improving vegetatively propagated crops**. London: Academic Press, 1987. p. 181-196.

MALUF, W. R.; CORDEIRO, C. M. T.; MIRANDA, J. E. C.; COUTO, F. A. A.; BOOK, O. J. Yield stability of potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 6, n. 1, p. 29-41, mar. 1983.

McRAE, T. A.; HOGATH, D. M.; FOREMAN, J. W.; BRAITHWAITE, M. J. Selection of sugarcane seedling families in Burdekin district. In: AUSTRALIAN PLANT BREEDING CONFERENCE, 10., 1993, Gold Coast.. **Proceedings...** Gold Coast: The Organizing Committee, 1993. v. 1, p. 77-82.

McRAE, T. A.; JACKSON, P. A. Selection of sugarcane families for the Burdekin River irrigation area. In: AUSTRALIAN SOCIETY OF SUGARCANE TECHNOLOGISTS CONFERENCE. 17., 1995, Bundaberg. **Proceedings...** Brisbane: Watson Ferguson, 1995. p. 134-141.

MANDEL, J. A new analysis of variance model for non-additive data. **Technometrics**, Alexandria, v. 13, n. 1, p. 1-18, Feb. 1971.

MARIOTTI, J. A.; OYARZABAL, E. S.; OSA, J. M.; BULACIO, A. N. R.; ALMADA, G. H. Analisis de estabilidad y adaptabilidad de genotipos de caña de azucar. I. Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, Tuculman, v. 13, n. 1/4, p. 105-127, Jan. 1976.

MARIS, B. Correlations within and between characters between and within generations as a measure for the early generations selection in potato breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 37, n. 3, p. 205-224, 1988.

MENDES, A. N. G. **Avaliação de metodologias empregadas na seleção de progênies do cafeeiro (*Coffea arabica* L.) no estado de Minas Gerais**. 1994. 167 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MENEZES, C. B. de; PINTO, C. A. B. P.; NURMBERG, P. L.; LAMBERT, E. S. Combining ability of potato genotypes for cool and warm seasons in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 2, p. 145-157, Apr./June 2001

NEELE, A. E. F.; LOUWES, K. M. Early selection for chip quality and dry matter content in potato seedling populations in greenhouse or screenhouse. **Potato Research**, Wageningen, v. 32, n. 2, p. 293-300, June 1989.

NEELE, A. E. F.; NAB, H. J.; LOUWES, K. M. Identification of superior parents in a potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 3, p. 264-272, 1991.

OLIVEIRA, A. B. de; DUARTE, J. B.; PINHEIRO, J. B. Emprego da análise AMMI na avaliação da estabilidade produtiva em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 357-364, mar. 2003.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. v. 1, p. 202-272.

PEREIRA, A. da S.; COSTA, D. M. da. Análise da estabilidade de produção de genótipos de batata no Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 4, p. 405-409, abr. 1998.

PINTO, C. A. B. P. Melhoramento genético da batata. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 20, n. 197, p. 120-128, mar./abr. 1999.

PINTO, C. A. B. P. Métodos de melhoramento aplicados às plantas de propagação vegetativa. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: genética e melhoramento de espécies de propagação vegetativa, 4., 2000, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2000. p. 76-97.

PINTO, C. A. B. P.; VALVERDE, V. I. R.; ROSSI, M. S. Eficiência da seleção nas primeiras gerações clonais em batata (*Solanum tuberosum* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 5, p. 771-778, maio 1994.

RAIZER, A. J.; VENCONVSKY, R. Estabilidade fenotípica de novas variedades de cana-de-açúcar para o Estado de São Paulo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 12, p. 2241-2246, Dez. 1999.

ROSS, H. **Potato breeding: problems and perspectives**. Berlin: Paul Parey, 1986. 132 p. (Advances in Plant Breeding, 13).

SCHAALJE, G. B.; LYNCH, D. R.; KOZUB, G. C. Field evaluation of a modified augmented design for early stage selection involving a large number of test lines without replication. **Potato Research**, Wageningen, v. 30, n. 1, p. 35-45, Mar. 1987.

SILVA, J. G. C. da. Análise da adaptabilidade através da regressão linear segmentada. 1. Fundamentos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 435-448, abr. 1995a.

SILVA, J. G. C. da. Análise da adaptabilidade através da regressão linear segmentada. 2. Aplicação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 449-462, abr. 1995b.

SILVA, J. G. da.; BARRETO, J. N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo por ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, Piracicaba, 1985. **Resumos...** Piracicaba: Fundação Cargill, 1985. p. 40-50.

SIMMONDS, N. W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 90, n. 2, p. 201-208, 1996.

SIMON, G. A. **Interação famílias por ambientes e seleção de clones de bata resistentes à pinta preta e tolerantes ao calor**. 2005. 114 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SKINNER, J. C.; HOGARTH, D. M.; WU, K. K. Selection methods, criteria and indices. In: HEINZ, D. J. **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p. 409-453.

TAI, G. C. C. Effectiveness of visual selection for early clonal generation seedling of potato. **Crop Science**, Madison, v. 15, n. 1, p. 15-18, Jan./Feb. 1975.

TAI, G. C. C. Genotype stability analysis and its applications to potato regional trials. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 2, p. 184-190, Mar./Apr. 1971.

TAI, G. C. C.; YOUNG, D. A. Genotypic stability analysis of eight potato varieties tested in a series of ten trials. **American Potato Journal**, Orono, v. 49, n. 4, p. 138-150, Apr. 1972.

VAN DER ZAAG, D. E.; BURTON, W. G. Potential yield of the potato crop and its limitations. EAPR. In: CONFERENCE SURVEY PAPERS, 7., 1978, Warsaw, Poland. **Proceedings...** Warsaw, Poland, 1978. p. 7-22.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 53, n. 2, p. 89-91, 1978.

ZOBEL, R. W.; WRIGHT, M. J.; GAUCH JUNIOR, H. G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, Madison, v. 80, n. 3, p. 388-393, May/June 1988.

CAPÍTULO 2

VIABILIDADE DA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE BATATA EM GERAÇÕES PRECOSES

RESUMO

MELO, Dheyne Silva. **Viabilidade da seleção de famílias de batata em gerações precoces**. 2007. 114 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

A seleção, em batata, é realizada por etapas, de acordo com o avanço das gerações clonais. Nas gerações precoces, inúmeras dificuldades limitam os ganhos obtidos com a seleção, como a elevada quantidade de indivíduos, o emprego da seleção visual e o pouco material propagativo de cada genótipo. Assim, as pesquisas têm sido voltadas para o emprego da seleção de famílias, na qual selecionam-se, inicialmente, apenas as melhores famílias e avaliam-se os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa. O objetivo deste estudo foi verificar a viabilidade da seleção de famílias em gerações precoces e confrontar as seleções entre e dentro de famílias e combinada, utilizando diferentes intensidades de seleção. Foram conduzidos seis experimentos, nos municípios de Carrancas, primeira geração clonal (C1); Lavras e São João da Mata, segunda geração clonal (C2); Lavras, Alfenas e Careçu, terceira geração clonal (C3). O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com três repetições, e parcelas constituídas por dez plantas, exceto em Carrancas (C1), onde foram utilizadas quatro repetições e parcelas com 25 plantas. Avaliaram-se a produção de tubérculos (PT), o peso médio de tubérculos (PMT), a porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), o peso específico (PET) e a aparência de tubérculos (AT). As variâncias genéticas dentro de famílias foram, na maioria dos casos, superiores às variâncias genéticas entre famílias, mas as herdabilidades entre famílias quase sempre foram superiores às herdabilidades dentro das famílias, sugerindo que a seleção de famílias propiciaria ganhos maiores nas gerações precoces. A seleção de famílias foi mais eficiente que a seleção clonal, quando a seleção foi baseada na média dos ambientes. Os ganhos esperados com a seleção entre e dentro de famílias foram, geralmente, superiores aos ganhos da seleção combinada, independente das intensidades de seleção utilizadas. Foram superiores também quando se utilizou a média dos ambientes. A seleção poderia ser realizada já na geração C2, principalmente se forem utilizadas intensidades de seleção acima de 27%.

* Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto – Universidade Federal de Lavras

ABSTRACT

MELO, Dheyne Silva. **Viability of potato's family selection in the early generations**. 2007. 114 p. Dissertation (Master Program in Genetic and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

Potato selection is practiced according to the advancement of generations. In the early generations, a number of limitations hamper the genetic gains such as high number of clones, use of visual selection and limited numbers of tubers from each genotype. Thus, research has been directed toward family selection, which focus first in the selection of the best families and then clonal selection only within the selected families. The purposes of this study were to verify the viability of family selection in the early generations and to compare the within and between family selection with combined selection methods using different selection intensities. Six experiments were conducted in Carrancas, first clonal generation (FCG); Lavras and São João da Mata, second clonal generation (SCG); Lavras, Alfenas and Careaçú, third clonal generation (TCG), all places in the State of Minas Gerais. The experimental design was randomized complete blocks with three replications, and 10-plants plots, except in Carrancas, where four replications and 25-plants plots were used. The following traits were measured tuber yield (TY), tuber average weight (TAW), percentage of large tubers (PLT), tuber specific gravity (TSG), and tuber appearance (TA). Genetic variances within families were greater than between families, for most traits, but heritabilities between families were almost always larger than heritabilities within families. This result suggests that family selection would allow reasonable gains in the early generations. Family selection was more effective than clonal selection when selection was based on the mean of all environments. Expected gains from selection between and within families was superior than combined selection, despite the selection intensity used. They were also higher when the mean over environments were used. Selection could be practiced from as early as the SCG, especially if selection intensity is above 27%.

* Advisor: César Augusto Brasil Pereira Pinto – Universidade Federal de Lavras

1 INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de batata, a seleção é realizada por etapas, de acordo com o avanço das gerações clonais. Nas gerações precoces, inúmeras dificuldades limitam os ganhos obtidos com a seleção, como a elevada quantidade de indivíduos (altos custos), o emprego da seleção visual (baixa eficiência) e o pouco material propagativo de cada genótipo, restringindo o tamanho das parcelas, o número de repetições e a quantidade de ambientes para avaliação (Pinto, 2000).

Segundo Simmonds (1996), na seleção em espécies de propagação vegetativa, o melhorista tem duas opções: considerar a população inteira e realizar a seleção clonal ou, em contraste, selecionar, inicialmente, apenas as melhores famílias e avaliar os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa. Os programas de melhoramento de batata adotam a primeira estratégia, atribuindo, implicitamente, mais peso à variância genética dentro de famílias do que à variância genética entre famílias. No entanto, há um consenso em torno da idéia de que grandes diferenças ocorrem entre famílias e que excelentes clones quase sempre são selecionados das melhores famílias. Assim, as pesquisas têm sido voltadas para o emprego da seleção de famílias, na qual selecionam-se, inicialmente, apenas as melhores famílias e avaliam-se os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa.

No melhoramento, uma prática importante é a seleção de fenótipos superiores, indivíduos ou famílias. A escolha do método de seleção a ser aplicado depende das magnitudes e dos sentidos dos ganhos genéticos preditos, bem como da facilidade de sua aplicação. Neste contexto, a seleção entre e dentro e a seleção combinada surgem como opções. A seleção entre e dentro

considera apenas um caráter e é simples de ser aplicada. Já a seleção combinada considera o desempenho individual associado ao desempenho da família em um único estádio.

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivos: verificar a viabilidade da seleção de famílias em gerações precoces e confrontar as seleções entre e dentro de famílias e combinada, utilizando diferentes intensidades de seleção.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Geração *seedling*

Foram utilizadas sementes botânicas de 22 famílias de irmãos-germanos (Tabela 1). As sementes botânicas foram tratadas com ácido giberélico, a 1.500 ppm, por 24 horas, secas à sombra e semeadas em bandejas plásticas. Após 30 dias, as plântulas foram transplantadas para bandejas de isopor contendo substrato organo-mineral. Quando as plântulas atingiram, aproximadamente, 12cm de altura, foram transplantadas para vasos de 10cm de diâmetro, para tuberizarem. Após a senescência das plantas, os tubérculos foram colhidos e armazenados em câmara frigorífica a 4°C e 85% de umidade relativa, para a futura realização dos experimentos em campo.

TABELA 1. Relação das famílias de irmãos-germanos e suas respectivas genealogias.

Famílias	Cruzamentos	Famílias	Cruzamentos
1	SR*1 4-01 x SR1 4-19	12	SR1 5-08 x SR1 7-01
2	SR1 4-01 x SR1 5-08	13	SR1 7-14 x SR1 5-08
3	SR1 4-04 x SR1 4-19	14	CBM 7-12 x Governstein
4	SR1 4-04 x SR1 7-14	15	MHB 28-16 x NES 3-42
5	SR1 4-19 x SR1 5-04	16	Deltagold x GBA 7-12
6	SR1 5-08 x SR1 4-19	17	Chiquita x GBA 7-12
7	SR1 4-19 x SR1 6-14	18	SR1 7-01 x SR1 7-38
8	SR1 7-01 x SR1 4-19	19	CBM 7-12 x Chiquita
9	SR1 7-14 x SR1 4-19	20	SR1 4-19 x SR1 7-30
10	SR1 5-08 x SR1 5-04	21	GBA 3-44 x Chiquita
11	SR1 7-14 x SR1 5-04	22	CBM 8-17 x CBM 10-27

*SR – seleção recorrente; CBM, MHB, NES, GBA – Iniciais dos nomes dos estudantes que obtiveram os clones.

2.2 Avaliação das famílias em campo

Foram avaliadas 22 famílias clonais em seis experimentos de campo, nos municípios de: Carrancas (fevereiro a maio de 2005 - safra da seca), primeira geração clonal (C1); Lavras e São João da Mata (setembro a dezembro de 2005 - safra das águas), segunda geração clonal (C2) e Lavras, Alfenas e Careaçú (maio a agosto de 2006 - safra de inverno), terceira geração clonal (C3).

O preparo e a correção do solo, a adubação, o controle de doenças e de plantas infestantes, e a irrigação foram conduzidos conforme a recomendação para a cultura.

2.2.1 Primeira geração clonal (C1)

O experimento foi conduzido de fevereiro a maio de 2005 (safra da seca), em Carrancas, em fazenda de produção comercial, localizada a 1.052m de altitude, latitude 21°29'S e longitude 44°38'W.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições, e parcelas constituídas por 25 plantas, totalizando 100 plantas (clones) por família, com espaçamento de 0,5m x 0,8m. Em cada bloco, havia uma parcela contendo as cultivares Monalisa, Atlantic e Asterix, e os clones CBM 16-16 e CBM 9-10 do Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Lavras, sendo cada testemunha representada por cinco plantas, totalizando 25 plantas por parcela. Nessa etapa inicial, avaliou-se a produção de tubérculos.

2.2.2 Segunda geração clonal (C2)

Os experimentos foram conduzidos de setembro a dezembro de 2005 (safra das águas), em Lavras, na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), a 910 m de altitude, latitude 21°16'S e longitude 44°58'W, e em São João da Mata, em fazenda de produção comercial, localizada a 1200m de altitude, latitude 21°55'S e longitude 45°57'W.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de 10 plantas, totalizando 30 plantas (clones) por família, com espaçamento de 0,5m x 0,8m. A redução do número de plantas foi necessária, uma vez que os clones foram divididos para a realização dos dois experimentos. As testemunhas utilizadas foram as cultivares Monalisa, Atlantic, Asterix e Ágata. No experimento conduzido em São João da Mata, não se utilizou a cultivar Ágata. Avaliaram-se as características: produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos.

2.2.3 Terceira geração clonal (C3)

Os experimentos foram conduzidos de maio a agosto de 2006 (safra de inverno), em Lavras, na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em Alfenas, em fazenda de produção comercial, localizada a 881m de altitude, latitude 21°25'S e longitude 45°57'W, e em Careáçu, também em fazenda de produção comercial, localizada a 816m de altitude, latitude 22°02'S e longitude 45°42'W.

A condução dos experimentos e as testemunhas foram idênticas à C2. Além das características já mencionadas para a C2, avaliou-se também a aparência de tubérculos.

2.3 Análises estatísticas

2.3.1 Análises individuais

As características avaliadas foram submetidas à análise de variância, conforme o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijw} = m + p_i + t_w + b_j + pt_{iw} + e_{iw(j)}$$

em que:

Y_{ijw} : valor observado da parcela que recebeu o tratamento i/w , no bloco j ;

m : média geral;

p_i : efeito aleatório da família i ($i = 1, 2, 3, \dots, 22$);

t_w : efeito fixo da testemunha w ($w = 1, 2, \dots, w$);

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2, \dots, j$);

pt_{iw} : efeito do contraste famílias vs. testemunhas;

$e_{iw(j)}$: efeito do erro experimental, da parcela que recebeu o tratamento i/w , no bloco j , assumindo-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância σ_e^2 .

As variâncias genéticas dentro de famílias (σ_{gd}^2) foram estimadas pela diferença entre as variâncias fenotípicas dentro de famílias e dentro de testemunhas.

Para cada caráter, foi estimada a herdabilidade entre famílias (h_e^2) e a dentro de famílias (h_d^2), conforme as expressões a seguir:

$$h_e^2 = \frac{QM1 - QM2}{QM1}$$

em que:

h_e^2 : herdabilidade entre famílias;

$QM1$: quadrado médio de famílias;

$QM2$: quadrado médio do erro.

$$h_d^2 = \frac{QM3 - QM4}{QM3}$$

em que:

h_d^2 : herdabilidade dentro de famílias;

$QM3$: quadrado médio dentro de famílias;

$QM4$: quadrado médio dentro de testemunhas.

Para cada herdabilidade, estimou-se o intervalo de confiança de acordo com as expressões de Knapp et al. (1985):

$$IC_{h_e^2} = \left\{ 1 - \left[QM1 / QM2 \right] \times F_{(1-\alpha/2; GL_{erro}; GL_{familias})} \right\}^{-1}; 1 - \left[QM1 / QM2 \right] \times F_{(\alpha/2; GL_{erro}; GL_{familias})} \right\}^{-1}$$

em que:

$IC_{h_e^2}$: intervalo de confiança da herdabilidade entre famílias;

$QM1$: quadrado médio de famílias;

$QM2$: quadrado médio do erro;

F : valor tabelado da distribuição F de Snedecor, a partir dos graus de liberdade do erro, graus de liberdade de família e do nível de significância ($\alpha=0,05$).

$$IC_{h_i^2} = \left\{ 1 - \left[QM3/QM4 \right] \times F_{(1-\alpha/2, GL_{dentrotestemunhas}; GL_{dentrofamilias})} \right\}^{-1}; 1 - \left\{ \left[QM3/QM4 \right] \times F_{(\alpha/2, GL_{dentrotestemunhas}; GL_{dentrofamilias})} \right\}^{-1} \right\}$$

em que:

$IC_{h_i^2}$: intervalo de confiança da herdabilidade dentro de famílias;

$QM3$: quadrado médio dentro de famílias;

$QM4$: quadrado médio dentro de testemunhas;

F : valor tabelado da distribuição F de Snedecor, a partir dos graus de liberdade dentro de testemunhas, graus de liberdade dentro de famílias e do nível de significância ($\alpha=0,05$).

Para o agrupamento das médias das famílias, utilizou-se o teste de Scott & Knott (1974). Vale lembrar que, embora o efeito aleatório não permita a realização de testes de médias, é importante que o melhorista visualize o comportamento dos genótipos avaliados em relação às testemunhas, para que o mesmo possa verificar o desempenho de seu material.

2.3.2 Análises conjuntas

Para as análises conjuntas, foram consideradas as médias das 22 famílias em cada ambiente. Para a certificação da homogeneidade dos quadrados médios dos erros das análises individuais, foi aplicado o teste de Bartlett, citado por Ramalho et al. (2000). O modelo considerado para a análise conjunta foi:

$$Y_{ijl} = m + p_i + a_l + b_{j(l)} + (pa)_{il} + \bar{e}_{(ijl)}$$

em que:

Y_{ijl} : valor referente ao tratamento i , no bloco j , no ambiente l ;

- m: média geral;
 p_i : efeito aleatório da família i ($i = 1, 2, 3, \dots, 22$);
 a_l : efeito aleatório do ambiente l ($l = 1, 2, \dots, 1$);
 $b_{j(l)}$: efeito do bloco j , dentro do ambiente l ($j = 1, 2, \dots, j$);
 $(pa)_{il}$: efeito da interação famílias x ambientes;
 $\bar{e}_{(ij)}$: efeito do erro experimental médio.

Os parâmetros genéticos (Tabela 2) foram estimados seguindo as mesmas estatísticas apresentadas no item anterior e as médias das famílias agrupadas pelo teste de Scott & Knott (1974).

TABELA 2. Resumo do quadro da ANOVA conjunta com os respectivos quadrados médios utilizados para as estimações das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2) e das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2), com seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$). UFLA, MG, 2007.

F.V.	QM
Blocos / Ambientes	
Ambientes (A)	
Famílias (F)	QM1
F x A	QM2
Erro médio	
Erro médio dentro de famílias	QM3
Erro médio dentro de testemunhas	QM4
σ_{ge}^2	$(QM1 - QM2) / r_h * \times k_h **$
h_e^2	$(QM1 - QM2) / QM1$
$IC_{h_e^2}$	$IC_{h_e^2} = \{1 - [QM1 / QM2] \times F_{(1-\alpha/2)}\}^{-1}; 1 - [QM1 / QM2] \times F_{(\alpha/2)}\}^{-1}$
σ_{gd}^2	$QM3 - QM4$
h_d^2	$(QM3 - QM4) / QM3$
$IC_{h_d^2}$	$IC_{h_d^2} = \{1 - [QM3 / QM4] \times F_{(1-\alpha/2)}\}^{-1}; 1 - [QM3 / QM4] \times F_{(\alpha/2)}\}^{-1}$

* r_h : média harmônica do número de repetições; ** k_h : média harmônica do número de plantas.

2.3.3 Ganhos esperados com as seleções de famílias e clonal

Para estimar os ganhos esperados com a seleção de famílias, utilizou-se (Falconer & Mackay, 1996):

$$GES_{families} = i_N \sigma_{\bar{F}} h_e^2$$

em que:

$GES_{families}$: ganho esperado com a seleção de famílias;

$\sigma_{\bar{F}}$: desvio padrão fenotípico das médias das famílias;

h_e^2 : herdabilidade entre famílias.

i_N : intensidade de seleção standardizada, obtida na tabela de Fisher & Yates (1971), corrigida para amostras de pequeno tamanho ($N < 50$) pela expressão de Wricke & Weber (1986):

$$i_N = i - \frac{1-f}{2 \times i \times f \times (N+1)}$$

em que:

i : intensidade de seleção standardizada para populações grandes, obtida na tabela de Fisher & Yates (1971);

f : proporção selecionada;

N : número de indivíduos.

Para se estimar os ganhos esperados com a seleção clonal, utilizou-se a seguinte expressão (Falconer & Mackay, 1996):

$$GES_{clonal} = i \sigma_w h_d^2$$

em que:

i : intensidade de seleção estandardizada, obtida na tabela de Fisher & Yates (1971).

GES_{clonal} : ganho esperado com a seleção de clones;

σ_w : desvio padrão fenotípico dentro de famílias;

h_d^2 : herdabilidade dentro de famílias.

2.3.4 Ganhos e herdabilidades realizadas com a seleção de famílias

Para a estimação dos ganhos realizados com a seleção de famílias, utilizou-se o comportamento médio de todas as famílias e o comportamento médio das n famílias selecionadas ($n=2, 4, 6, 8$ e 10), na segunda e terceira gerações clonais. Vale ressaltar que as estimações foram feitas apenas para a produção de tubérculos. Para tanto, utilizou-se a seguinte expressão:

$$GRS_{familias} = \frac{M_{selecionadas} - M}{M}$$

em que:

$GRS_{familias}$: ganho realizado com a seleção de famílias;

$M_{selecionadas}$: média na segunda/terceira geração clonal das n famílias selecionadas na primeira/segunda geração;

M : média das famílias na segunda/terceira geração clonal.

A herdabilidade realizada para a seleção das n famílias foi estimada pela seguinte expressão (Bernardo, 2002):

$$h_{realizada\,familias}^2 = \frac{GRS_{familias}}{ds_{familias}}$$

em que:

$h_{realizada\,familias}^2$: herdabilidade realizada para a seleção de famílias;

$GRS_{familias}$: ganho realizado com a seleção de famílias;

$ds_{familias}$: diferencial de seleção da primeira/segunda geração estimado a partir da seguinte expressão:

$$ds_{familias} = \frac{M_{familias\,C1/C2} - M_{C1/C2}}{M_{C1/C2}}$$

em que:

$M_{familias\,C1/C2}$: média das n famílias selecionadas na primeira/segunda geração clonal;

$M_{C1/C2}$: média das famílias na primeira/segunda geração clonal.

2.3.5 Ganhos esperados com as seleções entre e dentro de famílias e combinada

Para a comparação das seleções entre e dentro de famílias e combinada, utilizaram-se diferentes intensidades de seleção, de forma que o mesmo número de clones fosse selecionado ao final dos dois processos seletivos.

As estimações dos ganhos esperados com a seleção entre e dentro de famílias foram calculadas a partir de:

$$GES_{entreedentro} = GES_{familias} + GES_{dentro}$$

Para estimar os ganhos esperados com a seleção dentro de famílias, utilizou-se a mesma expressão do ganho esperado com a seleção clonal.

Os ganhos esperados com a seleção combinada foram adaptados de Bueno Filho (1992), conforme a expressão a seguir:

$$GES_{combinada} = i \frac{\sigma_{ge}^2 \left(\frac{i-1}{i} \right) h_e^2 + \sigma_{gd}^2 \left(\frac{k_h-1}{k_h} \right) \left(\frac{h_e^2}{r_h k_h} + h_d^2 \right)}{\sqrt{QM_{dentro} \left(\frac{k_h-1}{k_h} \right) (h_d^2)^2 + \frac{QM_{familias}}{r_h k_h} \left(\frac{i-1}{i} \right) (h_e^2)^2}}$$

em que:

$GES_{combinada}$: ganho esperado com a seleção combinada;

i : intensidade de seleção estandardizada, obtida na tabela de Fisher & Yates (1971);

σ_{ge}^2 : variância genética entre famílias;

σ_{gd}^2 : variância genética dentro de famílias;

h_d^2 e h_e^2 : herdabilidades dentro de famílias e entre famílias, respectivamente;

QM_{dentro} : quadrado médio dentro de famílias;

$QM_{familias}$: quadrado médio de famílias;

i : número de famílias;

r_h e k_h : média harmônica do número de repetições e de plantas, respectivamente.

TABELA 3. Intensidades de seleção utilizadas para a comparação das seleções entre e dentro e combinada. UFLA, MG, 2007.

Seleções	Entre	Dentro	Entre e dentro	Combinada
	10	50	5	5
	50	10	5	5
	20	25	5	5
Intensidades de	25	20	5	5
seleção (%)	20	50	10	10
	50	20	10	10
	25	40	10	10
	40	25	10	10

Os ganhos foram estimados apenas para produção de tubérculos, utilizando-se as intensidades de seleção da Tabela 3.

2.3.6 Estimação das correlações fenotípicas e genéticas

As estimativas de correlações fenotípicas e genéticas foram obtidas de acordo com a expressão apresentada por Ramalho et al. (1993):

$$r_{f/g} = \frac{COV_{F/G(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{F/Gx}^2 \times \sigma_{F/Gy}^2}}$$

em que:

$r_{f/g}$: correlação fenotípica/genética;

$COV_{F/G(x,y)}$: covariância fenotípica/genética entre os caracteres x e y ;

$\sigma_{F/Gx}^2$ e $\sigma_{F/Gy}^2$: variância fenotípica / genética dos caracteres x e y , respectivamente.

As correlações foram testados pela estatística t , para a verificação da hipótese de nulidade ($H_0: \rho=0$), a partir da expressão (Cruz & Regazzi, 1994):

$$t = \frac{r}{\sqrt{1-r^2}} \times \sqrt{n-2}$$

em que t está associado a $n-2$ graus de liberdade e nível de significância α .

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análises individuais

3.1.1 Primeira geração clonal (C1) - Carrancas

A análise de variância relativa à primeira geração clonal está apresentada na Tabela 4. Detectaram-se diferenças significativas, a 1% de probabilidade, entre as famílias, entre as testemunhas e no contraste famílias *vs.* testemunhas, para a produção de tubérculos. É interessante destacar a magnitude do coeficiente de variação de 16,2%, valor relativamente baixo para o caráter avaliado. Constatou-se também que, em média, as testemunhas foram mais produtivas que as famílias, embora essa diferença não seja tão relevante nessa geração, haja vista a desuniformidade no tamanho e na brotação dos tubérculos-semente nessa etapa inicial (Pinto et al., 1994).

Na estimação dos parâmetros genéticos, observou-se que, embora a variância genética dentro de famílias tenha sido superior à variância genética entre famílias, a herdabilidade dentro foi bem menor (0,14), podendo até ser nula, de acordo com o intervalo de confiança. Isso ocorreu, principalmente, devido à maior variância fenotípica encontrada dentro de famílias. Esses resultados indicam que a intensidade de seleção poderia ser mais elevada para a seleção de famílias que para a seleção de clones.

Embora os resultados aqui apresentados sejam relativos apenas a um experimento, a magnitude da herdabilidade entre famílias (0,66) merece ser destacada, reforçando a idéia de que a seleção de famílias nas etapas iniciais dos programas de melhoramento de batata deve ser levada em consideração.

Na Tabela 5, encontram-se as médias das famílias e das testemunhas. Pode-se observar que as médias de algumas famílias diferiram significativamente pelo teste de Scott & Knott, merecendo destaque as famílias 1, 5, 8, 9, 10, 11, 18 e 19, que não diferiram entre si. Percebe-se que, entre as testemunhas, o clone CBM 9-10 diferiu significativamente, tanto das famílias como das demais testemunhas, apresentando uma produção de 994,1 g/pl.

TABELA 4. Resumo da análise de variância e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$), para a produção de tubérculos, na C1. Carrancas, MG, 2005.

F.V.	G.L.	QM
		Produção de tubérculos (g/pl)
Blocos	3	752168,02
Tratamentos	26	1131241,22 **
Famílias (F)	21	436373,68 **
Testemunhas (T)	4	3697180,59 **
F vs. T	1	5459702,15 **
Erro	78	149726,70
Dentro Famílias	1562	75753,33
Dentro Testemunhas	75	65042,92
Média Geral		528,0
Média Famílias		504,2
Média Testemunhas		632,3
CV (%)		16,2
σ_{ge}^2		4551,17
h_e^2		0,66
$IC_{h_e^2}$		(0,36 – 0,84)
σ_{gd}^2		10710,42
h_d^2		0,14
$IC_{h_d^2}$		(-0,22 – 0,37)

** significativo, a 1% de probabilidade, pelo teste F.

TABELA 5. Médias das famílias e das testemunhas para produção de tubérculos, na C1. Carrancas, MG, 2005.

Famílias / Testemunhas	Médias	
	Produção de tubérculos (g/pl)	
1	589,8	b
2	447,6	c
3	466,5	c
4	421,6	c
5	567,3	b
6	518,7	c
7	442,9	c
8	558,3	b
9	530,1	b
10	634,4	b
11	585,5	b
12	481,3	c
13	496,1	c
14	455,8	c
15	482,7	c
16	396,5	c
17	493,7	c
18	573,4	b
19	627,1	b
20	507,7	c
21	358,8	c
22	457,4	c
Asterix	550,3	b
Atlantic	476,1	c
CBM16-16	646,5	b
CBM9-10	994,1	a
Monalisa	494,7	c

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$).

3.1.2 Segunda geração clonal (C2)

3.1.2.1 Lavras

Detectaram-se diferenças significativas entre famílias e entre testemunhas, para todos os caracteres. Para o contraste famílias vs. testemunhas, houve diferenças significativas para a produção de tubérculos e o peso específico de tubérculos, condicionando, assim, comportamento diferenciado de famílias e testemunhas (Tabela 6). As médias das famílias foram superiores em relação às médias das testemunhas para todos os caracteres. Os coeficientes de variação apresentaram magnitudes intermediárias, exceto para peso específico de tubérculos, que apresentou baixo valor.

Com relação aos parâmetros genéticos, observou-se, novamente, que a variância genética dentro de famílias foi superior à variância genética entre famílias para todos os caracteres. Para o peso específico de tubérculos, a variância genética dentro não foi estimada, pois todas as plantas de cada parcela foram pesadas coletivamente, impossibilitando, assim, a extração da variância genética dentro. As herdabilidades entre famílias apresentaram valores variando de intermediários a altos (0,47 a 0,79), os quais são superiores aos das herdabilidades dentro de famílias. Vale salientar que a herdabilidade entre famílias para peso médio de tubérculos e as herdabilidades dentro de famílias para a produção de tubérculos e a porcentagem de tubérculos graúdos, de acordo com o intervalo de confiança, poderiam ser nulas.

Observou-se que as famílias comportaram-se melhor, sob as altas temperaturas registradas nessa época de plantio em Lavras, do que as testemunhas. Isso já era esperado, tanto devido à maior variabilidade genética existente dentro das famílias, uma vez que as mesmas eram formadas por clones diferentes, como aos genitores utilizados na formação dessas populações, que foram selecionados para condições tropicais de cultivo.

Nota-se que as médias das famílias para a produção de tubérculos foram ligeiramente superiores às médias da C1, apesar das condições climáticas não serem tão favoráveis, especialmente pelas elevadas temperaturas registradas nessa época de plantio. Verifica-se, também, a redução drástica no peso específico. Isso já era esperado, tanto devido à maior variabilidade genética existente dentro das famílias, uma vez que as mesmas eram formadas por clones diferentes, como aos genitores utilizados na formação dessas populações, que foram selecionados para condições tropicais de cultivo.

Existem vários relatos na literatura de redução na produção de tubérculos devido às altas temperaturas. Khedher & Ewing (1985) observaram, em casa de vegetação uma redução de 65% a 80%, em condições de temperaturas altas em relação a condições de temperaturas amenas. Sarquís et al. (1996), realizando ensaios de campo em duas localidades contrastantes em temperatura, observaram uma redução de 52% e 94% na produção, nos locais com altas temperaturas, para as cultivares Alfa e Hertha, respectivamente, em relação aos locais de temperaturas baixas. Os resultados obtidos por Menezes et al. (1999) mostraram que, em condições de altas temperaturas, a produção foi reduzida em 25,5%, principalmente devido ao atraso no início da tuberização e à redução na partição dos fotoassimilados para os tubérculos. Além disso, observaram uma redução no teor de matéria seca dos tubérculos.

Nesse experimento, destacaram-se as famílias 9, 11, 14 e 19 e a testemunha Asterix, com valores elevados, em comparação com os demais tratamentos, para todos os caracteres (Tabela 7).

TABELA 6. Resumo das análises de variância e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$), para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, na C2. Lavras, MG, 2005.

F.V.	G.L.	QM's			
		Produção de tubérculos (g/pl)	Peso médio de tubérculos (g)	Porcentagem de tubérculos graúdos (%)	Peso específico de tubérculos
Blocos	2	13447,32	551,41	97,88	$2,47 \times 10^{-4}$
Tratamentos	25	470917,12 **	5352,00 **	5412,30 **	$1,29 \times 10^{-3}$ **
Famílias (F)	21	347755,71 **	4268,05 *	3475,27 **	$9,35 \times 10^{-4}$ **
Testemunhas (T)	3	1183112,36 **	14159,34 **	20568,20 **	$3,31 \times 10^{-3}$ **
F vs. T	1	920720,98 *	1692,97 ^{ns}	622,18 ^{ns}	$2,75 \times 10^{-3}$ **
Erro	50	154631,37	2263,09	1380,77	$1,93 \times 10^{-4}$
Dentro de Famílias	514	151448,41	1726,52	959,03	-
Dentro de Testemunhas	78	117130,68	1140,69	706,47	-
Média Geral		595,4	95,6	49,4	1,059
Média Famílias		612,0	96,3	49,8	1,059
Média Testemunhas		503,7	91,6	47,0	1,054
CV (%)		23,8	17,9	27,1	0,5
σ_{ge}^2		9128,99	94,77	99,01	$3,51 \times 10^{-5}$
h_e^2		0,56	0,47	0,60	0,79
$IC_{h_e^2}$		(0,12 – 0,80)	(-0,05 – 0,76)	(0,21 – 0,82)	(0,59 – 0,91)
σ_{gd}^2		34317,74	585,83	252,56	-
h_d^2		0,23	0,34	0,26	-
$IC_{h_d^2}$		(-0,11 – 0,44)	(0,05 – 0,52)	(-0,06 – 0,46)	-

** , * ,^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 7. Médias das famílias e das testemunhas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, na C2. Lavras, MG, 2005.

Famílias / Testemunhas	Médias						
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos
1	715,3	a	94,1	a	46,5	b	1,067 a
2	516,3	b	89,1	b	52,3	a	1,063 a
3	504,3	b	88,0	b	40,0	b	1,051 b
4	558,8	b	116,6	a	55,9	a	1,058 b
5	836,1	a	88,0	b	46,1	b	1,072 a
6	778,8	a	98,0	a	45,8	b	1,066 a
7	489,4	b	66,8	b	19,2	c	1,054 b
8	705,2	a	112,1	a	52,8	a	1,054 b
9	814,2	a	102,7	a	51,6	a	1,062 a
10	688,5	a	100,5	a	43,2	b	1,065 a
11	666,0	a	100,2	a	52,9	a	1,064 a
12	568,0	b	87,6	b	37,6	b	1,070 a
13	570,5	b	92,5	b	54,3	a	1,057 b
14	635,2	a	106,0	a	68,6	a	1,060 a
15	389,6	b	76,7	b	33,3	b	1,051 b
16	543,8	b	105,0	a	72,5	a	1,057 b
17	532,8	b	113,8	a	59,4	a	1,053 b
18	734,5	a	97,7	a	51,4	a	1,051 b
19	668,1	a	105,6	a	66,8	a	1,063 a
20	510,6	b	84,4	b	39,6	b	1,054 b
21	421,6	b	75,3	b	44,8	b	1,061 a
22	616,9	a	117,3	a	61,8	a	1,055 b
Ágata	492,5	b	84,1	b	40,2	b	1,042 c
Atlantic	525,6	b	109,2	a	76,2	a	1,065 a
Asterix	774,4	a	113,3	a	63,3	a	1,062 a
Monalisa	222,4	b	60,0	b	8,3	c	1,045 c

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$).

3.1.2.2 São João da Mata

Verificaram-se diferenças significativas entre famílias para a maioria dos caracteres, com exceção do peso médio de tubérculos (Tabela 8). Já para testemunhas, houve diferenças significativas apenas para porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos. Para o contraste famílias vs. testemunhas, constataram-se diferenças significativas para todos os caracteres. Tanto as médias das famílias como as médias das testemunhas foram superiores às médias do experimento conduzido em Lavras. Provavelmente, essa diferença deveu-se ao fato de o município de São João da Mata localizar-se a 1.200m de altitude, enquanto o município de Lavras está apenas a 910m, fator este que propiciou temperaturas mais amenas durante o desenvolvimento da cultura. Segundo Menezes et al. (2001), a temperatura influencia significativamente no rendimento de tubérculos, uma vez que afeta tanto a fotossíntese líquida como a taxa de respiração da planta. Sua elevada magnitude pode chegar a limitar a produção de batata, principalmente em regiões tropicais.

Os coeficientes de variação foram semelhantes aos do experimento realizado em Lavras, indicando uma moderada precisão experimental.

Na estimação dos parâmetros genéticos, observou-se, mais uma vez, que a variância genética dentro de famílias foi superior à variância genética entre famílias para produção de tubérculos e porcentagem de tubérculos graúdos. Para o peso médio de tubérculos, a estimativa da variância ambiental foi maior tanto para a variância fenotípica entre famílias como para a variância fenotípica dentro de famílias (Tabela 8), o que resultou em estimações negativas para as variâncias genéticas. A variância genética dentro e a herdabilidade dentro com seu respectivo intervalo de confiança, do peso específico de tubérculos, não foram estimados, pelo mesmo motivo citado anteriormente.

Os valores das herdabilidades entre famílias também foram intermediários (0,45 a 0,50), os quais são superiores aos das herdabilidades dentro de famílias.

Observa-se, pela Tabela 9, que não houve diferença significativa para a produção de tubérculos pelo teste de Scott e Knott, embora o teste F tenha detectado diferença significativa a 5% de probabilidade. Verifica-se também que algumas famílias apresentaram pesos específicos semelhantes ao das cultivares Atlantic e Asterix, que contêm um alto teor de matéria seca.

TABELA 8. Resumo das análises de variância e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$), para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, na C2. São João da Mata, MG, 2005.

F.V.	G.L.	QM's			
		Produção de tubérculos (g/pl)	Peso médio de tubérculos (g)	Porcentagem de tubérculos graúdos (%)	Peso específico de tubérculos
Blocos	2	1213953,78	4949,65	1035,85	$3,39 \times 10^{-4}$
Tratamentos	24	974885,19 **	4894,32 **	2708,74 **	$8,02 \times 10^{-4}$ **
Famílias (F)	21	842797,27 *	1585,30 ^{ns}	1920,27 *	$5,71 \times 10^{-4}$ *
Testemunhas (T)	2	442835,56 ^{ns}	2076,88 ^{ns}	6728,23 **	$2,79 \times 10^{-3}$ **
F vs. T	1	4812830,73 **	80018,47 **	11227,77 **	$1,69 \times 10^{-3}$ *
Erro	48	459313,22	1651,16	959,05	$3,14 \times 10^{-4}$
Dentro de Famílias	558	264671,85	1401,81	909,63	-
Dentro de Testemunhas	77	205032,35	1863,73	527,54	-
Média Geral		947,3	106,8	51,6	1,070
Média Famílias		914,8	102,6	50,0	1,071
Média Testemunhas		1185,9	137,6	63,1	1,066
CV (%)		24,9	13,2	20,9	0,6
σ_{ge}^2		15459,07	-2,65	38,75	$1,03 \times 10^{-5}$
h_e^2		0,46	-	0,50	0,45
$IC_{h_e^2}$		(-0,08 – 0,75)	-	(0,01 – 0,77)	(-0,09 – 0,75)
σ_{gd}^2		59639,50	-461,92	382,08	-
h_d^2		0,23	-	0,42	-
$IC_{h_d^2}$		(-0,11 – 0,44)	-	(0,17 – 0,58)	-

** , * , ^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 9. Médias das famílias e das testemunhas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, na C2. São João da Mata, MG, 2005.

Famílias / Testemunhas	Médias							
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos	
1	979,4	a	117,4	b	58,5	a	1,069	a
2	561,8	a	101,6	b	43,6	a	1,070	a
3	679,2	a	93,6	b	35,8	a	1,067	b
4	932,4	a	112,0	b	50,5	a	1,072	a
5	1335,1	a	101,7	b	62,2	a	1,075	a
6	1135,3	a	105,1	b	46,1	a	1,076	a
7	924,7	a	81,3	b	29,4	a	1,070	a
8	962,6	a	100,1	b	51,1	a	1,072	a
9	904,4	a	101,8	b	51,6	a	1,076	a
10	920,6	a	98,6	b	48,6	a	1,071	a
11	1064,3	a	101,7	b	46,7	a	1,078	a
12	628,8	a	92,5	b	37,4	a	1,066	b
13	779,2	a	103,8	b	47,8	a	1,072	a
14	916,5	a	97,9	b	53,9	a	1,071	a
15	842,7	a	105,0	b	49,7	a	1,059	b
16	735,4	a	111,4	b	55,7	a	1,067	b
17	984,3	a	99,1	b	51,9	a	1,066	b
18	982,9	a	105,6	b	60,6	a	1,072	a
19	1223,9	a	117,2	b	67,7	a	1,075	a
20	983,3	a	99,7	b	46,0	a	1,074	a
21	737,6	a	104,7	b	56,5	a	1,074	a
22	911,2	a	105,6	b	48,4	a	1,061	b
Atlantic	1292,0	a	145,8	a	81,9	a	1,075	a
Asterix	1229,8	a	127,7	a	51,6	a	1,068	a
Monalisa	1035,8	a	139,2	a	55,8	a	1,054	b

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$).

3.1.3 Terceira geração clonal (C3)

3.1.3.1 Lavras

Detectaram-se diferenças significativas, a 1% de probabilidade, entre as famílias, exceto para peso médio e aparência de tubérculos. Entre as testemunhas, também ocorreram diferenças significativas para quase todos os caracteres, com exceção apenas da aparência de tubérculos. No contraste famílias *vs.* testemunhas, não ocorreu diferença significativa somente para produção de tubérculos, apontando para o comportamento semelhante entre famílias e testemunhas para este caráter (Tabela 10). Em média, constatou-se também que as famílias e as testemunhas tiveram produções equivalentes. As famílias superaram as testemunhas apenas no peso específico de tubérculos.

Com relação aos parâmetros genéticos, as magnitudes das herdabilidades entre famílias foram de baixas a altas (0,32 a 0,75), sendo superiores às herdabilidades dentro das famílias, na maior parte dos caracteres. Em relação ao peso médio de tubérculos, o valor da variância ambiental foi superior ao valor da variância fenotípica dentro de famílias, tornando a variância genética dentro negativa, inviabilizando a estimação da herdabilidade dentro, bem como do seu intervalo de confiança (Tabela 10).

A comparação de médias encontra-se na Tabela 11. Destacaram-se as famílias 1, 4, 5, 8, 9, 11, 14, 18 e 19 e a testemunha Asterix, com produções superiores a 1000 g/pl, e elevados valores também para os demais caracteres.

TABELA 10. Resumo das análises de variância e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$), para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na C3. Lavras, MG, 2006.

F.V.	G.L.	QM's				
		Produção de tubérculos (g/pl)	Peso médio de tubérculos (g)	Porcentagem de tubérculos graúdos (%)	Peso específico de tubérculos	Aparência de tubérculos
Blocos	2	2120234,31	990,90	398,38	$1,25 \times 10^{-4}$	1,59
Tratamentos	25	1439105,90 **	10817,82 **	3034,53 **	$1,07 \times 10^{-3}$ **	2,02 **
Famílias (F)	21	1118668,99 **	6042,14 ^{ns}	2225,38 **	$6,77 \times 10^{-4}$ **	1,24 ^{ns}
Testemunhas (T)	3	4100637,05 **	25465,81 **	5015,15 **	$2,13 \times 10^{-3}$ **	1,25 ^{ns}
F vs. T	1	183687,56 ^{ns}	67163,14 **	14084,87 **	$5,99 \times 10^{-3}$ **	20,83 **
Erro	50	387953,59	4111,22	971,45	$1,71 \times 10^{-4}$	0,74
Dentro Famílias	530	314813,35	2845,90	971,80	$2,58 \times 10^{-4}$	0,38
Dentro Testemunhas	111	168753,84	2971,51	708,66	$5,64 \times 10^{-5}$	0,30
Média Geral		906,4	116,5	51,7	1,077	2,4
Média Famílias		899,0	112,1	49,6	1,079	2,3
Média Testemunhas		947,2	141,2	63,0	1,070	2,8
CV (%)		24,6	19,7	21,6	0,4	12,8
σ_{ge}^2		31282,92	82,67	53,68	$2,17 \times 10^{-5}$	$2,14 \times 10^{-2}$
h_e^2		0,65	0,32	0,56	0,75	0,40
$IC_{h_e^2}$		(0,31 – 0,84)	(-0,34 – 0,69)	(0,14 – 0,80)	(0,50 – 0,89)	(-0,18 – 0,73)
σ_{gd}^2		146059,50	-125,62	263,13	$2,02 \times 10^{-4}$	$8,38 \times 10^{-2}$
h_d^2		0,46	-	0,27	0,78	0,22
$IC_{h_d^2}$		(0,27 – 0,59)	-	(0,01 – 0,45)	(0,70 – 0,83)	(-0,06 – 0,41)

** , * , ^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 11. Médias das famílias e das testemunhas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na C3. Lavras, MG, 2006.

Famílias / Testemunhas	Médias									
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos		Aparência de tubérculos	
1	1008,0	a	118,4	b	51,7	b	1,082	a	2,5	a
2	482,3	b	81,4	b	31,7	b	1,065	c	1,8	b
3	887,9	b	117,4	b	46,9	b	1,080	a	2,5	a
4	1048,2	a	128,6	a	45,6	b	1,079	a	2,2	b
5	1153,2	a	116,6	b	49,2	b	1,080	a	2,3	b
6	1094,5	a	117,0	b	48,9	b	1,084	a	2,4	a
7	779,5	b	118,2	b	57,4	a	1,079	a	2,5	a
8	1182,9	a	130,7	a	53,6	a	1,083	a	2,4	a
9	1080,3	a	118,1	b	61,9	a	1,083	a	2,4	b
10	926,0	b	117,1	b	56,5	a	1,080	a	2,6	a
11	1159,6	a	117,2	b	55,5	a	1,077	a	2,3	b
12	631,1	b	96,5	b	35,7	b	1,081	a	1,9	b
13	647,6	b	85,5	b	38,1	b	1,072	b	2,0	b
14	1058,0	a	105,7	b	59,0	a	1,084	a	2,5	a
15	655,6	b	95,9	b	43,2	b	1,066	c	2,4	b
16	620,9	b	92,3	b	40,6	b	1,073	b	2,1	b
17	745,5	b	126,1	a	57,6	a	1,078	a	2,3	b
18	1208,8	a	144,8	a	65,5	a	1,083	a	2,5	a
19	1032,5	a	129,3	a	67,2	a	1,079	a	2,7	a
20	887,3	b	107,4	b	44,0	b	1,081	a	2,3	b
21	654,4	b	92,2	b	41,6	b	1,081	a	2,1	b
22	832,8	b	109,0	b	40,7	b	1,084	a	2,2	b
Ágata	711,4	b	93,7	b	45,1	b	1,058	c	2,9	a
Atlantic	748,8	b	160,8	a	78,8	a	1,079	a	2,5	a
Asterix	1575,0	a	166,2	a	70,0	a	1,077	a	3,0	a
Monalisa	753,4	b	144,1	a	58,1	a	1,067	c	2,9	a

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$).

3.1.3.2 Alfenas

Na análise de variância (Tabela 12), verificou-se, para famílias, diferenças significativas para porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, indicando variabilidade genética entre famílias para esses caracteres. Para testemunhas, houve diferenças significativas para todos os caracteres. No contraste famílias *vs.* testemunhas, não foi encontrada diferença significativa apenas para a produção de tubérculos. As médias das famílias foram superiores às médias das testemunhas para produção de tubérculos e peso específico de tubérculos.

Os coeficientes de variação foram de baixa magnitude, indicando uma boa precisão experimental, o que permitiu uma melhor acurácia na estimação dos parâmetros.

A variância genética dentro de famílias foi superior à variância genética entre famílias para produção de tubérculos e porcentagem de tubérculos graúdos. Para o peso médio de tubérculos, novamente, o valor da variância ambiental foi superior ao valor da variância fenotípica dentro de famílias, tornando a variância genética dentro negativa.

O valor da herdabilidade entre famílias foi elevado apenas para peso específico de tubérculos (0,80), e o caráter porcentagem de tubérculos graúdos apresentou herdabilidade dentro próxima a 1,00, sugerindo a aplicação de uma alta intensidade de seleção dentro para esse caráter (Tabela 12).

Na Tabela 13 encontram-se as médias das famílias e das testemunhas. Verifica-se que não houve diferença significativa para produção e aparência de tubérculos. Para peso médio de tubérculos, apenas a cultivar Atlantic diferiu dos demais tratamentos.

TABELA 12. Resumo da análise de variância e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$), para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na C3. Alfenas, MG, 2006.

F.V.	G.L.	QM's				
		Produção de tubérculos (g/pl)	Peso médio de tubérculos (g)	Porcentagem de tubérculos graúdos (%)	Peso específico de tubérculos	Aparência de tubérculos
Blocos	2	843926,25	4022,81	1264,13	$4,02 \times 10^{-4}$	0,05
Tratamentos	25	651662,46 *	6918,52 **	2546,63 **	$6,61 \times 10^{-4}$ **	1,98 **
Famílias (F)	21	545747,03 ^{ns}	1830,51 ^{ns}	1610,20 **	$4,47 \times 10^{-4}$ **	1,15 ^{ns}
Testemunhas (T)	3	1599002,68 **	31716,71 **	7354,47 **	$1,61 \times 10^{-3}$ **	4,70 **
F vs. T	1	33865,89 ^{ns}	39372,29 **	7788,09 **	$2,38 \times 10^{-3}$ **	11,19 **
Erro	50	336604,94	1808,02	693,24	$8,93 \times 10^{-5}$	0,69
Dentro Famílias	595	268688,80	1739,00	18586,45	$8,33 \times 10^{-5}$	0,34
Dentro Testemunhas	113	125850,24	1821,07	502,13	$7,51 \times 10^{-5}$	0,34
Média Geral		987,8	114,6	56,3	1,075	2,3
Média Famílias		990,8	111,3	54,9	1,076	2,2
Média Testemunhas		971,4	132,2	64,2	1,071	2,6
CV (%)		19,7	12,4	15,6	0,3	12,3
σ_{ge}^2		7806,30	0,84	34,23	$1,33 \times 10^{-5}$	$1,71 \times 10^{-2}$
h_e^2		0,38	0,01	0,57	0,80	0,40
$IC_{h_e^2}$		(-0,22 – 0,72)	(-0,95 – 0,55)	(0,15 – 0,81)	(0,60 – 0,91)	(-0,19 – 0,73)
σ_{gd}^2		142838,56	-82,07	18084,33	$8,26 \times 10^{-6}$	$7,59 \times 10^{-3}$
h_d^2		0,53	-	0,97	0,10	0,02
$IC_{h_d^2}$		(0,37 – 0,64)	-	(0,96 – 0,98)	(-0,22 – 0,31)	(-0,32 – 0,25)

** , * , ^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 13. Médias das famílias e das testemunhas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na C3. Alfenas, MG, 2006.

Famílias / Testemunhas	Médias									
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos		Aparência de tubérculos	
1	986,1	a	105,0	b	39,9	c	1,080	a	2,1	a
2	881,9	a	110,8	b	53,1	c	1,078	a	2,5	a
3	910,0	a	105,2	b	44,5	c	1,072	b	1,8	a
4	1004,0	a	115,2	b	57,4	c	1,080	a	2,2	a
5	1008,5	a	115,0	b	56,7	c	1,080	a	2,3	a
6	1064,4	a	104,6	b	48,1	c	1,078	a	2,1	a
7	862,3	a	104,8	b	44,0	c	1,080	a	2,2	a
8	1066,7	a	113,6	b	50,5	c	1,075	a	2,3	a
9	1151,7	a	115,3	b	59,3	c	1,078	a	2,3	a
10	1310,2	a	127,8	b	64,5	c	1,078	a	2,1	a
11	1088,1	a	117,3	b	62,2	c	1,079	a	1,9	a
12	820,1	a	112,2	b	47,9	c	1,076	a	2,0	a
13	872,3	a	116,3	b	56,4	c	1,078	a	2,4	a
14	965,5	a	101,5	b	60,2	c	1,071	b	2,3	a
15	853,6	a	122,9	b	54,5	c	1,063	c	2,1	a
16	658,2	a	96,2	b	59,4	c	1,072	b	2,5	a
17	880,7	a	95,9	b	48,6	c	1,072	b	2,4	a
18	1139,0	a	117,2	b	54,5	c	1,075	a	1,8	a
19	1157,9	a	120,0	b	64,3	c	1,073	b	2,3	a
20	1004,3	a	103,7	b	51,4	c	1,080	a	2,4	a
21	1061,3	a	114,4	b	72,8	b	1,079	a	2,3	a
22	1049,9	a	114,5	b	57,8	c	1,074	a	2,4	a
Ágata	818,4	a	103,6	b	53,6	c	1,062	c	3,1	a
Atlantic	1335,2	a	182,1	a	88,5	a	1,079	a	2,3	a
Asterix	889,6	a	124,4	b	61,1	c	1,076	a	2,2	a
Monalisa	842,5	a	118,6	b	53,6	c	1,066	c	2,6	a

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$).

3.1.3.3 Careaçu

Detectaram-se diferenças significativas entre as famílias e no contraste famílias *vs.* testemunhas, para todos os caracteres. Entre as testemunhas, não houve diferença significativa apenas para produção de tubérculos. Em média, verificou-se que as famílias foram mais produtivas e tiveram maior peso específico que as testemunhas. Os coeficientes de variação variaram de 0,4% a 26,7%. A variância genética dentro de famílias foi superior à variância genética entre famílias para todos os caracteres (Tabela 14).

Na Tabela 15, percebe-se que as famílias 1, 3, 4, 5, 6, 8, 9, 11, 16, 18 e 20 apresentaram médias elevadas e não diferindo estatisticamente entre si. Entre as testemunhas, Atlantic apresentou a maior média, com um valor de 903,7 g/pl. Com relação ao peso específico de tubérculos, merecem destaque as famílias 1, 5, 9, 18 e 20 e, novamente, a testemunha Atlantic.

TABELA 14. Resumo da análise de variância e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$), para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na C3. Careaçu, MG, 2006.

F.V.	G.L.	QM's				
		Produção de tubérculos (g/pl)	Peso médio de tubérculos (g)	Porcentagem de tubérculos graúdos (%)	Peso específico de tubérculos	Aparência de tubérculos
Blocos	2	690509,19	843,88	713,20	$4,60 \times 10^{-4}$	0,47
Tratamentos	25	894519,52 **	3796,18 **	3233,85 **	$1,14 \times 10^{-3}$ **	2,26 **
Famílias (F)	21	830634,49 **	2897,03 **	1893,89 **	$7,06 \times 10^{-4}$ **	1,63 **
Testemunhas (T)	3	594159,39 ^{ns}	7801,52 **	10980,23 **	$3,97 \times 10^{-3}$ **	4,84 **
F vs. T	1	3137185,70 **	10662,23 **	8133,91 **	$1,96 \times 10^{-3}$ **	7,81 **
Erro	50	304001,16	1244,81	821,78	$1,23 \times 10^{-4}$	0,74
Dentro Famílias	479	221492,38	905,82	705,66	$9,19 \times 10^{-5}$	0,28
Dentro Testemunhas	102	71281,83	677,94	581,30	$4,45 \times 10^{-5}$	0,20
Média Geral		839,6	92,3	38,8	1,077	2,3
Média Famílias		870,5	90,5	37,3	1,078	2,3
Média Testemunhas		669,8	102,2	47,5	1,073	2,6
CV (%)		23,7	13,8	26,7	0,4	13,3
σ_{ge}^2		26840,16	84,21	54,64	$2,97 \times 10^{-5}$	$4,53 \times 10^{-2}$
h_e^2		0,63	0,57	0,57	0,83	0,54
$IC_{h_e^2}$		(0,28 – 0,83)	(0,15 – 0,81)	(0,14 – 0,80)	(0,66 – 0,92)	(0,10 – 0,79)
σ_{gd}^2		150210,55	227,88	124,36	$4,74 \times 10^{-5}$	$8,28 \times 10^{-2}$
h_d^2		0,68	0,25	0,18	0,52	0,29
$IC_{h_d^2}$		(0,56 – 0,76)	(-0,03 – 0,44)	(-0,13 – 0,38)	(0,33 – 0,64)	(0,03 – 0,47)

** , * , ^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 15. Médias das famílias e das testemunhas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na C3. Careçu, MG, 2006.

Famílias / Testemunhas	Médias									
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos		Aparência de tubérculos	
1	919,9	a	96,8	b	33,1	c	1,084	a	2,1	b
2	437,6	b	73,6	b	18,2	c	1,071	c	2,3	b
3	954,1	a	114,6	a	40,4	b	1,077	b	2,2	b
4	957,1	a	104,1	a	45,9	b	1,078	b	2,9	a
5	1224,1	a	89,8	b	33,3	c	1,084	a	2,6	a
6	1218,8	a	109,9	a	45,9	b	1,080	b	2,2	b
7	781,8	b	80,1	b	23,6	c	1,079	b	2,0	b
8	1155,8	a	86,0	b	45,2	b	1,081	b	2,1	b
9	1014,0	a	83,5	b	37,9	c	1,083	a	3,0	a
10	810,9	b	89,8	b	25,9	c	1,079	b	2,1	b
11	960,9	a	89,3	b	42,0	b	1,080	b	2,1	b
12	646,9	b	79,2	b	26,2	c	1,070	c	2,0	b
13	749,9	b	90,7	b	46,7	b	1,081	b	2,0	b
14	708,3	b	69,8	b	27,6	c	1,071	c	2,2	b
15	821,5	b	103,4	a	38,6	c	1,069	c	2,3	b
16	897,6	a	92,7	b	53,0	b	1,074	c	2,5	b
17	671,8	b	78,9	b	31,8	c	1,066	c	2,2	b
18	921,2	a	90,2	b	41,2	b	1,086	a	2,4	b
19	826,5	b	86,0	b	43,2	b	1,075	b	2,3	b
20	982,3	a	95,1	b	38,7	c	1,084	a	2,3	b
21	703,0	b	87,6	b	48,0	b	1,080	b	2,4	b
22	786,3	b	99,9	a	33,0	c	1,079	b	1,9	b
Ágata	539,8	b	82,4	b	34,2	c	1,057	d	3,0	a
Atlantic	903,7	a	114,5	a	78,3	a	1,087	a	2,0	b
Asterix	603,2	b	120,9	a	47,3	b	1,079	b	2,8	a
Monalisa	632,5	b	91,1	b	30,1	c	1,068	c	2,6	a

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$).

3.2 Análises conjuntas

Os testes de homogeneidade indicaram que os quadrados médios dos erros experimentais dos seis ambientes (combinação de gerações, locais e safras) estimaram variâncias heterogêneas para produção de tubérculos, peso médio e peso específico de tubérculos. Diante disso, foram retirados os experimentos que possuíam os quadrados médios dos erros mais discrepantes, quando comparados com os demais experimentos. Posteriormente, aceitaram-se as homogeneidades e procederam-se as análises de variância conjuntas.

Nas análises de variância conjuntas, foram constatados efeitos significativos para famílias, exceto para peso médio e aparência de tubérculos, e para ambientes, exceto para aparência de tubérculos. Com isso, conclui-se que as famílias tiveram comportamentos diferenciados, assim como os ambientes, para a maioria das características. A interação famílias x ambientes foi significativa para porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, indicando que as famílias não apresentaram comportamento coincidente nos diferentes ambientes (Tabela 16).

Constatou-se a não significância da interação famílias x ambientes para produção de tubérculos, resultado também encontrado por Simon (2005), avaliando famílias de polinização livre nos municípios de Alfenas, Senador Amaral e Lagoa Dourada, Minas Gerais.

Resultados relatados na literatura, por outro lado, indicam que predomina a interação genótipos x ambientes significativa para produção de tubérculos (Elias et al., 1995; Ortiz & Golmirzaie, 2004). Os autores comentam sobre a importância da escolha correta dos ambientes, quando da significância da interação, para que seja possível identificar genótipos promissores.

Nos trabalhos dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, outra espécie de propagação vegetativa, visando a seleção de famílias, a interação

famílias x ambientes tem sido altamente significativa, para a maioria das características analisadas (Bressiani, 2001; Jackson et al., 1995a,b). Segundo Jackson et al. (1995a,b), a avaliação de famílias de cana-de-açúcar em mais de um ambiente é vantajosa se houver alta interação famílias x ambientes.

Os valores dos coeficientes de variação foram baixos, principalmente por se tratarem de caracteres quantitativos, ou seja, caracteres altamente influenciados pelo ambiente e assemelharam-se aos citados por Vermeer (1990).

Com relação aos parâmetros genéticos, a magnitude das herdabilidades entre famílias variaram de baixas a altas (0,38 a 0,88), sendo quase sempre superiores às herdabilidades dentro das famílias e sugerindo que a seleção de famílias propiciaria ganhos mais confiáveis nas fases iniciais do programa de melhoramento (Bradshaw et al., 1998; Diniz, 2002; Gopal, 2001). De acordo com Simmonds (1996), a discriminação da variação entre famílias é mais eficiente do que a discriminação da variação entre indivíduos da mesma família, pois o efeito do ambiente é menor entre famílias do que entre indivíduos da família. Em relação ao caráter aparência de tubérculos, o valor do quadrado médio da interação foi superior ao quadrado médio da fonte de variação famílias, tornando a variância genética entre famílias negativa e inviabilizando o cálculo da herdabilidade entre, bem como do seu intervalo de confiança.

A comparação de médias encontra-se na Tabela 17. Destacaram-se as famílias 5, 6, 8, 9, 11, 18 e 19, com valores de produção de tubérculos elevados.

TABELA 16. Resumo das análises de variância conjuntas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$). UFLA, MG, 2007.

F.V.	G.L. ¹	G.L. ²	G.L. ³	G.L. ⁴	QM's				
					Produção de tubérculos (g/pl) ¹	Peso médio de tubérculos (g) ²	Porcentagem de tubérculos graúdos (%) ¹	Peso específico de tubérculos ³	Aparência de tubérculos ⁴
Blocos / Ambientes	10	8	8	6	974728,95	2497,61	682,08	2,92 x 10 ⁻⁴	0,73
Ambientes	4	3	3	2	10485120,52 **	40079,30 **	21781,66 **	3,83 x 10 ⁻² **	1,82 ns
Famílias	21	21	21	21	2395795,50 **	3542,75 ns	4709,25 **	1,35 x 10 ⁻³ **	1,11 ns
FamíliasxAmbientes	84	63	63	42	279518,98 ns	2182,85 ns	1486,55 **	4,64 x 10 ⁻⁴ **	1,36 **
Erro médio	248	198	198	150	328500,86	1741,77	965,26	2,00 x 10 ⁻⁴	0,72
Erro médio dentro	2676	2146	2081	1604	244222,96	1443,29	4426,51	1,45 x 10 ⁻⁴	0,34
Médias					857,4	100,2	682,08	1,072	0,73
CV (%)					23,6	14,6	22,7	0,5	13,2
σ_e^2					137609,79	1375,86	605,22	5,86 x 10 ⁻⁵	0,28
σ_{ge}^2					92339,72	59,58	140,62	4,00 x 10 ⁻⁵	-0,01
h_e^2					0,88	0,38	0,68	0,66	-
$IC_{h_e^2}$					(0,78 – 0,95)	(-0,18 – 0,72)	(0,41 – 0,85)	(0,34 – 0,84)	-
σ_{gd}^2					106613,17	67,43	3821,29	8,59 x 10 ⁻⁵	0,06
h_d^2					0,44	0,05	0,86	0,59	0,17
$IC_{h_d^2}$					(0,32 – 0,53)	(-0,18 – 0,22)	(0,83 – 0,89)	(0,50 – 0,67)	(0,00 – 0,31)

**, *, ns. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F; σ_e^2 - variância ambiental.

TABELA 17. Médias das famílias para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na análise conjunta. UFLA, MG, 2007.

Famílias	Médias									
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos		Aparência de tubérculos	
1	921,7	b	103,3	a	45,9	b	1,076	a	2,2	a
2	576,0	c	93,8	b	39,8	c	1,067	c	2,2	a
3	787,1	c	100,4	a	41,5	b	1,069	c	2,2	a
4	900,1	b	111,9	a	51,1	a	1,072	b	2,4	a
5	1111,4	a	98,6	a	49,5	a	1,078	a	2,4	a
6	1058,4	a	104,4	a	47,0	a	1,076	a	2,2	a
7	767,6	c	83,3	b	34,7	c	1,071	b	2,2	a
8	1014,6	a	103,0	a	50,6	a	1,072	b	2,3	a
9	992,9	a	100,8	a	52,5	a	1,076	a	2,6	a
10	931,2	b	104,2	a	47,8	a	1,074	a	2,3	a
11	987,8	a	102,1	a	51,9	a	1,075	a	2,1	a
12	659,0	c	92,9	b	36,9	c	1,072	b	2,0	a
13	723,9	c	100,8	a	48,7	a	1,070	b	2,2	a
14	856,7	b	93,8	b	53,8	a	1,072	b	2,4	a
15	712,6	c	102,0	a	43,8	b	1,061	d	2,3	a
16	691,2	c	101,3	a	56,2	a	1,068	c	2,3	a
17	763,0	c	96,9	b	49,9	a	1,065	c	2,3	a
18	997,3	a	102,7	a	54,6	a	1,073	b	2,3	a
19	981,8	a	107,2	a	61,9	a	1,073	b	2,4	a
20	873,6	b	95,7	b	43,9	b	1,073	b	2,3	a
21	715,6	c	95,5	b	52,7	a	1,074	a	2,3	a
22	839,4	c	109,3	a	48,3	a	1,070	b	2,2	a
Testem. *										
Atlantic	961,1		137,9		80,7		1,077		2,3	
Asterix	1014,4		121,6		58,7		1,072		2,7	
Monalisa	697,3		102,2		41,2		1,059		2,7	

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$); *. Testemunhas comuns aos experimentos.

3.3 Ganhos esperados com as seleções de famílias e clonal

Na Tabela 18 verificam-se as estimativas dos ganhos esperados com a seleção das seis melhores famílias e dos 600*/180** melhores clones (*- clones selecionados em Carrancas na C1; **clones selecionados nos demais ambientes), em cada um dos ambientes e na média deles, para produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos. Observaram-se ganhos para todos os caracteres (seleção direta), independente do método de melhoramento utilizado. Os ganhos para peso específico de tubérculos, a princípio, parecem baixos, se comparados com as estimativas obtidas para os demais caracteres. No entanto, vale ressaltar que, com um aumento de 0,005 unidades no valor desse caráter, promove-se um aumento de cerca de 1% no teor de matéria seca de tubérculos, o que é extremamente desejável, principalmente se o objetivo do melhorista for obter cultivares com aptidão culinária para fritura.

Considerando a seleção em ambientes individuais, a seleção clonal foi, na maioria dos casos, mais eficiente que a seleção de famílias. Essa superioridade ocorreu porque a variância fenotípica dentro de famílias, utilizada para estimar o ganho esperado com a seleção clonal, foi muito superior à variância fenotípica entre famílias, o que inflacionou o ganho estimado.

No entanto, quando se considerou a seleção com base na média dos ambientes, a seleção de famílias, na maioria das situações, se sobressaiu em relação à seleção clonal. Isso ocorreu porque apenas as famílias estavam sendo repetidas em todos os ambientes, aumentando, assim, a chance de sucesso na seleção. Assim, se o melhorista optar pela seleção de famílias em gerações precoces, o mesmo deve basear sua seleção na média de todos os ambientes e não apenas na média de um ambiente específico para realizar a seleção.

TABELA 18. Médias e estimativas dos ganhos esperados com as seleções de famílias ($GS_{\text{famílias}}$) e clonal (GS_{clonal}), pela seleção das 6 melhores famílias e dos 600/180 melhores clones (I.S.=27,27%), em valores absolutos e em porcentagens, nos ambientes e na média dos ambientes, para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos. UFPA, PA, 2007.

Gerações	Locais	Produção de tubérculos (g/pl)				
		Médias	$GS_{\text{famílias}}$	%	GS_{clonal}	%
C1	Carrancas	504,2	64,0	12,7	47,4	9,4
	Lavras	612,0	83,4	13,6	107,4	17,6
C2	São João da Mata	914,8	98,2	10,7	141,3	15,4
	Lavras	899,0	167,4	18,6	317,2	35,3
C3	Alfenas	990,8	64,0	6,5	335,8	33,9
	Careaçu	870,5	152,7	17,5	388,9	44,7
Média dos ambientes		857,4	334,4	39,0	262,9	30,7
Gerações	Locais	Peso médio de tubérculos (g)				
		Médias	$GS_{\text{famílias}}$	%	GS_{clonal}	%
C2	Lavras	96,3	7,8	8,1	17,2	17,8
	São João da Mata	102,6	-	-	-	-
C3	Lavras	112,1	6,0	5,4	-	-
	Alfenas	111,3	0,1	0,1	-	-
	Careaçu	90,5	8,1	9,0	9,2	10,2
Média dos ambientes		100,2	5,6	5,6	2,2	2,2
Gerações	Locais	Porcentagem de tubérculos graúdos (%)				
		Médias	$GS_{\text{famílias}}$	%	GS_{clonal}	%
C2	Lavras	49,8	9,0	18,2	9,9	19,9
	São João da Mata	50,0	5,2	10,3	15,4	30,9
C3	Lavras	49,6	6,4	13,0	10,3	20,7
	Alfenas	54,9	5,2	9,4	161,6	294,3
	Careaçu	37,3	6,5	17,5	5,7	15,3
Média dos ambientes		48,3	11,5	23,8	70,0	144,8
Gerações	Locais	Peso específico de tubérculos				
		Médias	$GS_{\text{famílias}}$	%	GS_{clonal}	%
C2	Lavras	1,060	0,006	0,6	-	-
	São João da Mata	1,071	0,003	0,2	-	-
C3	Lavras	1,079	0,005	0,4	0,015	1,4
	Alfenas	1,076	0,004	0,4	0,001	0,1
	Careaçu	1,078	0,006	0,5	0,006	0,5
Média dos ambientes		1,072	0,006	0,6	0,009	0,8
Gerações	Locais	Aparência de tubérculos				
		Médias	$GS_{\text{famílias}}$	%	GS_{clonal}	%
C3	Lavras	2,3	0,11	4,7	0,17	7,1
	Alfenas	2,2	0,10	4,4	0,02	0,7
	Careaçu	2,3	0,18	8,1	0,19	8,3
Média dos ambientes		2,3	-	-	0,12	5,5

3.4 Ganhos e herdabilidades realizadas com a seleção de famílias

Os ganhos realizados com a seleção podem ser observados nas Tabelas 19 e 20. Verifica-se que, independente do número de famílias selecionadas, o ganho realizado foi sempre positivo, tanto realizando a seleção na C1 como na C2. No entanto, os ganhos realizados foram maiores selecionando-se 2, 4 e 8 famílias na C2 em relação à seleção do mesmo número de famílias na C1.

As herdabilidades realizadas para a seleção de famílias na C1 variaram de 0,58 a 1,19. A média dessas herdabilidades foi de 0,89, praticamente igual à do valor estimado ($h_e^2=0,88$). Já as herdabilidades realizadas para a seleção de famílias na C2 variaram de 0,67 a 0,92. A média dessas herdabilidades foi de 0,80 e também está próxima do valor estimado. Como os resultados obtidos foram semelhantes, realça-se a importância da estimação da herdabilidade para o melhorista.

Verifica-se que as herdabilidades realizadas pela seleção das seis melhores famílias foram de 0,99 e 0,82, para a seleção em C1 e C2, respectivamente. Assim, a utilização de uma intensidade de seleção em torno de 30% nas gerações iniciais, seria suficiente para se obter bons ganhos nas fases seguintes do programa.

TABELA 19. Média, diferencial de seleção (ds), ganho realizado ($GRS_{\text{famílias}}$) e herdabilidade realizada para a produção de tubérculos pela seleção das n famílias mais produtivas na geração C1. UFLA, MG, 2007.

Intensidade de seleção (%)	Média geral da C1 (g/pl)	Média das famílias selecionadas (g/pl)	ds	$GRS_{\text{famílias}}$ (%)	Herdabilidade realizada
9,1		630,8	0,25	14,7	0,58
18,2		609,2	0,21	13,4	0,64
27,3	504,2	596,3	0,18	18,1	0,99
36,4		583,2	0,16	16,3	1,04
45,5		569,2	0,13	15,3	1,19

TABELA 20. Média, diferencial de seleção (ds), ganho realizado ($GRS_{\text{famílias}}$) e herdabilidade realizada para a produção de tubérculos pela seleção das n famílias mais produtivas na geração C2. UFLA, MG, 2007.

Intensidade de seleção (%)	Média geral da C2 (g/pl)	Média das famílias selecionadas (g/pl)	ds	$GRS_{\text{famílias}}$ (%)	Herdabilidade realizada
9,1		1021,3	0,34	22,5	0,67
18,2		963,5	0,26	17,6	0,67
27,3	763,4	928,6	0,22	17,8	0,82
36,4		906,6	0,19	16,9	0,90
45,5		883,3	0,16	14,5	0,92

3.5 Ganhos esperados com as seleções entre e dentro de famílias e combinada

Na Tabela 21 encontram-se as estimativas dos ganhos esperados com a seleção entre e dentro de famílias e combinada, para produção de tubérculos, em cada um dos ambientes e na média deles, utilizando diferentes intensidades de seleção. Observa-se que, em todas as situações, a seleção entre e dentro de famílias foi mais eficiente que a seleção combinada, contrariando o que normalmente se comenta na literatura (Falconer, 1996; Paula, 1997; Pires, 1996). Esses autores relatam que o processo de seleção combinada é especialmente recomendado nos casos em que se tem baixa variabilidade dentro de famílias, o que não ocorreu para as famílias avaliadas. Assim, a seleção entre e dentro de famílias deve ser preferida como metodologia de seleção.

É importante salientar que, apesar da superioridade da seleção entre e dentro, o processo de seleção combinada também proporcionou ganhos bem expressivos, e também podem ser utilizados, principalmente quando se dispõem de recursos computacionais para a sua utilização.

Constatou-se, mais uma vez, que, quando a seleção foi baseada na média dos ambientes, os ganhos foram, na maioria dos casos, superiores à seleção baseada em cada um dos ambientes.

Dentre as intensidades de seleção utilizadas, verificou-se que, quando a intensidade de seleção final foi de 5%, a intensidade de seleção de 50% entre famílias e 10% de clones dentro de famílias se sobressaiu em relação às demais. Já para uma intensidade final de seleção de 10%, a intensidade de seleção de 50% entre famílias e 20% entre clones dentro de famílias também foi superior. Isso indica que, se o melhorista optar por fazer a seleção entre e dentro de famílias, o mesmo deve preferir a utilização de uma intensidade de seleção mais fraca entre famílias e mais forte entre clones dentro dessas famílias, para obter maiores ganhos com a seleção.

TABELA 21. Médias e estimativas dos ganhos esperados com as seleções entre e dentro de famílias ($GS_{\text{entre e dentro}}$) e combinada ($GS_{\text{combinada}}$), utilizando diferentes intensidades de seleção, em valores absolutos e em porcentagens, nos ambientes e na média dos ambientes, para a produção de tubérculos. UFLA, MG, 2007.

Gerações	Locais	Produção de tubérculos (g/pl)										
		Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		89,9	17,8		31,0	6,2	120,9	24,0	113,4	22,5
	Lavras	612,0		117,0	19,1		70,4	11,5	187,4	30,6	162,8	26,6
C2	São João da Mata	914,8		137,8	15,1		92,5	10,1	230,3	25,2	195,6	21,4
	Lavras	899,0	10%	234,9	26,1	50%	207,7	23,1	442,6	49,2	367,0	40,8
C3	Alfenas	990,8		89,9	9,1		219,9	22,2	309,8	31,3	283,4	28,6
	Careçu	870,5		214,4	24,6		254,7	29,3	469,1	53,9	390,1	44,8
Média dos ambientes		857,4		469,4	54,7		172,1	20,1	641,5	74,8	595,10	69,4
Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		42,1	8,4		68,3	13,5	110,4	21,9	113,4	22,5
	Lavras	612,0		54,9	9,0		154,8	25,3	209,7	34,3	162,8	26,6
C2	São João da Mata	914,8		64,6	7,1		203,4	22,2	268,0	29,3	195,6	21,4
	Lavras	899,0	50%	110,2	12,3	10%	456,9	50,8	567,1	63,1	367,0	40,8
C3	Alfenas	990,8		42,2	4,3		483,6	48,8	525,8	53,1	283,4	28,6
	Careçu	870,5		100,5	11,5		560,1	64,3	660,6	75,8	390,1	44,8
Média dos ambientes		857,4		220,1	25,7		378,6	44,2	598,7	69,9	595,1	69,4
Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		73,1	14,5		49,5	9,8	122,6	24,3	113,4	22,5
	Lavras	612,0		95,2	15,6		112,1	18,3	207,3	33,9	162,8	26,6
C2	São João da Mata	914,8		112,2	12,3		147,4	16,1	259,6	28,4	195,6	21,4
	Lavras	899,0	20%	191,2	21,3	25%	330,9	36,8	522,1	58,1	367,0	40,8
C3	Alfenas	990,8		73,2	7,4		350,3	35,4	423,5	42,8	283,4	28,6
	Careçu	870,5		174,5	20,0		405,7	46,6	580,2	66,6	390,1	44,8
Média dos ambientes		857,4		382,0	44,6		274,2	32,0	656,2	76,6	595,10	69,4
Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		66,7	13,2		54,5	10,8	121,2	24,0	113,4	22,5
	Lavras	612,0		86,9	14,2		123,4	20,2	210,3	34,4	162,8	26,6
C2	São João da Mata	914,8		102,3	11,2		162,3	17,7	264,6	28,9	195,6	21,4
	Lavras	899,0	25%	174,4	19,4	20%	364,4	40,5	538,8	59,9	367,0	40,8
C3	Alfenas	990,8		66,7	6,7		385,7	38,9	452,4	45,6	283,4	28,6
	Careçu	870,5		159,1	18,3		446,8	51,3	605,9	69,6	390,1	44,8
Média dos ambientes		857,4		348,4	40,6		302,0	35,2	650,4	75,8	595,10	69,4

“TABELA 21, Cont.”

Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		73,1	14,5		31,0	6,2	104,0	20,7	100,0	19,8
C2	Lavras	612,0		95,2	15,6		70,4	11,5	165,6	27,1	148,9	24,3
	São João da Mata	914,8		112,2	12,3		92,5	10,1	204,7	22,4	180,4	19,7
C3	Lavras	899,0	20%	191,2	21,3	50%	207,7	23,1	398,9	44,4	345,5	38,4
	Alfenas	990,8		73,2	7,4		219,9	22,2	293,1	29,6	280,1	28,3
	Careagu	870,5		174,5	20,0		254,7	29,3	429,2	49,3	374,7	43,0
Média dos ambientes		857,4		382,0	44,6		172,1	20,1	554,1	64,7	525,5	61,3
Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		42,1	8,4		54,5	10,8	96,6	19,2	100,0	19,8
C2	Lavras	612,0		54,9	9,0		123,4	20,2	178,3	29,2	148,9	24,3
	São João da Mata	914,8		64,6	7,1		162,3	17,7	226,9	24,8	180,4	19,7
C3	Lavras	899,0	50%	110,2	12,3	20%	364,4	40,5	474,6	52,8	345,5	38,4
	Alfenas	990,8		42,2	4,3		385,7	38,9	427,9	43,2	280,1	28,3
	Careagu	870,5		100,5	11,5		446,8	51,3	547,3	62,8	374,7	43,0
Média dos ambientes		857,4		220,1	25,7		302,0	35,2	522,1	60,9	525,5	61,3
Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		66,7	13,2		37,6	7,5	104,3	20,7	100,0	19,8
C2	Lavras	612,0		86,9	14,2		85,2	13,9	172,1	28,1	148,9	24,3
	São João da Mata	914,8		102,3	11,2		112,0	12,2	214,3	23,4	180,4	19,7
C3	Lavras	899,0	25%	174,4	19,4	40%	251,4	28,0	425,8	47,4	345,5	38,4
	Alfenas	990,8		66,7	6,7		266,2	26,9	332,9	33,6	280,1	28,3
	Careagu	870,5		159,1	18,3		308,3	35,4	467,4	53,7	374,7	43,0
Média dos ambientes		857,4		348,4	40,6		208,4	24,3	556,8	64,9	525,5	61,3
Gerações	Locais	Médias	I.S. _{entre}	GS _{famílias}	%	I.S. _{dentro}	GS _{dentro}	%	GS _{entre e dentro}	%	GS _{combinada}	%
C1	Carrancas	504,2		51,0	10,1		49,5	9,8	100,5	19,9	100,0	19,8
C2	Lavras	612,0		66,4	10,8		112,1	18,3	178,5	29,1	148,9	24,3
	São João da Mata	914,8		78,2	8,5		147,4	16,1	225,6	24,6	180,4	19,7
C3	Lavras	899,0	40%	133,2	14,8	25%	330,9	36,8	464,1	51,6	345,5	38,4
	Alfenas	990,8		51,0	5,1		350,3	35,4	401,3	40,5	280,1	28,3
	Careagu	870,5		121,6	14,0		405,7	46,6	527,3	60,6	374,7	43,0
Média dos ambientes		857,4		266,2	31,0		274,2	32,0	540,4	63,0	525,5	61,3

3.6 Estimação das correlações fenotípicas e genéticas entre alguns caracteres

A seleção com base em uma característica (seleção direta) tem se mostrado inadequada, principalmente por conduzir a um produto final superior apenas para o caráter selecionado, mas com desempenho não tão favorável em relação aos outros caracteres. Assim, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres tende a aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento (Cruz & Carneiro, 2003).

A seleção em certas características pode provocar alterações indesejáveis em outras, quando houver correlações negativas. A causa para a resposta indireta à seleção é a correlação. Baseado nisso, foram estimadas as correlações fenotípicas e genéticas entre os caracteres produção de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, em cada um dos ambientes, exceto para a C1 (Carrancas), na qual avaliou-se apenas a produção de tubérculos.

Com relação às correlações fenotípicas, nota-se que, entre os caracteres produção de tubérculos e porcentagem de tubérculos graúdos, houve correlações que variaram de baixa (0,26), em Lavras, na C2, até correlações moderadas (0,71), em Lavras, na C3 (Tabela 22), tendo apenas esta última diferido estatisticamente de zero. Entre os caracteres produção e peso específico de tubérculos, as correlações não diferiram significativamente de zero, com exceção apenas de Careaçú (C3). Já entre porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos, as correlações fenotípicas não diferiram de zero.

Nas correlações genéticas, pode-se observar a alta correlação (0,81) entre produção de tubérculos e porcentagem de tubérculos graúdos em Lavras, na C3, mostrando que, se a seleção for realizada em Lavras nessa geração, os caracteres estarão sendo melhorando na mesma direção. Podem-se observar

também as altas correlações genéticas entre produção e peso específico de tubérculos em São João da Mata, na C2 e em Lavras e Careaçú, na C3.

De maneira geral, verificou-se que as médias das estimativas das correlações na geração C3 foram maiores que as estimadas na C2, devido à maior precisão experimental nessa geração.

TABELA 22. Correlações fenotípicas e genéticas entre produção de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos. UFLA, MG, 2007.

Lavras C2	Porcentagem de Tubérculos graúdos	Peso específico de tubérculos
Produção de tubérculos	0,26 ^{ns} / 0,35 ^{ns}	0,50 ^{ns} / 0,54 ^{ns}
Porcentagem de tubérculos graúdos	-	0,02 ^{ns} / 0,04 ^{ns}
São João da Mata C2		
Produção de tubérculos	0,52 ^{ns} / 0,61 ^{ns}	0,47 ^{ns} / 0,91 ^{**}
Porcentagem de tubérculos graúdos	-	0,26 ^{ns} / 0,42 ^{ns}
Lavras C3		
Produção de tubérculos	0,71 [*] / 0,81 ^{**}	0,66 ^{ns} / 0,97 ^{**}
Porcentagem de tubérculos graúdos	-	0,49 ^{ns} / 0,70 ^{**}
Alfenas C3		
Produção de tubérculos	0,40 ^{ns} / 0,56 [*]	0,31 ^{ns} / 0,44 [*]
Porcentagem de tubérculos graúdos	-	-0,02 ^{ns} / -0,03 ^{ns}
Careaçu C3		
Produção de tubérculos	0,51 ^{ns} / 0,60 [*]	0,62 [*] / 0,89 ^{**}
Porcentagem de tubérculos graúdos	-	0,32 ^{ns} / 0,40 ^{ns}

Para tentar visualizar se a seleção já poderia ser realizada nas gerações C1 ou C2, calculou-se a porcentagem de famílias selecionadas nessas gerações para produção de tubérculos que coincidiam com as famílias selecionadas nas gerações C2 e C3.

De acordo com a Tabela 23, constata-se que há coincidência de famílias selecionadas na maior parte das situações e que a mesma, geralmente, está acima de 50%. Verificou-se também que, quando o número de famílias selecionadas aumenta, a porcentagem de coincidência entre as gerações também aumenta, o que já era esperado. Com os resultados pode-se observar que a seleção já poderia ser realizada na geração C2, principalmente se forem utilizadas intensidades de seleção acima de 27% (seis famílias). Isso seria extremamente vantajoso para o programa, economizando tempo e recursos para a avaliação das famílias por mais uma geração.

TABELA 23. Porcentagem de coincidência de famílias selecionadas para produção de tubérculos nas diferentes gerações. UFLA, MG, 2007.

Intensidade de seleção (%)	Famílias selecionadas			% de coincidência		
	C1	C2	C3	C2 com C1	C3 com C1	C3 com C2
9,1	10 e 19	5 e 6	8 e 5	0,0	0,0	50,0
18,2	10, 19, 1 e 11	5, 6, 19 e 11	8, 5, 6 e 18	50,0	0,0	50,0
27,3	10, 19, 1, 11, 18 e 5	5, 6, 19, 11, 9 e 18	8, 5, 6, 18, 9 e 11	66,6	50,0	83,3
36,4	10, 19, 1, 11, 18, 5, 8 e 9	5, 6, 19, 11, 9, 18, 1 e 8	8, 5, 6, 18, 9, 11, 10 e 19	87,5	75,0	87,5
45,5	10, 19, 1, 11, 18, 5, 8, 9, 6 e 20	5, 6, 19, 11, 9, 18, 1, 8, 10 e 14	8, 5, 6, 18, 9, 11, 10, 19, 4 e 1	90,0	90,0	90,0

4 CONCLUSÕES

As variâncias genéticas dentro de famílias foram, na maioria dos casos, superiores às variâncias genéticas entre famílias, mas as herdabilidades entre famílias quase sempre foram superiores às herdabilidades dentro das famílias, sugerindo que a seleção de famílias propiciaria ganhos maiores nas gerações precoces.

A seleção de famílias foi mais eficiente que a seleção clonal quando a seleção foi baseada na média dos ambientes.

Os ganhos esperados com a seleção entre e dentro de famílias foram, geralmente, superiores aos ganhos da seleção combinada, independente das intensidades de seleção utilizadas. Foram superiores também quando se utilizou a média dos ambientes.

A seleção poderia ser realizada já na geração C2, principalmente se forem utilizadas intensidades de seleção acima de 27%.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota, 2002. 369 p.
- BRADSHAW, J. E.; DALE, M. F. B.; SWAN, G. E. L.; TODD, D.; WILSON, R. N. Early-generation selection between and within pair crosses in potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 8, p. 1331-1339, Dec. 1998.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 104 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- BUENO FILHO, J. S. S. **Seleção combinada versus seleção seqüencial no melhoramento de populações florestais**. Piracicaba, 1992. 96 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v. 2, 585 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390 p.
- DINIZ, M. C. D. R. **Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata**. 2002. 125 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ELIAS, M.; SARKER, S.; BANIK, B. R. Genotype x environment interaction of true potato seed (TPS) progenies. **Indian Journal of Agricultural Research**, New Delhi, v. 29, n. 1, p. 79-82, 1995.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman, 1996. 464 p.
- FISHER, R. H.; YATES, F. **Tabelas estatísticas para pesquisa em biologia, medicina e agricultura**. São Paulo, 1971. 150 p.

GOPAL, J. Between and within variation and family selection in potato breeding programmes. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 36, n. 2, p. 201-208, June 2001.

JACKSON, P. A.; McRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 109-118, 1995a.

JACKSON, P. A.; McRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association with environmental factors. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 119-130, 1995b.

KHEDHER, M. B.; EWING, E. E. Growth analyses of eleven potato cultivars grown in the greenhouse under long photoperiods with and without heat stress. **American Potato Journal**, Orono, v. 62, n. 10, p. 537-554, Oct. 1985.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, n. 1, p. 192-194, Jan./Feb. 1985.

MENEZES, C. B. de; PINTO, C. A. B. P.; NURMBERG, P. L.; LAMBERT, E. S. Avaliação de genótipos de batata (*Solanum tuberosum* L.) nas safras das águas e inverno no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 23, n. 4, p. 777-784, out./dez. 1999.

MENEZES, C. B. de; PINTO, C. A. B. P.; NURMBERG, P. L.; LAMBERT, E. S. Combining ability of potato genotypes for cool and warm seasons in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 2, p. 145-157, Apr./June 2001

ORTIZ, R.; GOLMIRZAIE, A. M. Genotype x environment interaction and selection in true potato seed breeding. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 40, n. 1, p. 99-107, June 2004.

PAULA, R. C. de. **Avaliação de diferentes critérios de seleção aplicados em melhoramento florestal**. 1997. 74 p. Doutorado (Ciências Florestais) – Universidade Federal de Viçosa, MG.

PINTO, C. A. B. P. Métodos de melhoramento aplicados às plantas de propagação vegetativa. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E

MELHORAMENTO DE PLANTAS: genética e melhoramento de espécies de propagação vegetativa, 4., 2000, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2000. p. 76-97.

PINTO, C. A. B. P.; VALVERDE, V. I. R.; ROSSI, M. S. Eficiência da seleção nas primeiras gerações clonais em batata (*Solanum tuberosum* L.). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 5, p. 771-778, maio 1994.

PIRES, I. E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** 1996. 116 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas.** Lavras: UFLA, 2000. 360 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, J. O. **Genética Quantitativa em plantas autógamas:** aplicação ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

SARQUÍS, J. I.; GONZÁLEZ, H.; BERNAL-LUG, I. Response of two potato clones (*Solanum tuberosum* L.) to contrasting temperature regimes in the field. **American Potato Journal**, Orono, v. 73, n. 7, p. 285-300, July 1996.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, Sept. 1974.

SIMMONDS, N. W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 90, n. 2, p. 201-208, 1996.

SIMON, G. A. **Interação famílias por ambientes e seleção de clones de bata resistentes à pinta preta e tolerantes ao calor.** 2005. 114 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

VERMEER, H. Optimizing potato breeding. I. The genotypic, environmental and genotype-environmental coefficients of variation for tuber yield and other traits in potato (*Solanum tuberosum* L.) under different experimental conditions. **Euphytica**, Wageningen, v. 49, n. 3, p. 229-239, Sept. 1990.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding.** Walter de Gruyter, 1986. 406p.

CAPÍTULO 3

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS CLONAIAS DE BATATA COM AMPLA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM GERAÇÕES PRECOCES

RESUMO

MELO, Dheyne Silva. **Seleção de famílias clonais de batata com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica em gerações precoces**. 2007. 114 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.*

A seleção de famílias apresenta algumas vantagens em relação à seleção clonal, como a possibilidade da utilização de repetições e a avaliação das famílias em muitos ambientes. Nas gerações precoces (C1 e C2), clones não podem ser repetidos, tanto devido à escassez de tubérculos-sementes como ao número elevado de clones gerados pelos programas de melhoramento. Famílias com adaptação ampla poderiam ser selecionadas quando o objetivo é selecionar, mais adiante, clones com adaptação para muitos ambientes. Assim, o objetivo deste estudo foi verificar a ocorrência da interação famílias x ambientes e identificar famílias com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Foram conduzidos seis experimentos, nos municípios de Carrancas, primeira geração clonal (C1); Lavras e São João da Mata, segunda geração clonal (C2); Lavras, Alfenas e Careçu, terceira geração clonal (C3). O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas constituídas por dez plantas, exceto em Carrancas (C1), onde foram utilizadas quatro repetições e parcelas com 25 plantas. Avaliaram-se a produção de tubérculos (PT), a porcentagem de tubérculos comerciáveis (PTC), a porcentagem de tubérculos graúdos (PTG), o peso específico (PET) e a aparência de tubérculos (AT). A interação famílias x ambientes foi significativa para PTG, PET e AT, indicando que as famílias não apresentaram comportamento coincidente nos diferentes ambientes para esses caracteres. A maior parte da interação famílias x ambientes para todos os caracteres foi do tipo complexa. Os resultados da análise AMMI foram semelhantes aos encontrados na análise conjunta. O método AMMI permitiu a identificação de famílias que apresentam maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

* Orientador: César Augusto Brasil Pereira Pinto – Universidade Federal de Lavras

ABSTRACT

MELO, Dheyne Silva. **Selection of potato families with wide adaptation and phenotypic stability**. 2007. 114 p. Dissertation (Master Program in Genetic and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.*

One advantage of family selection over clonal selection in the early generations is the possibility to use replicated experiments and also to evaluate the families in many environments. In the early generations (C1 and C2) clones can not be replicated because of scarcity of seed tubers and also because, usually, breeding programs have huge numbers of clones. Families with wide adaptation could be selected when the objective is to select further for clones adapted to many environments. Thus, the objective of this study was to measure families x environments interaction and to identify families having wide adaptation and phenotypic stability. Six experiments using first, second and third generations were conducted in Carrancas, Lavras, São João da Mata, Alfenas, and Careaçú localities in Minas Gerais State, Brazil. The following traits were measured tuber yield (TY), tuber average weight (TAW), Percentage of large tubers (PLT), tuber specific gravity (TSG), and tuber appearance (TA). Families x environments interactions were significant for PLT, TSG, and TA, showing that families did not present coincident behavior over environments. Most part of families x environments interaction was due to the complex effect. AMMI analysis showed similar results as the joint analysis, and this method allowed to point families with broad adaptation and phenotypic stability.

* Advisor: César Augusto Brasil Pereira Pinto – Universidade Federal de Lavras

1 INTRODUÇÃO

Nos programas de melhoramento de batata, a seleção é realizada por etapas, de acordo com o avanço das gerações clonais. Nas gerações precoces, inúmeras dificuldades limitam os ganhos obtidos com a seleção, tais como elevada quantidade de indivíduos (altos custos), emprego da seleção visual (baixa eficiência) e pouco material propagativo de cada genótipo, restringindo o tamanho das parcelas, o número de repetições e a quantidade de ambientes para avaliação (Pinto, 2000).

Segundo Simmonds (1996), na seleção em espécies de propagação vegetativa, o melhorista tem duas opções: considerar a população inteira e realizar a seleção clonal ou, em contraste, selecionar, inicialmente, apenas as melhores famílias e avaliar os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa. Os programas de melhoramento de batata adotam a primeira estratégia, atribuindo, implicitamente, mais peso à variância genética dentro de famílias do que à variância genética entre famílias. No entanto, há um consenso em torno da idéia de que grandes diferenças ocorrem entre famílias e que excelentes clones quase sempre são selecionados das melhores famílias. Assim, as pesquisas têm sido voltadas para o emprego da seleção de famílias, na qual selecionam-se inicialmente apenas as melhores famílias e avaliam-se os clones pertencentes a essas famílias mais intensivamente nas fases seguintes do programa.

Na seleção de famílias, famílias inteiras são selecionadas ou rejeitadas, de acordo com seu valor fenotípico médio. Valores individuais de clones dentro de famílias não são considerados, a não ser pelo fato de que são eles que determinam a média das famílias. Isso porque as parcelas das famílias em um experimento são constituídas por clones diferentes e esses podem estar sendo

representados por uma única planta em apenas uma repetição, o que significa que somente a família está sendo repetida. Além de considerar as médias das famílias no processo de seleção, outro aspecto a enfatizar é a avaliação destas em mais de um ambiente, possibilitando aumentar a precisão na seleção e maximizar os ganhos com a seleção. Geralmente, é possível avaliar famílias em vários ambientes, em estádios iniciais do melhoramento, ao contrário de clones individuais, que apresentam limitado número de tubérculos-semente. Ao estabelecer ensaios de famílias em mais de um local, é possível obter estimativas de herdabilidade com maior precisão, verificar a ocorrência da interação famílias x ambientes e realizar análises de estabilidade e adaptabilidade (Gopal, 2001; Jackson et al., 1995a,b).

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivos: verificar a ocorrência da interação famílias x ambientes e identificar famílias com ampla adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Geração *seedling*

Foram utilizadas sementes botânicas de 22 famílias de irmãos-germanos (Tabela 1). As sementes botânicas foram tratadas com ácido giberélico, a 1.500 ppm, por 24 horas, secas à sombra e semeadas em bandejas plásticas. Após 30 dias, as plântulas foram transplantadas para bandejas de isopor contendo substrato organo-mineral. Quando as plântulas atingiram, aproximadamente, 12cm de altura, foram transplantadas para vasos de 10cm de diâmetro, para tuberizarem. Após a senescência das plantas, os tubérculos foram colhidos e armazenados em câmara frigorífica a 4°C e 85% de umidade relativa, para a futura realização dos experimentos em campo.

TABELA 1. Relação das famílias de irmãos-germanos e suas respectivas genealogias.

Famílias	Cruzamentos	Famílias	Cruzamentos
1	SR1 4-01 x SR1 4-19	12	SR1 5-08 x SR1 7-01
2	SR1 4-01 x SR1 5-08	13	SR1 7-14 x SR1 5-08
3	SR1 4-04 x SR1 4-19	14	CBM 7-12 x Governstein
4	SR1 4-04 x SR1 7-14	15	MHB 28-16 x NES 3-42
5	SR1 4-19 x SR1 5-04	16	Deltagold x GBA 7-12
6	SR1 5-08 x SR1 4-19	17	Chiquita x GBA 7-12
7	SR1 4-19 x SR1 6-14	18	SR1 7-01 x SR1 7-38
8	SR1 7-01 x SR1 4-19	19	CBM 7-12 x Chiquita
9	SR1 7-14 x SR1 4-19	20	SR1 4-19 x SR1 7-30
10	SR1 5-08 x SR1 5-04	21	GBA 3-44 x Chiquita
11	SR1 7-14 x SR1 5-04	22	CBM 8-17 x CBM 10-27

*SR – seleção recorrente; CBM, MHB, NES, GBA – Iniciais dos nomes dos estudantes que trabalharam com os clones utilizados nos cruzamentos.

2.2 Avaliação das famílias em campo

Foram avaliadas 22 famílias clonais em seis experimentos de campo, nos municípios de: Carrancas (fevereiro a maio de 2005 - safra da seca), primeira geração clonal (C1); Lavras e São João da Mata (setembro a dezembro de 2005 - safra das águas), segunda geração clonal (C2) e Lavras, Alfenas e Careaçú (maio a agosto de 2006 - safra de inverno), terceira geração clonal (C3).

O preparo e a correção do solo, a adubação, o controle de doenças e de plantas infestantes, e a irrigação foram conduzidos conforme a recomendação para a cultura.

2.2.1 Primeira geração clonal (C1)

O experimento foi conduzido de fevereiro a maio de 2005 (safra da seca), em Carrancas, em fazenda de produção comercial, localizada a 1.052m de altitude, latitude 21°29'S e longitude 44°38'W.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições, e parcelas constituídas por 25 plantas, totalizando 100 plantas (clones) por família, com espaçamento de 0,5m x 0,8m. Em cada bloco, havia uma parcela contendo as cultivares Monalisa, Atlantic e Asterix, e os clones CBM 16-16 e CBM 9-10 do Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Lavras, sendo cada testemunha representada por cinco plantas, totalizando 25 plantas por parcela. Nessa etapa inicial, avaliou-se a produção de tubérculos.

2.2.2 Segunda geração clonal (C2)

Os experimentos foram conduzidos de setembro a dezembro de 2005 (safra das águas), em Lavras, na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), a 910 m de altitude, latitude 21°16'S e longitude 44°58'W, e em São João da Mata, em fazenda de produção comercial, localizada a 1200m de altitude, latitude 21°55'S e longitude 45°57'W.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de 10 plantas, totalizando 30 plantas (clones) por família, com espaçamento de 0,5m x 0,8m. A redução do número de plantas foi necessária, uma vez que os clones foram divididos para a realização dos dois experimentos. As testemunhas utilizadas foram as cultivares Monalisa, Atlantic, Asterix e Ágata. No experimento conduzido em São João da Mata, não se utilizou a cultivar Ágata. Avaliaram-se as características produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos.

2.2.3 Terceira geração clonal (C3)

Os experimentos foram conduzidos de maio a agosto de 2006 (safra de inverno), em Lavras, na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em Alfenas, em fazenda de produção comercial, localizada a 881m de altitude, latitude 21°25'S e longitude 45°57'W, e em Careáçu, também em fazenda de produção comercial, localizada a 816m de altitude, latitude 22°02'S e longitude 45°42'W.

A condução dos experimentos e as testemunhas foram idênticas à C2. Além das características já mencionadas para a C2, avaliou-se também a aparência de tubérculos.

2.3 Análises estatísticas

2.3.1 Análises conjuntas

Para as análises conjuntas, foram consideradas as médias das 22 famílias em cada ambiente. Para a certificação da homogeneidade dos quadrados médios dos erros das análises individuais, foi aplicado o teste de Bartlett, citado por Ramalho et al. (2000). O modelo considerado para a análise conjunta foi:

$$Y_{ijl} = m + p_i + a_l + b_{j(l)} + (pa)_{il} + \bar{e}_{(ijl)}$$

em que:

Y_{ijl} : valor referente ao tratamento i , no bloco j , no ambiente l ;

m : média geral;

p_i : efeito aleatório da família i ($i = 1, 2, 3, \dots, 22$);

a_l : efeito aleatório do ambiente l ($l = 1, 2, \dots, 1$);

$b_{j(l)}$: efeito do bloco j , dentro do ambiente l ($j = 1, 2, \dots, j$);

$(pa)_{il}$: efeito da interação famílias x ambientes;

$\bar{e}_{(ijl)}$: efeito do erro experimental médio.

Os parâmetros genéticos foram estimados conforme a Tabela 2 e as médias das famílias agrupadas pelo teste de Scott & Knott (1974).

TABELA 2. Resumo do quadro da ANAVA conjunta com os respectivos quadrados médios utilizados para as estimações das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2) e das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2), com seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$). UFLA, MG, 2007.

F.V.	QM
Blocos/ambientes	
Ambientes (A)	
Famílias (F)	<i>QM1</i>
F x A	<i>QM2</i>
Erro médio	
Erro médio dentro de famílias	<i>QM3</i>
Erro médio dentro de testemunhas	<i>QM4</i>
σ_{ge}^2	$(QM1 - QM2) / r_h^* \times k_h^{**}$
h_e^2	$(QM1 - QM2) / QM1$
$IC_{h_e^2}$	$IC_{h_e^2} = \{1 - [QM1/QM2] \times F_{(1-\alpha/2)}^{-1}; 1 - [QM1/QM2] \times F_{(\alpha/2)}^{-1}\}$
σ_{gd}^2	$QM3 - QM4$
h_d^2	$(QM3 - QM4) / QM3$
$IC_{h_d^2}$	$IC_{h_d^2} = \{1 - [QM3/QM4] \times F_{(1-\alpha/2)}^{-1}; 1 - [QM3/QM4] \times F_{(\alpha/2)}^{-1}\}$

* r_h : média harmônica do número de repetições; ** k_h : média harmônica do número de plantas.

2.3.2 Decomposição da interação famílias x ambientes

A interação famílias x ambientes foi decomposta na parte simples e complexa, conforme a seguinte expressão (Ramalho et al., 2000):

$$QM_{FA} = (\frac{1}{2})(\sqrt{QF_i} - \sqrt{QF_j})^2 + \sqrt{QF_i \cdot QF_j} (1 - r_{ij})$$

em que:

QM_{FA} : quadrado médio da interação;

QF_i e QF_j : quadrados médios referentes às famílias nos locais i e j , respectivamente;

r_{ij} : correlação fenotípica entre as médias dos tratamentos, nos locais i e j .

Para facilitar a compreensão, esta decomposição foi dividida em dois componentes, como segue:

$$QM_{FA} = A + B$$

em que o componente representado por A , dado por $[(\frac{1}{2})(\sqrt{QF_i} - \sqrt{QF_j})^2]$, é denominado parte simples, por ser devido apenas às diferenças na variabilidade entre famílias, dentro de locais, e o componente representado por B , dado por $[\sqrt{QF_i \cdot QF_j}(1 - r_{ij})]$, é denominado parte complexa, por ser fruto da correlação manifestada entre as famílias. B , portanto, é a parte da interação que tende a impedir a seleção simultânea nos diferentes locais.

2.3.3 Análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica

Para avaliar a estabilidade das famílias, utilizou-se o método AMMI, que se baseia nas estimativas dos efeitos principais aditivos para genótipos e ambientes pela análise de variância, e dos efeitos da interação pela análise dos componentes principais (PCA).

O modelo é:

$$Y_{ij} = m + g_i + e_j + \sum_{k=1}^n \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \rho_{ij} + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor referente à família i no ambiente j ;
 m : média geral;
 g_i : desvio médio da família i ;
 e_j : desvio médio do ambiente j ;
 λ_k : autovalor “ k ” do eixo da PCA;
 γ_{ik} : escore do ambiente j no eixo “ k ” da PCA;
 α_{jk} : escore da família i no eixo “ k ” da PCA;
 n : número de eixos da PCA retidos no modelo;
 ρ_{ij} : resíduo da PCA;
 e_{ij} : erro experimental considerado independente e normalmente distribuído, com média zero e variância constante.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análises conjuntas

Os testes de homogeneidade indicaram que os quadrados médios dos erros experimentais dos seis ambientes (combinação de gerações, locais e safras) estimaram variâncias heterogêneas para produção de tubérculos, peso médio e peso específico de tubérculos. Diante disso, foram retirados os experimentos que possuíam os quadrados médios dos erros mais discrepantes, quando comparados com os demais experimentos. Posteriormente, aceitaram-se as homogeneidades e procederam-se as análises de variância conjuntas.

Nas análises de variância conjuntas, foram constatados efeitos significativos para famílias, exceto para peso médio e aparência de tubérculos, e para ambientes, exceto para aparência de tubérculos. Com isso, conclui-se que as famílias tiveram comportamentos diferenciados, assim como os ambientes, para a maioria das características. A interação famílias x ambientes foi significativa para porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, indicando que as famílias não apresentaram comportamento coincidente nos diferentes ambientes (Tabela 3). Dessa forma, as famílias podem apresentar adaptação específica a um determinado ambiente.

Sekioka & Lauer (1970) avaliaram cinco cultivares de batata em quatro ambientes por um período de três anos, encontrando alta interação entre genótipos, locais e anos para as características avaliadas. Tai et al. (1981) também verificaram forte interação de genótipos x ambientes para o caráter produção de tubérculos, indicando que os genótipos comportam-se diferentemente nas respostas aos efeitos ambientais.

Constatou-se a não significância da interação famílias x ambientes para produção de tubérculos, resultado também encontrado por Simon (2005)

avaliando famílias de polinização livre nos municípios de Alfenas, Senador Amaral e Lagoa Dourada, Minas Gerais.

Resultados relatados na literatura, por outro lado, indicam que predomina a interação genótipos x ambientes significativa para produção de tubérculos (Elias et al., 1995; Ortiz & Golmirzaie, 2004). Os autores comentam sobre a importância da escolha correta dos ambientes, quando da significância da interação, para que seja possível identificar genótipos promissores.

Nos trabalhos dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar, outra espécie de propagação vegetativa, visando a seleção de famílias, a interação famílias x ambientes tem sido altamente significativa para a maioria das características analisadas (Bressiani, 2001; Jackson et al., 1995a,b). Segundo Jackson et al. (1995a,b), a avaliação de famílias de cana-de-açúcar em mais de um ambiente só é vantajosa se houver alta interação famílias x ambientes.

Os valores dos coeficientes de variação foram baixos, principalmente por se tratarem de caracteres quantitativos, ou seja, caracteres altamente influenciados pelo ambiente e assemelharam-se aos citados por Vermeer (1990).

Com relação aos parâmetros genéticos, a magnitude das herdabilidades entre famílias variaram de baixas a altas (0,38 a 0,88), sendo quase sempre superiores às herdabilidades dentro das famílias, sugerindo que a seleção de famílias propiciaria ganhos mais confiáveis nas fases iniciais do programa de melhoramento (Bradshaw et al., 1998; Diniz, 2002; Gopal, 2001). De acordo com Simmonds (1996), a discriminação da variação entre famílias é mais eficiente do que a discriminação da variação entre indivíduos da mesma família, pois o efeito do ambiente é menor entre famílias do que entre indivíduos da família. Em relação ao caráter aparência de tubérculos, o valor do quadrado médio da interação foi superior ao quadrado médio da fonte de variação famílias, tornando a variância genética entre famílias negativa, inviabilizando o cálculo da herdabilidade entre, bem como do seu intervalo de confiança.

A comparação de médias encontra-se na Tabela 4. Destacaram-se as famílias 5, 6, 8, 9, 11, 18 e 19, com valores de produção de tubérculos elevados.

3.2 Decomposição da interação famílias x ambientes

Uma maneira de visualizar a natureza da interação famílias x ambientes é pelo desdobramento do quadrado médio da interação em parte simples e complexa, como exposto na Tabela 5. Pode-se observar que a maior parte da interação famílias x ambientes, para todos os caracteres, foi do tipo complexa.

É exatamente esse tipo de interação que complica o trabalho dos melhoristas, como enfatizam Vencovsky & Barriga (1992) e Ramalho et al. (1993), pois a seleção de uma determinada família para todos os locais torna-se inviável e o melhorista precisa direcionar a seleção para ambientes específicos.

Os resultados encontrados coincidem com os observados por Bressiani (2001), em que a parte complexa da interação manifestada entre famílias de cana-de-açúcar em dois locais do estado de São Paulo foi responsável pela quase totalidade da interação famílias x ambientes.

Embora os resultados tenham apontado esse tipo de interação, cabe ao melhorista a escolha entre selecionar as famílias com adaptação específica, mesmo que essas famílias tenham sido superiores apenas em um ambiente, ou selecionar famílias com ampla adaptação.

TABELA 3. Resumo das análises de variância conjuntas para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, e estimativas das variâncias genéticas entre e dentro de famílias (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2), das herdabilidades entre e dentro (h_e^2 e h_d^2) e seus respectivos intervalos de confiança ($IC_{h_e^2}$ e $IC_{h_d^2}$). UFLA, MG, 2007.

F.V.	G.L. ¹	G.L. ²	G.L. ³	G.L. ⁴	QM's				
					Produção de tubérculos (g/pl) ¹	Peso médio de tubérculos (g) ²	Porcentagem de tubérculos graúdos (%) ¹	Peso específico de tubérculos ³	Aparência de tubérculos ⁴
Blocos / Ambientes	10	8	8	6	974728,95	2497,61	682,08	2,92 x 10 ⁻⁴	0,73
Ambientes	4	3	3	2	10485120,52 **	40079,30 **	21781,66 **	3,83 x 10 ⁻² **	1,82 ^{ns}
Famílias	21	21	21	21	2395795,50 **	3542,75 ^{ns}	4709,25 **	1,35 x 10 ⁻³ **	1,11 ^{ns}
FamíliasxAmbientes	84	63	63	42	279518,98 ^{ns}	2182,85 ^{ns}	1486,55 **	4,64 x 10 ⁻⁴ **	1,36 **
Erro médio	248	198	198	150	328500,86	1741,77	965,26	2,00 x 10 ⁻⁴	0,72
Erro médio dentro	2676	2146	2081	1604	244222,96	1443,29	4426,51	1,45 x 10 ⁻⁴	0,34
Médias					857,4	100,2	682,08	1,072	0,73
CV (%)					23,6	14,6	22,7	0,5	13,2
σ_e^2					137609,79	1375,86	605,22	5,86 x 10 ⁻⁵	0,28
σ_{ge}^2					92339,72	59,58	140,62	4,00 x 10 ⁻⁵	-0,01
h_e^2					0,88	0,38	0,68	0,66	-
$IC_{h_e^2}$					(0,78 – 0,95)	(-0,18 – 0,72)	(0,41 – 0,85)	(0,34 – 0,84)	-
σ_{gd}^2					106613,17	67,43	3821,29	8,59 x 10 ⁻⁵	0,06
h_d^2					0,44	0,05	0,86	0,59	0,17
$IC_{h_d^2}$					(0,32 – 0,53)	(-0,18 – 0,22)	(0,83 – 0,89)	(0,50 – 0,67)	(0,00 – 0,31)

** , * ,^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F; σ_e^2 - variância ambiental.

TABELA 4. Médias das famílias para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, na análise conjunta. UFLA, MG, 2007.

Famílias	Médias									
	Produção de tubérculos (g/pl)		Peso médio de tubérculos (g)		Porcentagem de tubérculos graúdos (%)		Peso específico de tubérculos		Aparência de tubérculos	
1	921,7	b	103,3	a	45,9	b	1,076	a	2,2	a
2	576,0	c	93,8	b	39,8	c	1,067	c	2,2	a
3	787,1	c	100,4	a	41,5	b	1,069	c	2,2	a
4	900,1	b	111,9	a	51,1	a	1,072	b	2,4	a
5	1111,4	a	98,6	a	49,5	a	1,078	a	2,4	a
6	1058,4	a	104,4	a	47,0	a	1,076	a	2,2	a
7	767,6	c	83,3	b	34,7	c	1,071	b	2,2	a
8	1014,6	a	103,0	a	50,6	a	1,072	b	2,3	a
9	992,9	a	100,8	a	52,5	a	1,076	a	2,6	a
10	931,2	b	104,2	a	47,8	a	1,074	a	2,3	a
11	987,8	a	102,1	a	51,9	a	1,075	a	2,1	a
12	659,0	c	92,9	b	36,9	c	1,072	b	2,0	a
13	723,9	c	100,8	a	48,7	a	1,070	b	2,2	a
14	856,7	b	93,8	b	53,8	a	1,072	b	2,4	a
15	712,6	c	102,0	a	43,8	b	1,061	d	2,3	a
16	691,2	c	101,3	a	56,2	a	1,068	c	2,3	a
17	763,0	c	96,9	b	49,9	a	1,065	c	2,3	a
18	997,3	a	102,7	a	54,6	a	1,073	b	2,3	a
19	981,8	a	107,2	a	61,9	a	1,073	b	2,4	a
20	873,6	b	95,7	b	43,9	b	1,073	b	2,3	a
21	715,6	c	95,5	b	52,7	a	1,074	a	2,3	a
22	839,4	c	109,3	a	48,3	a	1,070	b	2,2	a
Testem. *										
Atlantic	961,1		137,9		80,7		1,077		2,3	
Asterix	1014,4		121,6		58,7		1,072		2,7	
Monalisa	697,3		102,2		41,2		1,059		2,7	

Médias seguidas pela mesma letra pertencem estatisticamente ao mesmo grupo pelo teste de Scott & Knott ($p < 0,05$); *. Testemunhas comuns aos experimentos.

TABELA 5. Decomposição da interação famílias x ambientes em valores fenotípicos nos componentes *A* e *B*, para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos. UFLA, MG, 2007.

Pares de ambientes*	Produção de tubérculos		Peso médio de tubérculos		Porcentagem de tubérculos graúdos		Peso específico de tubérculos		Aparência de tubérculos	
	A (%)	B (%)	A (%)	B (%)	A (%)	B (%)	A (%)	B (%)	A (%)	B (%)
12	1,95	98,05	-	-	-	-	-	-	-	-
13	12,41	87,59	-	-	-	-	-	-	-	-
14	22,55	77,45	-	-	-	-	-	-	-	-
15	1,69	98,31	-	-	-	-	-	-	-	-
16	7,78	92,22	-	-	-	-	-	-	-	-
23	21,24	78,76	18,42	81,58	10,24	89,76	4,98	95,02	-	-
24	43,02	56,98	2,47	97,53	2,76	97,24	1,54	98,46	-	-
25	5,49	94,51	7,97	92,03	11,58	88,42	11,92	88,08	-	-
26	19,70	80,30	1,86	98,14	6,47	93,53	1,10	98,90	-	-
34	3,80	96,20	20,31	79,69	0,43	99,57	0,57	99,43	-	-
35	4,50	95,50	0,30	99,70	0,73	99,27	2,11	97,89	-	-
36	0,01	99,99	6,11	93,89	0,00	100,0	1,26	98,74	-	-
45	15,77	84,23	16,79	83,21	1,42	98,58	3,08	96,92	0,05	99,95
46	4,16	95,84	7,53	92,47	0,33	99,67	0,04	99,96	0,95	99,05
56	3,14	96,86	2,84	97,16	0,47	99,53	6,37	93,63	1,67	98,33

*1- Carrancas (C1); 2- Lavras (C2); 3- São João da Mata (C2); 4- Lavras (C3); 5- Alfenas (C3); 6-Careaçu (C3).

3.3 Análises de estabilidade e adaptabilidade

Os resultados das análises de variância com decomposição das somas de quadrados da interação famílias x ambientes no modelo AMMI foram semelhantes ao encontrados na análise conjunta, exceto para o caráter aparência de tubérculos da fonte de variação famílias (Tabela 6). Verifica-se que os desvios da interação foram não significativos, confirmando o ajuste dos dados ao modelo.

O método AMMI tem como principal vantagem a melhor explicação do comportamento dos genótipos e também dos efeitos dos ambientes, permitindo um estudo da estabilidade dos genótipos e o zoneamento ecológico (Gauch & Zobel, 1996). Porém, o método AMMI tem uma utilidade reduzida, caso os dois primeiros componentes principais não expliquem uma porcentagem superior a 70% do QM da interação. É interessante que o número de eixos necessários para captar o padrão da variação da matriz G x A seja baixo, particularmente quando o padrão é reduzido a uma ou duas dimensões, o que facilita a interpretação dos resultados de uma análise multivariada (Chaves et al., 1989). Verifica-se que os dois primeiros CP de todos os caracteres explicaram em torno de 70% da interação famílias x ambientes, o que, de certa forma, já era esperado, principalmente devido ao baixo número de ambientes avaliados (Tabela 7).

Apesar da interação famílias x ambientes ter sido não significativa para produção de tubérculos, optou-se por selecionar as famílias com ampla adaptação para este caráter.

Para melhor visualização dos resultados, foram construídos os gráficos Biplots para produção de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos e peso específico de tubérculos (Figuras 1, 2 e 3). Na abcissa estão dispostas as médias dos caracteres e dos ambientes (A2 – Lavras C2; A3 – São João da Mata C2; A4

– Lavras C3; A5 – Alfenas C3; A6 – Careaçu C3) e, na ordenada, os escores do primeiro componente principal da interação (1º PCA).

As famílias diferiram muito quanto à produção de tubérculos e na contribuição para a interação famílias x ambientes (Figura 1). As famílias 9, 11, 18 e 19 foram as que apresentaram as maiores médias e contribuíram menos para a interação, podendo ser selecionadas como famílias com ampla adaptação. A família 5, apesar de ter apresentado a maior produção, foi a que mais contribuiu para a interação, assim como o ambiente A5 (Alfenas C3).

Notam-se grandes discrepâncias entre as médias das famílias para a porcentagem de tubérculos graúdos e na sua contribuição para a interação famílias x ambientes. As famílias 8, 11, 14 e 19 apresentaram médias altas e contribuíram menos para a interação. Com relação aos ambientes, Lavras, em ambas as gerações, foi o local que mais contribuiu para a interação (Figura 2).

Já para o caráter peso específico de tubérculos, destacaram-se as famílias 1, 6 e 9 (Figura 3).

De acordo com esses resultados, selecionaram-se as famílias 1, 6, 9, 11, 18, 19, considerando apenas a produção e o peso específico de tubérculos.

TABELA 6. Resumo da análise de variância com decomposição das somas de quadrados da interação famílias x ambientes no modelo AMMI para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos. UFLA, MG, 2007.

F.V.	G.L. ¹	G.L. ²	G.L. ³	QM's				
				Produção de tubérculos (g/pl) ¹	Peso médio de tubérculos (g) ²	Porcentagem de tubérculos graúdos (%) ¹	Peso específico de tubérculos ²	Aparência de tubérculos ³
Ambientes (A)	4	3	2	1372578,78 **	5265,35 **	2852,36 **	5,26 x 10 ⁻³ **	0,17 ^{ns}
Famílias (F)	21	21	21	313607,46 **	465,91 **	615,84 **	1,78 x 10 ⁻⁴ **	0,15 *
F x A	84	63	42	36592,11 ^{ns}	286,81 ^{ns}	194,49 **	6,30 x 10 ⁻⁵ **	0,18 **
CP1	24	23	22	54803,73 ^{ns}	446,99 *	284,64 **	9,90 x 10 ⁻⁵ **	0,20 **
CP2	22	21	20	32461,72 ^{ns}	258,64 ^{ns}	219,68 **	5,30 x 10 ⁻⁵ **	0,16 *
CP3	20	19	-	33867,87 ^{ns}	124,03 ^{ns}	144,77 ^{ns}	3,00 x 10 ⁻⁵ ^{ns}	-
Desvios	18	0	-	20385,15 ^{ns}	0,00 ^{ns}	98,72 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-
Erro	248	198	150	40803,43	214,51	119,90	2,60 x 10 ⁻⁵	0,09

** , * ,^{ns}. Significativo, a 1%, a 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

TABELA 7. Autovalores e porcentagens da explicação da interação famílias x ambientes no modelo AMMI, para a produção de tubérculos, peso médio de tubérculos, porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos. UFLA, MG, 2007.

Produção de tubérculos (g/pl)			
CP	Autovalores	% Explicação	% Explicação acumulada
1	438429,84	42,79	42,79
2	238052,61	23,23	66,02
3	225785,78	22,04	88,06
4	122310,91	11,94	100,00
Peso médio de tubérculos (g)			
CP	Autovalores	% Explicação	% Explicação acumulada
1	3426,92	56,90	56,90
2	1810,48	30,06	86,96
3	785,52	13,04	100,00
Porcentagem de tubérculos graúdos (%)			
CP	Autovalores	% Explicação	% Explicação acumulada
1	2277,11	41,82	41,82
2	1611,02	29,58	71,40
3	965,15	17,72	89,12
4	592,31	10,88	100,00
Peso específico de tubérculos			
CP	Autovalores	% Explicação	% Explicação acumulada
1	$8,00 \times 10^{-4}$	57,35	57,35
2	$4,00 \times 10^{-4}$	28,27	85,62
3	$2,00 \times 10^{-4}$	14,38	100,00
Aparência de tubérculos			
CP	Autovalores	% Explicação	% Explicação acumulada
1	1,45	57,00	57,00
2	1,10	43,00	100,00

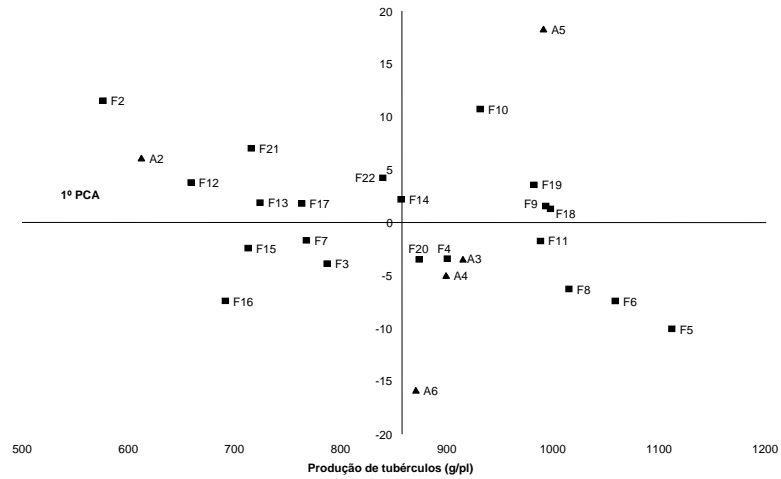


FIGURA 1. Representação gráfica do 1º PCA da produção de tubérculos, para 22 famílias clonais (■) e cinco ambientes (▲). UFLA, MG, 2007.

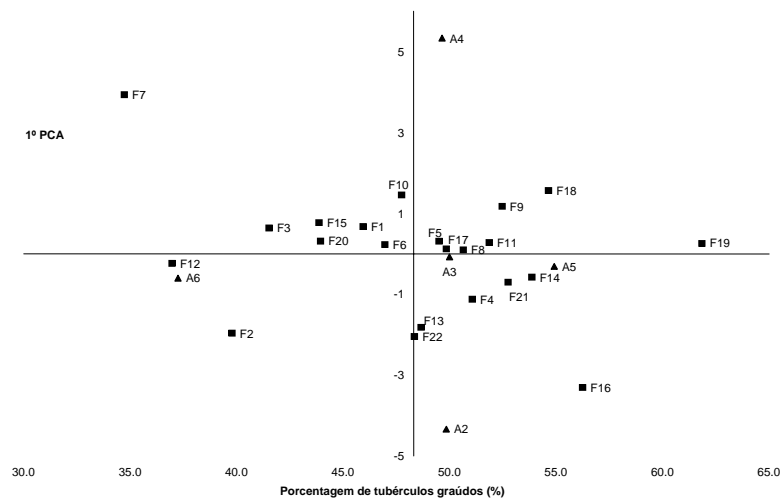


FIGURA 2. Representação gráfica do 1º PCA da porcentagem de tubérculos graúdos, para 22 famílias clonais (■) e cinco ambientes (▲). UFLA, MG, 2007.

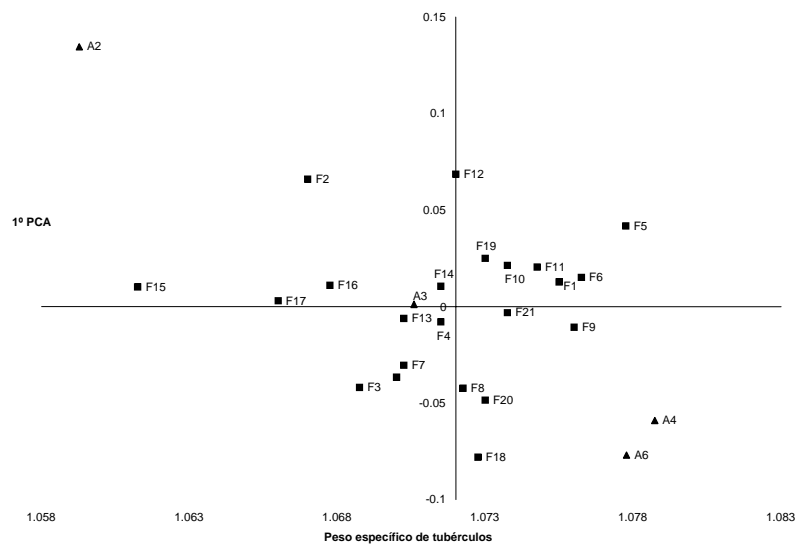


FIGURA 3. Representação gráfica do 1º PCA do peso específico de tubérculos, para 22 famílias clonais (■) e 4 ambientes (▲). UFLA, MG, 2007.

4 CONCLUSÕES

A interação famílias x ambientes foi significativa para porcentagem de tubérculos graúdos, peso específico e aparência de tubérculos, indicando que as famílias não apresentaram comportamento coincidente nos diferentes ambientes para esses caracteres.

A maior parte da interação famílias x ambientes, para todos os caracteres, foi do tipo complexa.

Os resultados da análise AMMI foram semelhantes aos encontrados na análise conjunta.

O método AMMI permitiu a identificação de famílias que apresentam maior adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BRADSHAW, J. E.; DALE, M. F. B.; SWAN, G. E. L.; TODD, D.; WILSON, R. N. Early-generation selection between and within pair crosses in potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 8, p. 1331-1339, Dec. 1998.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. 2001. 104 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- CHAVES, L. J.; VENCOVSKY, R.; GERALDI, I.O. Modelo não-linear aplicado ao estudo da interação de genótipos x ambientes em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 2, p. 259-268, fev. 1989.
- DINIZ, M. C. D. R. **Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata**. 2002. 125 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
- ELIAS, M.; SARKER, S.; BANIK, B. R. Genotype x environment interaction of true potato seed (TPS) progenies. **Indian Journal of Agricultural Research**, New Delhi, v. 29, n. 1, p. 79-82, 1995.
- GAUCH JUNIOR, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH JUNIOR, H. G. **Genotype-by-environment interaction**. Boca Raton, Florida: CRC Press LLC, 1996. p. 85-122.
- GOPAL, J. Between and within variation and family selection in potato breeding programmes. **Journal of Genetics and Breeding**, Rome, v. 36, n. 2, p. 201-208, June 2001.
- JACKSON, P. A.; McRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. I. Sources of variation and an optimal selection index. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 109-118, 1995a.
- JACKSON, P. A.; McRAE, T. A.; HOGARTH, D. M. Selection of sugarcane families across variable environments. II. Patterns of response and association

with environmental factors. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 43, n. 2/3, p. 119-130, 1995b.

ORTIZ, R.; GOLMIRZAIE, A. M. Genotype x environment interaction and selection in true potato seed breeding. **Experimental Agriculture**, Cambridge, v. 40, n. 1, p. 99-107, Jan. 2004.

PINTO, C. A. B. P. Métodos de melhoramento aplicados às plantas de propagação vegetativa. In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS: genética e melhoramento de espécies de propagação vegetativa, 4., 2000, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2000. p. 76-97.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 360 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; ZIMMERMANN, J. O. **Genética Quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271 p.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, Sept. 1974.

SEKIOKA, T. T.; LAUER, F. I. Some estimates of genotype x environment interactions in potato variety tests. **American Potato Journal**, Orono, v. 47, n. 8, p. 304-310, Aug. 1970.

SIMMONDS, N. W. Family selection in plant breeding. **Euphytica**, Wageningen, v. 90, n. 2, p. 201-208, 1996.

SIMON, G. A. **Interação famílias por ambientes e seleção de clones de bata resistentes à pinta preta e tolerantes ao calor**. 2005. 114 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

TAI, G. C. C.; RUSSEL, W. A.; JOHNSTON, G. R.; PROUDFOOT, K. G. Yield potential and genotype-environment interactions of tetraploid-diploid (4x-2x) potato hybrids. **American Potato Journal**, Orono, v. 28, n. 4, p. 191-199, Apr. 1981.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VERMEER, H. Optimizing potato breeding. I. The genotypic, environmental and genotype-environmental coefficients of variation for tuber yield and other traits in potato (*Solanum tuberosum* L.) under different experimental conditions. **Euphytica**, Wageningen, v. 49, n. 3, p. 229-239, Sept. 1990.