



ROBERTO HENRIQUE DE LIMA RIBEIRO

**FENOTIPAGEM POR IMAGENS: UMA ALTERNATIVA ÀS
AVALIAÇÕES VISUAIS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE
BATATA**

**LAVRAS – MG
2025**

ROBERTO HENRIQUE DE LIMA RIBEIRO

**FENOTIPAGEM POR IMAGENS: UMA ALTERNATIVA ÀS AVALIAÇÕES VISUAIS
NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE BATATA**

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

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal
Orientador

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro
Coorientador

**LAVRAS – MG
2025**

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

Lima Ribeiro, Roberto Henrique.

Fenotipagem por imagens : Uma alternativa às avaliações visuais no melhoramento genético de batata / Roberto Henrique Lima Ribeiro. - 2025.
64 p. : il.

Orientador: Tiago Souza Marçal

Coorientador: Vinícius Quintão Carneiro

Dissertação (Mestrado Acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2025.
Bibliografia.

1. Solanum tuberosum L.. 2. Cor de polpa. 3. Formato. 4. Parâmetros genéticos.
5. Precisão experimental. I. Souza Marçal, Tiago. II. Quintão Carneiro, Vinícius. III.
Universidade Federal de Lavras. IV. Título.

ROBERTO HENRIQUE DE LIMA RIBEIRO

**FENOTIPAGEM POR IMAGENS: UMA ALTERNATIVA ÀS AVALIAÇÕES VISUAIS
NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE BATATA**

**IMAGE-BASED PHENOTYPING: AN ALTERNATIVE TO VISUAL ASSESSMENTS
IN POTATO GENETIC BREEDING**

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

APROVADA em 18 de julho de 2025.

Dr. Luciano Donizete Gonçalves	IFMG
Dra. Lucimara Cruz de Souza	UFLA
Dr. Tiago de Souza Marçal	UFLA
Dr. Vinícius Quintão Carneiro	UFLA



Documento assinado digitalmente

TIAGO DE SOUZA MARÇAL

Data: 21/10/2025 16:48:48-0300

Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Prof. Dr. Tiago de Souza Marçal
Orientador

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro
Coorientador

**LAVRAS – MG
2025**

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Universidade Federal de Lavras e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelo apoio institucional e pela infraestrutura disponibilizada para o desenvolvimento desta pesquisa.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo suporte financeiro e pelos recursos essenciais concedidos à execução desta pesquisa.

Agradeço aos professores Tiago e Vinícius pela orientação, e aos membros da banca Lucimara e Luciano pelas contribuições. Agradeço também aos meus familiares e amigos pelo apoio e pela amizade durante essa jornada. Muito obrigado!

RESUMO

A cor da polpa e o formato dos tubérculos de batata são caracteres importantes para a segmentação de mercado da cultura. Nos programas de melhoramento genético, esses caracteres são normalmente avaliados de forma visual, o que pode comprometer a precisão experimental. Portanto, este trabalho teve como objetivo desenvolver e validar o uso da avaliação por imagens na estimação de parâmetros genéticos para os caracteres cor da polpa e formato de tubérculos de batata. Foram avaliadas duas populações do Programa de Melhoramento de Batata da Universidade Federal de Lavras (UFLA), nos anos de 2023 e 2024 na fazenda experimental da UFLA, em Lavras - MG, utilizando o delineamento parcialmente replicado (P-REP). Após a colheita, os tubérculos foram avaliados quanto à cor da polpa e ao formato. As imagens de cada parcela foram avaliadas para obtenção da média do canal b^* do espaço de cores LAB. Para a validação, os dados do canal b^* de cada tratamento foram correlacionados com as notas médias de três avaliadores (NCP). Para avaliar o formato, todos os tubérculos de cada parcela foram fotografados, e o eixo maior e eixo menor de cada tubérculo foram obtidos por processamento em *Python* para o cálculo da razão de diâmetros (RD). A validação foi realizada por meio da correlação entre as médias da razão para cada tratamento e a média das notas de três avaliadores quanto ao formato (NFT). Também foram calculadas as herdabilidades, os desvios padrões médios dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos clones (DPMC, %), os coeficientes de variação (CV, %) e as acurácias. As correlações entre nota e imagem foram elevadas, acima de 0,92 para cor da polpa e 0,78 para formato, validando o uso de imagens para a avaliação de cor de polpa e formato. As herdabilidades estimadas a partir das imagens foram superiores às obtidas por nota, variando de 0,64 a 0,90 para a razão e de 0,75 a 0,86 para o canal b^* , demonstrando uma maior capacidade das imagens na detecção de variações genotípicas. A avaliação por imagem também se destacou pela maior precisão experimental, com DPMCs e CVs até onze vezes menores para cor da polpa e até oito vezes menores para formato. A contribuição da interação genótipos $\times$ anos nas análises conjuntas foi pouco representativa, reforçando a estabilidade do desempenho dos clones ao longo dos anos avaliados. Conclui-se que a avaliação baseada em imagens proporcionou maior precisão experimental que a avaliação visual, fornecendo estimativas mais confiáveis dos parâmetros genéticos para cor de polpa e formato.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L.; cor de polpa; formato; parâmetros genéticos; precisão experimental.

ABSTRACT

Flesh color and tuber shape are important traits for market segmentation in potato. In breeding programs, these traits are usually evaluated visually, which may compromise experimental precision. Therefore, this study aimed to develop and validate the use of image-based evaluation for estimating genetic parameters related to tuber flesh color and shape. Two populations from the Potato Breeding Program of the Federal University of Lavras (UFLA) were evaluated in 2023 and 2024 at the UFLA experimental farm in Lavras, MG, using a partially replicated design (P-REP). After harvest, tubers were evaluated for flesh color and shape. Images from each plot were analyzed to obtain the mean b^* channel value from the LAB color space. For validation, b^* channel data for each treatment were correlated with the average scores of three evaluators (NCP). To assess shape, all tubers from each plot were photographed, and the major and minor axes of each tuber were obtained through Python processing to calculate the diameter ratio (RD). Validation was performed by correlating the mean ratio for each treatment with the average scores of three evaluators for shape (NFT). Heritabilities, mean standard deviations of contrasts between genotypes divided by the mean of the clones (DPMC, %), coefficients of variation (CV, %), and accuracies were also calculated. Correlations between visual scores and image data were high, above 0.92 for flesh color and 0.78 for shape, validating the use of images for evaluating these traits. Heritability estimates obtained from images were higher than those derived from visual scores, ranging from 0.64 to 0.90 for RD and from 0.75 to 0.86 for the b^* channel, demonstrating the greater ability of images to detect genotypic variation. Image-based evaluation also showed higher experimental precision, with DPMCs and CVs up to eleven times lower for flesh color and up to eight times lower for shape. The contribution of genotype $\times$ year interaction in joint analyses was minimal, reinforcing the stability of clone performance over the evaluated years. It is concluded that image-based evaluation provided greater experimental precision than visual evaluation, offering more reliable estimates of genetic parameters for flesh color and shape.

Keywords: *Solanum tuberosum* L.; flesh color; tuber shape; genetic parameters; experimental precision.

INDICADORES DE IMPACTO

O presente estudo apresenta impactos significativos nas esferas tecnológica, social e econômica, com potencial de aplicação direta em programas de melhoramento genético de batata e outras culturas. Demonstrou-se que, mesmo com uma estrutura simples e de baixo custo, é possível obter dados fenotípicos de alta qualidade, contribuindo para a modernização de programas, especialmente aqueles com recursos limitados. Ao desenvolver e validar uma metodologia baseada em imagens para avaliação da cor de polpa e do formato dos tubérculos, o trabalho promove avanços na precisão e reprodutibilidade das avaliações fenotípicas, etapas essenciais para a seleção de genótipos superiores e no desenvolvimento de novas cultivares. Embora o estudo não possua caráter extensionista direto, seus resultados se revertem em benefícios concretos ao setor agrícola ao fortalecer os processos de seleção de cultivares que, apresentem maior desempenho agrônômico, e estejam de acordo com as demandas de mercado e às exigências dos consumidores. Ressalta-se que a adoção de novas cultivares de batata ainda é limitada, sendo comum o uso de cultivares obsoletas, com menor potencial produtivo e comercial, nesse contexto, a disponibilização de novas variedades mais atrativas e adaptadas representa uma oportunidade concreta de modernização do setor. A pesquisa foi conduzida no Sul de Minas Gerais, região tradicionalmente produtora de batata, mas sua aplicabilidade é ampla e pode ser estendida a qualquer programa de melhoramento, especialmente os de pequeno porte, em diferentes regiões do Brasil e do mundo. Além do benefício tecnológico, o trabalho também contribuiu para a formação de profissionais, com a participação direta de pelo menos quinze membros da comunidade da Universidade Federal de Lavras (UFLA), entre estudantes de graduação, pós-graduação, técnicos e docentes. Esse envolvimento colaborativo fortaleceu a capacitação de recursos humanos alinhados às demandas do setor agrícola, promovendo a valorização do conhecimento científico aplicado e a aproximação entre universidade e campo. Os impactos desta pesquisa se alinham com a área temática de Tecnologia e Produção da Política Nacional de Extensão, ao propor soluções que otimizam processos produtivos e apoiam a geração de inovação no setor agrícola. Ademais, o trabalho contribui diretamente com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da ONU, especialmente o ODS 2 – Fome Zero e Agricultura Sustentável, ao fomentar o desenvolvimento de cultivares com melhor desempenho e aceitação no mercado; o ODS 9 – Indústria, Inovação e Infraestrutura, por promover metodologias inovadoras; e o ODS 12 – Consumo e Produção Responsáveis, ao incentivar práticas de avaliação mais eficientes e sustentáveis.

IMPACT INDICATORS

The present study presents significant impacts in the technological, social, and economic spheres, with potential for direct application in potato and other crop breeding programs. It was demonstrated that, even with a simple and low-cost structure, it is possible to obtain high-quality phenotypic data, contributing to the modernization of programs, especially those with limited resources. By developing and validating an image-based methodology for evaluating tuber flesh color and shape, the study promotes advances in the accuracy and reproducibility of phenotypic evaluations, which are essential steps for selecting superior genotypes and developing new cultivars. Although the study does not have a direct extensionist nature, its results translate into concrete benefits for the agricultural sector by strengthening cultivar selection processes that present higher agronomic performance and meet market demands and consumer requirements. It is noteworthy that the adoption of new potato cultivars is still limited, with the use of obsolete cultivars with lower productive and commercial potential being common; in this context, the availability of new, more attractive, and better-adapted varieties represents a concrete opportunity for modernization of the sector. The research was conducted in southern Minas Gerais, a region traditionally known for potato production, but its applicability is broad and can be extended to any breeding program, especially small-scale ones, in different regions of Brazil and the world. In addition to the technological benefit, the work also contributed to the training of professionals, with the direct participation of at least fifteen members of the Federal University of Lavras (UFLA) community, including undergraduate and graduate students, technicians, and professors. This collaborative involvement strengthened the training of human resources aligned with the demands of the agricultural sector, promoting the appreciation of applied scientific knowledge and the connection between the university and the field. The impacts of this research align with the thematic area of Technology and Production of the National Extension Policy, by proposing solutions that optimize productive processes and support innovation generation in the agricultural sector. Furthermore, the study directly contributes to the United Nations Sustainable Development Goals (SDGs), especially SDG 2 – Zero Hunger and Sustainable Agriculture, by fostering the development of cultivars with better performance and market acceptance; SDG 9 – Industry, Innovation and Infrastructure, by promoting innovative methodologies; and SDG 12 – Responsible Consumption and Production, by encouraging more efficient and sustainable evaluation practices.

SUMÁRIO

	PRIMEIRA PARTE	11
1	INTRODUÇÃO	11
	SEGUNDA PARTE.....	13
	ARTIGO 1: AVALIAÇÃO POR IMAGENS DA COR DE POLPA DE TUBÉRCULOS DE BATATA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS	13
1	Introdução	16
2	Material e métodos	17
2.1	Clones avaliados.....	17
2.2	Avaliação de cor de polpa dos tubérculos	19
2.3	Análises estatísticas	22
2.3.1	Análises individuais	22
2.3.2	Análises conjuntas	23
2.3.3	Correlação, Herdabilidade e precisão experimental	24
3	Resultados	25
3.1	Análises individuais	25
3.2	Análises conjuntas	28
4	Discussão	30
4.1	Análises individuais	30
4.2	Análises conjuntas	31
5	Conclusões	32
	REFERÊNCIAS	33
	ARTIGO 2: AVALIAÇÃO POR IMAGENS DA FORMATO DE TUBÉRCULOS DE BATATA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS	36
1	Introdução	39
2	Material e métodos	40
2.1	Clones avaliados.....	40
2.2	Avaliação do formato de tubérculos	41
2.3	Análises estatísticas	44
2.3.1	Análises individuais	44
2.3.2	Análises conjuntas	45
2.3.3	Correlação, Herdabilidade e precisão experimental	46
3	Resultados	47
3.1	Análises individuais	47
3.2	Análises conjuntas	51
4	Discussão	53
4.1	Análises individuais	53
4.2	Análises conjuntas	55
5	Conclusões	55
	REFERÊNCIAS	57
	TERCEIRA PARTE	61

2	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	61
	<u>REFERÊNCIAS</u>	62

PRIMEIRA PARTE

1 INTRODUÇÃO

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é uma das principais fontes de alimento no mundo (Raigond *et al.*, 2020), sendo um recurso estratégico para a segurança alimentar, devido ao seu alto valor nutricional, adaptabilidade a diversas condições edafoclimáticas e potencial de produção em larga escala (Devaux *et al.*, 2020; Hirsch *et al.*, 2013; Wijesinha-Bettoni; Mouillé, 2019). Além da importância social, a cultura também se destaca economicamente por sua versatilidade de consumo, abrangendo desde o mercado *in natura* até a produção industrial, que absorve até 60% da produção em países desenvolvidos (Rady; Guyer, 2015).

A partir da expansão da indústria de processamento de batata nas últimas décadas, os programas de melhoramento focaram no desenvolvimento de cultivares que atendam as demandas de cada segmento de mercado (Campos; Ortiz, 2020; Fajardo; Haynes; Jansky, 2013). Esse direcionamento é essencial para aumentar a eficiência e a rentabilidade da cadeia produtiva da cultura, considerando as particularidades de cada segmento. No Brasil, por exemplo, o mercado *in natura* prioriza por tubérculos com formato oval, periderme lisa, coloração de polpa creme à amarela e ausência de distúrbios internos e externos (Bisognin, 2009; Filgueira, 2005), importantes para aceitação comercial (Pinto *et al.*, 2010).

Para a indústria, os critérios de seleção estão voltados para a obtenção de clones com maior rendimento e qualidade no processamento, com alto teor de matéria seca e baixas concentrações de açúcares redutores (Rommens *et al.*, 2010). No entanto, alguns caracteres de aparência, como o formato e a cor da polpa, também são relevantes. O formato dos tubérculos, por exemplo, está diretamente relacionado com o rendimento pós-corte (Tao *et al.*, 1995). Para a produção de *chips*, busca-se por tubérculos redondos que permitem o seccionamento em qualquer direção, garantindo uniformidade do produto e maior resistência no transporte. Nesse mercado, polpas claras são mais valorizadas, seguindo o padrão de consumo estabelecido pela ampla difusão da cultivar Atlantic (Fernandes *et al.*, 2010; Serna Saldívar, 2022). Já para a produção de palitos pré-fritos, tubérculos alongados são mais adequados, ao possibilitar o corte de palitos grandes (Garcia *et al.*, 2015; Silva, 2019). A polpa deve ser de um amarelo mais intenso, semelhante ao padrão consolidado pelo uso extensivo de cultivares como Asterix e Markies (Fernandes *et al.*, 2010; Vinci *et al.*, 2010).

Historicamente, o formato e a cor da polpa têm sido avaliados de forma visual nos programas de melhoramento (Guedes *et al.*, 2020). Embora sejam de fácil interpretação, essas

avaliações são categóricas e subjetivas, pois dependem de experiência, percepção e preferências individuais dos avaliadores (Poland; Nelson, 2011), limitando a representação da variação contínua desses caracteres. Em contrapartida, ferramentas como colorímetros e paquímetros podem aumentar a precisão nessas avaliações (Buhrig *et al.*, 2015; Qin *et al.*, 2021). Entretanto, sua aplicação é limitada pelo caráter individual e pontual das medições, tornando inviável seu uso, especialmente em fases iniciais da seleção, que envolvem um grande número de clones a serem avaliados (Haynes *et al.*, 2012). Nesse contexto, a avaliação por imagens se apresenta como uma alternativa viável e mais eficiente para superar tais limitações (Feldman *et al.*, 2024; Neilson *et al.*, 2021).

A aquisição de imagens tem um custo inicial relativamente baixo, a depender da tecnologia empregada, permite a análise simultânea de múltiplos caracteres e gera registros permanentes que podem ser acessados ao longo do tempo (Rady; Guyer, 2015; Si *et al.*, 2018). Diversos estudos têm evidenciado a viabilidade da avaliação por imagens de caracteres de aparência na cultura da batata. Caraza-Harter e Endelman (2020), ao utilizarem imagens digitais, obtiveram estimativas de herdabilidade superiores a 0,75 para atributos da cor da periderme (matiz, croma e luminosidade). Si *et al.* (2018) propuseram um método por imagens para estimar a razão comprimento/largura de tubérculos, com acurácia acima de 94%. Feldman *et al.* (2024) utilizaram imagens para avaliar simultaneamente tamanho, formato, cor e defeitos de tubérculos, auxiliando na caracterização fenotípica para mapeamento genético. Para Araus e Cairns (2014), a geração de dados fenotípicos de alta qualidade também pode fortalecer estudos de base genômica, como os mapeamentos genéticos e à associação genômica ampla. Isso porque a acurácia das estimativas de efeito dos *loci* depende diretamente da precisão dos dados fenotípicos (Araus *et al.*, 2018).

Embora seja comum o uso de imagens na classificação de tubérculos em linhas de processamento industrial (Noordam *et al.*, 2000; Razmjoo; Mousavi; Soleymani, 2012), essa ferramenta ainda é pouco utilizada em programas de melhoramento de batata. Para que os dados obtidos por imagens sejam efetivamente integrados à seleção de genótipos superiores, é fundamental que além de refletir a variação genética real entre os clones avaliados, também sejam capazes de discriminá-los. Portanto, é fundamental validar a avaliação por imagens por meio da correlação com as notas visuais, bem como pela comparação das estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidade e acurácia seletiva, além de indicadores de precisão experimental, como desvio padrão médio e coeficiente de variação. Assim, este trabalho teve como objetivo desenvolver e validar o uso da avaliação por imagens na estimação de parâmetros genéticos para os caracteres cor da polpa e formato de tubérculos de batata.

SEGUNDA PARTE

Artigo 1 - Elaborado conforme a norma NBR 6022	
Título do artigo:	Avaliação por imagens da cor de polpa de tubérculos de batata na estimação de parâmetros genéticos
Autores:	Roberto Henrique de Lima Ribeiro, Vinícius Quintão Carneiro, Tiago de Souza Marçal.

¹Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas



ARTIGO 1 – AVALIAÇÃO POR IMAGENS DA COR DE POLPA DE TUBÉRCULOS DE BATATA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS

IMAGE-BASED EVALUATION OF POTATO TUBER FLESH COLOR FOR THE ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS¹

Roberto Henrique de Lima Ribeiro

<https://orcid.org/0009-0005-4362-4811>

Vinícius Quintão Carneiro

<https://orcid.org/0000-0001-9697-1423>

Tiago de Souza Marçal

<https://orcid.org/0000-0002-4262-9611>

Resumo: A cor da polpa dos tubérculos é um caráter importante para a aceitação comercial da batata. Tradicionalmente, esse caráter é avaliado de forma visual, o que compromete a precisão experimental. Assim, esse trabalho teve como objetivo desenvolver e validar uma metodologia baseada em imagens para a estimação de parâmetros genéticos na avaliação de cor da polpa de tubérculos de batata. Foram conduzidos dois experimentos nas safras de invernos de 2023 e 2024, e foram avaliados quanto a cor de polpa um tubérculo por parcela. As imagens capturadas foram processadas para obtenção da média do canal b^* (LAB) e também foram atribuídas notas visuais (NCP). A alta correlação entre os valores médios obtidos pelo canal b^* e NCP validaram o uso de imagens para avaliar cor de polpa. O canal b^* apresentou coeficientes de variação (CV%) em média sete vezes menores em comparação à NCP, evidenciando maior precisão experimental. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram superiores para o canal b^* , demonstrando maior capacidade de capturar a variação genética entre os indivíduos. A baixa interação observada entre os anos reforça a possibilidade do uso de imagens na avaliação da cor de polpa. Conclui-se que a avaliação por imagens para cor de polpa oferece maior precisão experimental que a avaliação visual, fornecendo estimativas mais confiáveis dos parâmetros genéticos.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L.; Fenômica; Precisão experimental.

Abstract: The flesh color of tubers is an important trait for the commercial acceptance of potatoes. Traditionally, this trait is evaluated visually, which compromises experimental precision. Thus, this study aimed to develop and validate an image-based methodology for estimating genetic parameters in the evaluation of tuber flesh color. Two experiments were conducted during the winter seasons of 2023 and 2024, and one tuber per plot was evaluated for flesh color. The captured images were processed to obtain the mean value of the b^* channel (LAB), and visual scores (NCP) were also assigned. The high correlation between the mean values obtained from the b^* channel and NCP validated the use of images to assess

¹Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas

flesh color. The b* channel showed coefficients of variation (CV%) on average seven times lower compared to NCP, indicating higher experimental precision. Heritability and selective accuracy estimates were higher for the b* channel, demonstrating greater ability to capture genetic variation among individuals. The low interaction observed between years reinforces the potential of using images to evaluate flesh color. It is concluded that image-based evaluation of flesh color offers greater experimental precision than visual assessment, providing more reliable estimates of genetic parameters.

Keywords: *Solanum tuberosum*; L.; Phenomics; Experimental precision.

¹Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas

1 Introdução

O incremento em produtividade é o principal objetivo para qualquer segmento de mercado na seleção de genótipos superiores no melhoramento genético da batata (*Solanum tuberosum* L.) (Qu *et al.*, 2024). Entretanto, o sucesso comercial de uma nova cultivar também depende de sua aceitação pelo consumidor, na qual a aparência dos tubérculos exerce papel central (Filgueira, 2005). Dentre os caracteres relacionados à aparência, a cor da polpa se destaca por estar associada a maior qualidade, sabor e valor nutricional do alimento (Pinto *et al.*, 2010; Rocha; Reed, 2014).

No mercado *in natura* brasileiro, por exemplo, polpas que variam entre o creme e o amarelo são preferidas. No processamento industrial, polpas com tons de amarelo mais intenso são ideais para a produção de palitos pré-fritos (Silva, 2019), pois a preferência dos consumidores foi moldada pelo uso de cultivares como a Asterix, que apresenta polpa de cor amarelo intenso (Fernandes *et al.*, 2010; Vinci *et al.*, 2010). Já para a fabricação de *chips*, tons mais claros de polpa são desejáveis, devido a associação ao padrão de consumo norte americano, estabelecido em função de cultivares como a Atlantic (Fernandes *et al.*, 2010; Serna Saldívar, 2022). Essa especificidade de mercado direciona a seleção, tornando a cor da polpa um critério decisivo para seleção de novas cultivares.

As cores de polpa entre branco e amarelo estão relacionadas com o acúmulo de carotenoides, compostos antioxidantes que contribuem para a saúde e prevenção de diversas doenças (Ahmed; Lott; Marcus, 2005; Brown, 2005; Fiedor; Burda, 2014). Sua síntese é influenciada por fatores ambientais e genéticos (Haynes *et al.*, 1996; Sturaro, 2025). O principal QTL localizado no cromossomo III, explica até 75% da variação fenotípica avaliada por colorímetro, e contém o *locus* Y, que é responsável pela expressão de genes que regulam a produção dos precursores dos carotenoides (Hara-Skrzypiec *et al.*, 2018). Além disso, genes modificadores e pequenos QTLs adicionais atuam na via metabólica dos carotenoides, modulando a variação fenotípica observada (Zhang; Jung; De Jong, 2009). A interação desses genes modificadores é responsável por diferentes proporções no acúmulo desses pigmentos, que variam do branco, passando pelo amarelo, até o laranja (Cazzonelli; Pogson, 2010; Sturaro, 2025; Zhang; Jung; De Jong, 2009).

Apesar da ampla variabilidade fenotípica, a avaliação de cor de polpa nos programas de melhoramento é tradicionalmente feita de forma visual, por meio de escalas pouco representativas que não refletem toda a complexidade da variação contínua presente nas populações segregantes. Por se basearem na percepção humana, essas avaliações dependem

da experiência individual dos avaliadores (Poland; Nelson, 2011), esse fator introduz subjetividade nas avaliações e, somado à limitação das escalas diagramáticas, pode reduzir a precisão das estimativas dos parâmetros genéticos e reduzir a eficiência seletiva.

Embora ferramentas como colorímetros proporcionem dados de cor mais precisos, sua utilização em avaliações de larga escala é limitada, uma vez que as medições são pontuais e individualizadas (Buhrig *et al.*, 2015; Qin *et al.*, 2021). Nesse contexto, o uso de imagens nas avaliações fenotípicas tem ganhado destaque por acelerar o processo de avaliação, aumentar a precisão experimental, permitir a reprodutibilidade, e viabilizar o armazenamento permanente dos dados para reavaliações futuras (Furbank; Tester, 2011; Walter; Liebisch; Hund, 2015).

Estudos como de Feldman *et al.* (2024) demonstram a capacidade da visão computacional em mensurar caracteres como tamanho, formato, cor e defeitos em tubérculos de forma simultânea. Caraza-Harter e Endelman (2020) relataram herdabilidades elevadas, variando entre 0,75 e 0,86 para caracteres de cor e esfolamento usando imagens, evidenciando o potencial dessa tecnologia na substituição das avaliações visuais.

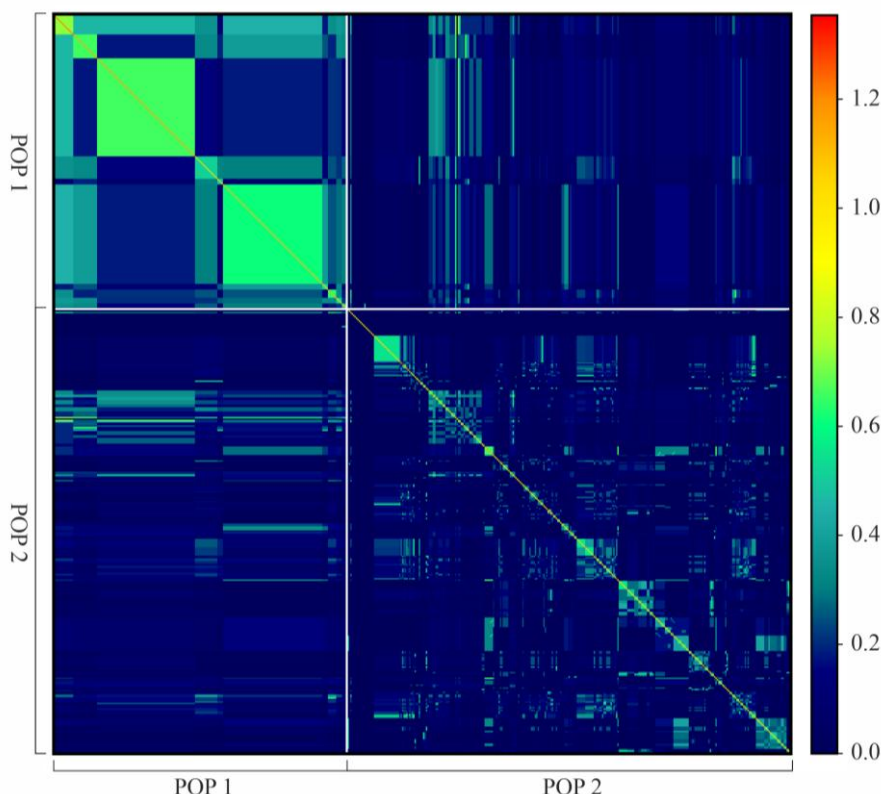
Para que o uso de imagens possa ser integrado de forma confiável aos programas de melhoramento, é necessário validar sua aplicação com base na capacidade das avaliações representarem fielmente a variação genotípica e discriminarem eficientemente os clones. Isso envolve a estimação de parâmetros genéticos, como herdabilidade e acurácia seletiva, assim como indicadores de precisão experimental, como coeficientes de variação. Portanto, este trabalho tem como objetivo desenvolver e validar uma metodologia baseada em imagens para a estimação de parâmetros genéticos na avaliação de cor da polpa de tubérculos de batata.

2 Material e métodos

2.1 Clones avaliados

Foram avaliadas duas populações tetraploides do germoplasma do Programa de Melhoramento Genético de Batata da Universidade Federal de Lavras (Probatata – UFLA). A população POP1, obtida a partir do cruzamento entre genitores selecionados para o mercado de *chips*, apresentando formato redondo dos tubérculos, elevado teor de massa seca e alta produtividade. E a POP2, composta por um painel diverso de clones do PROBATATA - UFLA. As relações de parentesco entre e dentro das populações, com base na genealogia dos clones, estão representadas na Figura 1.

Figura 1 - Mapa de calor das relações de parentesco baseado no pedigree entre as populações POP1 e POP2.



Fonte: elaboração própria.

Ao todo, quatro experimentos foram conduzidos nas safras de inverno de 2023 e 2024, utilizando o delineamento parcialmente replicado (P-REP), com a proporção de tratamentos replicados (p_N) variando entre 30,00% e 42,62% (Cullis; Smith; Coombes, 2006) (Tabela 1).

Tabela 1 - Descrição geral dos experimentos de campo.

Experimento [†]	Número de níveis						$p_N^§$
	Linha	Coluna	Família	Clone	Testemunhas	Parcela	
POP1(23)	9	50	10	209	3	348	39,08
POP1(24)	18	14	9	166	2	240	30,00
POP2(23)	15	38	175	304 ⁽⁵⁾	3	535	42,62
POP2(24)	18	25	180	290 ⁽¹⁵⁾	4	448	34,38

[†]Experimentos conduzidos com duas populações (POP1 e POP2) em dois anos (2023 e 2024).
[§]Porcentagem das parcelas experimentais ocupadas por clones repetidos, dada pela expressão: $p_N = (N - N_{trat})/N$, em que N é o número de parcelas e N_{trat} é o número de tratamentos. Os índices ⁽⁵⁾ e ⁽¹⁵⁾ indicam quantas unidades do total de níveis são representados por clones externos ao programa de melhoramento de batata da UFLA (5 e 15).

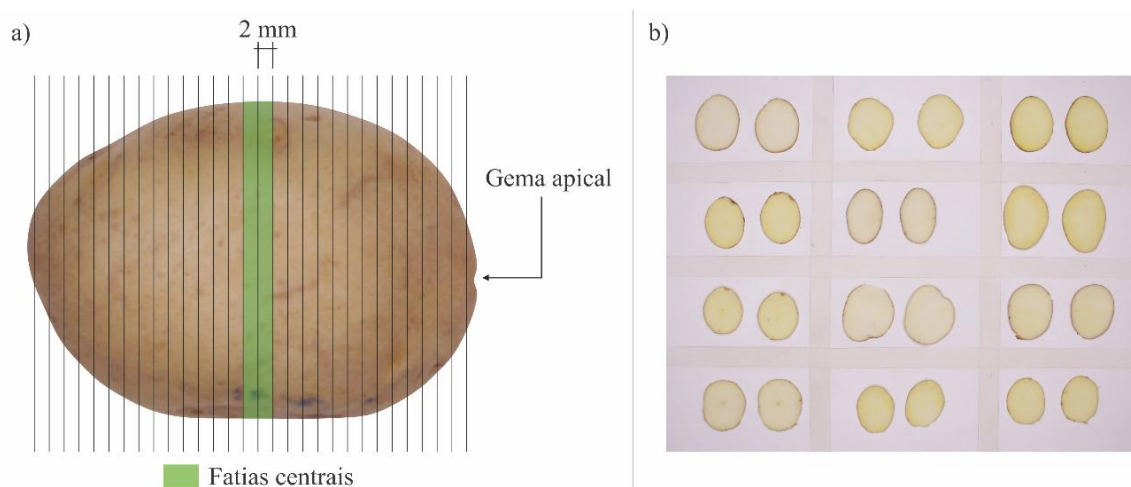
Os experimentos foram realizados no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da UFLA (CDCTA) – Fazenda Muquém (21°12'19.8''S,

44°58'48.8''W, 919 m de altitude), em Lavras – MG. O solo da área experimental, classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo, foi preparado com aração, enxada rotativa e gradagem. Os tubérculos foram plantados com espaçamento de 0,3 m entre plantas e 0,8 m entre linhas, compondo parcelas de uma linha com cinco plantas e 1,5 m de comprimento. Nos sulcos de plantio foi aplicada adubação com 120 kg ha⁻¹ de N, 420 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 240 kg ha⁻¹ de K₂O. A adubação de cobertura foi realizada 30 dias após o plantio, com a aplicação de 60 kg ha⁻¹ de N e 60 kg ha⁻¹ de K₂O e foi sucedida pela amontoa mecanizada. O manejo fitossanitário ocorreu semanalmente, com a aplicação de defensivos conforme a incidência de patógenos e as exigências específicas de cada estágio de desenvolvimento das plantas. A irrigação por aspersão foi utilizada sempre que necessário para atender à demanda hídrica da cultura. A colheita mecanizada foi realizada após a senescência das plantas, entre 90 e 115 dias após o plantio.

2.2 Avaliação de cor de polpa dos tubérculos

As avaliações de cor de polpa por imagens foram realizadas em dois anos, no pós-colheita das safras de inverno de 2023 e 2024. Cada parcela foi representada por um tubérculo de tamanho comercial (diâmetro > 45 mm). O tubérculo foi seccionado transversalmente em relação à gema apical, sem a remoção da epiderme, resultando em fatias de aproximadamente 2 mm de espessura (Figura 2a). Duas fatias centrais de cada tubérculo foram selecionadas, secas com papel toalha e posicionadas sobre um fundo branco opaco, capaz de acomodar doze parcelas por imagem (Figura 2b).

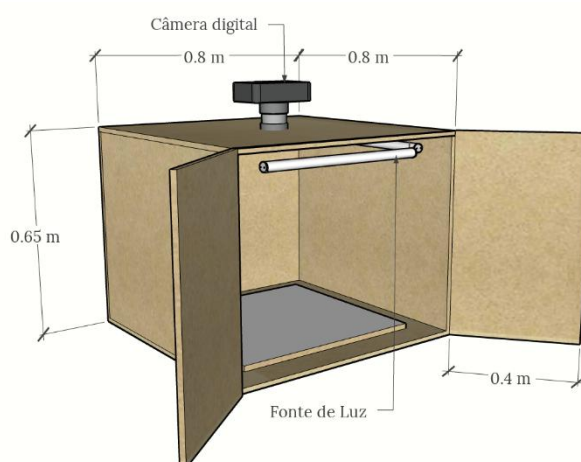
Figura 2 – a) Seccionamento do tubérculo. b) Disposição espacial das parcelas na imagem.



Fonte: elaboração própria.

As imagens foram capturadas em um estúdio fotográfico de MDF “cru”, equipado com quatro lâmpadas de LED branco frio de 9W, 900 *lm* (Figura 3), alocado no Laboratório de Fenômica do Departamento de Biologia da UFLA. Utilizou-se uma câmera fotográfica Canon EOS 60D, equipada com uma lente Canon Zoom Lens EF-S 18-35 mm. A câmera foi configurada para capturar imagens no formato “.jpeg”, com ISO 200, abertura do diafragma em f/10 e tempo de exposição de 1/13 s.

Figura 3 - Estúdio fotográfico de MDF.

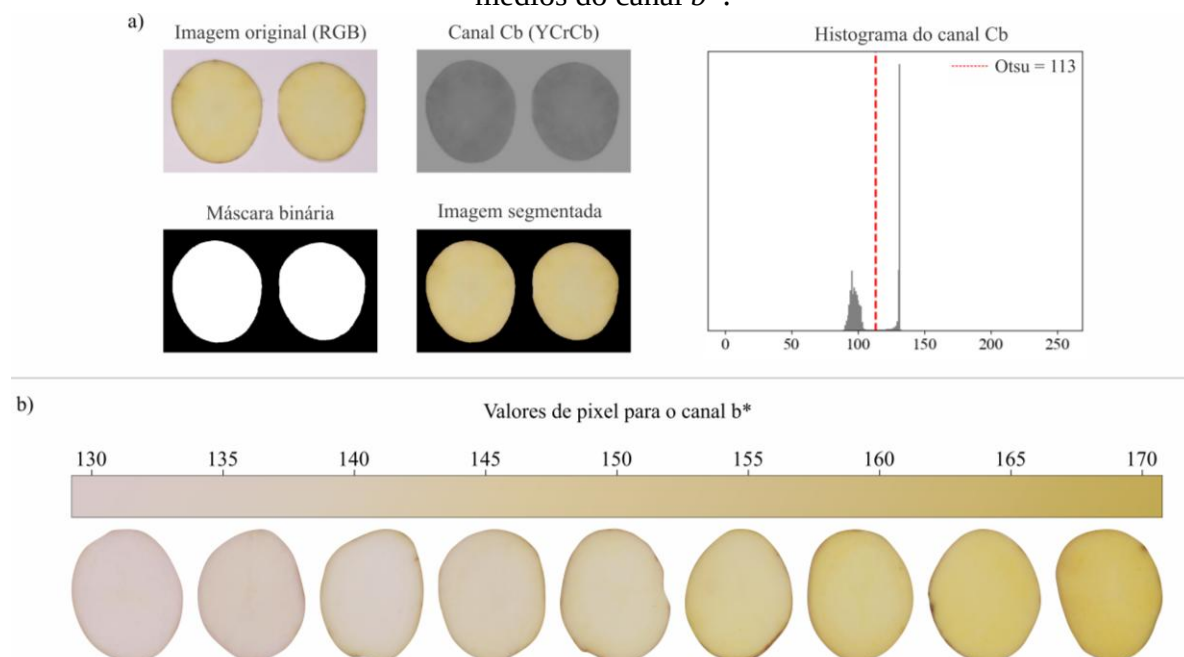


Fonte: elaboração própria

As parcelas que compõe cada imagem foram individualizadas e foram submetidas ao processamento para remoção do fundo e, posteriormente, à extração de dados exclusivamente da área útil das fatias. Ambas as etapas foram realizadas utilizando a biblioteca *OpenCV* (Bradski, 2000), implementada na linguagem *Python* (Van Rossum, 1995).

A segmentação foi realizada pela conversão das imagens do espaço de cor RGB para o espaço YCrCb, seguida da aplicação do método de limiarização de Otsu (Otsu, 1979) sobre o canal Cb, selecionado por apresentar o melhor contraste entre as fatias e o fundo. Esse procedimento resultou em uma máscara binária que permitiu separar a imagem de cada parcela em duas: uma contendo apenas a área útil das duas fatias e outra contendo exclusivamente o fundo. Em seguida, as imagens contendo apenas as fatias foram convertidas para o espaço de cor LAB (Figura 4a). A partir dessa conversão, foram extraídos os valores de média dos pixels do canal b (relativo à cromaticidade entre azul e amarelo) (Figura 4b).

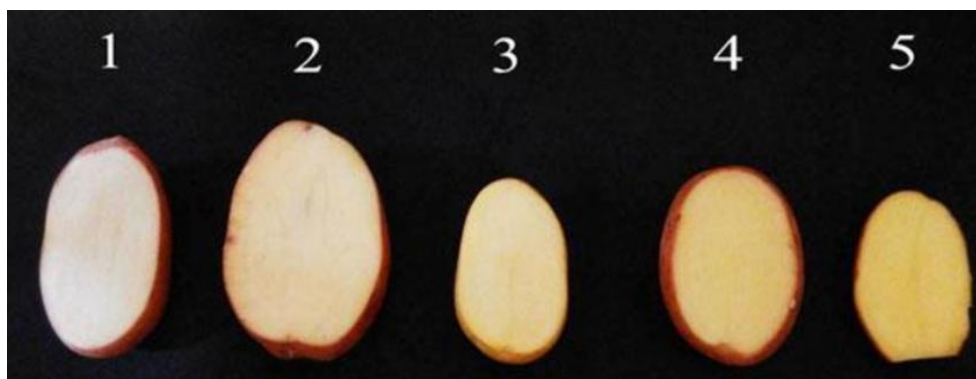
Figura 4 – a) Segmentação de imagem pelo método de Otsu sobre o canal Cb (YCrCb) e extração de dados de cor do canal b (LAB). b) Gradiente de cores representado pelos valores médios do canal b^* .



Fonte: elaboração própria.

Para a validação, as imagens contendo as parcelas individualizadas foram submetidas a avaliação visual de cor de polpa, em que foram atribuídas notas individuais por três avaliadores, variando entre 1 e 5. Foi utilizada a escala diagramática proposta por Guedes et al. (2020) (Figura 5) que classificou a coloração da polpa dos tubérculos em: 1 – branco; 2 – amarela clara; 3 – amarela média; 4 – creme; 5 – amarela escura. A nota visual média entre os avaliadores para cor de polpa (NCP) foi correlacionada, a nível de tratamento com os valores de média do canal e b^* por meio da correlação de Pearson.

Figura 5 – Escala para coloração de polpa.



Fonte: Adaptado de Guedes et al. (2020).

2.3 Análises estatísticas

As estimativas dos componentes de variância do modelo apresentado na Tabela 2 foram obtidas pelo método REML (Patterson; Thompson, 1971). Os EBLUPs (*Empirical Best Linear Unbiased Predictors*) foram preditos com base nas equações dos modelos mistos de Henderson (Henderson et al., 1959).

2.3.1 Análises individuais

Considerando um teste clonal, com as parcelas organizadas em l linhas e c colunas, a forma matricial do modelo linear misto é descrita na Equação 1.

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_l\mathbf{u}_l + \mathbf{Z}_c\mathbf{u}_c + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, com N indicando o número de parcelas; $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$ é um vetor em que todos os elementos são iguais a um; $\mu^{(1 \times 1)}$ é o intercepto; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios genotípicos de clones associado a matriz $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, sendo g o número de clones; $\mathbf{u}_l^{(l \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_l^{(N \times l)}$, em que l é o número de linhas; $\mathbf{u}_c^{(c \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_c^{(N \times c)}$, em que c é o número de colunas; e $\mathbf{e}$ é o vetor aleatório de erros.

Considerou-se que os vetores de efeitos aleatórios $\mathbf{u}_g$, $\mathbf{u}_l$, $\mathbf{u}_c$, e $\mathbf{e}$ foram mutuamente independentes e apresentaram distribuição Gaussiana multivariada, com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_l) = \mathbf{G}_l$, $\text{var}(\mathbf{u}_c) = \mathbf{G}_c$, $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As estruturas dessas matrizes de (co)variância do modelo encontram-se descritas na Tabela 2.

Tabela 2 - Estruturas de (co)variância do modelo ajustado

(co)variância matriz ¹	Modelo
$\mathbf{G}_g$	$\sigma_g^2 \mathbf{I}_g$
$\mathbf{G}_l$	$\sigma_l^2 \mathbf{I}_l$
$\mathbf{G}_c$	$\sigma_c^2 \mathbf{I}_c$
$\mathbf{R}$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$

¹ $\mathbf{G}_g$, $\mathbf{G}_l$, $\mathbf{G}_c$, e $\mathbf{R}$: matrizes de (co)variância associadas aos efeitos de genótipo, linha, coluna, e erro, respectivamente; σ_g^2 , σ_l^2 , σ_c^2 , e σ_e^2 componentes de variância associados a genótipo, linha, coluna, e erro, respectivamente; $\mathbf{I}_g$, $\mathbf{I}_l$, $\mathbf{I}_c$, $\mathbf{I}_N$ são matrizes identidade associadas a genótipo, linha, coluna, e erro, respectivamente.

Foi testada a significância da variância genotípica com base no Teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test, LRT) descrito na Equação 2.

$$LRT = -2\ln\left(\frac{\ell_1}{\ell_2}\right) \quad (2)$$

Em que ℓ_1 é o ponto máximo da função de log-verossimilhança residual do modelo reduzido, e ℓ_2 é o ponto de máximo da função de log-verossimilhança residual do modelo completo.

2.3.2 Análises conjuntas

Para a análise conjunta considerando os dois anos apresentado na Equação 3, que captura a interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ E).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{X}_a\boldsymbol{\tau}_a + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{ga}\mathbf{u}_{ga} + \mathbf{Z}_l\mathbf{u}_l + \mathbf{Z}_c\mathbf{u}_c + \mathbf{e} \quad (3)$$

em que $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, com N indicando o número de parcelas; $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$ é um vetor em que todos os elementos são iguais a um; $\mu^{(1 \times 1)}$ é o intercepto; $\boldsymbol{\tau}_a$ é o vetor de efeitos fixos dos anos, associado à matriz $\mathbf{X}_a^{(N \times a)}$; a é o número de anos; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios dos clones, associado à matriz $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, onde g é o número de clones; $\mathbf{u}_{ga}$ é o vetor de efeitos aleatórios de interação associado à matriz $\mathbf{Z}_{ga}^{(N \times ga)}$, onde g é o número de clones e a é o número de anos; $\mathbf{u}_l^{(l \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_l^{(N \times l)}$, em que l é o número de linhas; $\mathbf{u}_c^{(c \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_c^{(N \times c)}$, em que c é o número de colunas; e $\mathbf{e}$ é o vetor aleatório de erros.

Considerou-se que os vetores de efeitos aleatórios $\mathbf{u}_g$, $\mathbf{u}_{ga}$, $\mathbf{u}_l$, $\mathbf{u}_c$, e $\mathbf{e}$ foram mutuamente independentes e apresentaram distribuição Gaussiana multivariada, com média zero e matrizes de (co)variância, $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_{ga}) = \mathbf{G}_{ga}$, $\text{var}(\mathbf{u}_l) = \mathbf{G}_l$, $\text{var}(\mathbf{u}_c) = \mathbf{G}_c$, $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As estruturas dessas matrizes de (co)variância do modelo estão descritas na Tabela 3.

Tabela 3 - Estruturas de (co)variância do modelo ajustado

(co)variância matriz ¹	Modelo
$\mathbf{G}_g$	$\sigma_g^2 \mathbf{I}_g$
$\mathbf{G}_{ga}$	$\sigma_{ga}^2 \mathbf{I}_{ga}$
$\mathbf{G}_l$	$\sigma_l^2 \mathbf{I}_l$
$\mathbf{G}_c$	$\sigma_c^2 \mathbf{I}_c$
$\mathbf{R}$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$

¹ $\mathbf{G}_g$, $\mathbf{G}_{ga}$, $\mathbf{G}_l$, $\mathbf{G}_c$ e $\mathbf{R}$: matrizes de (co)variância associadas aos efeitos de genótipo, interação genótipo $\times$ ambiente, linha, coluna, e erro, respectivamente; σ_g^2 , σ_{ga}^2 , σ_l^2 , σ_c^2 , e σ_e^2 componentes de variância associados a genótipo, interação genótipo $\times$ ambiente, linha, coluna, e erro, respectivamente; $\mathbf{I}_g$, $\mathbf{I}_{ga}$, $\mathbf{I}_l$, $\mathbf{I}_c$, $\mathbf{I}_N$ são matrizes identidade associadas a genótipo, interação genótipo $\times$ ambiente, linha, coluna, e erro, respectivamente

A estimação dos componentes de variância, a predição dos EBLUPs e o teste da significância da variância genotípica, realizados por meio do método REML e do teste da

razão de verossimilhança (LRT), procedimentos igualmente necessários nesta etapa da análise, foram previamente descritos na Seção 2.3.1.

Adicionalmente, foi calculada a correlação entre anos com base no modelo de simetria composta, utilizando a razão entre a variância genotípica e a soma da variância genotípica com a interação genótipo $\times$ ano (Equação 4), conforme proposto por Resende (2002).

$$r = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2} \quad (4)$$

em que σ_g^2 é a variância genotípica e σ_{ga}^2 é a variação da interação entre genótipo $\times$ ano.

2.3.3 Correlação, Herdabilidade e precisão experimental

A validação do uso de imagens para avaliação da cor de polpa dos tubérculos foi realizada por meio da correlação linear de Pearson entre as médias dos tratamentos obtidas pela NCP e pela média dos valores do canal b^* .

A herdabilidade no sentido amplo para o efeito de genótipo foi calculada de acordo com a Equação 5 (Cullis; Smith; Coombes, 2006).

$$H^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{APPEV\ g}}{2\sigma_g^2} \quad (5)$$

em que $\bar{v}_{APPEV}$ é a média da variância do erro de predição entre pares para o efeito de genótipos, e σ_g^2 é a variância genotípica.

O coeficiente de variação (CV%) foi calculado de acordo com a Equação 6.

$$CV\% = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu} \times 100 \quad (6)$$

em que σ_e^2 é a variância residual e μ é a média do caráter.

O desvio padrão médio dos contrastes entre pares de tratamentos (DPMC) foi calculado de acordo com a Equação 7.

$$C_{i\ vs\ \bullet} = \bar{y}_{i\bullet} - \bar{y}_{\bullet\bullet} \quad (7)$$

$$\text{var}(C_{i\ vs\ \bullet})^{1/2} = \text{var}(\bar{y}_{i\bullet} - \bar{y}_{\bullet\bullet})^{1/2} \quad (8)$$

$$\text{var}(\bar{y}_{i\bullet} - \bar{y}_{\bullet\bullet}) = \text{var}(\bar{y}_{i\bullet}) + \text{var}(\bar{y}_{\bullet\bullet}) - 2\text{cov}(\bar{y}_{i\bullet}, \bar{y}_{\bullet\bullet}) \quad (9)$$

em que $C_{i\ vs\ \bullet}$ é o contraste entre a média do clone i ($\bar{y}_{i\bullet}$) e o clones ($\bar{y}_{\bullet\bullet}$); $\text{var}()$ and $\text{cov}()$ representam os operadores de variância e covariância.

A estimative do desvio padrão do contraste $C_{i\ vs\ \bullet}$ requer as variâncias e covariâncias dos termos. Assim, esses termos podem ser obtidos facilmente usando a equação (10).

$$\text{var}(\mathbf{L}_c \boldsymbol{\tau}) = \mathbf{L}_c (\mathbf{X}^T \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X})^{-1} \mathbf{L}_c^T \quad (10)$$

$$\mathbf{V} = \mathbf{R} \quad (11)$$

Em que $\mathbf{X}^{(N \times N\tau)}$ é a matriz de incidência dos efeitos fixos, com $\mathbf{X}^T = (\mathbf{1}, \mathbf{X}_c, \mathbf{X}_b)^T$ nas análises individuais $\mathbf{X}^T = (\mathbf{1}, \mathbf{X}_c, \mathbf{X}_{ce}, \mathbf{X}_b)^T$ nas análises conjuntas. $\mathbf{V}^{(N \times N)}$ representa a matriz de (co)variância do vetor $\mathbf{y}$, enquanto $\mathbf{R}^{(N \times N)}$ é a matriz de (co)variância de resíduos $\mathbf{e}$.

O desvio padrão médio dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos tratamentos (DPMC, %), foi calculado de acordo com a Equação 12.

$$DPMC (\%) = \frac{DPMC}{\mu} \times 100 \quad (12)$$

A acurácia dos efeitos de genótipos foi calculada de acordo com a Equação 13.

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\bar{v}_{APEVg}}{\sigma_g^2}} \quad (13)$$

em que $r_{\hat{g}g}$ é a acurácia entre os efeitos genotípicos preditos ($\hat{g}$) e os efeitos genotípicos reais (g), σ_g^2 é a variância genotípica e $\bar{v}_{APEV}$ é a média da variância do erro de predição para o efeito de genótipos.

As análises foram realizadas com auxílio dos softwares Echidna Mixed Models (Gilmour, 2025) e R (R Core Team, 2025).

3 Resultados

3.1 Análises individuais

O efeito de clones foi significativo ($P < 0,01$) para avaliação via imagens (b^*) e NCP, nas duas populações (POP1 e POP2) e nos dois anos (2023 e 2024). Esse efeito representou a maior parte da variância fenotípica observada, com valores entre 79,49% e 92,03% para b^* e 62,73% e 82,55% para a NCP (Tabela 2).

O efeito de linhas foi não significativo em todas as combinações entre populações, anos e caracteres. De modo geral, o efeito de colunas foi significativo apenas em situações pontuais, especialmente no ano de 2023, representando pequenas frações da variância total, não superior a 4,41%. Nos demais cenários, esses efeitos foram majoritariamente não significativos.

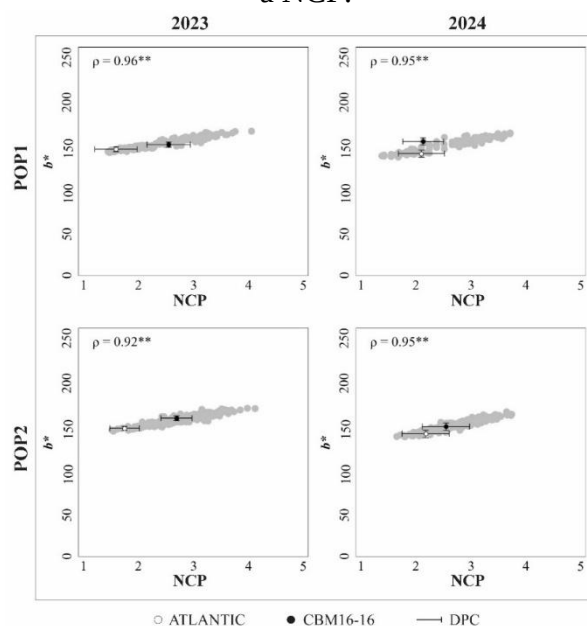
As correlações de Pearson entre b^* e NCP apresentaram coeficientes superiores a 0,92 (Figura 6).

Tabela 2 - Contribuição relativa (%) dos componentes de variância dos efeitos de clones, linhas, colunas e resíduos para a variância fenotípica, nas análises individuais (por ano), referente ao canal b^* e NCP. Também são apresentadas as estimativas de mínimo, média geral, máximo, desvio padrão médio dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos clones (DPMC, %), coeficiente de variação experimental (CV, %), herdabilidade (H^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$).

Efeito	b^*				NCP			
	POP1		POP2		POP1		POP2	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024	2023	2024
Clones	92,03 ^{**}	88,90 ^{**}	82,87 ^{**}	79,49 ^{**}	76,31 ^{**}	82,55 ^{**}	76,30 ^{**}	62,73 ^{**}
Linhas	0,21 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,79 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,19 ^{ns}	1,08 ^{ns}
Colunas	0,54 ^{ns}	0,21 ^{ns}	2,89 ^{**}	0,61 ^{ns}	4,41 [*]	0,00 ^{ns}	3,71 ^{**}	0,25 ^{ns}
Resíduos	7,21	10,88	13,46	19,89	19,05	17,45	18,8	35,94
Mínimo	136,63	130,50	139,10	130,45	1,00	1,17	1,17	1,00
Média	148,32	145,63	153,07	147,34	2,49	2,57	2,74	2,77
Máximo	163,94	163,29	167,70	165,55	4,33	4,17	4,33	4,33
DPMC (%)	3,01	2,95	2,01	3,36	22,09	17,16	11,90	17,65
CV (%)	1,22	1,95	1,47	2,36	13,66	12,74	9,37	15,39
H^2	0,76	0,86	0,85	0,75	0,67	0,81	0,80	0,62
$r_{\hat{g}g}$	0,97	0,95	0,94	0,91	0,90	0,92	0,91	0,83

Significância pelo teste da razão de verossimilhanças: p-valor $\leq 0,01$ “***”, $0,05 \leq$ p-valor $< 0,01$ “**” e p-valor $> 0,05$ não significativo “ns”.

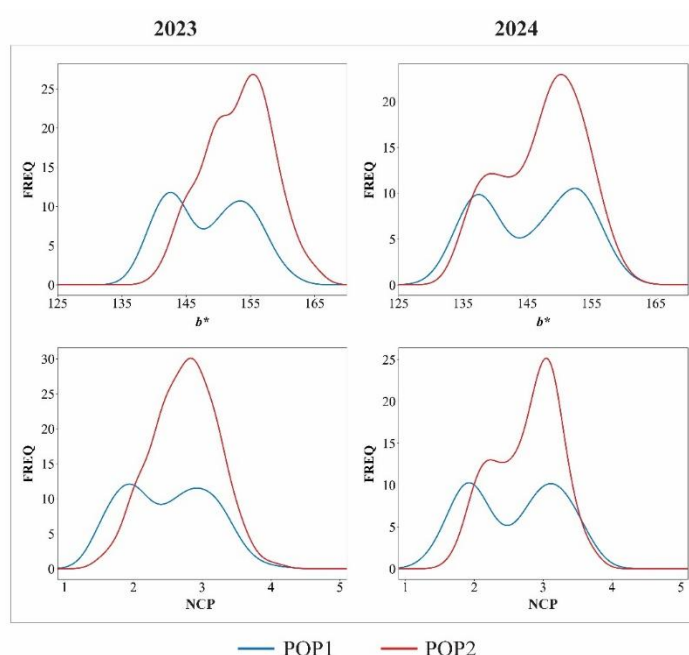
Figura 6 - Correlações entre as médias dos tratamentos para os caracteres b^* e NCP. As barras indicam o desvio padrão médio dos contrastes (DPC) entre pares de tratamentos com a cultivar Atlantic e o clone CBM16-16. Observa-se DPC menores para b^* quando comparado a NCP.



Fonte: elaboração própria.

A amplitude do canal b^* variou entre 130,45 e 167,70, refletindo em grande variabilidade fenotípica entre os clones avaliados. Enquanto os valores de NCP variaram entre 1,00 e 4,33, indicando também uma maior distribuição dos escores atribuídos por avaliação visual. As frequências foram bimodais para POP1 em ambos os anos e caracteres, sugerindo a formação de dois grupos fenotipicamente mais homogêneos. Em contrapartida, POP2 apresentou um padrão mais próximo de unimodal, e maior concentração de indivíduos em faixas intermediárias da escala (Figura 7).

Figura 7 – Histogramas para os caracteres b^* e NCP nas populações POP1 e POP2, nos anos de 2023 e 2024 e na análise conjunta.



Fonte: elaboração própria.

Considerando o parâmetro de precisão experimental DPMC (%), seus valores oscilaram entre 2,01% e 3,36% para o canal b^* , e entre 11,90% a 22,09% para NCP. O CV (%) variou entre 1,22% e 2,36% para b^* , e de 9,37% a 15,39% para a NCP. Além disso, a partir dos DPCs da cultivar Atlantic e do clone CBM16-16, tratamentos comuns a todos os experimentos, apresentados nos gráficos da Figura 6, nota-se que o erro associado à NCP foi muito superior ao observado na avaliação por imagens.

As herdabilidades (H^2) estimadas para o canal b^* variaram entre 0,75 e 0,86, e 0,62 e 0,81 para NCP. Em geral, os maiores valores de herdabilidade para cor de polpa foram obtidos pelo canal b^* e estão associados à menores DPMC (%) e CV (%). Já as acurácias seletivas ($r_{\hat{g}g}$) variaram entre 0,83 e 0,92 para NCP e entre 0,91 e 0,97 para b^* , sendo ligeiramente superiores para o canal b^* em relação à NCP em todos os cenários.

3.2 Análises conjuntas

Assim como observado nas análises individuais, o efeito de clones também foi significativo ($P < 0,01$) nas análises conjuntas para os caracteres b^* e NCP, em ambas as populações. Ao avaliar simultaneamente os dois anos de cada população, a contribuição do efeito de clone também foi predominante na variância fenotípica observada, com estimativas entre 47,98% e 71,50% (Tabela 3).

Tabela 3 - Contribuição relativa (%) dos componentes de variância dos efeitos de clones, interação clones $\times$ anos, linhas, colunas e resíduos para a variância fenotípica, nas análises conjuntas, referente ao canal b^* e NCP. Também são apresentadas as estimativas de correlação entre os diferentes anos (ρ_G) de mínimo, média geral, máximo, desvio padrão médio dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos clones (DPMC, %), coeficiente de variação experimental (CV, %), herdabilidade (H^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$).

Efeito	b^*				NCP			
	POP1		POP2		POP1		POP2	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024	2023	2024
Clones	71,50 ^{**}		58,25 ^{**}		64,41 ^{**}		47,98 ^{**}	
Clones $\times$ Anos [†]	5,64 [*]		2,35 ^{ns}		2,95 ^{ns}		1,78 ^{ns}	
Linhas	0,38 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,63 ^{ns}	0,66 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,23 ^{ns}	1,39 ^{ns}
Colunas	1,10 [*]	0,68 ^{ns}	1,29 ^{**}	1,43 ^{ns}	4,53 ^{**}	0,00 ^{ns}	1,23 [*]	1,04 ^{ns}
Resíduos	4,04	16,66	8,87	26,96	13,01	14,26	12,54	33,81
ρ_G	0,93		0,96		0,96		0,96	
Mínimo	130,50		130,45		1,00		1,00	
Média	147,22 ⁺⁺		150,43 ⁺⁺		2,52 [#]		2,75 [#]	
Máximo	193,64		167,70		4,33		4,33	
DPMC (%)	2,87		1,99		18,88		11,28	
H^2	0,78		0,85		0,76		0,81	
$r_{\hat{g}g}$	0,95		0,94		0,94		0,92	

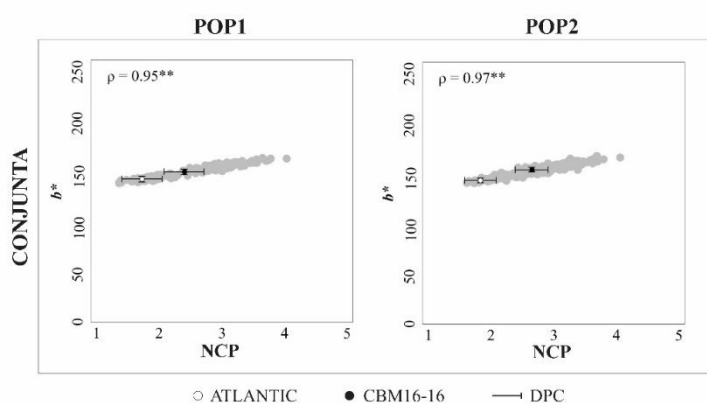
ρ_G : é a correlação entre os diferentes anos (2023 e 2024) para cada população (POP1 e POP2). Significância pelo teste da razão de verossimilhanças: p-valor $\leq 0,01$ “***”, $0,05 \leq$ p-valor $< 0,01$ “**” e p-valor $> 0,05$ não significativo “ns”. Significância pelo teste de Wald para o efeito de ano: p-valor $\leq 0,01$ “++”, $0,05 \leq$ p-valor $< 0,01$ “+” e p-valor $> 0,05$ não significativo “#”.

A interação clones $\times$ anos foi não significativa para o caráter NCP nas duas populações, bem como para b^* na POP2. Contudo, apresentou significância para b^* na POP1, sugerindo alguma alteração no desempenho relativo dos genótipos entre os anos. Ainda assim, a magnitude dessa interação foi pequena (5,64%), especialmente quando comparada à respectiva variância atribuída ao efeito de clones (71,50%). Além disso, as correlações entre os anos para os diferentes experimentos de cada população foram elevadas para ambos os caracteres avaliados, com valores entre 0,93 e 0,96.

O efeito associado à disposição espacial dos genótipos nas linhas foi não significativo em todos os experimentos. No entanto, o efeito de colunas foi significativo para ambos os caracteres apenas no ano de 2023, com contribuição na variância total variando entre menor que 4,53%. Vale destacar que a variância residual foi menor justamente nos casos em que o efeito de colunas foi significativo, indicando que parte da variabilidade ambiental foi capturada pelo efeito de coluna.

De acordo com o teste de Wald, houve diferença significativa nas médias para o caráter b^* nas duas populações ($P \leq 0,01$), enquanto para a NCP o efeito de ano foi não significativo ($P > 0,05$), indicando que as médias entre 2023 e 2024 não diferiram estatisticamente. As correlações de Pearson nas análises conjuntas resultaram em coeficientes de 0,95 para POP1 e 0,97 para POP2 (Figura 8).

Figura 8 – Correlações entre as médias dos tratamentos para os caracteres b^* e NCP. As barras indicam o desvio padrão médio dos contrastes entre pares de tratamentos com a cultivar Atlantic e o clone CBM16-16.



Fonte: elaboração própria.

Os valores de DPMC (%) foram consistentemente menores para o canal b^* , variando de 1,99% a 2,87%, enquanto para NCP variaram entre 11,28% e 18,88%. Além disso, as barras que indicam o DPC para a cultivar Atlantic e o clone CBM16-16 indicam que o desvio padrão associado a avaliação por imagem é muito menor quando comparado as notas visuais.

As estimativas de herdabilidade foram ligeiramente superiores para b^* , variando de 0,78 a 0,85, enquanto para as NCP variaram de 0,76 a 0,81. Por fim, as acurácias seletivas (r_{gg}) foram próximas para ambas as variáveis avaliadas, com valores entre 0,92 e 0,95.

4 Discussão

4.1 Análises individuais

Este trabalho evidencia a viabilidade da avaliação por imagens como ferramenta no melhoramento de batata. Técnicas baseadas em imagens têm se mostrado eficientes para a mensuração objetiva de atributos como cor, formato, tamanho e presença de defeitos, superando limitações inerentes à avaliação visual, como a redução do erro experimental (Caraza-Harter; Endelman, 2020; Feldman *et al.*, 2024; Miller *et al.*, 2023; Si *et al.*, 2018). Este trabalho demonstrou que mesmo com uma estrutura de baixo custo, composta por câmera profissional de entrada e um estúdio básico, é possível obter dados fenotípicos de alta precisão experimental.

O efeito de clones se destacou como a principal fonte de variação para a coloração da polpa, tanto nos dados provenientes do canal b^* quanto nas notas visuais (NCP). Esses resultados evidenciam a capacidade da avaliação por imagens em refletir com fidelidade a variabilidade genética do caráter, com mínima interferência de fatores não genéticos. Isso é reforçado pela baixa contribuição dos efeitos de coluna e linha na variância fenotípica total. Esse padrão está de acordo com estudos anteriores, como o de Haynes *et al.* (1996), que também relataram elevada contribuição do efeito genotípico na cor da polpa, avaliada com colorímetro.

A forte correlação entre os valores médios de b^* e as notas visuais (NCP) indica que as imagens podem ser utilizadas para avaliar a cor de polpa de tubérculos. Essa correspondência se repetiu entre anos e populações, inferindo sobre a robustez do canal b^* como indicador da coloração da polpa. Embora sejam escassos os relatos na literatura sobre o uso de imagens para avaliar a cor da polpa em tubérculos, resultados semelhantes já foram observados em outras culturas e caracteres relacionados a cor. Caraza-Harter & Endelman (2020) demonstraram a alta capacidade da luminosidade, croma e matiz para diferenciar clones de batata quanto à cor da periderme. Em feijão, Silva *et al.* (2024) utilizaram o canal L^* para discriminar cultivares com base na cor do tegumento com alta precisão.

Na POP1, a presença de distribuições bimodais refletiu o histórico de seleção aplicado aos genitores dessa população (Fernandes Filho *et al.*, 2021), que resultou na formação de dois grupos mais homogêneos quanto à coloração. Essa estrutura é típica de populações selecionadas, nas quais indivíduos com características intermediárias são eliminados, concentrando as frequências nos extremos (Fisher; Bensal; Zamir, 2017). Em contrapartida, a distribuição mais próxima de uma distribuição contínua na POP2 é esperada já que se trata de

painel diverso de clones. Essas diferenças nas distribuições reforçam a importância de conhecer o histórico das populações ao interpretar padrões.

Contudo, a principal contribuição deste trabalho é a demonstração de que a avaliação por imagens oferece maior precisão experimental em comparação à avaliação visual. Essa superioridade é evidenciada pelos valores de DPMC% e CV% consideravelmente menores para o canal b^* , sendo de três a onze vezes inferiores aos obtidos para NCP. Diferenças semelhantes também foram observadas nos desvios padrão dos contrastes (DPC) entre os tratamentos comuns (Atlantic e CBM16-16) e os demais clones, nos quais os erros associados à avaliação visual foram muito mais elevados. Esses resultados reforçam a robustez da avaliação por imagens como uma abordagem mais precisa, sensível e confiável.

Essas diferenças entre a magnitude dos parâmetros de precisão de b^* e NCP, estão diretamente relacionadas ao próprio método. Enquanto a avaliação visual da cor da polpa depende da percepção individual do avaliador, agregando subjetividade, a avaliação por imagens segue um padrão definido, tanto no momento da captura das imagens quanto nas etapas de processamento dos dados. Isso assegura maior reprodutibilidade e uniformidade nas análises, minimizando interferências externas e reduzindo o erro experimental. Assim, a avaliação de cor de polpa por imagens torna-se mais eficiente para detectar pequenas variações entre tratamentos, melhorando a estimação dos parâmetros genéticos.

As estimativas de herdabilidade para b^* acima de 0,75, indicam que a cor de polpa é fortemente influenciada por fatores genéticos. Esses resultados são compatíveis com o comportamento de outros caracteres de qualidade de tubérculos, como a coloração da periderme, que também apresenta herdabilidade moderada a alta (Caraza-Harter; Endelman, 2020). Além disso, para cor de polpa, estudos anteriores identificaram correlações positivas entre a intensidade do amarelo e o conteúdo total de carotenoides (Brown, 2005; Lu *et al.*, 2001), reforçando a associação entre a coloração da polpa e sua composição bioquímica. Ao avaliar as concentrações de zeaxantina e luteína em tubérculos com diferentes tonalidades de amarelo Haynes *et al.* (2011), obtiveram herdabilidades de 0,73 e 0,77. Esses resultados indicam que o canal b^* pode atuar como um preditor indireto do conteúdo de carotenoides nos tubérculos, hipótese a ser explorada em trabalhos futuros.

4.2 Análises conjuntas

As análises conjuntas reforçam a influência genética na coloração da polpa de batata, já observada nas análises individuais. A interação clones $\times$ anos foi não significativa na maioria dos cenários e, mesmo quando presente, apresentou baixa contribuição em relação à

variância atribuída aos clones. Desse modo, embora pequenas variações no desempenho dos clones possam ocorrer entre os anos, a cor de polpa se não apresenta grandes variações ao longo do tempo. Resultado semelhante foi relatado por Haynes et al. (1996), que observaram diferenças significativas entre ambientes para a intensidade da cor amarela da polpa, mas destacaram que a contribuição desse efeito foi pequena comparada ao efeito de clones.

As elevadas correlações entre anos indicam repetibilidade dos dados ao longo do tempo, sugerindo estabilidade no desempenho relativo dos genótipos. Essa consistência é desejada em programas de melhoramento, pois implica que clones com coloração intensa da polpa tendem a manter essa característica em diferentes ambientes. Embora a análise das médias ajustadas pelo teste de Wald tenha revelado diferença significativa entre os anos para o caráter b^* em ambas as populações ($P \leq 0,01$), essa variação refere-se às médias populacionais e pode estar associada a fatores como a redução no número de parcelas em 2024 (Tabela 1). Por outro lado, a ausência de diferença significativa para a NCP ($P > 0,05$) indica menor sensibilidade da avaliação visual em detectar variações sutis na intensidade da cor, captadas apenas pelos dados obtidos através da avaliação por imagens.

A superioridade da avaliação por imagens também se refletiu nos valores de DPMC, que foram menores para o canal b^* em relação à avaliação visual. Além disso, as herdabilidades ligeiramente mais altas para o canal b^* em comparação com a NCP indicam que a variabilidade genética foi melhor capturada pela avaliação baseada em imagens. Essa maior herdabilidade, aliada às elevadas acurácias seletivas, indica que os valores genéticos estimados são mais consistentes e representativos, contribuindo para maior precisão experimental e eficiência na seleção de genótipos superiores.

5 Conclusões

A avaliação por imagens tem forte associação com a avaliação visual, e é uma ferramenta válida na avaliação de cor de polpa dos tubérculos de batata. Além disso, o uso de imagens supera a avaliação visual em precisão experimental.

As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram ligeiramente maiores para b^* em comparação a NCP, evidenciando maior eficiência dessa variável na captura da variação genética relacionada à cor da polpa.

REFERÊNCIAS

- AHMED, S. S.; LOTT, M. N.; MARCUS, D. M. The Macular Xanthophylls. **Survey of Ophthalmology**, [s. l.], v. 50, n. 2, p. 183–193, 2005.
- BACKES, A. R.; JUNIOR, J. J. de M. S. **Introdução à visão computacional usando Matlab**. [S. l.]: Alta Books Editora, 2019.
- BRADSKI, G. The OpenCV Library. *Dr. Dobb's Journal of Software Tools*, setembro de 2000. Disponível em: <https://opencv.org>. Acesso em: julho de 2025.
- BROWN, C. R. Antioxidants in potato. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 82, n. 2, p. 163–172, 2005.
- BUHRIG, W. *et al.* The Influence of Ethephon Application Timing and Rate on Plant Growth, Yield, Tuber Size Distribution and Skin Color of Red LaSoda Potatoes. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 92, n. 1, p. 100–108, 2015.
- CARAZA-HARTER, M. V.; ENDELMAN, J. B. Image-based phenotyping and genetic analysis of potato skin set and color. **Crop Science**, [s. l.], v. 60, n. 1, p. 202–210, 2020.
- CAZZONELLI, C. I.; POGSON, B. J. Source to sink: regulation of carotenoid biosynthesis in plants. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 15, n. 5, p. 266–274, 2010.
- CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, [s. l.], v. 11, n. 4, p. 381–393, 2006.
- DARRIGUES, A. *et al.* Tomato Analyzer-color Test: A New Tool for Efficient Digital Phenotyping. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 133, n. 4, p. 579–586, 2008.
- FELDMAN, M. J. *et al.* A scalable, low-cost phenotyping strategy to assess tuber size, shape, and the colorimetric features of tuber skin and flesh in potato breeding populations. **The Plant Phenome Journal**, [s. l.], v. 7, n. 1, p. e20099, 2024.
- FERNANDES, A. M. *et al.* Qualidade físico-química e de fritura de tubérculos de cultivares de batata na safra de inverno. **Horticultura Brasileira**, [s. l.], v. 28, n. 3, p. 299–304, 2010.
- FERNANDES FILHO, C. C. *et al.* Selection of potato clones for heat tolerance and resistance to potato viruses X and Y for processing purposes. **Crop Science**, [s. l.], v. 61, n. 1, p. 552–565, 2021.
- FIEDOR, J.; BURDA, K. Potential Role of Carotenoids as Antioxidants in Human Health and Disease. **Nutrients**, [s. l.], v. 6, n. 2, p. 466–488, 2014.
- FILGUEIRA, F. A. R. Batata inglesa ou andina. **Batata Show**, [s. l.], v. 5, n. 13, p. 20–21, 2005.
- FISHER, J.; BENSAL, E.; ZAMIR, D. Bimodality of stable and plastic traits in plants. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 130, n. 9, p. 1915–1926, 2017.

FURBANK, R. T.; TESTER, M. Phenomics--technologies to relieve the phenotyping bottleneck. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 16, n. 12, p. 635–644, 2011.

GILMOUR, A. R. Echidna Mixed Models. Echidna Software, 2025.

GUEDES, M. L. *et al.* Escalas diagramáticas para avaliação do fenótipo de tubérculos de batata. **Cultura Agrônômica: Revista de Ciências Agrônômicas**, [s. l.], v. 29, n. 2, p. 274–288, 2020.

HARA-SKRZYPIEC, A. *et al.* QTL for tuber morphology traits in diploid potato. **Journal of Applied Genetics**, [s. l.], v. 59, n. 2, p. 123–132, 2018.

HAYNES, K. G. *et al.* Clone × Environment Interactions for Yellow-flesh Intensity in Tetraploid Potatoes. [s. l.], 1996. Disponível em: <https://journals.ashs.org/jashs/view/journals/jashs/121/2/article-p175.xml>. Acesso em: 25 jun. 2025.

HAYNES, K. G. *et al.* Inheritance of Carotenoid Content in Tetraploid × Diploid Potato Crosses. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 136, n. 4, p. 265–272, 2011.

HENDERSON, C. R.; HAZEL, L. N.; WELHAM, S. J.; LOUIS, J. H. The estimation of genetic parameters by restricted maximum likelihood. **Biometrika**, v. 46, n. 3-4, p. 355-366, 1959.

LU, W. *et al.* Carotenoid Content and Color in Diploid Potatoes. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 126, n. 6, p. 722–726, 2001.

MILLER, M. D. *et al.* TubAR: an R Package for Quantifying Tuber Shape and Skin Traits from Images. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 100, n. 1, p. 52–62, 2023.

OTSU, N. A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics**, v. 9, n. 1, p. 62-66, 1979.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, [s. l.], v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

PINTO, C. A. *et al.* Potencial de clones elite de batata como novas cultivares para Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, [s. l.], v. 28, n. 4, p. 399–405, 2010.

POLAND, J. A.; NELSON, R. J. In the Eye of the Beholder: The Effect of Rater Variability and Different Rating Scales on QTL Mapping. **Phytopathology®**, [s. l.], v. 101, n. 2, p. 290–298, 2011.

QIN, R. *et al.* Effect of foliar application of 2,4-D and calcium on red-skinned potato cultivars. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 113, n. 1, p. 88–98, 2021.

QU, L. *et al.* Potato: from functional genomics to genetic improvement. **Molecular Horticulture**, [s. l.], v. 4, n. 1, p. 34, 2024.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org>. Acesso em: julho de 2025.

- RESENDE, M. D. V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. **Embrapa Informação Tecnológica**, Brasília. 2002. 975 p.
- ROCHA, D. S.; REED, E. Pigmentos Naturais em Alimentos e sua Importância para a Saúde. **Revista Estudos - Revista de Ciências Ambientais e Saúde (EVS)**, [s. l.], v. 41, n. 1, p. 76–85, 2014.
- SERNA SALDÍVAR, S. R. O. (org.). **Snack foods: processing, innovation, and nutritional aspects**. First editioned. Boca Raton: CRC Press/Taylor & Francis Group, 2022.
- SI, Y. *et al.* Image-based automated potato tuber shape evaluation. **Journal of Food Measurement and Characterization**, [s. l.], v. 12, n. 2, p. 702–709, 2018.
- SILVA, L. C. D. *et al.* Computer vision for assessment the seed coat color of carioca common beans. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 116, n. 5, p. 2141–2150, 2024.
- SILVA, T.A. **Melhoramento genético de batata para processamento na forma de palitos pré-fritos**. 2019. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.
- STURARO, M. Carotenoids in Potato Tubers: A Bright Yellow Future Ahead. **Plants**, [s. l.], v. 14, n. 2, p. 272, 2025.
- VAN ROSSUM, G. Python tutorial. **Centrum voor Wiskunde en Informatica (CWI)**, 1995.
- VINCI, R. M. *et al.* Effective quality control of incoming potatoes as an acrylamide mitigation strategy for the French fries industry. **Food Additives & Contaminants: Part A**, [s. l.], v. 27, n. 4, p. 417–425, 2010.
- WALTER, A.; LIEBISCH, F.; HUND, A. Plant phenotyping: from bean weighing to image analysis. **Plant Methods**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 14, 2015.
- ZHANG, Y.; JUNG, C. S.; DE JONG, W. S. Genetic analysis of pigmented tuber flesh in potato. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 119, n. 1, p. 143–150, 2009.

Artigo 2 - Elaborado conforme a norma NBR 6022	
Título do artigo:	Avaliação por imagens do formato de tubérculos de batata na estimação de parâmetros genéticos.
Autores:	Roberto Henrique de Lima Ribeiro, Vinícius Quintão Carneiro, Tiago de Souza Marçal.



ARTIGO 2 – AVALIAÇÃO POR IMAGENS DO FORMATO DE TUBÉRCULOS DE BATATA NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS

IMAGE-BASED EVALUATION OF POTATO TUBER SHAPE FOR THE ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS

Roberto Henrique de Lima Ribeiro

<https://orcid.org/0009-0005-4362-4811>

Vinícius Quintão Carneiro

<https://orcid.org/0000-0001-9697-1423>

Tiago de Souza Marçal

<https://orcid.org/0000-0002-4262-9611>

Resumo: O formato dos tubérculos é um caráter relevante no melhoramento de batata. Normalmente, é avaliado visualmente ou por medições manuais, limitando a precisão e a escalabilidade das análises. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo desenvolver e validar uma metodologia baseada em imagens para a estimação de parâmetros genéticos na avaliação do formato de tubérculos de batata. Foram conduzidos dois experimentos nas safras de invernos de 2023 e 2024, e foram avaliados quanto a cor de polpa um tubérculo por parcela. As imagens capturadas foram processadas para obtenção das razões de diâmetros (RDs) médios e foram atribuídas notas visuais (NFT) para cada parcela. As altas correlações entre RD e NFT indicaram forte associação entre os métodos. A avaliação por imagens apresentou coeficientes de variação em média cinco vezes menores para RD em comparação à NFT, evidenciando maior precisão experimental. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram consistentemente superiores para RD em todos os cenários. Além disso, contribuição da interação $G \times A$ ao longo dos anos não representou uma parte considerável da variação fenotípica observada. Conclui-se que a avaliação por imagens para formato oferece maior precisão experimental que a avaliação visual, fornecendo estimativas mais confiáveis dos parâmetros genéticos.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L.; Fenômica; Precisão experimental.

Abstract: Tuber shape is a relevant trait in potato breeding. It is usually evaluated visually or through manual measurements, which limits the precision and scalability of analyses. In this context, the present study aimed to develop and validate an image-based methodology for estimating genetic parameters in the evaluation of potato tuber shape. Two experiments were conducted during the 2023 and 2024 winter seasons, and one tuber per plot was evaluated for flesh color. The captured images were processed to obtain mean diameter ratios (RD), and visual scores (NFT) were assigned to each plot. The high correlations between RD and NFT indicated a strong association between the methods. Image-based evaluation showed

¹Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas

coefficients of variation on average five times lower for RD compared to NFT, demonstrating greater experimental precision. Estimates of heritability and selective accuracy were consistently higher for RD across all scenarios. In addition, the contribution of G×E interaction over the years did not represent a considerable portion of the observed phenotypic variation. It is concluded that image-based evaluation of shape provides greater experimental precision than visual evaluation, providing more reliable estimates of genetic parameters.

Keywords: *Solanum tuberosum*; L.; Phenomics; Tuber shape; Experimental precision.

¹Artigo científico apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas

1 Introdução

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é a hortaliça mais cultivada e consumida no mundo (FAO, 2020). Destaca-se economicamente por atender à diferentes segmentos de mercado, desde o consumo *in natura* até a indústria de processamento. Desde o início do século XXI, o consumo de alimentos processados tem aumentado, motivado por mudanças nos hábitos alimentares e pela busca por praticidade (Huebbe; Rimbach, 2020). Apesar disso, a produção nacional é majoritariamente destinada ao consumo *in natura*. De acordo com a Embrapa (2020), apenas 15% da batata produzida no Brasil é destinada ao processamento, enquanto a maior parte da produção é consumida *in natura*.

No melhoramento genético de batata para a indústria, os principais critérios de seleção estão associados ao rendimento e qualidade do produto final, como o teor de matéria seca e a concentração de açúcares redutores (Rommens *et al.*, 2010). No entanto, o formato dos tubérculos também é um caráter de grande importância, pois auxilia na segmentação de mercado de novos clones. Para a produção de *chips*, são preferidos tubérculos redondo, pois podem ser seccionados em qualquer direção e oferecem maior resistência no transporte (Tao *et al.*, 1995). Na fabricação de palitos pré-fritos congelados, o formato alongado é o mais indicado, por possibilitar o corte de palitos mais longos e com melhor aproveitamento (Silva, 2019). Já no mercado *in natura*, os tubérculos com formato oval são mais valorizados, associados à qualidade visual e à padronização do produto.

O formato é determinado por interações entre fatores genéticos, fisiológicos e ambientais que afetam a divisão e a expansão celular durante o crescimento (Eck, 2007; Reeve; Hautala; Weaver, 1969). A temperatura, o tipo de solo, a irrigação e a idade do tubérculo-mãe contribuem para a diversidade de formas observada no campo (Bisognin, 2009; Robins; Domingo, 1956). Do ponto de vista genético, estudos de mapeamento identificaram QTLs associados ao formato distribuídos em diversos cromossomos (I, II, IV, X), sendo o mais expressivo localizado no cromossomo X, responsável por 75% da variação fenotípica observada. Nesse cromossomo se encontra o *locus Ro*, em que o alelo *Ro* (redondo) é dominante sobre o *ro* (alongado). Enquanto a ocorrência de fenótipos intermediários sugerem a existência de múltiplos alelos e a ação de genes modificadores (Hara-Skrzypiec *et al.*, 2018; Eck, 2007; Zhu *et al.*, 2015).

Apesar dessa complexidade fenotípica, os programas de melhoramento ainda avaliam o formato de forma visual. Embora a avaliação por notas seja simples e de fácil interpretação, esse método é categórico e subjetivo, e não captura a variação contínua presente nas

populações segregantes (Poland; Nelson, 2011). O formato também pode ser mensurado pela razão comprimento/largura, obtida com paquímetro, classificando os tubérculos como redondos (razão $\leq 1,2$), ovais ($1,2 < \text{razão} < 1,5$) ou alongados (razão $\geq 1,5$) (Chen *et al.*, 2019; Neilson *et al.*, 2021). Embora essa ferramenta ofereça maior precisão (Buhrig *et al.*, 2015), sua aplicação em larga escala é inviável, pois requer medições individuais dos tubérculos, demandando muito tempo e mão de obra.

Nesse contexto, a avaliação por imagens surge como alternativa promissora, unindo agilidade e precisão (Furbank; Tester, 2011). Diferentes abordagens têm demonstrado sua eficácia na avaliação de caracteres importante no melhoramento de batata. Como Feldman *et al.* (2024) que demonstraram que a visão computacional permite mensurar múltiplos caracteres de forma simultânea, como formato, defeitos fisiológicos e cor. Si *et al.* (2018) desenvolveram um método de alto rendimento para estimar a razão comprimento/largura (C/L), com acurácia superior a 94%. Neilson *et al.* (2021) reforçaram a aplicabilidade da técnica ao prever, com até 86% de acurácia, o desempenho de genótipos em campo com base em imagens obtidas em casa de vegetação. A incorporação dessas técnicas pode, além de aumentar a precisão experimental, auxiliar na compreensão sobre a variabilidade fenotípica e o controle genético do formato dos tubérculos (Furbank; Tester, 2011; Neilson *et al.*, 2021).

Para que o uso de imagens seja incorporado de maneira confiável aos programas de melhoramento, é imprescindível validar sua aplicação com base na capacidade dos dados em representar com fidelidade a variabilidade genética e em discriminar eficientemente os diferentes clones. Essa validação deve considerar a associação entre dados de imagem e notas visuais, as estimativas parâmetros genéticos, como herdabilidade e acurácia seletiva, além de indicadores de precisão experimental, tais como desvios padrão médios e coeficientes de variação. Assim, o presente trabalho teve como objetivo desenvolver e validar uma metodologia baseada em imagens para a estimação de parâmetros genéticos na avaliação do formato de tubérculos de batata.

2 Material e métodos

2.1 Clones avaliados

Foram avaliadas duas populações, POP1 e POP2, pertencentes ao germoplasma do Programa de Melhoramento Genético de Batata da Universidade Federal de Lavras (Probatata – UFLA). A descrição das populações, bem como o detalhamento da condução dos experimentos, encontra-se na seção 2.1 do primeiro artigo deste trabalho.

Ao todo, quatro experimentos foram conduzidos nas safras de inverno de 2023 e 2024, utilizando o delineamento parcialmente replicado (P-REP), com a proporção de tratamentos replicados (p_N) variando entre 30,00% e 42,62% (Cullis; Smith; Coombes, 2006) (Tabela 1).

Tabela 1 - Descrição geral dos experimentos de campo.

Experimento [†]	Número de níveis						p_N^s
	Linha	Coluna	Família	Clone	Testemunhas	Parcela	
POP1(23)	9	50	10	209	3	348	39,08
POP1(24)	18	14	9	166	2	240	30,00
POP2(23)	15	38	175	304 ⁽⁵⁾	3	535	42,62
POP2(24)	18	25	180	290 ⁽¹⁵⁾	4	448	34,38

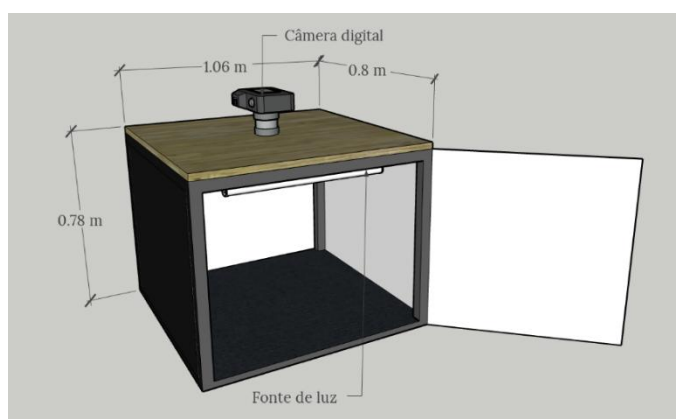
[†]Experimentos conduzidos com duas populações (POP1 e POP2) em dois anos (2023 e 2024).
^sPorcentagem das parcelas experimentais ocupadas por clones repetidos, dada pela expressão: $p = (N - N_{trat})/N$, em que N é o número de parcelas e N_{trat} é o número de tratamentos. Os índices ⁽⁵⁾ e ⁽¹⁵⁾ indicam quantas unidades do total de níveis são representados por clones externos ao programa de melhoramento de batata da UFLA (5 e 15).

2.2 Avaliação do formato de tubérculos

As avaliações de formato por imagens foram realizadas em dois anos, no pós-colheita das safras de inverno de 2023 e 2024. Todos os tubérculos de cada parcela foram dispostos sobre um fundo de tecido não tecido (TNT) preto e opaco (Figura 2). Em casos excepcionais, a parcela foi registrada em duas imagens consecutivas.

As imagens foram capturadas em um estúdio fotográfico de estrutura metálica revestido de lona reflexiva e equipado com duas lâmpadas de LED branco frio de 9W, 900 lm (Figura 1). Utilizou-se uma câmera fotográfica Canon EOS 60D, equipada com uma lente Canon Zoom Lens EF-S 18-35 mm. A câmera foi configurada para capturar imagens no formato “.jpeg”, com ISO 200, abertura do diafragma em f/10 e tempo de exposição de 1/13 s.

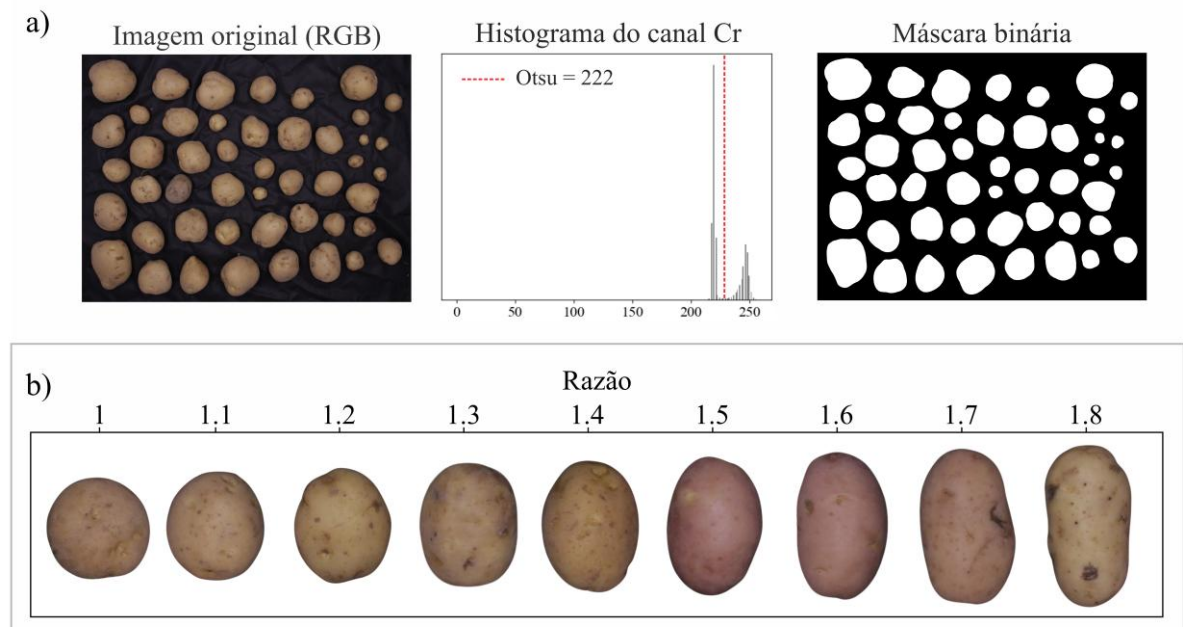
Figura 1 - Estúdio fotográfico de lona reflexiva.



Fonte: elaboração própria.

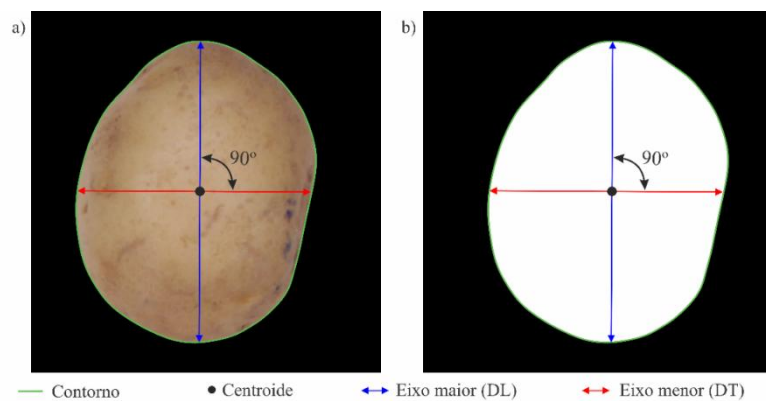
As imagens foram processadas para remoção do fundo e obtenção das dimensões dos tubérculos, ambas as etapas foram realizadas utilizando a linguagem *Python* (Van Rossum, 1995). Para a segmentação, utilizou-se a biblioteca *OpenCV* (Bradski, 2000) para conversão do espaço de cor RGB para YCrCb, seguida da aplicação do método de limiarização de Otsu (Otsu, 1979) no canal Cr, selecionado por apresentar o melhor contraste entre os tubérculos e o fundo, resultando na obtenção de uma máscara binária (Figura 2a).

Figura 2 – Segmentação de imagem pelo método de Otsu sobre o canal Cr (YCrCb). b) Gradiente de razão de diâmetros (RD) obtido através dos eixos menor e maior



Fonte: elaboração própria.

Figura 3 - Projeção dos eixos maior e menor obtidos através de análise de imagens. a) Projeção dos eixos sobre o tubérculo. b) Projeção dos eixos sobre a máscara binária.



Fonte: elaboração própria.

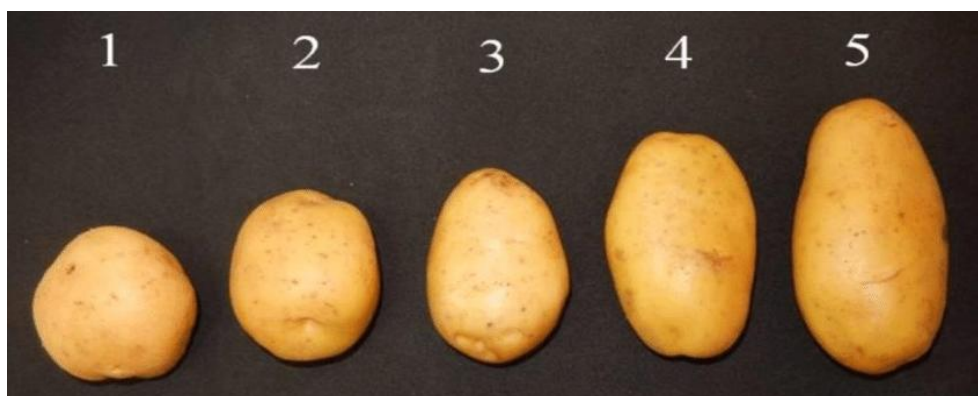
Utilizou-se a biblioteca *Scikit-image* (Van der Walt et al., 2014) para calcular as propriedades geométricas dos objetos segmentados. O eixo maior (diâmetro longitudinal) foi determinado como a maior distância entre dois pontos no contorno da máscara de cada tubérculo, passando pelo centroide. Já o eixo menor (diâmetro transversal) foi obtido perpendicularmente ao eixo maior, também passando pelo centróide (Figura 3).

O diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) de cada tubérculo foram utilizados para obtenção da razão de diâmetros (RD) (Figura 2b) conforme descrito na Equação 1. Uma RD foi calculada para cada tubérculo, entretanto, foi adotada a média de RDs de todos os tubérculos para representar cada imagem. Nos casos em que a parcela era composta por mais de uma imagem, a nota média de RD entre as imagens foi utilizada para representar a parcela.

$$RD = \frac{DL}{DT} \quad (1)$$

Para a validação, as imagens foram submetidas a avaliação visual de formato, em que foram atribuídas notas individuais por três avaliadores, variando entre 1 e 5. Foi utilizada a escala diagramática proposta por Guedes *et al.* (2020) que classifica o formato em: 1 - redondo; 2 - redondo/oval; 3 - oval; 4 - oval/alongado; e 5 - alongado (Figura 4).

Figura 4 – Escala para formato de tubérculos.



Fonte: Adaptado de Guedes et al. (2020).

Foi obtida a média das notas dos três avaliadores para cada parcela, e nos casos em que uma parcela era composta por mais de uma imagem, foi obtida a nota média entre as imagens. A nota visual média entre os avaliadores para formato dos tubérculos (NFT) foi correlacionada, a nível de tratamento com os valores médios de razão de diâmetros (RD) por meio da correlação de Pearson.

2.3 Análises estatísticas

As estimativas dos componentes de variância do modelo apresentado na Tabela 2 foram obtidas pelo método REML (Patterson; Thompson, 1971). Os EBLUPs (*Empirical Best Linear Unbiased Predictors*) foram preditos com base nas equações dos modelos mistos de Henderson (Henderson et al., 1959).

2.3.1 Análises individuais

Considerando um teste clonal, com as parcelas organizadas em l linhas e c colunas, a forma matricial do modelo linear misto é descrita na Equação 1.

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_l\mathbf{u}_l + \mathbf{Z}_c\mathbf{u}_c + \mathbf{e} \quad (1)$$

em que $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, com N indicando o número de parcelas; $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$ é um vetor em que todos os elementos são iguais a um; $\mu^{(1 \times 1)}$ é o intercepto; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios genotípicos de clones associado a matriz $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, sendo g o número de clones; $\mathbf{u}_l^{(l \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_l^{(N \times l)}$, em que l é o número de linhas; $\mathbf{u}_c^{(c \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_c^{(N \times c)}$, em que c é o número de colunas; e $\mathbf{e}$ é o vetor aleatório de erros.

Considerou-se que os vetores de efeitos aleatórios $\mathbf{u}_g$, $\mathbf{u}_l$, $\mathbf{u}_c$, e $\mathbf{e}$ foram mutuamente independentes e apresentaram distribuição Gaussiana multivariada, com média zero e matrizes de (co)variância $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_l) = \mathbf{G}_l$, $\text{var}(\mathbf{u}_c) = \mathbf{G}_c$, $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As estruturas dessas matrizes de (co)variância do modelo encontram-se descritas na Tabela 2.

Tabela 2 - Estruturas de (co)variância do modelo ajustado

(co)variância matriz ¹	Modelo
$\mathbf{G}_g$	$\sigma_g^2 \mathbf{I}_g$
$\mathbf{G}_l$	$\sigma_l^2 \mathbf{I}_l$
$\mathbf{G}_c$	$\sigma_c^2 \mathbf{I}_c$
$\mathbf{R}$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$

¹ $\mathbf{G}_g$, $\mathbf{G}_l$, $\mathbf{G}_c$, e $\mathbf{R}$: matrizes de (co)variância associadas aos efeitos de genótipo, linha, coluna, e erro, respectivamente; σ_g^2 , σ_l^2 , σ_c^2 , e σ_e^2 componentes de variância associados a genótipo, linha, coluna, e erro, respectivamente; $\mathbf{I}_g$, $\mathbf{I}_l$, $\mathbf{I}_c$, $\mathbf{I}_N$ são matrizes identidade associadas a genótipo, linha, coluna, e erro, respectivamente.

Foi testada a significância da variância genotípica com base no Teste da razão de verossimilhança (Likelihood Ratio Test, LRT) descrito na Equação 2.

$$LRT = -2\ln\left(\frac{\ell_1}{\ell_2}\right) \quad (2)$$

Em que ℓ_1 é o ponto máximo da função de log-verossimilhança residual do modelo reduzido, e ℓ_2 é o ponto de máximo da função de log-verossimilhança residual do modelo completo.

2.3.2 Análises conjuntas

Para a análise conjunta considerando os dois anos apresentado na Equação 3, que captura a interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ E).

$$\mathbf{y} = \mathbf{1}\mu + \mathbf{X}_a\boldsymbol{\tau}_a + \mathbf{Z}_g\mathbf{u}_g + \mathbf{Z}_{ga}\mathbf{u}_{ga} + \mathbf{Z}_l\mathbf{u}_l + \mathbf{Z}_c\mathbf{u}_c + \mathbf{e} \quad (3)$$

em que $\mathbf{y}^{(N \times 1)}$ é o vetor de observações fenotípicas, com N indicando o número de parcelas; $\mathbf{1}^{(N \times 1)}$ é um vetor em que todos os elementos são iguais a um; $\mu^{(1 \times 1)}$ é o intercepto; $\boldsymbol{\tau}_a$ é o vetor de efeitos fixos dos anos, associado à matriz $\mathbf{X}_a^{(N \times a)}$; a é o número de anos; $\mathbf{u}_g^{(g \times 1)}$ é o vetor de efeitos genotípicos aleatórios dos clones, associado à matriz $\mathbf{Z}_g^{(N \times g)}$, onde g é o número de clones; $\mathbf{u}_{ga}$ é o vetor de efeitos aleatórios de interação associado à matriz $\mathbf{Z}_{ga}^{(N \times ga)}$, onde g é o número de clones e a é o número de anos; $\mathbf{u}_l^{(l \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_l^{(N \times l)}$, em que l é o número de linhas; $\mathbf{u}_c^{(c \times 1)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de linhas associado a matriz $\mathbf{Z}_c^{(N \times c)}$, em que c é o número de colunas; e $\mathbf{e}$ é o vetor aleatório de erros.

Considerou-se que os vetores de efeitos aleatórios $\mathbf{u}_g$, $\mathbf{u}_{ga}$, $\mathbf{u}_l$, $\mathbf{u}_c$, e $\mathbf{e}$ foram mutuamente independentes e apresentaram distribuição Gaussiana multivariada, com média zero e matrizes de (co)variância, $\text{var}(\mathbf{u}_g) = \mathbf{G}_g$, $\text{var}(\mathbf{u}_{ga}) = \mathbf{G}_{ga}$, $\text{var}(\mathbf{u}_l) = \mathbf{G}_l$, $\text{var}(\mathbf{u}_c) = \mathbf{G}_c$, $\text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{R}$. As estruturas dessas matrizes de (co)variância do modelo estão descritas na Tabela 3.

Tabela 3 - Estruturas de (co)variância do modelo ajustado

(co)variância matriz ¹	Modelo
$\mathbf{G}_g$	$\sigma_g^2 \mathbf{I}_g$
$\mathbf{G}_{ga}$	$\sigma_{ga}^2 \mathbf{I}_{ga}$
$\mathbf{G}_l$	$\sigma_l^2 \mathbf{I}_l$
$\mathbf{G}_c$	$\sigma_c^2 \mathbf{I}_c$
$\mathbf{R}$	$\sigma_e^2 \mathbf{I}_N$

¹ $\mathbf{G}_g$, $\mathbf{G}_{ga}$, $\mathbf{G}_l$, $\mathbf{G}_c$ e $\mathbf{R}$: matrizes de (co)variância associadas aos efeitos de genótipo, interação genótipo $\times$ ambiente, linha, coluna, e erro, respectivamente; σ_g^2 , σ_{ga}^2 , σ_l^2 , σ_c^2 , e σ_e^2 componentes de variância associados a genótipo, interação genótipo $\times$ ambiente, linha, coluna, e erro, respectivamente; $\mathbf{I}_g$, $\mathbf{I}_{ga}$, $\mathbf{I}_l$, $\mathbf{I}_c$, $\mathbf{I}_N$ são matrizes identidade associadas a genótipo, interação genótipo $\times$ ambiente, linha, coluna, e erro, respectivamente

A estimação dos componentes de variância, a predição dos EBLUPs e o teste da significância da variância genotípica, realizados por meio do método REML e do teste da

razão de verossimilhança (LRT), procedimentos igualmente necessários nesta etapa da análise, foram previamente descritos na Seção 2.3.1.

Adicionalmente, foi calculada a correlação entre anos com base no modelo de simetria composta, utilizando a razão entre a variância genotípica e a soma da variância genotípica com a interação genótipo $\times$ ano (Equação 4), conforme proposto por Resende (2002).

$$r = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_{ga}^2} \quad (4)$$

em que σ_g^2 é a variância genotípica e σ_{ga}^2 é a variação da interação entre genótipo $\times$ ano.

2.3.3 Correlação, Herdabilidade e precisão experimental

A validação do uso de imagens para avaliação de formato dos tubérculos foi realizada por meio da correlação linear de Pearson entre as médias dos tratamentos obtidas por NFT e pela média dos valores de RD.

A herdabilidade no sentido amplo para o efeito de genótipo foi calculada de acordo com a Equação 5 (Cullis; Smith; Coombes, 2006).

$$H^2 = 1 - \frac{\bar{v}_{APPEV\ g}}{2\sigma_g^2} \quad (5)$$

em que $\bar{v}_{APPEV}$ é a média da variância do erro de predição entre pares para o efeito de genótipos, e σ_g^2 é a variância genotípica.

O coeficiente de variação (CV%) foi calculado de acordo com a Equação 6.

$$CV\% = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu} \times 100 \quad (6)$$

em que σ_e^2 é a variância residual e μ é a média do caráter.

O desvio padrão médio dos contrastes entre pares de tratamentos (DPMC) foi calculado de acordo com a Equação 7.

$$C_{i\ vs\ \bullet} = \bar{y}_{i\bullet} - \bar{y}_{\bullet\bullet} \quad (7)$$

$$\text{var}(C_{i\ vs\ \bullet})^{1/2} = \text{var}(\bar{y}_{i\bullet} - \bar{y}_{\bullet\bullet})^{1/2} \quad (8)$$

$$\text{var}(\bar{y}_{i\bullet} - \bar{y}_{\bullet\bullet}) = \text{var}(\bar{y}_{i\bullet}) + \text{var}(\bar{y}_{\bullet\bullet}) - 2\text{cov}(\bar{y}_{i\bullet}, \bar{y}_{\bullet\bullet}) \quad (9)$$

em que $C_{i\ vs\ \bullet}$ é o contraste entre a média do clone i ($\bar{y}_{i\bullet}$) e o clones ($\bar{y}_{\bullet\bullet}$); $\text{var}()$ and $\text{cov}()$ representam os operadores de variância e covariância.

A estimativa do desvio padrão do contraste $C_{i\ vs\ \bullet}$ requer as variâncias e covariâncias dos termos. Assim, esses termos podem ser obtidos facilmente usando a equação (10).

$$\text{var}(\mathbf{L}_c \boldsymbol{\tau}) = \mathbf{L}_c (\mathbf{X}^T \mathbf{V}^{-1} \mathbf{X})^{-1} \mathbf{L}_c^T \quad (10)$$

$$\mathbf{V} = \mathbf{R} \quad (11)$$

Em que $\mathbf{X}^{(N \times N\tau)}$ é a matriz de incidência dos efeitos fixos, com $\mathbf{X}^T = (\mathbf{1}, \mathbf{X}_c, \mathbf{X}_b)^T$ nas análises individuais $\mathbf{X}^T = (\mathbf{1}, \mathbf{X}_c, \mathbf{X}_{ce}, \mathbf{X}_b)^T$ nas análises conjuntas. $\mathbf{V}^{(N \times N)}$ representa a matriz de (co)variância do vetor $\mathbf{y}$, enquanto $\mathbf{R}^{(N \times N)}$ é a matriz de (co)variância de resíduos $\mathbf{e}$.

O desvio padrão médio dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos tratamentos (DPMC, %), foi calculado de acordo com a Equação 12.

$$DPMC (\%) = \frac{DPMC}{\mu} \times 100 \quad (12)$$

A acurácia dos efeitos de genótipos foi calculada de acordo com a Equação 13.

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \frac{\bar{v}_{APEVg}}{\sigma_g^2}} \quad (13)$$

em que $r_{\hat{g}g}$ é a acurácia entre os efeitos genotípicos preditos ($\hat{g}$) e os efeitos genotípicos reais (g), σ_g^2 é a variância genotípica e $\bar{v}_{APEV}$ é a média da variância do erro de predição para o efeito de genótipos.

As análises foram realizadas com auxílio dos softwares Echidna Mixed Models (Gilmour, 2025) e R (R Core Team, 2025).

3 Resultados

3.1 Análises individuais

O efeito de clones foi significativo ($P < 0,01$) tanto RD quanto para NFT em ambas as populações (POP1 e POP2) e nos dois anos avaliados (2023 e 2024). Esse efeito representou a maior parte da variância fenotípica observada, com valores entre 73,19% e 89,73% para RD e 51,35% e 81,01% para NFT (Tabela 2).

O efeito de linhas e colunas foi não significativo, com exceção de alguns casos pontuais em 2023 para RD e NFT, entretanto, a contribuição do efeito de linhas foi inferior a 3,59%. De forma semelhante, a maior contribuição observada para colunas ocorreu na POP1 avaliada em 2023, atingindo 9,49%. Ainda assim, esse valor é pequeno quando comparado com o respectivo efeito de clones (62,95%).

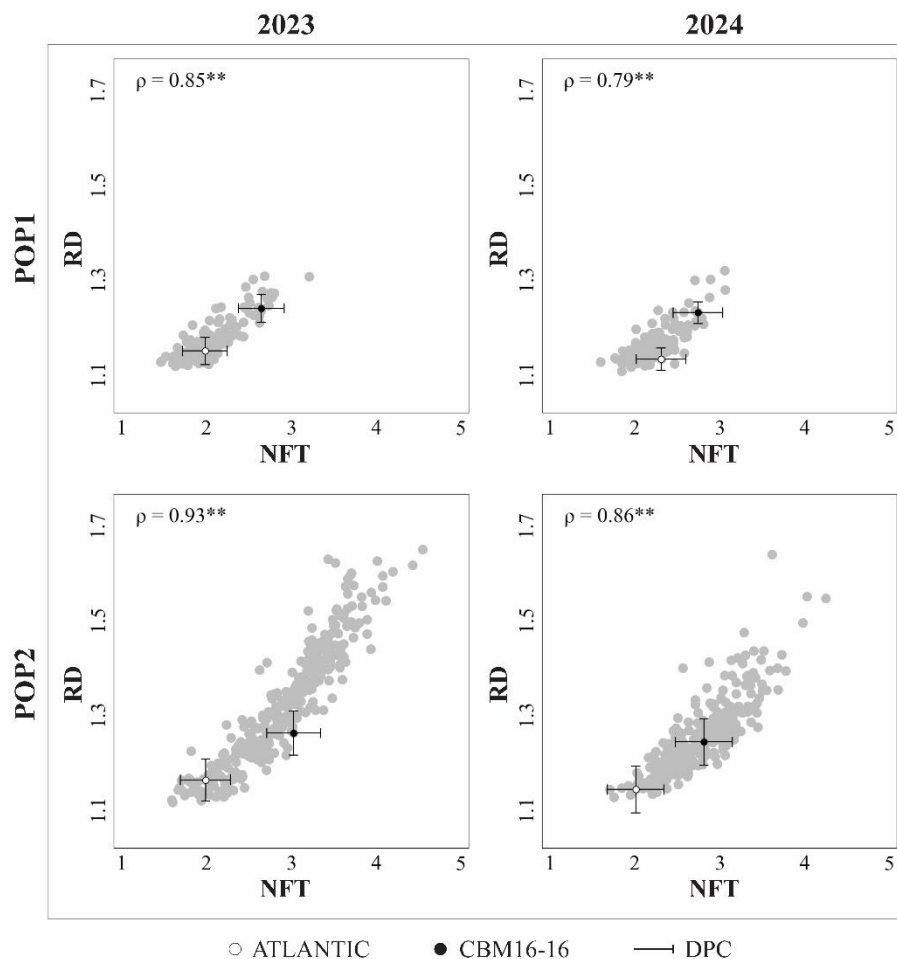
Tabela 2 - Contribuição relativa (%) dos componentes de variância dos efeitos de clones, linhas, colunas e resíduos para a variância fenotípica, nas análises individuais (por ano), referente a razão de diâmetros (RD) e à nota de avaliação visual do formato dos tubérculos (NFT). Também são apresentadas as estimativas de mínimo, média geral, máximo, desvio padrão médio dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos clones (DPMC, %), coeficiente de variação experimental (CV, %), herdabilidade (H^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$).

Efeito	RD				NFT			
	POP1		POP2		POP1		POP2	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024	2023	2024
Clones	73,19 ^{**}	77,15 ^{**}	89,73 ^{**}	77,48 ^{**}	62,95 ^{**}	51,35 ^{**}	81,01 ^{**}	68,60 ^{**}
Linhas	0,48 ^{ns}	1,25 ^{ns}	1,42 ^{**}	0,00 ^{ns}	3,59 [*]	0,00 ^{ns}	1,28 [*]	0,00 ^{ns}
Colunas	4,75 ^{ns}	1,06 ^{ns}	1,10 [*]	0,21 ^{ns}	9,49 ^{**}	0,99 ^{ns}	0,01 ^{ns}	1,73 ^{ns}
Resíduos	21,58	20,54	7,76	22,31	23,97	47,66	17,70	29,66
Mínimo	1,08	1,08	1,08	1,07	1,17	1,00	1,17	1,00
Média	1,15	1,15	1,30	1,23	2,08	2,22	2,88	2,76
Máximo	1,34	1,34	1,71	1,73	3,92	3,83	4,83	5,00
DPMC (%)	3,39	2,27	4,54	4,39	16,70	14,25	12,65	13,21
CV (%)	2,17	1,84	2,96	3,82	11,68	14,68	10,22	12,11
H^2	0,64	0,80	0,90	0,81	0,61	0,56	0,83	0,74
$r_{\hat{g}g}$	0,88	0,90	0,97	0,91	0,85	0,76	0,93	0,86

Significância pelo teste da razão de verossimilhanças: p-valor $\leq 0,01$ “***”, $0,05 \leq$ p-valor $< 0,01$ “*” e p-valor $> 0,05$ não significativo “ns”.

De acordo com os valores obtidos pela correlação de Pearson, os valores para RD e NFT variaram de 0,79 a 0,93 em todas as combinações entre populações e anos (Figura 5). Foi observado que as correlações entre RD e NFT foram menores em 2024 quando comparadas a 2023.

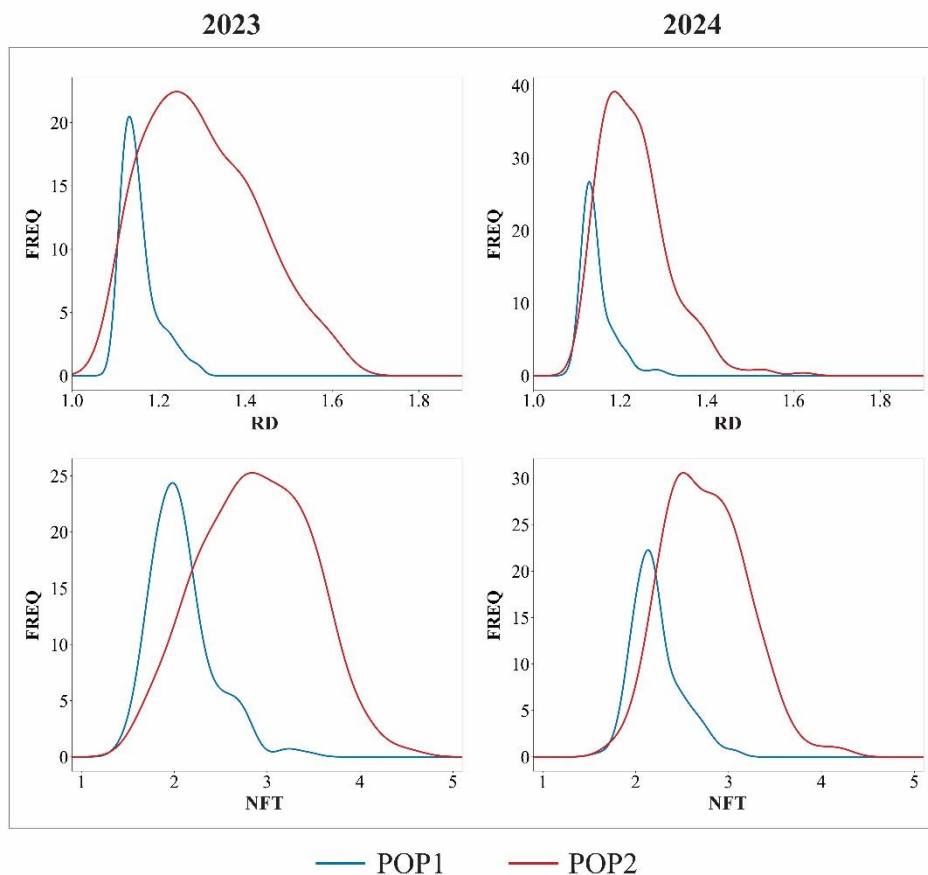
Figura 5 – Correlações entre as médias dos tratamentos para os caracteres RD e NFT. As barras indicam o desvio padrão médio dos contrastes entre pares de tratamentos com a cultivar Atlantic e o clone CBM16-16. Observa-se menor DPC para RD nas avaliações por imagem.



Fonte: elaboração própria.

A amplitude dos valores obtidos para RD foi entre 1,07 e 1,73, refletindo grande variabilidade fenotípica, conforme o gradiente de formato ilustrado na Figura 2b (Seção 2.2). As médias situaram-se entre 1,15 (POP1) e 1,30 (POP2). Para NFT, os valores abrangeram os limites inferior e superior da escala de notas (1,00 a 5,00), com médias variando de 2,08 a 2,88. Os histogramas de frequência revelaram distribuições unimodais para ambas as populações, em todos os anos e caracteres avaliados. De modo geral, observou-se um deslocamento das distribuições para a esquerda, com maior concentração de indivíduos apresentando menores valores para RD, sendo a amplitude dessa variação mais restrita na POP1 em comparação à POP2. No caso da NFT, a POP2 apresentou tendência de concentração de genótipos em faixas intermediárias da escala, enquanto a distribuição da POP1 seguiu padrão semelhante ao observado para RD.

Figura 6 – Histogramas de frequência (FREQ) para os caracteres RD e NFT nas populações POP1 e POP2, nos anos de 2023 e 2024



Fonte: elaboração própria.

Os valores de DPMC (%) para RD variaram entre 2,27% e 4,54%, e entre 12,65% e 16,70% para NFT. O mesmo padrão foi observado CV (%), com valores significativamente mais baixos para RD (1,84% a 3,82%) do que para NFT (10,22% a 14,68%). Vale destacar que os CVs para NFT foram ligeiramente maiores em 2024 quando comparado a 2023 nas duas populações, enquanto para RD, isso só aconteceu na POP2.

As estimativas de herdabilidade (H^2) também foram superiores para RD, variando de 0,64 a 0,90, em comparação aos valores de NFT, que oscilaram entre 0,56 e 0,83. Em todos os experimentos, os maiores valores de H^2 estiveram associados à RD, sempre acompanhados de baixos DPMC% e CV%.

A acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$) apresentou valores elevados na maioria dos cenários, variando de 0,76 a 0,97. Na maior parte dos casos, os valores foram iguais ou superiores a 0,90, com exceção de NFT em POP2 no ano de 2024, cuja $r_{\hat{g}g}$ foi de 0,76, ainda classificada como alta. Observou-se também que para NFT, as $r_{\hat{g}g}$ foram menores para as duas

populações em 2024 quando comparada a 2023, enquanto para RD, isso aconteceu somente na POP2.

3.2 Análises conjuntas

O efeito de clones foi significativo ($P < 0,01$) para ambos os caracteres (RD e NFT) nas duas populações (POP1 e POP2). Sua contribuição variou entre 39,73% e 61,36% (Tabela 3), indicando que uma grande parte da variância fenotípica é atribuída às diferenças genéticas entre os clones avaliados.

Tabela 3 - Contribuição relativa (%) dos componentes de variância dos efeitos de clones, interação clones $\times$ anos, linhas, colunas e resíduos para a variância fenotípica, nas análises conjuntas, referente a razão de diâmetros (RD) e à nota de avaliação visual do formato dos tubérculos (NFT). Também são apresentadas as estimativas de correlação entre os diferentes anos (ρ_G), mínimo, média geral, máximo, desvio padrão médio dos contrastes entre genótipos dividido pela média dos clones (DPMC, %), coeficiente de variação experimental (CV, %), herdabilidade (H^2) e acurácia seletiva ($r_{\hat{g}g}$).

Efeito	RD				NFT			
	POP1		POP2		POP1		POP2	
	2023	2024	2023	2024	2023	2024	2023	2024
Clones	54,79 ^{**}		61,36 ^{**}		39,73 ^{**}		54,49 ^{**}	
Clones $\times$ Anos [†]	3,53 ^{ns}		14,35 ^{**}		4,83 ^{ns}		6,76 ^{**}	
Linhas	0,78 ^{ns}	0,75 ^{ns}	1,76 ^{**}	0,00 ^{ns}	3,49 ^{**}	0,00 ^{ns}	1,45 ^{**}	0,06 ^{ns}
Colunas	3,43 ^{ns}	0,29 ^{ns}	1,06 [*]	0,00 ^{ns}	4,86 ^{**}	0,49 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,69 ^{ns}
Resíduos	22,88	13,57	9,71	11,75	18,69	27,92	17,52	18,95
ρ_G	0,94		0,81		0,89		0,89	
Mínimo	1,08		1,07		1,00		1,00	
Média	1,15 [#]		1,27 ⁺⁺		2,14 ⁺⁺		2,82 ⁺⁺	
Máximo	1,34		1,73		3,92		5,00	
DPMC (%)	2,79		3,58		14,07		10,34	
H^2	0,71		0,81		0,64		0,81	
$r_{\hat{g}g}$	0,91		0,91		0,86		0,91	

Significância pelo teste da razão de verossimilhanças: p-valor $\leq 0,01$ “***”, $0,05 \leq$ p-valor $< 0,01$ “**” e p-valor $> 0,05$ não significativo “ns”. Significância pelo teste de Wald para o efeito de ano: p-valor $\leq 0,01$ “++”, $0,05 \leq$ p-valor $< 0,01$ “+” e p-valor $> 0,05$ não significativo “#”.

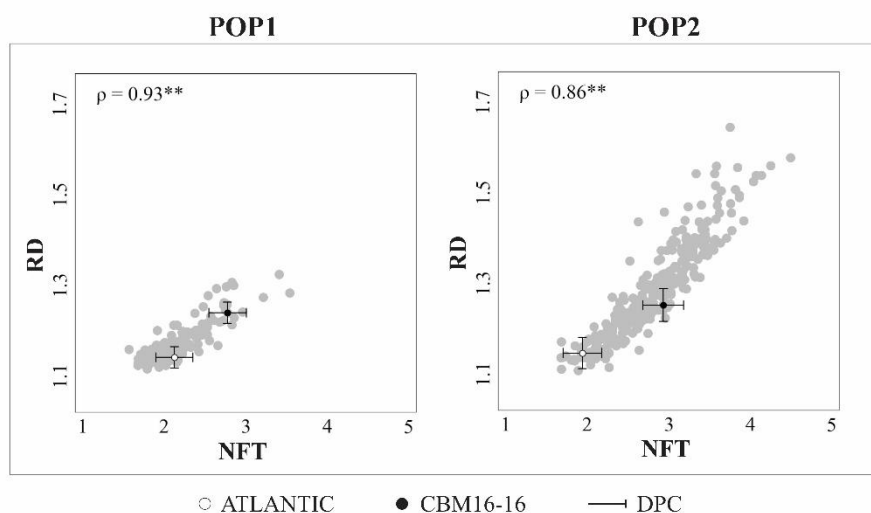
A interação clones $\times$ anos foi significativa apenas na POP2, tanto para RD (14,35%) quanto para NFT (6,76%). No entanto, a magnitude dessa interação foi consideravelmente inferior ao efeito de clones ao longo dos anos. Essa estabilidade também é indicada pelas correlações genotípicas entre os anos de avaliação (2023 e 2024), que foram altas para ambos os caracteres, com coeficientes variando de 0,81 a 0,94.

Os efeitos associados à disposição espacial (linhas e colunas) apresentaram significância apenas em cenários pontuais, especialmente para NFT em 2023. No entanto, mesmo quando significativos, esses componentes explicaram uma pequena proporção da variância fenotípica, com valores inferiores a 4,86%. Assim, de forma geral, os efeitos espaciais foram pouco relevantes sobre a variação observada.

As médias dos valores de RD oscilaram entre 1,15 (POP1) e 1,27 (POP2), enquanto para NFT variaram de 2,14 (POP1) a 2,82 (POP2). De acordo com o teste de Wald, houve diferença significativa entre os anos para ambos os caracteres, com exceção de RD na POP1, indicando que o efeito de ano impactou as estimativas de média na maioria dos cenários.

Os coeficientes obtidos pela correlação de Pearson nas análises conjuntas de cada população foram de 0,93 para POP1 e 0,86 para POP2 (Figura 7).

Figura 7 – Correlações entre as médias dos tratamentos para os caracteres RD e NFT. As barras indicam o desvio padrão médio dos contrastes entre pares de tratamentos com a cultivar Atlantic e o clone CBM16-16.



Fonte: elaboração própria.

Os índices de precisão experimental reforçaram a superioridade da avaliação baseada em imagens (RD) em relação à avaliação visual (NFT). Os valores de DPMC (%) variaram de 2,79% a 3,58% para RD e de 10,34% a 14,07% para NFT. Essa diferença também se refletiu nas estimativas de herdabilidade, que foram ligeiramente superiores para RD (0,71 a 0,81) em comparação à NFT (0,64 a 0,81). As acurácias seletivas ($r_{\hat{g}}$) permaneceram elevadas em todos os cenários, com valores entre 0,86 e 0,91.

4 Discussão

4.1 Análises individuais

Este trabalho evidencia a viabilidade do uso de imagens como uma ferramenta precisa e eficiente para avaliação de formato de tubérculos de batata. O formato é um caráter importante para a cultura, sendo essencial para a segmentação de mercado. A razão de diâmetros (RD), é uma medida utilizada por alguns programas de melhoramento para a avaliação de formato, e a adoção de imagens para substituição do paquímetro já foi relatada anteriormente (Feldman *et al.*, 2024; Si *et al.*, 2018; Su *et al.*, 2017).

Entretanto, a prática mais comum ainda envolve a atribuição de notas visuais, já que é o método mais difundido, e que historicamente é utilizado, mas que, no entanto, incorpora subjetividade ao processo. A avaliação por imagens minimiza a influência humana, aumentando a precisão experimental. Neste trabalho, foi proposto o uso de um sistema simples e de baixo custo para gerar dados fenotípicos mais precisos, com o objetivo de reduzir erros experimentais e aumentar a acurácia seletiva. Com isso, busca-se tornar o processo de seleção mais eficiente na seleção de genótipos superiores.

Foram observadas distribuições fenotípicas unimodais para RD e NFT, compatíveis com a natureza contínua do formato dos tubérculos. A maior concentração de indivíduos com valores baixos de RD e a menor amplitude na POP1 refletem o padrão fenotípico dos genitores, selecionados por caracteres de interesse para o mercado de chips, como o formato redondo (Fernandes Filho *et al.*, 2021). Já a maior amplitude na POP2 indica variabilidade genética mais ampla, condizente com seu painel diverso de clones selecionados para diferentes objetivos. Quanto ao NFT, a concentração em faixas intermediárias na POP2 pode refletir incerteza ou dificuldade na classificação visual de genótipos levemente alongados ou indefinidos, limitação que não afeta a mensuração por RD.

O efeito de clones apresentou contribuições elevadas para ambas as variáveis, porém, no caso de RD, os valores foram maiores e mais consistentes do que para NFT. Isso indica uma boa capacidade da avaliação por imagens em captar a variância genotípica associada ao formato, com menor influência de fatores não genéticos, semelhante a resultados já relatados na literatura (Feldman *et al.*, 2024; 2018; Si *et al.*, 2018).

As altas correlações de Pearson observadas demonstram uma forte associação linear entre RD e NFT em todas as combinações entre populações e anos, indicando que, apesar de se tratar de diferentes metodologias, ambas as abordagens são consistentes na ordenação dos genótipos quanto ao formato dos tubérculos. Esse resultado se assemelha com o obtido por Si

et al. (2018), que observaram alta correlação entre medições manuais e digitais da razão comprimento/largura. No entanto, a superioridade da RD em termos de precisão experimental demonstra a sensibilidade da avaliação por imagem em captar variações mais sutis, o que amplia seu poder discriminativo frente à avaliação visual.

A avaliação por imagens apresentou precisão experimental superior à avaliação visual, com DPMC (%) e CV (%) da variável RD de três a oito vezes menores que os obtidos para NFT. Essas diferenças indicam que a extração computadorizada de propriedades geométricas dos tubérculos reduz fontes de erro da avaliação visual. Enquanto esta é influenciada por fatores subjetivos, como variações na percepção e interpretação dos avaliadores e limitações de escalas categóricas, a mensuração por imagens segue um protocolo padronizado, garantindo maior estabilidade nos dados e menor erro experimental.

As estimativas de herdabilidade obtidas para o formato dos tubérculos reforçam a expressiva influência genética sobre esse caráter. Os valores de H^2 foram sempre superiores para avaliação por imagens quando comparados a avaliação visual, variando de 0,64 a 0,90 para RD e de 0,56 a 0,83 para NFT. Esses resultados indicam que a maior parte da variação observada está associada à constituição genética dos clones, e são compatíveis com estudos anteriores que relatam herdabilidade moderada a alta para o formato de tubérculos (Hara-Skrzypiec *et al.*, 2018; Prashar *et al.*, 2014; Van Eck *et al.*, 1994).

As acurácias seletivas para RD foram em sua maioria, superiores a 0,90, o que indica precisão muito alta (Resende; Duarte, 2007), e reforça a utilidade dessa variável na tomada de decisões no processo de seleção. Também deve-se considerar que, assim como para a herdabilidade, as acurácias de RD foram maiores do que para NFT em todos os cenários avaliados, e sempre acompanhadas de baixos valores de DPMC (%) e CV (%), o que indica que as estimativas são consistentes e refletem de forma mais fiel a variação genética real. Assim como observado em outros estudos anteriores que utilizaram imagens para avaliar o formato (Miller *et al.*, 2023; Neilson *et al.*, 2021; Si *et al.*, 2018) o uso dessa abordagem não apenas aprimora a precisão das estimativas dos parâmetros genéticos, como também fortalece a segurança e a consistência das decisões no processo de seleção.

Por fim, outro aspecto relevante da geração de dados fenotípicos de alta qualidade, como os obtidos por meio da variável RD, é seu impacto direto no avanço dos estudos genômicos em batata. A precisão na mensuração do fenótipo é crucial para aumentar o poder de detecção e garantir a identificação consistente de genes e QTLs com efeitos estáveis. Considerando que QTLs associados ao formato do tubérculo já foram mapeados em diferentes cromossomos, com destaque para o cromossomo X que abriga o principal QTL relacionado

ao caráter (Hara-Skrzypiec *et al.*, 2018) o uso de variáveis contínuas e mais precisas, como RD obtidos por imagens, pode refinar a localização desses *loci* e contribuir em estudos futuros para melhor elucidação da base genética complexa desse caráter.

4.2 Análises conjuntas

As análises conjuntas reforçam a contribuição do componente genético para o formato dos tubérculos. O efeito de clones foi significativo para ambos os caracteres, representando a principal fonte de variação, com contribuições superiores a 50% na maioria dos cenários avaliados, com exceção de NFT para POP1. Esse padrão indica que a forma do tubérculo é um caráter relativamente estável ao longo dos anos, mesmo diante de variações ambientais.

A interação clones $\times$ anos foi significativa apenas na POP2, com magnitudes muito inferiores às observadas para o efeito principal de clones, o que indica que a maioria dos genótipos manteve seu desempenho relativo ao longo dos anos. Esse padrão é desejável em programas de melhoramento, pois demonstra estabilidade fenotípica mesmo frente a alterações de ambiente. De forma semelhante Wurr *et al.* (2001) relataram que o formato dos tubérculos não foi influenciado por fatores agronômicos, como época de colheita ou densidade de plantio.

Adicionalmente, os efeitos da disposição espacial no campo (linhas e colunas) apresentaram contribuições menores que 4,86%, sugerindo que a variabilidade observada foi pouco influenciada por fatores de posicionamento, reforçando a adequação do delineamento experimental. As altas correlações entre os anos mostram forte repetibilidade dos dados e consistência no desempenho dos genótipos ao longo dos anos. Essa estabilidade temporal, evidenciada pelas elevadas acurácias seletivas, é fundamental para a seleção de genótipos superiores em múltiplos ciclos.

A eficiência da avaliação por imagens ficou evidente ao se comparar os índices de precisão experimental entre os dois métodos avaliativos. Os valores de DPMC% para RD variaram foram até cinco vezes menores que os obtidos para NFT. Além disso, as herdabilidades foram ligeiramente superiores para RD (0,71 a 0,81) e em acurácias seletivas muito altas ($\geq 0,91$), reforçando que o uso de imagens é uma ferramenta robusta, consistente e eficiente para a avaliação do formato dos tubérculos em programas de melhoramento.

5 Conclusões

A avaliação baseada em imagens apresenta forte correlação com a avaliação visual e constitui uma abordagem válida para a avaliação de formato dos tubérculos de batata. Além

disso, o uso de imagens proporciona maior precisão experimental em relação à avaliação visual.

As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva foram ligeiramente superiores para RD em relação a NFT, indicando que essa variável é mais eficiente na captura da variação genética associada ao formato.

REFERÊNCIAS

- AHMED, S. S.; LOTT, M. N.; MARCUS, D. M. The Macular Xanthophylls. **Survey of Ophthalmology**, [s. l.], v. 50, n. 2, p. 183–193, 2005.
- BACKES, A. R.; JUNIOR, J. J. de M. S. **Introdução à visão computacional usando Matlab**. [S. l.]: Alta Books Editora, 2019.
- BISOGNIN, D. A. **Desenvolvimento E Manejo Das Plantas Para Alta Produtividade E Qualidade Da Batata**. [S. l.]: Abba, 2009.
- BRADSKI, G. The OpenCV Library. **Dr. Dobb's Journal of Software Tools**, setembro de 2000. Disponível em: <https://opencv.org>. Acesso em: julho de 2025.
- BROWN, C. R. Antioxidants in potato. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 82, n. 2, p. 163–172, 2005.
- BUHRIG, W. *et al.* The Influence of Ethephon Application Timing and Rate on Plant Growth, Yield, Tuber Size Distribution and Skin Color of Red LaSoda Potatoes. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 92, n. 1, p. 100–108, 2015.
- CARAZA-HARTER, M. V.; ENDELMAN, J. B. Image-based phenotyping and genetic analysis of potato skin set and color. **Crop Science**, [s. l.], v. 60, n. 1, p. 202–210, 2020.
- CAZZONELLI, C. I.; POGSON, B. J. Source to sink: regulation of carotenoid biosynthesis in plants. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 15, n. 5, p. 266–274, 2010.
- CHEN, N.; ZHU, W.; XU, J.; DUAN, S.; BIAN, C.; HU, J.; WANG, W.; LI, G.; JIN, L. Molecular marker development and primary physical map construction for the tuber shape Ro gene locus in diploid potato (*Solanum tuberosum* L.). **Molecular Breeding**, [s. l.], v. 39, n. 1, jan. 2019. DOI 10.1007/s11032-018-0913-z. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/s11032-018-0913-z>. Acesso em: 8 jul. 2025.
- CULLIS, B. R.; SMITH, A. B.; COOMBES, N. E. On the design of early generation variety trials with correlated data. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, [s. l.], v. 11, n. 4, p. 381–393, 2006.
- DARRIGUES, A. *et al.* Tomato Analyzer-color Test: A New Tool for Efficient Digital Phenotyping. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 133, n. 4, p. 579–586, 2008.
- ECK, H. J. van. Genetics of morphological and tuber traits. **Potato biology and biotechnology: advances and perspectives**. [S. l.]: Elsevier, 2007. p. 91–111. Disponível em: <https://research.wur.nl/en/publications/genetics-of-morphological-and-tuber-traits>. Acesso em: 8 jul. 2025.
- FELDMAN, M. J. *et al.* A scalable, low-cost phenotyping strategy to assess tuber size, shape, and the colorimetric features of tuber skin and flesh in potato breeding populations. **The Plant Phenome Journal**, [s. l.], v. 7, n. 1, p. e20099, 2024.
- FERNANDES, A. M. *et al.* Qualidade físico-química e de fritura de tubérculos de cultivares de batata na safra de inverno. **Horticultura Brasileira**, [s. l.], v. 28, n. 3, p. 299–304, 2010.

FERNANDES FILHO, C. C. *et al.* Selection of potato clones for heat tolerance and resistance to potato viruses X and Y for processing purposes. **Crop Science**, [s. l.], v. 61, n. 1, p. 552–565, 2021.

FIEDOR, J.; BURDA, K. Potential Role of Carotenoids as Antioxidants in Human Health and Disease. **Nutrients**, [s. l.], v. 6, n. 2, p. 466–488, 2014.

FILGUEIRA, F. A. R. Batata inglesa ou andina. **Batata Show**, [s. l.], v. 5, n. 13, p. 20–21, 2005.

FISHER, J.; BENSAL, E.; ZAMIR, D. Bimodality of stable and plastic traits in plants. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 130, n. 9, p. 1915–1926, 2017.

FURBANK, R. T.; TESTER, M. Phenomics--technologies to relieve the phenotyping bottleneck. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 16, n. 12, p. 635–644, 2011.

GILMOUR, A. R. Echidna Mixed Models. Echidna Software, 2025.

GUEDES, M. L. *et al.* Escalas diagramáticas para avaliação do fenótipo de tubérculos de batata. **Cultura Agronômica: Revista de Ciências Agronômicas**, [s. l.], v. 29, n. 2, p. 274–288, 2020.

HARA-SKRZYPIEC, A. *et al.* QTL for tuber morphology traits in diploid potato. **Journal of Applied Genetics**, [s. l.], v. 59, n. 2, p. 123–132, 2018.

HAYNES, K. G. *et al.* Clone × Environment Interactions for Yellow-flesh Intensity in Tetraploid Potatoes. [s. l.], 1996. Disponível em: <https://journals.ashs.org/jashs/view/journals/jashs/121/2/article-p175.xml>. Acesso em: 25 jun. 2025.

HAYNES, K. G. *et al.* Inheritance of Carotenoid Content in Tetraploid × Diploid Potato Crosses. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 136, n. 4, p. 265–272, 2011.

HENDERSON, C. R.; HAZEL, L. N.; WELHAM, S. J.; LOUIS, J. H. The estimation of genetic parameters by restricted maximum likelihood. **Biometrika**, v. 46, n. 3-4, p. 355-366, 1959.

HUEBBE, P.; RIMBACH, G. Historical Reflection of Food Processing and the Role of Legumes as Part of a Healthy Balanced Diet. **Foods (Basel, Switzerland)**, [s. l.], v. 9, n. 8, p. 1056, 4 ago. 2020. <https://doi.org/10.3390/foods9081056>.

LU, W. *et al.* Carotenoid Content and Color in Diploid Potatoes. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 126, n. 6, p. 722–726, 2001.

MILLER, M. D. *et al.* TubAR: an R Package for Quantifying Tuber Shape and Skin Traits from Images. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 100, n. 1, p. 52–62, 2023.

NEILSON, J. A. D.; SMITH, A. M.; MESINA, L.; VIVIAN, R.; SMIENK, S.; DE KOYER, D. Potato Tuber Shape Phenotyping Using RGB Imaging. **Agronomy**, [s. l.], v. 11, n. 9, p. 1781, 6 set. 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091781>.

OTSU, N. A Threshold Selection Method from Gray-Level Histograms. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics**, v. 9, n. 1, p. 62-66, 1979.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, [s. l.], v. 58, n. 3, p. 545-554, 1971.

PINTO, C. A. *et al.* Potencial de clones elite de batata como novas cultivares para Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, [s. l.], v. 28, n. 4, p. 399-405, 2010.

POLAND, J. A.; NELSON, R. J. In the Eye of the Beholder: The Effect of Rater Variability and Different Rating Scales on QTL Mapping. **Phytopathology®**, [s. l.], v. 101, n. 2, p. 290-298, 2011.

PRASHAR, A.; HORNYIK, C.; YOUNG, V.; MCLEAN, K.; SHARMA, S. K.; DALE, M. F. B.; BRYAN, G. J. Construction of a dense SNP map of a highly heterozygous diploid potato population and QTL analysis of tuber shape and eye depth. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 127, n. 10, p. 2159-2171, out. 2014. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2369-9>.

QIN, R. *et al.* Effect of foliar application of 2,4-D and calcium on red-skinned potato cultivars. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 113, n. 1, p. 88-98, 2021.

QU, L. *et al.* Potato: from functional genomics to genetic improvement. **Molecular Horticulture**, [s. l.], v. 4, n. 1, p. 34, 2024.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org>. Acesso em: julho de 2025.

REEVE, R. M.; HAUTALA, E.; WEAVER, M. L. Anatomy and compositional variation within potatoes. **American Potato Journal**, [s. l.], v. 46, n. 10, p. 361-373, out. 1969. <https://doi.org/10.1007/bf02869557>.

RESENDE, M. D. V. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. **Embrapa Informação Tecnológica**, Brasília. 2002. 975 p.

ROCHA, D. S.; REED, E. Pigmentos Naturais em Alimentos e sua Importância para a Saúde. **Revista Estudos - Revista de Ciências Ambientais e Saúde (EVS)**, [s. l.], v. 41, n. 1, p. 76-85, 2014.

SERNA SALDÍVAR, S. R. O. (org.). **Snack foods: processing, innovation, and nutritional aspects**. First editioned. Boca Raton: CRC Press/Taylor & Francis Group, 2022.

SI, Y. *et al.* Image-based automated potato tuber shape evaluation. **Journal of Food Measurement and Characterization**, [s. l.], v. 12, n. 2, p. 702-709, 2018.

SILVA, L. C. D. *et al.* Computer vision for assessment the seed coat color of carioca common beans. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 116, n. 5, p. 2141-2150, 2024.

SILVA, T.A. **Melhoramento genético de batata para processamento na forma de palitos pré-fritos**. 2019. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.

- STURARO, M. Carotenoids in Potato Tubers: A Bright Yellow Future Ahead. **Plants**, [s. l.], v. 14, n. 2, p. 272, 2025.
- VAN DER WALT, S.; SCHÖNBERGER, J. L.; NUNEZ-IGLESIAS, J.; BOULOGNE, F.; WARNER, J. D.; YAGER, N.; GOUILLART, E.; YU, T. scikit-image: image processing in Python. **PeerJ**, [s. l.], v. 2, p. e453, 19 jun. 2014. <https://doi.org/10.7717/peerj.453>.
- VAN ECK, H. J.; JACOBS, J. M.; STAM, P.; TON, J.; STIEKEMA, W. J.; JACOBSEN, E. Multiple alleles for tuber shape in diploid potato detected by qualitative and quantitative genetic analysis using RFLPs. **Genetics**, [s. l.], v. 137, n. 1, p. 303–309, maio 1994. <https://doi.org/10.1093/genetics/137.1.303>.
- VAN ECK, H. J. Genetics of Morphological and Tuber Traits. *In: POTATO BIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY*. [S. l.]: Elsevier, 2007. p. 91–115. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/B9780444510181500488>. Acesso em: julho, 2025.
- VAN ROSSUM, G. Python tutorial. **Centrum voor Wiskunde en Informatica (CWI)**, 1995.
- VINCI, R. M. *et al.* Effective quality control of incoming potatoes as an acrylamide mitigation strategy for the French fries industry. **Food Additives & Contaminants: Part A**, [s. l.], v. 27, n. 4, p. 417–425, 2010.
- WALTER, A.; LIEBISCH, F.; HUND, A. Plant phenotyping: from bean weighing to image analysis. **Plant Methods**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 14, 2015.
- WURR, D. C. E.; FELLOWS, J. R.; AKEHURST, J. M.; HAMBIDGE, A. J.; LYNN, J. R. The effect of cultural and environmental factors on potato seed tuber morphology and subsequent sprout and stem development. **The Journal of Agricultural Science**, [s. l.], v. 136, n. 1, p. 55–63, fev. 2001. <https://doi.org/10.1017/S0021859600008431>.
- ZHANG, Y.; JUNG, C. S.; DE JONG, W. S. Genetic analysis of pigmented tuber flesh in potato. **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l.], v. 119, n. 1, p. 143–150, 2009.
- ZHU, W.-W.; XU, J.-F.; LI, G.-C.; DUAN, S.-G.; LIU, J.; BIAN, C.-S.; PANG, W.-F.; WALTER, D. J.; JIN, L.-P. Development and Verification of a CAPS Marker Linked to Tuber Shape Gene in Potato. **Acta Agronomica Sinica**, [s. l.], v. 41, n. 10, p. 1529, 2015. <https://doi.org/10.3724/sp.j.1006.2015.01529>.

TERCEIRA PARTE

2 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho desenvolveu e validou metodologias baseadas em imagens para avaliação de cor de polpa e de formato de tubérculos de batata, com foco na estimação de parâmetros genéticos. Constatou-se que a avaliação por imagens apresenta maior precisão experimental, resultando em estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva mais confiáveis. Também foi observada uma consistência dos caracteres entre os anos, reforçando a robustez da avaliação por imagens e seu potencial como ferramenta confiável para a seleção de clones superiores.

A avaliação por imagens mostrou-se eficaz na mensuração da razão de diâmetros dos tubérculos (RD), permitindo uma caracterização precisa e objetiva do formato dos tubérculos, além de se mostrar eficiente na quantificação da cor de polpa por meio do canal b^* (LAB), que representou adequadamente a variabilidade na tonalidade de amarelo presente nos clones. As metodologias adotadas demonstraram ser reproduzíveis e superaram as avaliações visuais tradicionais, ao reduzirem a subjetividade e ampliarem o potencial de aplicação de ferramentas digitais no melhoramento genético da cultura. Esses dados também têm grande potencial para serem utilizados em estudos genômicos, como o mapeamento de QTLs e a seleção genômica. Entretanto, novos estudos são necessários para integrar de forma eficaz essas informações obtidas por imagens com dados genômicos, permitindo uma compreensão mais aprofundada dos mecanismos genéticos envolvidos na expressão de caracteres de interesse.

De modo geral, este trabalho contribui para o avanço do conhecimento na utilização de imagens na avaliação fenotípica e no melhoramento genético de plantas, oferecendo alternativas viáveis, padronizadas e mais precisas para a caracterização de caracteres de qualidade de tubérculos de batata. Embora avanços importantes tenham sido alcançados, a literatura ainda carece de estudos que validem métodos de obtenção e processamento de imagens em diferentes contextos experimentais. Por fim, é esperado que os métodos aqui propostos possam ser incorporados por programas de melhoramento, fomentando o uso de tecnologias inovadoras na seleção de cultivares mais produtivas, adaptadas e alinhadas às exigências do setor produtivo e dos consumidores.

REFERÊNCIAS

ARAUS, J. L.; CAIRNS, J. E. Field high-throughput phenotyping: the new crop breeding frontier. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 19, n. 1, p. 5²–61, jan. 2014. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2013.09.008>.

ARAUS, J. L.; KEFAUVER, S. C.; ZAMAN-ALLAH, M.; OLSEN, M. S.; CAIRNS, J. E. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, [s. l.], v. 23, n. 5, p. 451–466, maio 2018. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2018.02.001>.

3, D. A. **Desenvolvimento E Manejo Das Plantas Para Alta Produtividade E Qualidade Da Batata**. [S. l.]: Abba, 2009.

BUHRIG, W.; THORNTON, M. K.; OLSEN, N.; MORISHITA, D.; MCINTOSH, C. The Influence of Ethepon Application Timing and Rate on Plant Growth, Yield, Tuber Size Distribution and Skin Color of Red LaSoda Potatoes. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 92, n. 1, p. 100–108, fev. 2015. <https://doi.org/10.1007/s12230-014-17-5>.

CAMPOS, H.; ORTIZ, O. (Orgs.). **The Potato Crop: Its Agricultural, Nutritional and Social Contribution to Humankind**. Cham: Springer International Publishing, 2020. DOI 10.1007/978-3-030-28683-5. Disponível em: <http://link.springer.com/10.1007/978-3-030-28683-5>. Acesso em: 11 jul. 2025.

CARAZA-HARTER, M. V.; ENDELMAN, J. B. Image-based phenotyping and genetic analysis of potato skin set and color. **Crop Science**, [s. l.], v. 60, n. 1, p. 202–210, jan. 2020. <https://doi.org/10.1002/csc2.20093>.

DEVAUX, A.; GOFFART, J.-P.; PETSAKOS, A.; KROMANN, P.; GATTO, M.; OKELLO, J.; SUAREZ, V.; HAREAU, G. Global Food Security, Contributions from Sustainable Potato Agri-Food Systems. In: CAMPOS, H.; ORTIZ, O. (orgs.). **The Potato Crop**. Cham: Springer International Publishing, 2020. p. 3–35. DOI 10.1007/978-3-030-28683-5_1. Disponível em: http://link.springer.com/10.1007/978-3-030-28683-5_1. Acesso em: 25 jun. 2025.

FAJARDO, D.; HAYNES, K. G.; JANSKY, S. Starch Characteristics of Modern and Heirloom Potato Cultivars. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 90, n. 5, p. 460–469, set. 2013. <https://doi.org/10.1007/s12230-013-9320-5>.

FELDMAN, M. J.; PARK, J.; MILLER, N.; WAKHOLI, C.; GREENE, K.; ABBASI, A.; RIPPNER, D. A.; NAVARRE, D.; SCHMITZ CARLEY, C.; SHANNON, L. M.; NOVY, R. A scalable, low-cost phenotyping strategy to assess tuber size, shape, and the colorimetric features of tuber skin and flesh in potato breeding populations. **The Plant Phenome Journal**, [s. l.], v. 7, n. 1, p. e20099, dez. 2024. <https://doi.org/10.1002/ppj2.20099>.

FERNANDES, A. M.; SORATTO, R. P.; EVANGELISTA, R. M.; NARDIN, I. Qualidade físico-química e de fritura de tubérculos de cultivares de batata na safra de inverno. **Horticultura Brasileira**, [s. l.], v. 28, n. 3, p. 299–304, set. 2010. <https://doi.org/10.1590/s0102-05362010000300010>.

FILGUEIRA, F. A. R. Batata inglesa ou andina. **Batata Show**, [s. l.], v. 5, n. 13, p. 20–21, 2005.

GARCIA, É. L.; CARMO, E. L. do; PÁDUA, J. G. de; LEONEL, M. Potencialidade de processamento industrial de cultivares de batatas. **Ciência Rural**, [s. l.], v. 45, p. 1742–1747, out. 2015. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20140072>.

GUEDES, M. L.; ANDRADE, M. H. M. L.; CHAGAS, R. R.; CARVALHO, R. P.; FERNANDES FILHO, C. C.; PINTO, C. A. B. P. Escalas diagramáticas para avaliação do fenótipo de tubérculos de batata. **Cultura Agronômica: Revista de Ciências Agronômicas**, [s. l.], v. 29, n. 2, p. 274–288, 13 jul. 2020. <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2020v29n2p274-288>.

HAYNES, K. G.; GERGELA, D. M.; HUTCHINSON, C. M.; YENCHO, G. C.; CLOUGH, M. E.; HENNINGER, M. R.; HALSETH, D. E.; SANDSTED, E.; PORTER, G. A.; OCAYA, P. C. Early generation selection at multiple locations may identify potato parents that produce more widely adapted progeny. **Euphytica**, [s. l.], v. 186, n. 2, p. 573–583, jul. 2012. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0685-1>.

HIRSCH, C. N.; HIRSCH, C. D.; FELCHER, K.; COOMBS, J.; ZARKA, D.; VAN DEYNZE, A.; DE JONG, W.; VEILLEUX, R. E.; JANSKY, S.; BETHKE, P.; DOUCHES, D. S.; BUELL, C. R. Retrospective View of North American Potato (*Solanum tuberosum* L.) Breeding in the 20th and 21st Centuries. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, [s. l.], v. 3, n. 6, p. 1003–1013, 1 jun. 2013. <https://doi.org/10.1534/g3.113.005595>.

NEILSON, J. A. D.; SMITH, A. M.; MESINA, L.; VIVIAN, R.; SMIENK, S.; DE KOYER, D. Potato Tuber Shape Phenotyping Using RGB Imaging. **Agronomy**, [s. l.], v. 11, n. 9, p. 1781, 6 set. 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091781>.

NOORDAM, J. C.; OTTEN, G. W.; TIMMERMANS, T. J. M.; VAN ZWOL, B. H. High-speed potato grading and quality inspection based on a color vision system. In: ELECTRONIC IMAGING, 21 mar. 2000. San Jose, CA: [s. n.], 21 mar. 2000. p. 206–217. DOI 10.1117/12.380075. Disponível em: <http://proceedings.spiedigitallibrary.org/proceeding.aspx?articleid=921068>. Acesso em: 25 jun. 2025.

PINTO, C. A.; TEIXEIRA, A. L.; NEDER, D. G.; ARAÚJO, R. R.; SOARES, A. R.; RIBEIRO, G. H.; LEPRE, A. L. Potencial de clones elite de batata como novas cultivares para Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, [s. l.], v. 28, n. 4, p. 399–405, dez. 2010. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362010000400004>.

POLAND, J. A.; NELSON, R. J. In the Eye of the Beholder: The Effect of Rater Variability and Different Rating Scales on QTL Mapping. **Phytopathology**®, [s. l.], v. 101, n. 2, p. 290–298, fev. 2011. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-10-0087>.

QIN, R.; MOPARTHI, S.; FELDMAN, M.; CHARLTON, B.; SATHUVALLI, V. Effect of foliar application of 2,4-D and calcium on red-skinned potato cultivars. **Agronomy Journal**, [s. l.], v. 113, n. 1, p. 88–98, jan. 2021. <https://doi.org/10.1002/agj2.20444>.

RADY, A. M.; GUYER, D. E. Rapid and/or nondestructive quality evaluation methods for potatoes: A review. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s. l.], v. 117, p. 31–48, set. 2015a. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2015.07.002>.

RADY, A. M.; GUYER, D. E. Rapid and/or nondestructive quality evaluation methods for potatoes: A review. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s. l.], v. 117, p. 31–48, set. 2015b. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2015.07.002>.

RAIGOND, P.; SINGH, B.; DUTT, S.; CHAKRABARTI, S. K. (Orgs.). **Potato: Nutrition and Food Security**. Singapore: Springer Singapore, 2020. DOI 10.1007/978-981-15-7662-1. Disponível em: <https://link.springer.com/10.1007/978-981-15-7662-1>. Acesso em: 25 jun. 2025.

RAZMJOOY, N.; MOUSAVI, B. S.; SOLEYMANI, F. A real-time mathematical computer method for potato inspection using machine vision. **Computers & Mathematics with Applications**, [s. l.], v. 63, n. 1, p. 268–279, 1 jan. 2012. <https://doi.org/10.1016/j.camwa.2011.11.019>.

ROMMENS, C. M.; SHAKYA, R.; HEAP, M.; FESSENDEN, K. Tastier and Healthier Alternatives to French Fries. **Journal of Food Science**, [s. l.], v. 75, n. 4, maio 2010. DOI 10.1111/j.1750-3841.2010.01588.x. Disponível em: <https://ift.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1750-3841.2010.01588.x>. Acesso em: 25 jun. 2025.

SERNA SALDÍVAR, S. R. O. (Org.). **Snack foods: processing, innovation, and nutritional aspects**. First edition. Boca Raton: CRC Press/Taylor & Francis Group, 2022.

SI, Y.; SANKARAN, S.; KNOWLES, N. R.; PAVEK, M. J. Image-based automated potato tuber shape evaluation. **Journal of Food Measurement and Characterization**, [s. l.], v. 12, n. 2, p. 702–709, jun. 2018. <https://doi.org/10.1007/s11694-017-9683-2>.

SILVA, T.A. **Melhoramento genético de batata para processamento na forma de palitos pré-fritos**. 2019. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.

TAO; C. T. MORROW; P. H. HEINEMANN; H. J. SOMMER III. Fourier-based Separation Technique for Shape Grading of Potatoes Using Machine Vision. **Transactions of the ASAE**, [s. l.], v. 38, n. 3, p. 949–957, 1995. <https://doi.org/10.13031/2013.27912>.

VINCI, R. M.; MESTDAGH, F.; DE MUER, N.; VAN PETEGHEM, C.; DE MEULENAER, B. Effective quality control of incoming potatoes as an acrylamide mitigation strategy for the French fries industry. **Food Additives & Contaminants: Part A**, [s. l.], v. 27, n. 4, p. 417–425, abr. 2010. <https://doi.org/10.1080/19440040903453276>.

WIJESINHA-BETTONI, R.; MOUILLÉ, B. The Contribution of Potatoes to Global Food Security, Nutrition and Healthy Diets. **American Journal of Potato Research**, [s. l.], v. 96, n. 2, p. 139–149, abr. 2019. <https://doi.org/10.1007/s12230-018-09697-1>.