

Diversidade genética de genótipos de batata-doce baseada em caracteres morfoagronômicos

Samuel Guesser^{(1)*}, André Ricardo Zeist^{(2)*}

⁽¹⁾ Acadêmico do curso de Agronomia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina. Rod. Admar Gonzaga, 1346, Bairro Itacorubi, Caixa Postal 476, CEP 88040-900, Florianópolis, SC, Brasil.

⁽²⁾ Professor, Depto de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina. Rod. Admar Gonzaga, 1346, Bairro Itacorubi, Caixa Postal 476, CEP 88034-001, Florianópolis, SC, Brasil.

* Autor correspondente – Email: samuelguesser@outlook.com

Resumo

A batata-doce é uma hortaliça de grande importância social, cultural e econômica, além de possuir potencial produtivo em diversas regiões de cultivo. Por sua vez, mesmo nas principais regiões produtoras, obtêm-se baixas produtividades, decorrentes principalmente da utilização de genótipos obsoletos e da escassez de estudos que melhor exploram o potencial da variabilidade genética existente. Com isso, objetivou-se avaliar a divergência genética de genótipos de batata-doce por meio de caracteres morfoagronômicos. O estudo foi realizado na região Oeste Paulista, sendo utilizados os 21 genótipos de batata-doce mais amplamente cultivados no Brasil. Para a caracterização morfoagronômica, foram avaliadas 21 características qualitativas conforme os descritores recomendados pelo International Board for Plant Genetic Resources; e foram avaliadas 11 características quantitativas. Houve polimorfismo para todas as características avaliadas, com exceção da distribuição da cor secundária da polpa. Foram observadas apenas correlações (r) positivas entre as características avaliadas. O método de Mojena indicou a formação de três grupos distintos. A análise de componentes principais explicou

72,78% de variação total existente entre os 21 genótipos de batata-doce por meio dos dois primeiros componentes principais. Entretanto, não houve concordância dos agrupamentos utilizando os dados qualitativos e quantitativos. O presente estudo possibilitou a formação de três grupos distintos entre si, com base na distinção dos caracteres qualitativos e quantitativos. O genótipo IAPAR 69 foi o que obteve melhor desempenho para as características de produtividade analisadas.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* L; Caracteres qualitativos; Caracteres quantitativos; Variabilidade genética; Polimorfismo; Rede de correlações.

1. Introdução

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma hortaliça pertencente à família Convolvulaceae, e é conhecida como uma planta rústica que produz raízes tuberosas, de fácil cultivo, baixo custo de produção e com capacidade de adaptação a diferentes climas e solos (AZEVEDO et al., 2015). Tem sua origem na América Central e do Sul e, atualmente, é cultivada em quase todo o mundo. No Brasil, a batata-doce faz-se presente em todo o território nacional, tendo os estados do Rio Grande do Sul (175 mil t), São Paulo (140 mil t) e Ceará (90 mil t) como os de maior produção (IBGE, 2021).

A batata-doce possui forte apelo social, cultural e econômica, sendo considerada uma cultura de potencial econômico e alimentar, cultivada predominantemente por pequenos agricultores (CARMONA et al., 2015). Sua cultura em raízes comercializáveis pode render até 45,4 t ha⁻¹ (ANDRADE et al., 2017), porém, a produtividade média do Brasil é de 14 t ha⁻¹ (IBGE, 2021), estando muito abaixo do seu potencial, que pode superar 30 t ha⁻¹ (LEAL et al., 2021; OLIVEIRA et al., 2022).

A batata-doce vem ganhando destaque entre consumidores que buscam uma alimentação mais saudável e funcional. Isso se deve, devido as raízes serem um alimento altamente nutritivo, possuir carboidrato de baixo índice glicêmico e ser fonte de vitaminas (como as do complexo A, C e B₆), minerais (ferro, magnésio e potássio) e fibras (RAMOS et al., 2021). Genótipos de batata-doce de polpa colorida permitem inclusive a presença de altos teores de compostos bioativos (SÁNCHEZ et al., 2019; ZEIST et al., 2022a). O β-caroteno está presente em genótipos com raízes de polpa de coloração alaranjada, enquanto as antocianinas nas variedades roxas, sendo ambos os compostos importantes para a prevenção do envelhecimento e do desenvolvimento de doenças de foro oncológico (SÁNCHEZ et al., 2019).

Único hexaplóide ($2n = 6x = 90$) da família Convolvulaceae, a batata-doce geralmente possui alta variabilidade genética (SILVA et al., 2015). Essa variabilidade, para cada local do mundo, deve ser adequadamente conhecida, para assim, ser melhor conservada e explorada geneticamente e agronomicamente. Estudos que exploram a variabilidade genética têm grandes contribuições para a produção sustentável de alimentos e superação de desafios climáticos, dentre outros fins (MAREFATZADEH-KHAMENEH et al., 2021; MANOHAR et al., 2022). Os trabalhos brasileiros, que até então exploraram a variabilidade de genótipos de batata-doce, tiveram como foco majoritário explorar genótipos pertencentes a bancos de germoplasma, cujos ainda não são cultivados por agricultores. Nesse caso, tiveram a intenção de identificar os mais promissores para cultivo, bem como selecionar genitores para realizar cruzamentos que resultem em progênies com maior acúmulo de características desejáveis (ANDRADE et al., 2017; VARGAS et al., 2018). Por sua vez, ainda se desconhece a divergência genética entre os principais genótipos utilizados por agricultores que realizam o cultivo comercial da batata-doce.

No Brasil, existem 43 genótipos de batata-doce registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2022), sendo apenas um pouco mais da metade desses com características para consumo humano. As cultivares mais comercializadas e consumidas no país são as que possuem polpa de coloração branca e creme (SOUSA et al., 2020). Por sua vez, genótipos de polpa roxa e laranja tem sido o foco de pesquisas recentes, considerando a relevância alimentar supracitada anteriormente e o potencial de exportação para mercados que melhor valorizam as raízes (LEAL et al., 2021; ZEIST et al., 2022a). Entretanto, a utilização de genótipos regionais e não melhorados geneticamente ainda é predominante, resultando em diversos genótipos utilizados no Brasil sem avaliação e recomendação prévia para determinada região (OLIVEIRA et al., 2022; ZEIST et al., 2022a).

Em 70% das áreas de cultivo do Brasil, os genótipos cultivados são de origem desconhecida e não possuem registro junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. A capacidade de propagação da batata-doce por meio das raízes que possuem alta vida útil pós-colheita facilita a difusão de determinado genótipo que pode se tornar do interesse dos agricultores. Entre esses, destaca-se o genótipo chamado de “Canadense” que, nas duas últimas décadas, é o mais cultivado (em mais de 50% das áreas); por sua vez, sua origem é uma incógnita. A única região do Brasil que a “Canadense” ainda não é cultivada é o Sul do Brasil, devido sua baixa adaptação às

condições edafoclimáticas de clima subtropical. Diversos outros genótipos, também ocupam consideráveis áreas de cultivo e pouco se conhece sobre a real procedência. Ao mesmo tempo, apesar de existirem trabalhos que já exploraram a diversidade genética de bancos de germoplasma de batata-doce (ANDRADE et al., 2017; VARGAS et al., 2018), desconhece-se a similaridade genética entre os principais genótipos cultivados no Brasil.

Os caracteres morfoagronômicos qualitativos ou quantitativos, são fundamentais para a caracterização e quantificação da variabilidade genética em estudos de diversidade genética e distinção de grupos de plantas (ANDRADE et al., 2019). A caracterização baseada nos caracteres morfoagronômicos é a forma mais simples e econômica de se quantificar a diversidade (ZHOU et al., 2015), sendo muito eficientes quando utilizados caracteres adequados para avaliar a divergência genética (ZEIST et al., 2022b). Alguns estudos anteriores demonstram que as variáveis qualitativas, em comparação com as quantitativas, melhor contribuem para indicar os genótipos com distinguibilidade (MOURA et al., 2010; ROCHA et al., 2010). Por sua vez, estudos mais recentes comprovam que analisar conjuntamente essas variáveis permite resultados mais eficazes e criteriosos dos relacionamentos genéticos estudados (TORRES et al., 2015), assim como fornece informações mais amplas e mais relevantes de cada genótipo (SILVA JUNIOR et al., 2022).

Considerando as informações supracitadas, objetivou-se com este estudo avaliar a divergência genética de genótipos de batata-doce que são cultivados no Brasil por meio de caracteres morfoagronômicos.

2. Material e métodos

2.1 Material vegetal

Foram caracterizados 21 genótipos de batata-doce (Tabela 1), sendo todos esses amplamente cultivados no Brasil.

Tabela 1. 21 genótipos de batata-doce caracterizados.

Genótipos	Origem	Ano de lançamento	Principais regiões de cultivo no Brasil
1. Canadense ⁺	Farmes, Brasil	-	Todas, exceto Sul
2. INIA Arapey ^{***}	INIA, Uruguai	1998	Sul e Sudeste
3. Ligeirinha Paulista ⁺	Farmes, Brasil	-	Sudeste
4. IAPAR 69 [*]	IAPAR, Brasil	1999	Sul
5. UBD 01 ⁺	Farmes, Brasil	-	Sudeste
6. Rainha Branca [°]	Espírito Santo, Brasil	-	Nordeste
7. SCS370 Luiza [*]	EPAGRI, Brasil	2014	Sul
8. SCS372 Marina [*]	EPAGRI, Brasil	2014	Sul
9. SCS368 Ituporanga [*]	EPAGRI, Brasil	2011	Sul
10. SCS367 Favorita [*]	EPAGRI, Brasil	2011	Sul
11. SCS371 Katiy [*]	EPAGRI, Brasil	2014	Sul
12. SCS369 Águas Negras [*]	EPAGRI, Brasil	2011	Sul
13. BRS Rubissol [*]	EMBRAPA, Brasil	2011	Sul
14. BRS Amélia [*]	EMBRAPA, Brasil	2011	Sul
15. Beauregard [*]	LSU AgCenter, EUA	1987	Sudeste e Nordeste
16. Princesa [*]	EMBRAPA, Brasil	2000	Sudeste e Centro-Oeste
17. Brazlândia Branca [*]	EMBRAPA, Brasil	2000	Sudeste e Centro-Oeste
18. Brazlândia Rosada [*]	EMBRAPA, Brasil	2000	Sudeste e Centro-Oeste
19. Coquinho [*]	EMBRAPA, Brasil	2000	Sudeste e Centro-Oeste
20. UBD 02 ^{**}	Farmers, Brasil	-	Sudeste
21. Brazlândia Roxa [*]	EMBRAPA, Brasil	2000	Sudeste e Centro-Oeste

⁺ Genótipos disponibilizados por produtores e que são amplamente cultivados há mais de duas décadas no Brasil; ^{***} Cultivar com registro oficial no Uruguai e amplamente cultivada no Brasil; ^{*} Cultivares comerciais com registro oficial no MAPA, Brasil. [°] Genótipo sem registro oficial cultivado no Espírito Santo. ^{**} Genótipos cultivados na região Oeste Paulista e presumivelmente resultado de seleções realizadas por agricultores locais a partir de genótipos introduzidos por imigrantes japoneses.

2.2 Delineamento e condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos durante o ciclo verão – outono do ano de 2019 e 2021 na área experimental da Universidade do Oeste Paulista, Unoeste, Presidente Prudente, Brasil (22°07'51"27", 430 m de altitude). O clima da região segundo a classificação de Köppen é Cwa, com temperatura média anual de 25 °C e com precipitação média anual entre 1400 a 1500 mm . O solo do local é classificado como Argissolo Vermelho distroférico de textura média (EMBRAPA, 2018), com relevo suave ondulado e boa drenagem. O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas por duas leiras de 3 m de comprimento, espaçadas a 1 m entre leiras, 0.33 m entre plantas, totalizando 6 m². Para a área útil das parcelas (2 m²), foram consideradas apenas as seis plantas centrais de cada parcela.

No plantio, foram utilizadas ramas selecionadas e padronizadas (0,30 m de comprimento), provenientes de plantas mantidas em viveiro de manutenção, livres de patógenos e artrópodes-praga. No preparo do solo foram efetuadas duas arações pesadas e três gradagens leves. Foram levantadas as leiras até as mesmas atingirem uma altura de 0,4-0,5 m. Em base da análise de solo a adubação foi realizada no sulco de plantio, aplicando-se 20 kg ha⁻¹ de N, 80 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 60 kg ha⁻¹ K₂O (ECHER et al., 2015). A adubação de cobertura foi parcelada em duas aplicações de 30 kg ha⁻¹ de N e de K₂O, aos 30 e 60 dias após o plantio. A irrigação da área experimental foi realizada por meio de micro gotejadores conforme a necessidade hídrica da cultura. O controle de plantas daninhas foi realizado por meio de capinas manuais e para o controle de artrópodes-praga e doenças foram efetuadas aplicações preventivas com Flutriafol e Casugamicina, conforme recomendações técnicas.

2.3 Características morfoagronômicas

A caracterização dos genótipos foi realizada aos 100 e 150 dias após o plantio para as características relacionadas à parte aérea e raízes tuberosas, respectivamente. Foram avaliadas 21 características qualitativas conforme os descritores recomendados pelo *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR) (Huamán, 1991) e listados na Tabela 2. Também foram avaliadas onze características quantitativas: produção total de raízes tuberosas (TY, em kg ha⁻¹), produção fresca de raízes tuberosas comerciais (CTY, em kg ha⁻¹), produção de raízes tuberosas não comerciais (NTY, em kg ha⁻¹), número total de raízes tuberosas (TNT, em unidades), número de raízes tuberosas comerciais (NCT, em unidades ha⁻¹), massa média de raízes tuberosas comerciais (MCT, em kg), comprimento médio de raízes (TL, em cm), diâmetro médio de raízes (TD, em cm), porcentagem de massa seca de raízes tuberosas comerciais (TDM, em %), danos causados por insetos nas raízes (ID, em notas de 1 a 5): (5) livre de danos por insetos; (4) raros danos; (3) poucas raízes comerciais danificadas; (2) raízes comerciais mais danificadas; e (1) raízes comerciais inaceitáveis para consumo humano e/ou animal, e defeitos de superfície (SD, em notas de 1 a 7): (0) ausente; (1) pele semelhante a jacaré; (2) veias; (3) constrições horizontais superficiais; (4) constrições horizontais profundas; (5) fendas horizontais superficiais; (6) fendas horizontais profundas; e (7) constrições e fendas profundas.

Tabela 2. Escala de descritores morfológicos avaliados em genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) de acordo com Huamán (1991).

Características	Notas
1. Comprimento da haste	3-ereta (< 75 cm); 5-semi-ereta (75-150 cm); 7-dispersa (151-250 cm); 9-muito dispersa (>250 cm).
2. Cor predominante da rama	1-verde; 3-verde com poucas manchas avermelhadas; 4-verde com muitas manchas; 5-verde com manchas vermelho escuro; 6-predominantemente vermelho; 7-predominantemente vermelho escuro; 8-completamente avermelhada; 9-completamente vermelho escuro.
3. Cor secundária da rama	0-ausente; 1-base verde; 2-ponta verde; 3-nós verdes; 4-base avermelhada; 5-ponta avermelhada; 6-nós avermelhados; 7-outras.
4. Formato da folha madura	1-redonda; 2-reniforme; 3-cordiforme; 4-triangular; 5-lanceolada; 6-lobulada; 7-quase dividida
5. Tipo de lóbulos	0-Sem lóbulo; 1-muito suave; 3-suave; 5-moderado; 7-profundo; 9-muito profundo.
6. Número de lóbulos	0-Se a folha é redonda e lisa; 1-se não tem lóbulos laterais; 3-com três lóbulos; 4-com quatro lóbulos; 5-com cinco lóbulos; 7-com sete lóbulos; 9-com nove lóbulos.
7. Formato do lóbulo central	0-ausente; 1-dentado; 2-triangular; 3-semi-circular; 4-semi-elíptico; 5-elíptico; 6-lanceolado; 7-oblongo-lanceolado; 8-linear largo; 9-linear estreito.
8. Tamanho da folha madura	3-pequena (< 8 cm); 5-média (8-15 cm); 7-grande (16-25 cm); 9-muito grande (> 25 cm).
9. Pigmentação das nervuras	1-amarelo; 2-verde; 3-manchas vermelhas na base; 4-manchas vermelhas em várias nervuras; 5-nervura principal avermelhada; 6-nervura principal totalmente vermelha; 7-todas as nervuras parcialmente vermelhas; 8-todas nervuras totalmente vermelhas; 9-superfície inferior e nervuras totalmente vermelhas.
10. Cor da folha madura	1-amarelo-esverdeado; 2-verde; 3-verde com pontas avermelhadas; 4-verde-acizentado; 5-verde com veias roxas; 6-roxo suave; 7-predominantemente roxo; 8-verde superior e roxo no verso; 9-roxo em ambas as faces.
11. Cor da folha imatura	1-amarela-esverdeada; 2-verde; 3-verde com pontas avermelhadas; 4-verde-acizentado; 5-verde com veias roxas; 6-roxa suave; 7-predominantemente roxa; 8-verde superior e roxo no verso; 9-roxo em ambas as faces
12. Comprimento do pecíolo	1-muito curto (< 10 cm); 3-curto (10-20 cm); 5-Intermediário (21-30 cm); 7-longo (31-40 cm); 9- muito longo (> 40 cm).
13. Pigmentação do pecíolo	1-verde; 2-verde com roxo na base; 3-verde + roxo na inserção da folha; 4-verde + roxo nas inserções; 5-verde com manchas roxas; 6-verde com listas roxas; 7-roxa + verde na inserção da folha; 8-alguns pecíolos roxos, outros verdes; 9-completamente roxo.
14. Formato da raiz tuberosa	1-redondo; 2-redondo-elíptico; 3-elíptico; 4-ovalado; 5-obovado; 6- oblonga; 7-oblonga alongada; 8-longa elíptica; 9-longa irregular ou curvada.
15. Defeitos na superfície	0-ausente; 1-pele de jacaré; 2-veias; 3-constricções horizontais rasas; 4-constricções horizontais profundas; 5-dobras longitudinais rasas; 6- dobras longitudinais profundas; 7-constricções e dobras profundas; 8-outros.
16. Cor predominante da pele da raiz tuberosa	1-branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-alaranjado; 5-laranja-amarronzado; 6-rosado; 7-vermelho; 8-roxo avermelhado; 9-roxo escuro.
17. Intensidade da cor da pele da raiz tuberosa	1-pálido; 2-intermediário; 3-escuro
18. Cor secundária da pele da raiz tuberosa	0-ausente; 1-branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-alaranjado; 5-laranja-amarronzado; 6-rosado; 7-vermelho; 8-roxo avermelhado; 9-roxo escuro.
19. Cor predominante da polpa da raiz tuberosa	1-branco; 2-creme claro; 3-creme escuro; 4-amarelo claro; 5-amarelo escuro; 6-alaranjado claro; 7-alaranjado intermediário; 8-alaranjado escuro; 9-fortemente arroxado.
20. Cor secundária da polpa da raiz tuberosa	0-ausente; 1-branco; 2-creme; 3-amarelo; 4-alaranjado; 5-rosado; 6-vermelho; 7-vermelho escuro; 8-roxo; 9-roxo escuro
21. Distribuição da cor secundária da polpa da raiz tuberosa	0-ausente; 1-anel próximo da casca; 2-anel largo próximo da casca; 3-manchas esparsas concentradas; 4-anel delgado na polpa; 5-anel largo na polpa; 6-anel e outras manchas na polpa; 7-mancha na secção longitudinal; 8-manchas cobrindo quase tudo; 9-manchas cobrindo toda a polpa

2.4 Análise dos dados

As características quantitativas foram submetidas à análise de variância (ANOVA) e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade de erro. A diversidade genética entre os genótipos avaliados foi verificada utilizando o coeficiente de coincidência simples e a distância de Mahalanobis para as características qualitativas e quantitativas, respectivamente. Os agrupamentos hierárquicos dos genótipos foram obtidos por meio do método de Ward (1963) para ambas as matrizes de distância. O método de Mojena (1977) foi utilizado para indicação do ponto de corte no dendrograma, considerando $k=1,25$ como regra de parada na definição do número de grupos, conforme sugerido por Milligan e Cooper (1985). Uma Rede de correlações foi elaborada para as interações entre as características quantitativas. Um tanglegram foi utilizado para comparar os dendrogramas obtidos pelas matrizes de distância dos dados qualitativos e quantitativos. Além disso, a correlação entre ambas as matrizes foi realizada por meio do teste de Mantel com 1000 permutações. A identificação das características quantitativas mais relevantes incluídas nos genótipos de batata-doce analisados foi verificada utilizando a análise de componentes principais (PCA). A contribuição relativa para discriminação dos genótipos foi calculada pelo método de Singh (1981). As análises estatísticas foram todas realizadas utilizando os softwares Genes (Cruz, 2016) e R (<https://www.r-project.org/>).

3. Resultados

3.1 Características qualitativas

A caracterização dos genótipos em relação às características qualitativas está presente nas Tabelas 3 e 4. Houve polimorfismo para todas as características avaliadas, com exceção da distribuição da cor secundária da polpa, uma vez que todos os genótipos apresentaram distribuições no anel largo próximo da casca (Tabela 4). Três genótipos (INIA Arapey, IAPAR 69 e BRS Amélia) apresentaram hastes semiereta, enquanto, os demais genótipos apresentaram hastes dispersas (Tabela 3). Quanto aos defeitos em superfície, 13 genótipos apresentaram constrições horizontais rasas e a maior parte dos analisados apresentaram raízes com formato elíptico e ocorreu predominância de genótipos com coloração de polpa creme e branco em relação às coloridas (Tabela 4).

Tabela 3. Caracterização dos 21 genótipos de batata-doce para características qualitativas relacionadas às hastes, ramos e folhas das plantas.

Característica	Genótipos ¹
Comprimento da haste	
Semiereta	2, 4 e 14
Dispersa	1, 3, 5, 6, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20 e 21
Muito dispersa	7
Cor predominantes da rama	
Verde	3, 4, 5, 6, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 19 e 21
Verde com poucas manchas avermelhadas	1, 17 e 18
Verde com muitas manchas	7
Verde com manchas vermelho escuro	2 e 20
Cor secundária da rama	
Base verde	9, 11, 14 e 18
Nós verde	4, 10, 15, 16 e 21
Ponta avermelhada	3, 5, 8, 13 e 17
Nós avermelhados	6, 7, 12, 19 e 20
Formato da folha madura	
Cordiforme	9
Triangular	1, 2, 4, 8, 12, 13, 15, 20 e 21
Lanceolada	16
Lobulada	3, 5, 6, 7, 10, 11, 14, 17, 18 e 19
Tipo de lóbulos	
Sem lóbulo	8, 9, 12, 15 e 21
Muito suave	1, 2 e 4
Suave	13 e 20
Moderado	3, 5, 7, 10, 11, 14, 17, 18 e 19
Profundo	6 e 16
Número de lóbulos	
Folha redonda e lisa	5, 8, 9 e 21
Com três lóbulos	1, 2, 3, 7, 11, 12, 14, 15, 17, 18 e 20
Com cinco lóbulos	4, 6, 10, 13, 16 e 19
Formato do lóbulo central	
Ausente	5, 8, 9, 12, 15 e 21
Dentado	1, 2 e 4
Triangula	13, 20
Semicircular	14, 17, 18, 19
Semi-elíptico	3, 7, 10, 11
Elíptico	16
Lanceolado	6
Tamanho da folha madura	
Média	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 16, 17, 18, 19 e 20
Grande	15 e 21
Pigmentação das nervuras	
Amarelo	5, 7, 8, 15, 17, 18, 19, 20 e 21
Verde	1, 2, 3, 4, 6, 9, 10, 11, 14 e 16
Manchas vermelhas em várias nervuras	12 e 13
Cor da folha madura	
Amarelo-esverdeado	7 e 20
Verde	1, 2, 3, 4, 5, 8, 9, 10, 11, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19 e 21
Verde com pontas vermelhas	6
Verde superior e roxo no verso	13
Cor da folha imatura	
Amarelo-esverdeado	17, 18, 19 e 20
Verde	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 14, 15 e 16
Verde com veias roxas	12, 13 e 21

1. Canadense; 2. INIA Arapey; 3. Ligeirinha Paulista; 4. IAPAR 69; 5. UZBD 01; 6. Rainha Branca; 7. SCS370 Luiza; 8. SCS372 Marina; 9. SCS368 Ituporanga; 10. SCS367 Favorita; 11. SCS371 Katiy; 12. SCS369 Águas Negras; 13. BRS Rubissol; 14. BRS Amélia; 15. Beauregard; 16. Princesa; 17. Brazlândia Branca; 18. Brazlândia Rosada; 19. Coquinho; 20. UBD 02; 21. Brazlândia Roxa.

Tabela 4. Caracterização dos 21 genótipos de batata-doce para características qualitativas relacionadas aos pecíolos e raízes tuberosas das plantas.

Característica	Genótipos
Comprimento do pecíolo	
Curto	4, 5, 8, 9, 12 e 13
Intermediário	1, 2, 3, 6, 7, 11, 14, 17, 20 e 21
Longo	10, 15, 16, 18 e 19
Pigmentação do pecíolo	
Verde	1, 3, 4, 5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17 e 21
Verde mais roxos na inserção da folha	2
Verde mais roxo nas inserções	6, 7, 18, 19 e 20
Verde com manchas roxas	16
Formato da raiz tuberosa	
Redondo-elíptico	9 e 13
Elíptico	4, 5, 7, 10, 12, 14, 17 e 19
Ovalado	2 e 6
Obovado	21
Oblonga alongada	1, 3, 8, 15 e 16
Longa elíptica	11, 18 e 20
Defeitos na superfície	
Ausente	4, 6, 9, 10, 15, 17, 19 e 21
Constrições horizontais rasas	1, 2, 3, 5, 7, 8, 11, 12, 13, 14, 16, 18 e 20
Cor predominante da pele da raiz tuberosa	
Branco	9 e 17
Creme	16
Amarelo	6, 10 e 19
Laranja-amarronzado	14 e 15
Rosado	4, 12 e 18
Vermelho	13
Roxo-escuro	1, 2, 3, 5, 7, 8, 11, 20 e 21
Intensidade da cor da pele da raiz tuberosa	
Pálido	1, 2, 3, 4, 8, 10, 11, 13, 15, 17, 18 e 19
Intermediário	6, 7, 9, 12, 14, 16, 20 e 21
Escuro	5
Cor secundária da pele da raiz tuberosa	
Ausente	5, 15 e 21
Branco	16
Creme	9, 10, 17, 18 e 19
Amarelo	6
Alaranjado	4
Rosado	1, 2, 3, 8, 11, 12, 13 e 14
Roxo escuro	7 e 20
Cor predominante da polpa da raiz tuberosa	
Branco	1, 3, 6, 11 e 19
Creme	9, 12, 13, 16, 17, 18 e 21
Amarelo claro	2
Amarelo escuro	8 e 14
Alaranjado intermediário	4, 10 e 15
Fortemente roxeado	5, 7 e 20
Cor secundária da polpa da raiz tuberosa	
Ausente	4 e 15
Branco	7, 9, 11, 12, 13, 16, 17 e 18
Creme	1, 2, 3, 6, 8, 14, 19 e 21
Alaranjado	10
Roxo	5
Roxo escuro	20
Distribuição da cor secundária da polpa	
Anel largo próximo da casca	Todos

1. Canadense; 2. INIA Arapey; 3. Ligeirinha Paulista; 4. IAPAR 69; 5. UZBD 01; 6. Rainha Branca; 7. SCS370 Luiza; 8. SCS372 Marina; 9. SCS368 Ituporanga; 10. SCS367 Favorita; 11. SCS371 Katiy; 12. SCS369 Águas Negras; 13. BRS Rubissol; 14. BRS Amélia; 15. Beauregard; 16. Princesa; 17. Brazlândia Branca; 18. Brazlândia Rosada; 19. Coquinho; 20. UBD 02; 21. Brazlândia Roxa.

3.2 Características quantitativas

Não houve interação significativa entre os genótipos e os anos agrícolas, ocorrendo apenas diferença entre os genótipos para a média dos dois ambientes ($p \leq 0.05$) (Tabela 5).

Tabela 5. Análise de variância (ANOVA), médias e coeficiente de variação (CV) para as características produção total de raízes tuberosas (TY), produção fresca de raízes tuberosas comerciais (CTY), produção de raízes tuberosas não comerciais (NTY), número total de raízes tuberosas (TNT), número de raízes tuberosas comerciais (NCT), massa média de raízes tuberosas comerciais (MCT), comprimento médio de raízes (TL, em cm), diâmetro médio de raízes (TD), porcentagem de massa seca de raízes tuberosas comerciais (TDM), danos causados por insetos nas raízes (ID) e defeitos de superfície (SD) avaliadas em 21 genótipos de batata-doce.

Característica	Significância do teste F ¹			Média	CV (%)
	Genótipo (G)	Ambiente (A)	G × A		
TY (kg ha ⁻¹)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	22129,06	16.43
CTY (kg ha ⁻¹)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	12304,53	23.45
NTY (kg ha ⁻¹)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	9824,52	36.92
TNT (unidades)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	117023,80	43.83
NCT (unidades ha ⁻¹)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	39166,66	21.02
MCT (kg)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	301.65	33.47
TL (cm)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	17.99	18.07
TD (cm)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	45.01	12.37
ID (notas)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	3.87	16.37
SD (notas)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	1.98	74.37
TDM (%)	**	<i>ns</i>	<i>Ns</i>	20.10	25.31

¹*ns*, * e **: não significativo, significativo em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

As médias e o teste de Scott e Knott ($p \leq 0.05$) das onze características avaliadas são apresentadas na Tabela 6. A característica TY variou de 6463 (Luiza) a 50018 kg ha⁻¹ (IAPAR 69), enquanto o CTY oscilou entre 1269 (Luiza) a 29354 kg ha⁻¹ (IAPAR 69). As médias de NTY variaram de 4421 (Brazlândia Branca) a 21893 kg ha⁻¹ (Marina) e entre 43750 (BRS Amélia) a 208750 unidades (IAPAR 69) para característica TNT. Foram observados valores de NCT de 7500 (Luiza) a 86250 unidades ha⁻¹ (IAPAR 69) e entre 192 (Luiza) e 405 kg (Brazlândia Rosada) para MCT. As médias de TL variaram de 14.7 (Luiza) a 21.1 cm (IAPAR 69), enquanto o TD oscilou entre 35.8 cm (BRS Amélia) e 55.2 cm (Marina). As notas ID variaram de 2.8 (BRS Rubissol) a 4.5 (Luiza) e a característica SD apresentou notas médias entre 0.61 (IAPAR 69) e 4.33 (Rainha Branca). Por fim, as médias de TDM variaram entre 14.9 % (Marina) e 49.1 % (Princesa).

Tabela 6. Médias e teste de Scott e Knott para as características produção total de raízes tuberosas (TY, em kg ha⁻¹), produção fresca de raízes tuberosas comerciais (CTY, em kg ha⁻¹), produção de raízes tuberosas não comerciais (NTY, em kg ha⁻¹), número total de raízes tuberosas (TNT, em unidades), número de raízes tuberosas comerciais (NCT, em unidades ha⁻¹), massa média de raízes tuberosas comerciais (MCT, em kg), comprimento médio de raízes (TL, em cm), diâmetro médio de raízes (TD, em cm), porcentagem de massa seca de raízes tuberosas comerciais (TDM, em %), danos causados por insetos nas raízes (ID, em notas de 1 a 5) e defeitos de superfície (SD, em notas de 1 a 7) avaliadas em 21 genótipos de batata-doce.

Genótipo ¹	TY	CTY	NTY	TNT	NCT	MCT	TL	TD	ID	SD	TDM
Canadense	30503 c	17688 c	12815 c	122500 a	50000 c	352 a	18.8 a	48.9 a	3.7 b	1.33 b	21.1 b
INIA Arapey	25192 d	17121 c	8070 c	147500 a	53750 b	288 a	20.7 a	42.4 b	4.2 a	0.88 b	17.5 b
Ligeirinha Paulista	22116 e	11307 d	10808 c	126250 a	41250 d	272 a	17.6 b	48.4 a	3.9 a	1.44 b	18.1 b
IAPAR 69	50018 a	29354 a	20664 a	208750 a	86250 a	339 a	21.1 a	50.2 a	4.3 a	0.61 b	21.8 b
UBD 01	26655 d	19091 b	7563 c	147500 a	60000 b	326 a	17.3 b	46.6 a	3.8 a	0.83 b	23.4 b
Rainha Branca	8386 g	2859 f	5526 d	53750 b	10000 f	297 a	15.2 b	40.7 b	3.5 b	4.33 a	28.3 b
Luiza	6473 g	1269 f	5204 d	82500 b	7500 f	192 a	14.7 b	37.1 b	4.5 a	0.66 b	15.3 b
Marina	41539 b	19645 b	21893 a	167500 a	78750 a	267 a	20.7 a	55.2 a	4.1 a	1.61 b	14.9 b
Ituporanga	24877 d	14545 c	10332 c	143750 a	45000 c	325 a	16.9 b	46.8 a	4.0 a	3.16 a	15.1 b
Favorita	16428 f	8197 e	8231 c	142500 a	32500 d	258 a	17.9 b	43.6 b	4.1 a	1.88 b	23.8 b
Katiy	19799 e	12273 d	7525 c	100000 b	35000 d	358 a	17.5 b	46.7 a	4.2 a	2.22 b	18.6 b
Águas Negras	18337 f	9480 d	8856 c	130000 a	35000 d	263 a	15.6 b	43.2 b	3.3 b	1.00 b	21.8 b
BRS Rubissol	27590 d	7847 e	19742 a	105000 b	21250 e	316 a	16.9 b	50.5 a	2.8 b	2.86 a	21.2 b
BRS Amélia	10418 g	7870 e	2548 d	43750 b	22500 e	264 a	16.0 b	35.8 b	3.5 b	3.33 a	17.8 b
Beauregard	28593 d	14665 c	13928 b	140000 a	45000 c	327 a	20.0 a	47.0 a	4.3 a	1.33 b	19.5 b
Princesa	15383 f	8021 e	7362 c	90000 b	27500 d	287 a	18.9 a	41.2 b	3.3 b	3.05 a	49.1 a
Brazlândia Branca	11276 g	6854 e	4421 d	62500 b	25000 e	247 a	16.6 b	42.1 b	3.5 b	3.08 a	18.7 b
Brazlândia Rosada	16825 f	10521 d	6303 d	97500 b	32500 d	405 a	19.8 a	43.1 b	3.6 b	2.55 a	22.6 b
Coquinho	10894 g	6796 e	4098 d	58750 b	18750 e	297 a	16.9 b	40.2 b	4.0 a	1.91 b	19.4 b
UBD 02	32335 c	21596 b	10738 c	175000 a	58750 b	369 a	22.3 a	48.1 a	4.2 a	1.55 b	21.3 b
Brazlândia Roxa	21067 e	11388 d	9678 c	112500 b	36250 d	278 a	17.2 b	46.7 a	3.6 b	1.55 b	23.5 b

¹ Médias seguidas pelas mesmas letras não são significativamente diferentes pelo teste Scott-Knott à 5% de probabilidade de erro.

3.3 Rede de correlações

Foram observadas apenas correlações (r) positivas entre as características avaliadas (Figura 1). Em geral, as características TY, TD, TL, NCT, TNT, NTY e CTY correlacionaram-se positivamente ($r \geq 0.76$; $p \leq 0.05$) entre si. Por outro lado, as características TDM, SD, ID e MCT não apresentaram correlações significativas ($p \geq 0.05$) com outras variáveis.

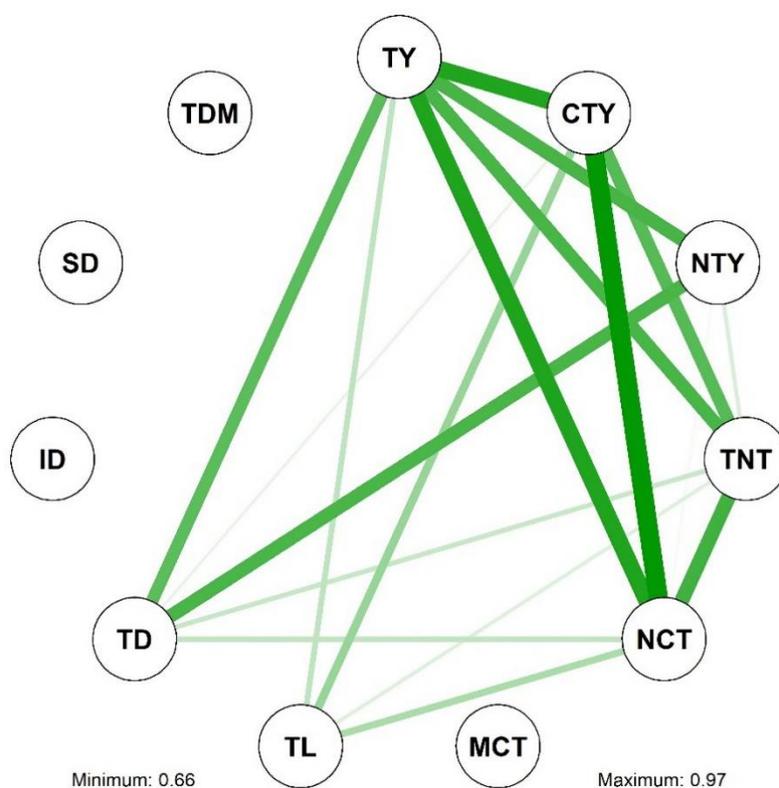


Figura 1. Rede de correlações entre as características produção total de raízes tuberosas (TY), produção fresca de raízes tuberosas comerciais (CTY), produção de raízes tuberosas não comerciais (NTY), número total de raízes tuberosas (TNT), número de raízes tuberosas comerciais (NCT), massa média de raízes tuberosas comerciais (MCT), comprimento médio de raízes (TL, em cm), diâmetro médio de raízes (TD), porcentagem de massa seca de raízes tuberosas comerciais (TDM), danos causados por insetos nas raízes (ID) e defeitos de superfície (SD) avaliadas em 21 genótipos de batata-doce. A espessura das linhas verdes indica a magnitude da correlação.

3.4 Dendrograma, análise de componentes principais e importância relativa

O dendrograma obtido pelo método de Ward (1963) é apresentado na Figura 2A. O método de Mojena (1977) indicou a formação de três grupos distintos. O grupo 1 (verde) foi formado pelos genótipos UBD 02, Arapey, UBD 01, Canadense, Beauregard, IAPAR 69 e Marina. Esse grupo destacou-se dos demais por apresentar as maiores médias para as características ID, NTY, TD, TL, TNT, TY, CTY e NCT. O grupo 2 (azul) foi

composto por oito genótipos (BRS Rubissol, Favorita, Águas Negras, Brazlândia Roxa, Brazlândia Rosada, Ligeirinha Paulista, Ituporanga e Katiy) e caracterizados por apresentar valores intermediários para todas as características avaliadas. Por sua vez, o grupo 3 (laranja) foi formado pelos genótipos Luiza, Rainha Branca, Coquinho, Princesa, BRS Amélia e Brazlândia Branca. Em geral, os genótipos do grupo 3 foram caracterizados por apresentarem as menores médias para ID, NTY, TD, TL, TNT, TY, CTY e NCT.

A análise de componentes principais (PCA) explicou 72,78% de variação total existente entre os 21 genótipos de batata-doce por meio dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2, respectivamente) (Figura 2). Em relação à contribuição relativa das características para divergência genética entre os genótipos, as características avaliadas apresentaram contribuições similares, variando entre 7.26 (NTY) e 10.81 % (MCT).

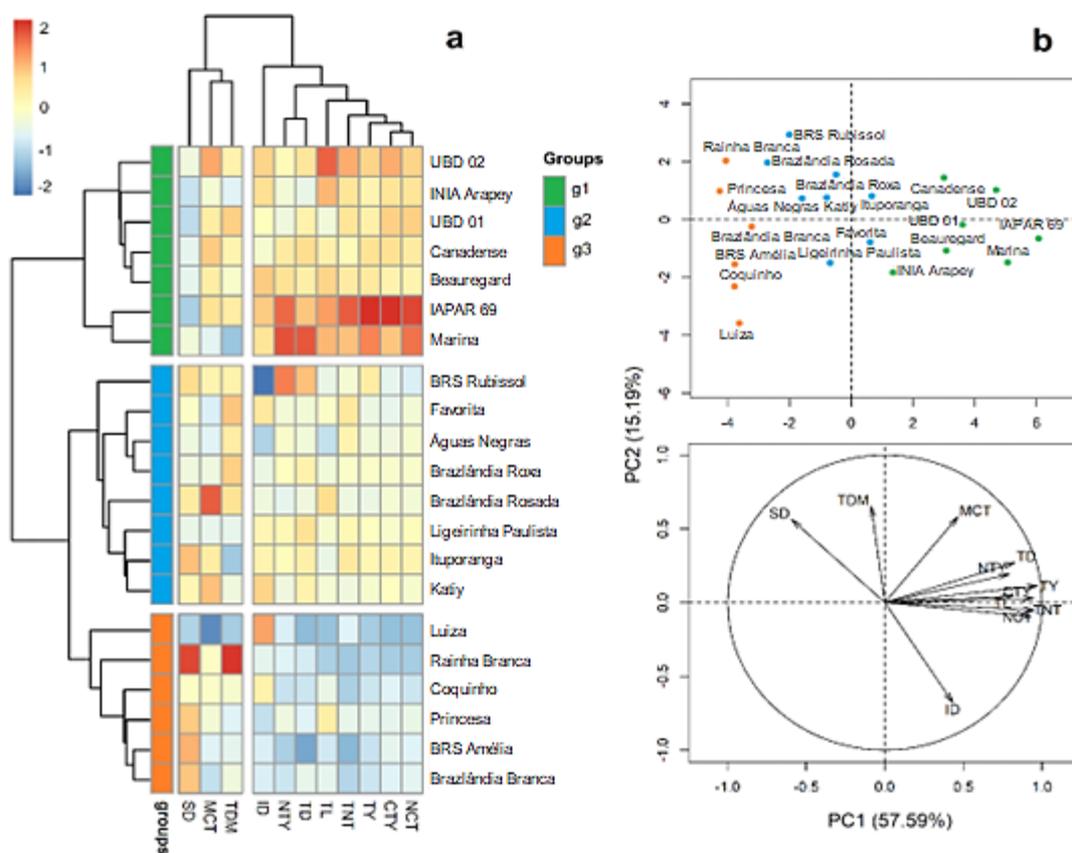


Figura 2. (a) Heatmap com agrupamento hierárquico pelo método de Ward e (b) análise de componentes principais dos 21 genótipos de batata-doce avaliados para as características produção total de raízes tuberosas (TY), produção fresca de raízes tuberosas comerciais (CTY), produção de raízes tuberosas não comerciais (NTY), número total de raízes tuberosas (TNT), número de raízes tuberosas comerciais (NCT), massa média de raízes tuberosas comerciais (MCT), comprimento médio de raízes (TL, em cm), diâmetro médio de raízes (TD), porcentagem de massa seca de raízes tuberosas comerciais (TDM), danos causados por insetos nas raízes (ID) e defeitos de superfície (SD).

3.5 Associação entre dendrogramas (tanglegram)

A comparação dos dendrogramas obtidos a partir dos dados qualitativos e quantitativos pode ser verificada no tanglegram apresentado na Figura 3. Podemos observar que não houve concordância dos agrupamentos utilizando os dados qualitativos e quantitativos. A não concordância entre ambos os agrupamentos foi confirmada pelo teste de Mantel (r_m), uma vez que não houve correlação significativa entre ambas as matrizes de distância ($r_m = 0.12$; $p = 0.10$).

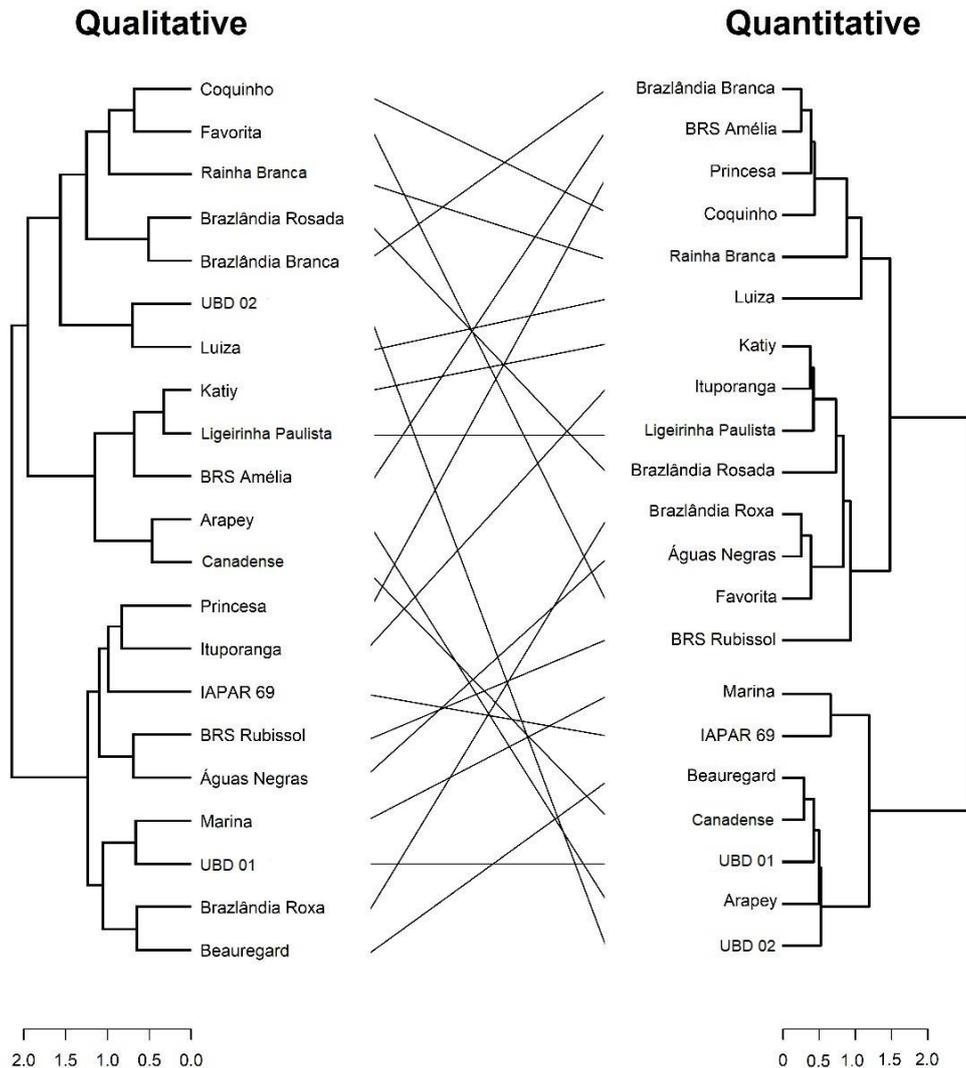


Figura 3. Tanglegram dos dendrogramas obtidos a partir das características qualitativas e quantitativas dos 21 genótipos de batata-doce avaliados no presente estudo. Os dendrogramas foram realizados utilizando o método de Ward (1963) por meio do coeficiente de coincidência simples (qualitativas) e Mahalanobis (quantitativas).

4. Discussão

Ao analisar diversos caracteres qualitativos e quantitativos, como nesse estudo, é possível identificar distintas características marcantes de cada um dos genótipos de batata-doce. O conhecimento das características morfoagronômicas dos principais genótipos cultivados no Brasil, faz com que tenhamos melhor compreensão da variabilidade genética entre eles. A variabilidade genética entre os genótipos, pode inclusive contribuir com a identificação de características promissoras (LEAL et al., 2021). Essas podem ser empregadas indiretamente ou diretamente para diversas finalidades como, por exemplo, a seleção de genótipos com polpas coloridas para produção de raízes com melhores características nutricionais, com maior produtividade de raízes para aumento do rendimento agrônomico, dentre outras (ZEIST et al., 2022a; SOLANKEYA et al., 2015). Ao mesmo tempo, a relação entre características quantitativas (Figura 1) é de suma importância em programas de melhoramento genético de batata-doce, uma vez que pode auxiliar a seleção indireta de características de difícil e/ou onerosa avaliação (GONÇALVES NETO et al., 2012). Resultados semelhantes para a relação entre as características observadas no presente estudo foram também relatados em batata-doce por Azevedo et al. (2015) e Carmona et al. (2015).

Em relação à caracterização quantitativa dos genótipos de batata-doce (Tabelas 3 e 4), a poliploidia se faz muito presente em estudos com batata-doce. Isso pode ser explicado pela alta variabilidade genética encontrada na cultura (SILVA et al., 2015). O mesmo aspecto ou até com maior intensidade ocorre também para as características qualitativas. É decorrente da poliploidia que diversos genótipos têm sido obtidos com maiores níveis de produtividade, assim como melhor qualidade de produto e maior tolerância a estresses bióticos e abióticos; ainda, a poliploidia das espécies possibilita a seleção de genótipos mais adaptados à diferentes regiões produtoras (SATTLER et al., 2015; ZEIST et al., 2022a). Estas informações nos relatam a importância de estudar simultaneamente as características qualitativas e quantitativas dos genótipos (ZEIST et al., 2022b).

Dentre a caracterização de ramos e folhas (Tabela 3) merece atenção os genótipos INIA Arapey, IAPAR 69 e BRS Amélia, que quanto ao comprimento das hastes, tiveram hastes semieretas. Esses genótipos, possuem vantagens em relação aos que possuem ramos dispersas ou muito dispersas quanto à melhor adaptação as práticas de cultivo que empregam a mecanização. Por sua vez, no presente estudo não se identificou nenhum genótipo com ramos totalmente eretas, o que seria ainda mais favorável à utilização de

máquinas e implementos agrícolas no manejo das plantas de batata-doce. Alta variabilidade morfológica também foi observada para as características relacionadas às cores das ramas e folhas, bem como do formato das características relacionadas às folhas. Esses parâmetros são interessantes, considerando que são características que têm sido exploradas visando à seleção de genótipos de batata-doce com aptidão para o paisagismo e ornamentação (JACKSON et al., 2019).

Houve predominância de genótipos com coloração de polpa branca ou creme (12 genótipos) (Tabela 4). Isso se deve pois no Brasil ainda há preferência tanto por parte dos agricultores quanto dos consumidores brasileiros pela utilização e consumo dessas cultivares (SOUSA et al., 2020). Entretanto, o emprego de genótipos de polpa roxa e alaranjada vem crescendo ano após ano em virtude da qualidade nutritiva e potencial de por meio da exportação atender mercados mais rentáveis (LEAL et al., 2021; ZEIST et al., 2022a).

As características quantitativas (Tabela 5) apresentam variações médias muito significativas entre os genótipos para as características avaliadas. O parâmetro CTY apresentou amplitude de aproximadamente 28 toneladas por ha; o parâmetro TY obteve amplitude de aproximadamente 43,5 toneladas por ha, e o TNT amplitude de aproximadamente 78.750 unidades por ha. Para essas três características, os maiores valores foram encontrados no genótipo IAPAR 69, o tornando o mais produtivo de todos os genótipos analisados. Em contrapartida, para os mesmos três parâmetros, o genótipo Luiza obteve os menores valores, sendo o pior genótipo para esses parâmetros. Ao levar em consideração que ambos os genótipos (IAPAR 69 e Luiza) são cultivados principalmente na região Sul e apresentaram essas divergências na região Sudeste, isso demonstra uma melhor adaptabilidade do genótipo IAPAR 69 para ser cultivado nessa região. Em relação a CTY, o genótipo IAPAR 69 foi seguido pelos genótipos UBD 02, UBD 01 e Marina, os quais apresentaram produção ligeiramente menor de aproximadamente 10 toneladas por hectare, sendo o UBD 02 e o UBD 01 genótipos amplamente cultivados na região Sudeste.

Os resultados obtidos por meio de correlações entre características como na rede de correlações (Figura 1), permite melhor visualização da interação de um caráter sobre o outro, facilitando a seleção principalmente daqueles de difícil avaliação, economizando tempo, dinheiro e mão de obra (GONÇALVES NETO et al., 2012). A correlação positiva encontrada entre as características TY, TD, TL, NCT TNT, NTY e CTY estão relacionadas diretamente com a característica de produtividade dos genótipos, logo a

seleção de qualquer uma dessas características implica nas demais. Resultados semelhantes foram encontrados por Azevedo et al. (2015), os quais também observaram relação positiva entre o peso comercial e o formato das raízes, mostrando que a seleção de genótipos com maior produtividade implica também na melhoria do formato das raízes. Por outro lado, as características TDM, SD, ID e MCT não apresentaram correlações significativas, contrastando com os resultados encontrados por Vargas et al. (2018), os quais encontraram nos descritores morfológicos 22,26% dos caracteres pareados com correlações significativas. Nesse caso, a seleção de genótipos com as correlações negativas não influencia positivamente na melhoria das características.

A utilização do Heatmap (Figura 2 a), é um método fácil e intuitivo de análise que permite uma melhor visualização dos dados de forma hierárquica, levando em consideração a similaridade entre as variantes analisadas, tendo matematicamente como base a distância entre dois pontos (REBOUÇAS et al., 2018; UARROTA et al., 2014). Assim, com base no mapa de calor (Heatmap) e utilizando o método de Ward, foi possível a formação de três grupos de genótipos de batata-doce em forma hierárquica. A classificação dos genótipos em grupos se mostra essencial na escolha dos progenitores que serão futuramente utilizados no melhoramento da cultura (BISWAS et al., 2018; NERLING et al., 2018), uma vez que genótipos pertencentes a um mesmo grupo são geneticamente semelhantes entre si e seus cruzamentos resultam em menor variabilidade (SANTOS et al., 2012). O emprego de cruzamentos entre genótipos de batata-doce distantes, como os identificados no grupo 1 (verde) caracterizado com as maiores médias em comparação aos outros dois grupos identificados como intermediário e inferior (azul e laranja), nos permite obter melhoria dessas características nos grupos que possuem inferioridade quanto às características analisadas (SILVA JUNIOR et al., 2022).

A análise de PCA (Figura 2 b) nos fornece as características quantitativas mais significativas, destacando-se como metodologia comumente empregada em agrupamentos de germoplasmas com base em suas semelhanças (KARIM et al., 2022). Os resultados observados na PCA foram concordantes aos relatados pelo dendrograma, uma vez que foi possível observar distinção clara dos 21 genótipos de batata-doce nos mesmos três diferentes grupos. A porcentagem de variância explicada de 72,78% de variação total encontrada é reflexo da qualidade dos componentes que sintetizam os dados (NORMAN et al., 2014). Resultados semelhantes foram encontrados por Placide et al. (2015), que usando PCA encontraram uma variação média de 77,83% nos 7 primeiros eixos componentes principais ao analisar a heterogeneidade de genótipos de batata-doce.

Entretanto, Solankey, Singh (2018), relatam que o Primeiro Componente Principal (PC1) responsabiliza-se por 26% da variância total. A variação da contribuição relativa das características para divergência genética indica que todas as características avaliadas neste estudo foram importantes para estimar a divergência genética em genótipos de batata-doce, assim como ocorreu nos estudos de Carmona et al. (2015) e Zeist et al. (2022a).

A não concordância entre as matrizes de distância obtidas a partir de características quantitativas e qualitativas, apresentadas nesse estudo (Figura 3), já foram relatadas em diversas espécies, confirmando a importância de ambas as caracterizações para um melhor entendimento da diversidade genética entre os genótipos avaliados (VIEIRA et al., 2013; MELÃO et al., 2015; DELFINI et al., 2017; SILVA JUNIOR et al., 2022). Esse aspecto, mostra a relevância de estudar-se concomitantemente características qualitativas e quantitativas (ZEIST et al., 2022b).

Carmona et al. (2015) em seu estudo sobre divergência genética entre genótipos de batata-doce, utilizando descritores morfoagronômicos das raízes, identificou semelhança entre os clones de batata-doce analisados, devido principalmente a proximidade geográfica em que foram obtidos. Por sua vez, no presente trabalho, apesar de explorarmos os principais genótipos brasileiros para produção de raízes visando o consumo humano, não se referem necessariamente a plantas que se originaram em uma mesma microrregião. Inclusive, muitos dos genótipos aqui explorados, foram desenvolvidos e selecionados por instituições que estão localizadas em regiões distintas e em diferentes momentos. Ao mesmo tempo genótipos de origem desconhecida, como Canadense, Ligeirinha Paulista, UBD 01, Rainha Branca e UBD 02, são cultivados por produtores de diferentes regiões do Brasil. Esse aspecto favorece a alta diversidade genética observada nos genótipos explorados no presente trabalho.

5. Conclusão

O presente estudo possibilitou a formação de três grupos distintos entre si com base nos caracteres qualitativos e quantitativos, fornecendo semelhanças e divergências genéticas, assim como conhecimento de diversas características de cada um dos 21 genótipos analisados. O genótipo IAPAR 69 foi o que obteve melhor desempenho para as características produtivas analisadas.

Com base nos dados desse estudo, é possível a realização de diversos trabalhos que visem explorar as características específicas de cada um dos genótipos apresentados, para assim obter genótipos superiores para diferentes aptidões.

6. Referências

ANDRADE, E.K.V.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; LAIA, M.L.; FERNANDES, J.S.C.; OLIVEIRA, A.J.M.; AZEVEDO, A.M. 2017. Genetic dissimilarity among sweet potato genotypes using morphological and molecular descriptors. **Acta Scientiarum. Agronomy** 39: 447-455. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v39i4.32847>

ANDRADE, I.S.; MELO, C.A.F.; NUNES, G.H.S.; HOLANDA, I.S.A.; GRANGEIRO, L.C.; CORRÊA, R.X. 2018. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae** 243: 514-523. <http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2018.09.006>.

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; FERNANDES, J.S.; PEDROSA, C.E.; OLIVEIRA, C.M. 2015. Agronomic performance and genetic parameters of sweet potato genotypes. **Horticultura Brasileira** 33: 84-90. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620150000100014>

AZEVEDO, A.M.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; FERNANDES, J.S.; PEDROSA, C.E.; OLIVEIRA, C.M. 2015. Agronomic performance and genetic parameters of Sweet potato genotypes. **Horticultura Brasileira** 33: 84-90. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620150000100014>

BISWAS, M.; NATH, U.; HOWLADER, J.; BAGCHI, M.; NATARAJAN, S.; KAYUM, M.D.A.; KIM, H.; PARK, J.; KANG, J.; NOU, I. 2018. Exploration and exploitation of novel ssr markers for candidate transcription factor genes in *Lilium Species*. **Genes** 9: 97. <http://dx.doi.org/10.3390/genes9020097>.

CARMONA, P.A.; PEIXOTO, J.R.; AMARO, G.B.; MENDONÇA, M.A. 2015. Divergência genética entre acessos de batata-doce utilizando descritores morfoagronômicos das raízes. **Horticultura Brasileira** 33: 241-250. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620150000200017>

CRUZ, C.D. 2016. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy** 38: 547-552. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

DELFINI, J.; MODA-CIRINO, V.; RUAS, C.D.F.; DOS SANTOS NETO, J.; RUAS, P.M.; BURATTO, J.S.; AZEREDO GONÇALVES, L.S. 2017. Distinctness of Brazilian common bean cultivars with carioca and black grain by means of morphoagronomic and molecular descriptors. **PloS one** 12: e0188798. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0188798>

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

GONÇALVES NETO, A.C.; MALUF, W.R.; GOMES, L.A.A.; MACIEL, G.M.; FERREIRA, R.P.D.; CARVALHO, R.C. 2012. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. **Horticultura Brasileira** 30: 713-719. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000400025>

HUAMÁN, Z. 1991. **Descriptors for sweet potato Rome: International Board for Genetic Resources/Centro Internacional de la Papa/Asian Vegetable Research and Development Center.** 134p. https://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/migrated/uploads/tx_news/Descriptors_for_sweet_potato_Descripteurs_pour_la_patate_douce_Descriptores_de_la_batata_263.pdf

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE. 2021. **Cidades.** <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/pesquisa/14/10233>

JACKSON, D.; HARRISON, H.; JARRET, R.; WADL, P. 2019. Análise fenotípica de cores de folhas da coleção de germoplasma USDA, ARS de batata-doce (*Ipomoea batatas*). **Recursos genéticos de plantas: Caracterização e utilização** 17: 325-338. 10.1017/S1479262119000042

KARIM, N.A.; DEVARAJAN, T.; AHMAD, A. 2022. Análise de Componentes Principais para Caracterização Fenotípica de Genótipos de Batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) na Malásia. **Trends in Sciences** 19: 4612. <https://doi.org/10.48048/tis.2022.4612>

LEAL, M.H.S.; ZEIST, A.R.; RODRIGUES JÚNIOR, N. SILVA JÚNIOR, A.D.; ARANTES, J.H.V.; GARCIA NETO, J.; PIERI, J.R.S.; PERRUD, A.C. 2021. Seleção de novos genótipos de batata-doce com base em parâmetros de produção, características físicas das raízes e resistência a *Euscepes postfasciatus*. **Journal Of Crop Science And Biotechnology** 24: 349-360. <https://doi.org/10.1007/s12892-020-00083-0>

MANOHAR, R.V.; NIVETHITHA, T.; JADHAV, B.N.; RAVEENDRAN, M.; N, SRITHARAN.; PUSHPAM, R.; JOEL, A.J. 2022. Utilising genetic variability and diversity analysis as a tool to identify drought tolerant pre-breeding genetic materials in rice (*Oryza sativa* L.). **Pharma Innovation** 11: 1374-1381. <https://doi.org/10.22271/tpi.2022.v11.i8q.14924>

MANTEL, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer research** 27: 209-220. 6018555

MAPA. 2022. **Cultivares de batata doce registradas. Ministério da Agricultura.** Brasília. https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php

MAREFATZADEH-KHAMENEH, M.; FABRIKI-OURANG, S.; SORKILALEHLOO, B.; ABBASI-KOHPALEKANI, J.; AHMADI, J. 2021. Genetic diversity in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) germplasm using fruit variation implemented by tomato analyzer software based on high throughput phenotyping. **Genetic Resources And Crop Evolution** 68: 2611-2625. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01153-0>

MELÃO, A.V.; PEREIRA, M.G.; KRAUSE, W.; GONÇALVES, L.S.A.; MOREIRA, W.G. 2015. Caracterização agronômica e divergência genética entre acessos de

abacaxizeiro nas condições do estado de Mato Grosso. **Revista Brasileira de Fruticultura** 37: 952-960. <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-218/14>

MILLIGAN, G.W.; COOPER, M.C. 1985. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika** 50: 159-179. <https://doi.org/10.1007/BF02294245>

MOJENA, R. 1977. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal** 20: 359-363. <https://doi.org/10.1093/comjnl/20.4.359>

MOURA, M.C.C.L.; GONÇALVES, L.S.; SUDRÉ, C.P.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PEREIRA, T.N.S. 2010. Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. **Horticultura Brasileira** 28: 155-161. <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-05362010000200003>

NERLING, D.; COELHO, C. M. M.; BRÜMMER, A. 2018. Biochemical profiling and its role in physiological quality of maize seeds. **Journal of Seed Science** 40: 07–15. <https://doi.org/10.1590/2317-1545v40n1172734>

NORMAN, P.E.; BEAH, A.A.; SAMBA, J.A.; TUCKER, M.J.; LISSA, J.; KOROMA, F.; BENYA, M.T.; FOMBA, S.N. 2014. Caracterização agrofenotípica de genótipos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) por meio de análises fatoriais e de agrupamento. **Agricultural Science Research Journal** 4: 30-8. <https://www.semanticscholar.org/paper/Agro-phenotypic-characterization-of-sweet-potato-Norman-Aa/12824d3782bc206285bc3fdb1d0c1b57c47a8690>

OLIVEIRA, G.J.A.; ZEIST, A.R.; TOROCO, B.R.; GARCIA NETO, J.; LEAL, M. H.S.; SILVA JUNIOR, A.D.; OLIVEIRA, J.N.M.; LEAL, J.L.P. 2022. Agronomic performance of experimental white-fleshed sweet potato genotypes in commercial fields. **Horticultura Brasileira** 40: 342-347. <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-0536-20220314>.

R CORE TEAM. 2013. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Áustria. <https://www.r-project.org>

PLACIDE, R.; SHIMELIS, H.; LAING, M.; GAHAKWA, D. 2015. Application of principal component analysis to yield and yield related traits to identify sweet potato breeding parents. **Journal of Tropical Agriculture** 92: 1-15. <https://journals.sta.uwi.edu/ojs/index.php/ta/article/view/885>

RAMOS, A.C.; GONÇALVES, E.M.; ABREU, M. 2021. Valorização de batata-doce: qualidade e aptidão de uso diferenciadas. **Vida Rural** 68-72. https://www.iniav.pt/images/publicacoes/2021/Valorizacao_de_batata-doce.pdf

REBOUÇAS, T.A.; HADDAD, F.; FERREIRA, C.F.; OLIVEIRA, S.A.S.; LEDO, C. A.S.; AMORIM, E. P. 2018. Identification of banana genotypes resistant to Fusarium wilt race 1 under field and greenhouse conditions. **Scientia Horticulturae** 239: 308–313. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.04.037>

ROCHA, M.C.; GONÇALVES, L.S.A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P.R.A.; CARMO, M.G.F.; ABOUD, A.C.S. 2010. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum Agronomy** 32: 423-431. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v32i3.4888>

- SÁNCHEZ, C.; SANTOS, M.; VASILENKO, P.R. 2019. Batata-doce branca, roxa ou alaranjada? Avaliação qualitativa e nutricional. **Vida Rural** 1847: 30–32. https://projects.inia.pt/bdmira/images/artigos-tecnicos/Batata-doce_branca_roxa_alaranjada.pdf
- SANTOS, E.R.; BARROS, H.B.; CAPONE, A.; de MELO, A.V.; CELLA, A.J.S.; SANTOS, W.R. 2012. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias** 7: 247–254. <https://doi.org/10.5039/agraria.v7i2a1560>
- SANTOS, H.G.; JACOMINE, K.T.; ANJOS, L.H.C.; OLIVEIRA, A.; LUMBRERAS, J.F.; COELHO, M.R.; ALMEIDA, J.A.; CUNHA, T.J.F.; OLIVEIRA, J.B. 2018. **Sistema brasileiro de classificação de solos Embrapa solos**. Embrapa 346. <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1094003/sistema-brasileiro-de-classificacao-de-solos>
- SATTLER, M.C.; CARVALHO, C.R.; CLARINDO, W.R. 2016. A poliploidia e seu papel fundamental no melhoramento de plantas. **Planta** 243: 281-296. <https://doi.org/10.1007/s00425-015-2450-x>
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. 1974. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**30: 507-512. <https://doi.org/10.2307/2529204>
- SILVA JÚNIOR, A.D.; ZEIST, A.R.; LEAL, M.H.S.; OLIVEIRA, J.N.M.; OLIVEIRA, G.J.A.; TOROCO, B.R.; SILVA, D.F.; NOGUEIRA, A.F. 2022. Divergência genética em espécies de *Physalis* e híbridos interespecíficos com base em caracteres morfoagronômicos. **Pesquisa, Sociedade e Desenvolvimento** 11: e4311225464 10.33448/rsd-v11i2.25464.
- SILVA, G.O.; SUINAGA, F.A.; PONIJALEKI, R.; AMARO, G.B. 2015. Desempenho de cultivares de batata-doce para caracteres relacionados com rendimento de raiz. **Revista Ceres** 62: 379-383. <https://doi.org/10.1590/0034-737X201562040007>
- SINGH, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding** 41: 237-245. <https://www.indianjournals.com/ijor.aspx?target=ijor:ijgpb&volume=41&issue=2&article=010>
- SOLANKEY, S.S.; SINGH, P.K.; SINGH, R.K. 2014. Genetic diversity and interrelationship of qualitative and quantitative traits in sweet potato. **International Journal Of Vegetable Science** 21: 236-248. <http://dx.doi.org/10.1080/19315260.2013.867295>.
- SOUSA, R.N.; SOUSA, I.J.A.; SANTANA, W.R.; BRITO, M.R.; SIQUEIRA, F.L.T. 2020. Seleção de genótipos de batata-doce *Ipomoea batatas* (L) Lam Com características para consumo mesa. **Revista Desafios** 7: 63-69. <http://dx.doi.org/10.20873/uftv7-5804>
- SOLANKEY, S.S.; SINGH, P.K. 2018. Principal component assessment of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) lam) genotypes for yield and quality traits. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences** 7: 1124-1130. <https://www.ijcmas.com/special/7/S.S.%20Solankey%20and%20P.K.%20Singh.pdf>

- TORRES, F.E.; VALLE, C.B.; LEMPP, B; TEODORO, P.E.; RIGON, J.P.G.; RIBEIRO, L.P.; CORRÊA, C.C.G.; LUZ JÚNIOR, R.A.A. 2015. Estimativa da divergência entre ecótipos de braquiária baseada em descritores quantitativos e qualitativos. **Ciência Rural** 45: 485-491. <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140537>
- UARROTA, V.G.; MORESCO, R.; COELHO, B.; NUNES, E.C.; PERUCH, L.A.M.; NEUBERT, E.O.; ROCHA, M.; MARASCHIN, M. 2014. Metabolomics combined with chemometric tools (PCA, HCA, PLS-DA and SVM) for screening cassava (*Manihot esculenta* Crantz) roots during postharvest physiological deterioration. **Food Chemistry** 161: 67–78. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2014.03.110>
- VARGAS, P.F.; ENGELKING, E.W.; ALMEIDA, L.C.F.; FERREIRA, E.A.; CHARLO, H.C.O. 2018. Genetic diversity among sweet potato crops cultivated by traditional farmers. **Revista Caatinga** 31: 779-790. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252018v31n329rc>
- VIEIRA, E.A.; FIALHO, J.F.; FALEIRO, F.G.; BELLON, G.; FONSECA, K.G.; SILVA, M.S.; CARVALHO, L.J.C.B. 2013. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias** 34: 567-581. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=445744120009>
- WARD, J. H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. **Journal of the American statistical association** 58: 236-244. <https://doi.org/10.1080/01621459.1963.10500845>
- ZEIST, A.R.; LEAL, M.H.S.; RESENDE, J.T.V.; RECH, C.; SILVA JÚNIOR, A.D.; TOROCO, B.R.; OLIVEIRA, J.N.M.; OLIVEIRA, G.J.A. 2022a. Selecting orange-fleshed sweet potato genotypes using selection indices. **Horticultura Brasileira** 40: 231-237. <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-0536-20220214>
- ZEIST, A.R.; RESENDE, J.T.V.; OLIVEIRA, G.J.A.; LIMA FILHO, R.B.; HENSCHER, J.M.; FIGUEIREDO, A.S.T.; SILVA JÚNIOR, A.D.; FARIA, M.V. 2022b. Genetic divergence among wild and hybrid tomato accessions based on morphoagronomic and physiological traits. **Horticultura Brasileira** 40: 326-333 <http://dx.doi.org/10.1590/s0102-0536-20220312>
- ZHOU, R.; WU, Z.; CAO, X.; JIANG, F.L. 2015. Genetic diversity of cultivated and wild tomatoes revealed by morphological traits and SSR markers. **Genetics and Molecular Research** 14: 13868-13879. <https://doi.org/10.4238/2015.october.29.7>