

Clones de batata-doce para criação de novos cultivares

Diego A. Gomes^{1†}, Fábio S. Santos², Kerolly K. F. Nascimento³, Rayane S. Leite⁴,
Guilherme R. Moreira⁵, Frank Gomes-Silva⁶, Cicero Carlos R. Brito⁷, Juliana Maria C.
Araújo⁸

¹ Universidade Federal Rural de Pernambuco - Deinfo/UFRPE.

² Universidade Federal Rural de Pernambuco - Deinfo/UFRPE. E-mail: fabio.sandropb@gmail.com

³ Universidade Federal Rural de Pernambuco - Deinfo/UFRPE. E-mail: kerollyfn@gmail.com

⁴ Universidade Federal Rural de Pernambuco - Deinfo/UFRPE. E-mail: rayferreiraleite@gmail.com

⁵ Universidade Federal Rural de Pernambuco - Deinfo/UFRPE. E-mail: guirocham@gmail.com

⁶ Universidade Federal Rural de Pernambuco - Deinfo/UFRPE. e-mail: franksinatrags@gmail.com

⁷ Instituto Federal de Pernambuco - IFPE. E-mail: ciceroCarlosbrito@yahoo.com.br

⁸ Centro Universitário - UNIFACISA. E-mail: julianamariacosta25@gmail.com

Resumo: *Com o objetivo de organizar grupos divergentes com clones de batata-doce e indicar genótipos superiores, a análise multivariada foi utilizada como meio preditivo nos valores médios de dezesseis clones de batata-doce. Foram avaliadas as seguintes características dos clones: produtividade de raízes tuberosas, peso de ramas, produtividade comercial e comprimento das raízes tuberosas. As técnicas multivariadas utilizadas foram a distância de Manhattan para gerar uma matriz com as distâncias entre os clones, posteriormente com o método hierárquico aglomerativo de ligação completa ajustou-se os clones em grupos. A validação dos grupos foi realizada com o coeficiente de correlação cofenética que resultou em um coeficiente de valor 0,9 indicando um bom ajuste de grupos. O índice de Ratkowsky realizou um corte entre as alturas 20 e 22, no dendrograma gerando 4 grupos. A análise multivariada conseguiu separar em 4 grupos divergentes os dezesseis clones de batata-doce e isolar os clones que são mais promissores em um único grupo o grupo 1.*

Palavras-chave: Ratkowsky; Distância de manhattan; Preditivo.

Abstract: *In order to organize divergent groups with sweet potato clones and to indicate superior genotypes, multivariate analysis was used as a predictive medium in the mean values of sixteen sweet potato clones. The following characteristics of the clones were evaluated: tuber root yield, branch weight, commercial yield and tuberosal root length. The multivariate techniques used were the distance from Manhattan to generate a matrix with the distances between the clones, later with the full binding agglomerative hierarchical method the clones were adjusted into clusters. The validation of the groups was performed with the coefficient of cofenetics correlation that resulted in a coefficient of 0.9 indicating a good fit of groups. The Ratkowsky index made a cut between the heights 20 and 22, in the dendrogram generating 4 groups. The multivariate analysis was able to separate the sixteen sweet potato clones into four divergent groups and isolate the clones that are more promising in a single group group 1.*

Keywords: Ratkowsky; Distance from manhattan; Predictive.

†Autor correspondente: diegoalvesestatistica@gmail.com.

Introdução

A batata-doce *Ipomoea batatas* pertencente a família *convolvulaceae* é uma espécie popular em diversas regiões do Brasil possivelmente originária da América do Sul. Essa espécie é considerada rústica, resistente a pragas e de boa produtividade (MANTOVANI et al., 2013). A batata-doce possui características agronômicas que propiciam o plantio em regiões com poucos recursos hídricos e financeiro, como o nordeste brasileiro (PRATES et al., 2017). A área plantada de batata-doce no Brasil em 2017 foi 54.123 hectares, sendo o Nordeste a região de maior área plantada com 23.136 hectares.

A produção média no país foi de 14,5 toneladas por hectares (IBGE, 2019). Os programas de melhoramento genético utilizam informações destas espécies para montar base de dados e realizar cruzamentos a fim de obter clones superiores. Técnicas preditivas são amplamente utilizadas no entendimento da divergência genética e a análise multivariada como meio preditivo vem trazendo bons resultados com diversas variedades como a batata-doce (ANDRADE et al., 2017), azeite (ABUZAYED; FRARY; DOGANLAR, 2018) e romã (MAHAJAN; JAVED; KAPOOR, 2018). A utilização de distâncias multivariadas combinadas com métodos aglomerativos hierárquicos conseguem elaborar esquemas ou estruturas denominados dendrograma que sugerem formações de grupos, como pode ser visto em De Fonseca et al. (2006).

Com base nos dados utilizados a distância de Manhattan com o método aglomerativo hierárquico de ligação completa ajustaram os grupos da melhor forma. A validação dos grupos foi realizada utilizando o coeficiente de correlação cofenética que demonstrou ser eficiente em estudos de divergência genética (ALVES et al., 2015).

A fim de contribuir com o plantio da batata-doce na região nordeste do Brasil, e em outras regiões, este trabalho foi realizado para ajudar a compreender as diferenças genéticas nas médias de dezesseis clones de batata-doce utilizando as técnicas de análise de agrupamentos da estatística multivariada.

Material e Métodos

Este estudo foi realizado com base nos valores médios de dezesseis clones de batata-doce obtido no artigo de Cardoso et al., 2005, as variáveis utilizadas foram PRT, PR, PC e CRT como pode ser visto na Tabela 1.

O experimento foi conduzido em área experimental da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, em Vitória da Conquista (BA), a 14°53'51" latitude sul e 40°48'23" longitude oeste, à altitude média de 900m. A precipitação média anual está em torno de 700 a 1200mm/ano. O solo da área experimental foi classificado como Cambissolo Háptico Tb, Distrófico, com textura média, topografia suavemente ondulada e plana de boa drenagem. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 16 tratamentos (clones) e três repetições, sendo a parcela experimental composta por 6 plantas úteis (CARDOSO et al., 2005). A análise multivariada foi realizada no software R versão 3.4.0 (R CORE TEAM, 2012).

Uma técnica comum em análise multivariada é a análise de agrupamento, cujo o objetivo é classificar, dividir ou repartir os indivíduos em grupos homogêneos, de modo que estes sejam formados por indivíduos com alto e baixo graus de semelhança, intra e entre grupos, respectivamente, resultando em uma formação gráfica denominada dendrograma.

Tabela 1: Médias das variáveis PRT, PR, PC e CRT em clones de batata-doce

Clone	PRT ($t\ ha^{-1}$)	PR ($t\ ha^{-1}$)	PC ($t\ ha^{-1}$)	CRT (cm)
1 (Janaúba - MG)	28,5	14,1	21,3	20,69
7 (Janaúba - MG)	23,9	8,6	11,0	17,03
25 (Bom Jardim de Minas - MG)	27,7	10,5	17,1	18,85
29 (Gurupi - TO)	23,2	9,9	12,3	15,00
38 (Holambra II - SP)	20,2	3,4	11,5	15,05
2 (Janaúba - MG)	13,5	6,7	19,4	16,17
9 (Janaúba - MG)	16,7	6,3	19,2	13,47
14 (Janaúba - MG)	4,1	2,1	11,6	15,43
15 (Janaúba - MG)	12,2	4,1	13,5	13,56
17 (Janaúba - MG)	15,4	7,5	2,9	14,72
19 (Viçosa - MG)	7,5	2,8	6,0	15,19
23 (Bom Jardim de Minas - MG)	8,8	3,0	4,6	15,40
30 (Gurupi - TO)	7,8	2,6	5,9	12,31
36 (St. Antônio de Platina - PR)	15,7	11,5	5,5	15,22
44 (Vitória da Conquista - BA)	8,4	1,4	4,4	13,64
100 (Condeúba - BA)	9,9	2,6	7,0	13,18

Fonte: adaptada de Cardoso et al., (2005)

As características agronômicas observadas na Tabela 1 foram utilizadas para gerar os grupos através da distância de Manhattan definida por:

$$d(x, y) = \sum_{a=1}^b |x_a - y_a|.$$

O método aplicado para verificar as relações entre os grupos divergentes foi o de ligação completa, onde D_{ij} é a distância entre dois grupos C_i e C_j , essa é a distância máxima entre os pontos x e y , ou seja

$$D_{ij} = \max_{x \in C_i, y \in C_j} d(x, y),$$

em que

$$x \in C_i \quad \text{e} \quad y \in C_j.$$

Posteriormente obteve-se o dendrograma validado com o coeficiente de correlação co-fenética, e o índice de Ratkowsky indicando a quantidade de grupos divergentes, este índice é definido pela seguinte expressão:

$$\text{Ratkowsky} = \frac{\bar{S}}{q^{1/2}}$$

em que

$$\bar{S}^2 = \frac{1}{p} \sum_{j=1}^p \frac{BGSS_j}{TSS_j}$$

$$BGSS_j = \sum_{k=1}^q n_k (c_{kj} - \bar{x}_j)$$

$$TSS_j = \sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)^2.$$

Resultados e Discussão

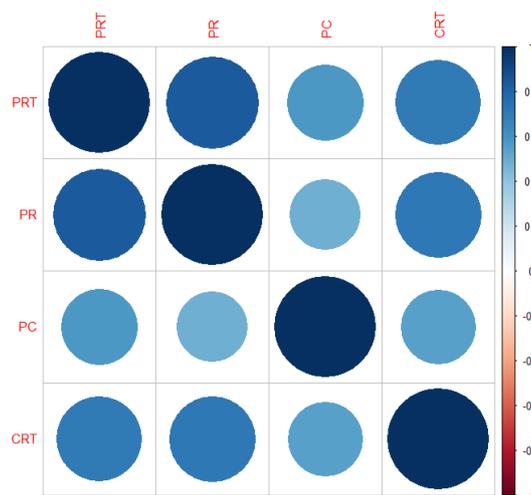
Inicialmente foi realizada uma análise descritiva nos dados de dezesseis clones de batata-doce para avaliar os valores das variáveis PRT, PR, PC e CRT, cujos os resultados estão descritos na Tabela 2. O maior valor médio (15,219 $kg.ha^{-1}$) é dado pela variável PRT e o valor máximo de 28,500 $kg.ha^{-1}$ e desvios padrão de 7,593. Alguns resultados semelhantes podem ser encontrados em genótipos de batata-doce estudo por DE ANDRADE JÚNIOR et al., 2018.

Tabela 2: Resultados da análise descritiva dos dados de 16 batata-doce para as variáveis PRT, PR, PC e CRT

Descritiva	PRT	PR	PC	CRT
n	16	16	16	16
Média	15,219	6,069	10,825	15,307
Dp.	7,593	3,915	5,981	2,137
Med.	14,450	5,200	11,250	15,120
Min.	4,100	1,400	2,900	12,310
Máx.	28,500	14,100	21,300	20,690

Fonte: Elaborada pelo Autor

Na Figura 1 é possível ver as correlações entre as variáveis medidas nos dezesseis clones de batata-doce. Na diagonal principal temos as correlações de cada variável com ela mesma, e nos demais espaços as correlações de uma variável com as outras.

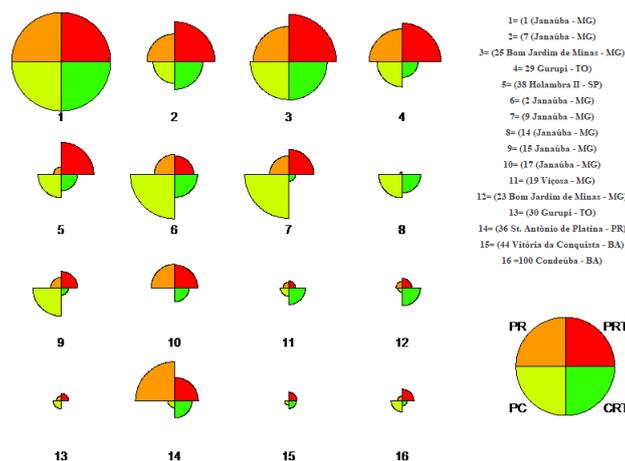


Fonte: Elaborada pelo Autor

Figura 1: Correlação das variáveis PRT, PR, PC, CRT coletadas nos 16 clones de batata-doce

Ainda na Figura 1 quanto maior e escura for a esfera azul, mais próximo de 1 é a correlação. As variáveis PRT, PR, PC e CRT são correlacionadas positivamente entre 0,6 e 0,8 indicando uma relação de crescimento entre as mesmas. A maior correlação é (0,8; 1) das variáveis PRT com PR. Esse resultado é interessante já que a variável PRT é uma característica importante em clones de batata-doce usados na fabricação de etanol (SILVA et al., 2018); a correlação mais fraca (0,2; 0,4) é PC com PR. Ainda na Figura 1 observamos que não existe correlação negativa entre as variáveis. A correlação entre as variáveis PRT e PC são importantes para a produção de praticamente todos os derivados da batata-doce (NETO et al., 2017).

Observando a Figura 2 podemos ver a distribuição das correlações das variáveis nos dezesseis clones de batata-doce em cores. O clone 1, destaque-se como o único dos 16 a ter os níveis similares para as variáveis PRT, PR, PC e CRT.



Fonte: Elaborada pelo Autor

Figura 2: Gráfico com a distribuição das variáveis nos 16 clones de batata-doce

Os clones 2 e 4 na Figura 2, indicam níveis semelhantes na variável PRT. Os clo-

Sigmae, Alfenas, v.8, n,2, p. 82-89, 2019.

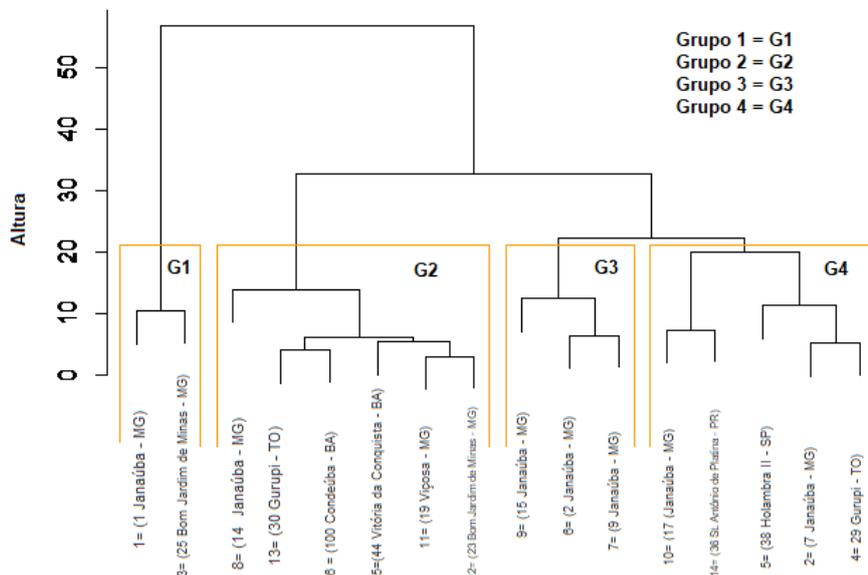
64ª Reunião da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria (RBRAS).
 18º Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica (SEAGRO).

nes 6, 7 e 3 são semelhantes nos valores das variável PC. Mesmo visualizando algumas semelhanças e diferenças, gerar grupos com clones semelhantes intra grupos não é algo simples (ALEIXO; SOUZA; FERRAUDO, 2007). A fim de obter um critério que classifique os grupos de clones com elementos similares intra grupos e divergentes entre grupos, foi aplicado a distância de Manhattan criando uma matriz de distâncias que combinada com método aglomerativo hierárquico de ligação completa gerou um sistema de distâncias denominado dendrograma que pode ser visto na Figura 3.

Se o coeficiente de correlação cofenética for maior que 0,7 o ajuste dos grupos é adequada (CHARRA et al., 2014). Nesta situação experimental o coeficiente foi 0,9.

Ainda na Figura 3 temos os seguintes clones nos grupos da esquerda para direita G1, G2, G3 e G4 respectivamente, sugeridos com o índice de Ratkowsky que gerou seu corte entre os níveis 20 e 22. Para mais detalhes do índice de Ratkowsky ver (CHARRA et al., 2014) e (SIRAJ-UD-DOULAH; ISLAM, 2019).

O menor grupo é o G1 com apenas dois clones (1 e 3), esse grupo contém os clones mais promissores com maiores níveis de PRT, PR, PC, CRT. Já o maior grupo é o G2 composto pelos clones 8, 13, 16, 15, 11 e 12 o qual contém os clones com os menores valores das variáveis abordadas. o grupo 3 formado pelos clones 9, 6 e 7 possuem níveis altos para a variável PC, apesar de ter baixos valores nas demais variáveis, o grupo 4 composto dos clones 10, 14, 5, 2 e 4 possui os clones que podem ser aproveitados em cruzamentos futuros ficando atrás apenas do grupo 1



Fonte: Elaborada pelo Autor

Figura 3: Dendrograma gerado da matriz de dissimilaridade da distância de Manhattan utilizando o método aglomerativo hierárquico de ligação completa com grupos sugeridos no índice de Ratkowsky nos dados de 16 clones de batata-doce

Conclusão

Para essa situação experimental a distância de Manhattan com o método de ligação completa obteve o dendrograma com 4 grupos divergentes, baseando-se no coeficiente de correlação cofenética de 0,9 e o índice de Ratkowsky indicando 4 grupos divergentes, demonstrando que a estatística multivariada é eficaz como método preditivo. Nas divisões dos grupos G1, G2, G3 e G4, os grupos G1 e G4 são os mais indicados para serem utilizados em cruzamentos por possuírem maiores valores em PRT, PR, PC, CRT . Por outro lado o G1 ainda se destaca com os clones 1 e 3, como sendo os mais promissores para obter clones superiores.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Programa de Pós-Graduação em Biometria e Estatística Aplicada da Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Referencias Bibliográficas

- ABUZAYED, M.; F. A.; D. S. Genetic diversity of some Palestinian and Turkish olive (*Olea europaea* L.) germplasm determined with SSR markers. *IUG Journal of Natural Studies*, v. 26, n. 1, 2018.
- ALEIXO, S. S.; SOUZA, J. G.; FERRAUDO, A. S. Técnicas de análise multivariada na determinação de grupos homogêneos de produtores de leite. *Revista Brasileira de Zootecnia*, p. 2168-2175, 2007.
- ALVES, B. M.; FILHO, A. C.; BURIN, C.; TOEBE, M.; SILVA, L. P. Divergência genética de milho transgênico em relação à produtividade de grãos e à qualidade nutricional. *Ciência Rural*, v. 45, n. 5, p. 884-891, 2015.
- ANDRADE, E. K. V.; ANDRADE JÚNIOR, V. C.; LAIA, M. L.; FERNANDES, J. S. C.; OLIVEIRA, A. J. M.; AZEVEDO, A. M. Genetic dissimilarity among sweet potato genotypes using morphological and molecular descriptors. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 39, n. 4, p. 447-455, 2017.
- CARDOSO, A. D. et al. Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista. *Horticultura Brasileira*, v. 23, n. 4, p. 911-914, 2005.
- CHARRA, M. et al. Package nbclust. *Journal of statistical software*, v. 61, p. 1-36, 2014.
- DA FONSECA, A. F. A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAIYAMA, N.S.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; BRAGANÇA, S. M. Divergência genética em

Sigmae, Alfenas, v.8, n.2, p. 82-89, 2019.

64^a Reunião da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria (RBRAS).
18^o Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica (SEAGRO).

café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 2006.

DE ANDRADE JÚNIOR, V. C. et al. Potencial quantitativo e qualitativo de genótipos batata-doce. *Scientia agraria*, v. 19, n. 1, p. 28-35, 2018.

IBGE. Produção Agrícola Municipal. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br>. Acesso em: 24 de março de 2019.

MAHAJAN, R.; J. A.; K., N. Characterization of genetic diversity of wild pomegranate collected from Himachal Pradesh, India. *Annals Of Plant Sciences*, [s.l.], v. 7, n. 2, p.2042-2046, 31 jan. 2018. Adhya Biosciences Pvt. Ltd.. <http://dx.doi.org/10.21746/aps.2018.7.2.10>.

MANTOVANI, E. C.; DELAZARI, F. T.; DIAS, L. E.; ASSIS, I. R.; VIEIRA, G. H. S; LANDIM, F. M. Eficiência no uso da água de duas cultivares de batata-doce em resposta a diferentes lâminas de irrigação. *Horticultura Brasileira*, v. 31, n. 4, p. 602-606, 2013.

SANTOS NETO, A. R.; SILVA, T. O.; BLANK, A. F.; SILVA, J. O.; F FILHO, R. N. A. Produtividade de clones de batata doce em função de doses de nitrogênio. *Horticultura Brasileira*, 2017.

PRATES, C. J. N. et al. Caracterização morfológica de genótipos de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz). *Scientia Plena*, v. 13, n. 9, 2017.

R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2012. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org/>.

SILVA, J.; FERREIRA, P.; OLIVEIRA, F.; TEIXEIRA, J.; SILVA, M.; SANTOS, D. Características de raízes tuberosas de clones de batata-doce por meio de técnicas multivariadas para seleção de genótipos superiores. *Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável*, [s.l.], v. 13, n. 1, p.33-38, 1 jan. 2018. Grupo Verde de Agroecologia e Abelhas. <http://dx.doi.org/10.18378/rvads.v13i1.5120>.

Sigmae, Alfenas, v.8, n.2, p. 82-89, 2019.

64^a Reunião da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria (RBRAS).
18^o Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica (SEAGRO).