

**Universidade de São Paulo  
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Diversidade genética entre acessos de batata-doce  
(*Ipomoea batatas* L.Lam.) avaliada através de  
marcadores microssatélites e descritores  
morfoagronômicos.**

**Eliane Gomes Fabri**

**Tese apresentada para obtenção do  
título de Doutor em Agronomia. Área  
de concentração: Fitotecnia**

**Piracicaba  
2009**

# **Livros Grátis**

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

Eliane Gomes Fabri  
Engenheiro Agrônomo

**Diversidade genética entre acessos de batata-doce  
(*Ipomoea batatas* L.Lam.) avaliada através de marcadores  
microssatélites e descritores morfoagronômicos**

Orientador:  
Prof. Dr. **PAULO CÉSAR TAVARES DE MELO**

Co-orientador:  
Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> **ELIZABETH ANN VEASEY**

**Tese apresentada para obtenção do título de  
Doutor em Agronomia. Área de  
concentração: Fitotecnia**

**Piracicaba**

**2009**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Fabri, Eliane Gomes

Diversidade genética entre acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.Lam.) avaliada através de marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos / Eliane Gomes Fabri. - - Piracicaba, 2009.

172 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2009.  
Bibliografia.

1. Batata-doce 2. Germoplasma vegetal 3. Marcador molecular 4. Variação genética  
I. Título

CDD 633.492  
F124d

**“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”**

**Dedico**

Aos meus pais Claudeci e Eujácio  
Pela oportunidade, confiança, pelo incentivo,  
valores, princípios e amor incondicional.

Aos meus irmãos Ieda e Alexsandro,  
ao meu cunhado Ricardo, presentes em todos  
os momentos dessa caminhada, pelo carinho  
e incentivo sempre.

Às minhas sobrinhas Letícia, Bianca e Luísa e  
ao meu sobrinho Jean, crianças que transformam  
cada dia da minha vida em momentos inesquecíveis,  
com a pureza e alegria de ser simplesmente criança.

**Ofereço**

À minha avó Alzira  
Pelo amor, companheirismo,  
amizade e cumplicidade



## AGRADECIMENTOS

À Deus, por estar presente na minha vida em todos os momentos.

Ao Prof. Dr. Paulo César Tavares de Melo, pela orientação fornecida neste trabalho, confiança, amizade e oportunidades concedidas.

À Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Elizabeth Ann Veasey, pela co-orientação fornecida neste trabalho, confiança ao me acolher no Depto. de Genética, paciência e pela amizade estabelecida durante esses anos de estudo, não posso deixar de expressar meu carinho, admiração e respeito.

Ao Pesquisador Dr. João Bosco Carvalho da Silva da Embrapa-CNPq, pelo fornecimento do material do Banco de Germoplasma, auxílio na condução, avaliação do experimento no campo e pelas valiosas informações concedidas, além da amizade estabelecida.

À Pesquisadora Dr<sup>a</sup>. Siglinde Brune da Embrapa-CNPq, pelo auxílio nas avaliações de campo, pelas informações, pelo exemplo de profissionalismo e amizade.

À Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup> Silene Bruder Silveira Sarmiento do Departamento de Agroindústria, Alimentos e Nutrição da ESALQ/USP, pelo apoio e ajuda no desenvolvimento do trabalho.

Ao Prof. Dr. Cyro Paulino da Costa, pela colaboração no início do trabalho.

À Pesquisadora Dr<sup>a</sup> Maria Imaculada Zucchi pela contribuição nas análises estatísticas e amizade



Ao Pesquisador Dr. José Amauri Buso Chefe da Embrapa-CNPB no período de condução do experimento (janeiro de 2006 a dezembro de 2008), pela colaboração e apoio para execução desse trabalho na Embrapa-CNPB-Brasília-DF.

À Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças, Embrapa-Agroindústria de Alimentos e ao Programa HarvestPlus-Breeding Crops for Better Nutrition, pelo apoio ao desenvolvimento deste trabalho.

À Pesquisadora Dr<sup>a</sup>. Claudia Silva da Costa Ribeiro da Embrapa-CNPB e família, pelo acolhimento em seu lar e pela amizade constituída, pelas palavras de perseverança nos momentos mais difíceis dessa caminhada.

À Pesquisadora e Diretora do Centro de Análises Tecnológicas do Agronegócio da Horticultura do Instituto Agronômico de Campinas Dr<sup>a</sup> Arlete Marchi Tavares de Melo, pelo apoio, incentivo, colaboração e amizade.

Ao Pesquisador Dr. Orlando Melo de Castro Coordenador da Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios da Secretaria da Agricultura e Abastecimento de São Paulo (APTA/SAA), pela amizade e colaboração.

Ao Pesquisador Dr. Antonio Marcos Zullo Diretor do Instituto Agronômico de Campinas, pelo apoio para que esse trabalho se concretizasse.

À Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Simone da Costa Melo pela amizade, paciência e carinho, durante todo esse período de longa e difícil caminhada.

Aos demais Professores do Departamento de Produção Vegetal, por esses anos de convivência e principalmente pelos ensinamentos recebidos.

Aos Pesquisadores do Centro de Análises Tecnológicas do Agronegócio da Horticultura do Instituto Agronômico de Campinas pelo apoio, incentivo e amizade.



Aos Pesquisadores da Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios Dr. Edison Martins Paulo, Dr. João Demarchi e Dr. Jailson Lara Fagundes, pelo apoio enquanto Diretores do Pólo Regional Alta Paulista-Adamantina-SP.

À Secretária da Pós-graduação do Programa de Fitotecnia a Sr<sup>a</sup>. Luciane Lopes, pela amizade durante esses anos de convivência e principalmente pela disponibilidade em ajudar e a nos ouvir em todos os momentos dessa longa caminhada

À Carlota Boralli Prudente dos Anjos Técnica do Laboratório de Amido do Departamento de Agroindústria, Alimentos e Nutrição da ESALQ/USP, pela ajuda na realização das análises e amizade.

Aos Funcionários da Biblioteca Central (ESALQ), em especial à Silvia e Eliana, pelas correções, sugestões, cordialidade e simpatia com que tratam os alunos.

À Aline Borges e ao Marcos V. B. M. Siqueira pela amizade e ajuda imprescindível na caracterização molecular desde o início do trabalho.

Às amigas Denise Custódio e Patrícia Favoretto, pela colaboração e ajuda na execução do trabalho e pela amizade fortalecida a cada dia durante esses anos de convivência.

Aos colegas do Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada (LEEGA) que muito colaboraram na execução dos trabalhos e principalmente na aprendizagem: Patrícia, Eduardo, Lidinalva, Daniele, Tiago, Carolina e demais estagiários que por lá passaram nesse período, pelo incentivo, ajuda, paciência e amizade.

À Secretária do Centro de Análises Tecnológicas do Agronegócio da Horticultura do Instituto Agronômico de Campinas a Sr<sup>a</sup>. Alba, pela amizade.



À minha amiga Virgínia (Ministério da Agricultura-Brasília-DF) e Alisson (IBAMA-Brasília-DF), pelo acolhimento, amizade, atenção e carinho durante as minhas estadias em Brasília para desenvolvimento do trabalho.

Às amigas de repúblicas durante todos esses anos, Ariana, Patrícia Lyra, Nilza Patrícia, Aline, Silvana Bueno, Daniela Tisot, Dayse, Marina (Iguana), Ana Carolina (B-ata), Camila (K-cond), Daniela Folha, Renata Ronchi, Helena Ronchi, Viviane Blanck, Juliana e Nathalia Censi e Juliana (Araras), cada uma deixou um pouquinho de si e com certeza levaram um pouco de mim, obrigada, aprendi muito com cada uma de vocês.



## SUMÁRIO

RESUMO .....	15
ABSTRACT .....	17
LISTA DE FIGURAS .....	19
LISTA DE TABELAS .....	29
1 INTRODUÇÃO .....	31
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	35
2.1 Botânica e Taxonomia .....	35
2.2 Origem, Evolução e Citogenética .....	39
2.3 Aspectos Sócio-Econômicos .....	43
2.4 Uso e manutenção de germoplasma .....	45
2.5 Descritores na proteção de cultivares .....	47
2.6 Estudo da variabilidade genética .....	49
2.7 Caracterização morfológica e Agronômica .....	51
2.8 Caracterização molecular .....	53
2.9 Marcador SSR .....	55
3 MATERIAL E MÉTODOS .....	59
3.1 Local .....	59
3.2 Material avaliado .....	59
3.3 Delineamento experimental .....	65
3.3.1 Características morfológicas e agronômicas .....	66

3.3.2 Caracterização da diversidade genética por meio de microssatélites em batata-doce .....	73
3.3.2.1 Extração de DNA .....	73
3.3.2.2 Quantificação de DNA extraído .....	74
3.3.2.3 Reações de amplificação em Termociclador .....	74
3.4 Análise estatística da caracterização molecular, morfológica e agrônômica .....	77
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	79
4.1 Diversidade fenotípica avaliada por meio de descritores morfológicos .....	79
4.2 Características agrônômicas .....	111
4.3 Diversidade genética avaliada por meio de microssatélites .....	120
5 CONCLUSÃO .....	131
REFERÊNCIAS .....	133
ANEXOS .....	153

## RESUMO

### **Diversidade genética entre acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam.) avaliada através de marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos**

O estudo de 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam), do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPq, constituída com materiais oriundos de todas as regiões brasileiras, materiais do CIP-Peru e materiais dos Estados Unidos, Japão e Peru, com marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos, permitiu obter informações sobre a diversidade genética e a distribuição desta diversidade dentro e entre regiões geográficas. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética destes 135 acessos de batata-doce, a partir de oito locos de microssatélites, de 21 descritores morfológicos, que totalizaram 124 caracteres diferentes entre parte aérea e raiz tuberosa, e de caracteres agrônômicos através da porcentagem de matéria seca, porcentagem de umidade e produtividade por planta. Podemos ressaltar que mesmo com o elevado número de acessos (135) e o elevado número de caracteres morfológicos (97) para a parte aérea avaliados neste trabalho, houve a expressão de 77% e dos (69) caracteres morfológicos da raiz, houve a expressão de 80% desses caracteres. A ausência de 23% e 20% dos caracteres avaliados para parte aérea e raiz, respectivamente, pode ser decorrente da sua não ocorrência no material avaliado, e em parte pela dificuldade de identificá-los na planta, por ser subjetivo ou qualitativo, uma vez que o resultado varia com o avaliador, principalmente para as características relacionadas à cor e forma. O grau de similaridade morfológica foi de 0,13 a 0,83, e o grau de similaridade molecular foi de 0,23 a 1,0 obtidos pelo coeficiente de Jaccard (J). Conclui-se que os materiais da Coleção do Banco de Germoplasma do CIP-Peru e dos demais países (Estados Unidos, Japão e Peru) não são geneticamente distintos dos materiais do Brasil, ou seja, não foram agrupados separadamente. Existe alta variabilidade entre os materiais estudados, que se verifica pelo coeficiente de similaridade de Jaccard para ambos os dados moleculares e morfológicos. Para ambos os marcadores, morfológicos e moleculares, a maior parte da variação ocorre dentro das regiões.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; Microssatélites; Variabilidade genética; Descritores morfológicos; Germoplasma



## ABSTRACT

### **Genetic diversity among accessions of sweet potato (*Ipomoea batatas* L. Lam.) assessed with microsatellite markers and morphoagronomic descriptors**

The study of 135 accessions of sweet potato (*Ipomoea batatas* L. Lam), from the Germplasm Bank of Embrapa-CNPQ, constituted by materials from all Brazilian regions, from CIP-Peru and from the United States, Japan and Peru, with microsatellite markers and morphoagronomic descriptors, provided information about the genetic diversity and distribution of this diversity within and among geographic regions. The objective of this study was to characterize the genetic diversity of 135 accessions of sweet potato with eight microsatellite loci, 21 morphological descriptors, which totaled 124 different characters among the aerial vegetative and tuberous roots traits, and agronomic characters such as the dry matter percentage, moisture percentage and plant yield. We emphasize that even with the high number of accessions (135) and the large number of morphological characters (97) among to aerial vegetative traits assessed in this study, 77% of these traits were expressed and of the tuberous roots (69) morphological traits, 80% of these were expressed. The absence of 23% and 20% of the characters evaluated for aerial vegetative and tuberous roots traits, respectively, may be due to their non-occurrence in the material evaluated, and in part by the difficulty of their identification in the plants, considering that due to the fact of being subjective or qualitative, the results vary with the evaluator, especially for the characteristics related to color and shape. The degree of morphological similarity varied from 0.13 to 0.83, and the degree of molecular similarity varied from 0.23 to 1.0, both obtained by the Jaccard's coefficient. It is concluded that the materials from the Germplasm Bank of CIP-Peru and other countries (United States, Japan and Peru) are not genetically distinct from the materials from Brazil, or were not grouped separately. There is high variability among the studied materials, verified by the Jaccard's similarity coefficient for both molecular and morphological data. Also, for both markers, morphological and molecular, most of the variation occurs within regions.

Keywords: *Ipomoea batatas*; Microsatellites; Genetic variability; Morphological descriptors; Germplasm



## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Vista do experimento de batata-doce conduzido no campo, na Fazenda Tamanduá, localizada na BR-060 Km 09, Bairro Gama, pertencente a Embrapa-CNPq, Brasília-DF ..... 65
- Figura 2 - Muda de batata-doce utilizadas para implantação do experimento no campo, na Fazenda Tamanduá, localizada na BR-060 Km 09, Bairro Gama, pertencente a Embrapa-CNPq, Brasília-DF..... 66
- Figura 3 - Diferentes características relacionadas a folha da batata-doce. (A) formato da folhamadura é lanceolada, tipo do lóbulo profundo, com cinco lóbulos e formato do lóbulo lanceolado; (B) formato da folha madura quase dividida, tipo do lóbulo muito profundo, com cinco lóbulos e formato do lóbulo central linear estreito; (C) formato da folha madura cordiforme, sem lóbulo central e laterais; (D e F) formato da folha madura cordiforme, tipo de lóbulos, muito suave, com cinco lóbulos laterais e formato do lóbulo central semi-circular; (E) formato da folha madura lobulada, tipo do lóbulo moderado, com cinco lóbulos laterais e formato do lóbulo central lanceolado..... 68
- Figura 4 - Diferentes características relacionadas a folha, ao pecíolo e rama. (A) cor da rama completamente avermelhada, todas as nervuras parcialmente vermelha, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo muito longo (> 40 cm) e pecíolo completamente roxo; (B) cor da rama predominantemente vermelho escuro, todas as nervuras parcialmente vermelha, cor da folha madura predominantemente roxo, cor da folha imatura roxo suave, pecíolo longo (31-40 cm) e pecíolo completamente roxo; (C) cor da rama verde com poucas manchas vermelhas, todas as nervuras parcialmente vermelha, cor da folha madura verde, cor da folha imatura roxo suave, pecíolo intermediário (21-30 cm) e pecíolo verde + roxo na inserção da folha; (D) cor da rama completamente avermelhada, todas as nervuras com manchas vermelhas na base, cor da folha madura verde, cor da folha

imatura verde, pecíolo curto (10-20 cm) e pecíolo verde + roxo na inserção da folha; (E) cor da rama verde, todas as nervuras verdes, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo muito longo (> 40 cm), e pecíolo verde; (F) cor da rama predominantemente vermelho escuro, todas as nervuras parcialmente vermelhas, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo longo (31-40 cm) e pecíolo verde + roxo nas  
 Inserções .....69

Figura 5 - Diferentes características relacionadas a raiz tuberosa são exemplificadas.

(A) raiz com formato longa irregular ou curvada, cor predominante da pele creme, intensidade da cor pálida, cor da polpa branca; (B) raiz com formato longa irregular ou curvada e obovado, cor da pele predominante rosado, intensidade da cor da pele escura, cor da polpa creme; (C) raiz com formato oblonga, cor predominante da pele alaranjado, intensidade da cor da pele intermediário, cor predominante da polpa alaranjado intermediário; (D) raiz com formato elíptico, cor predominante da pele laranja-amarronzado, intensidade da cor da pele escura, cor predominante da polpa alaranjado escuro.....70

Figura 6 - Descrição de alguns materiais de batata-doce segundo a classificação recebida pela cor predominante da polpa. Creme claro (2), amarelo claro (4), amarelo escuro (5), alaranjado claro (6), alaranjado intermediário (7), alaranjado escuro (8) e fortemente arroxeadado (9).....70

Figura 7 - Descrição de alguns acessos de batata-doce segundo a classificação recebida pelo defeito aparente na raiz tuberosa. Pele de jacaré (A); constrições horizontais profundas (B) e veias (C).....70

Figura 8 - Zimogramas dos microssatélites amplificados a partir dos primers Ib 316 (A), Ib 286 (B) e Ib 255 (C) .....76

- Figura 9 - Descritor morfológico da parte aérea, comprimento da haste: (3) ereta (< 75 CM), (5) semi-ereta (75-150 cm), (7) dispersa (151-250 cm), (9) muito dispersa (> 250 cm) em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPH-Brasília DF ..... 83
- Figura 10 - Descritor morfológico da parte aérea, 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, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPH-Brasília DF..... 84
- Figura 11 - Descritor morfológico da parte aérea, 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, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPH-Brasília DF ..... 84
- Figura 12 - Descritor morfológico da parte aérea, formato da folha madura: (1) redonda, (2) reniforme, (3) cordiforme, (4) triangular, (5) lanceolada, (6) lobulada, (7) quase dividida, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPH-Brasília DF ..... 85
- Figura 13 - Descritor morfológico da parte aérea, tipo de lóbulos: (0) sem lóbulo, (1) lóbulo muito suave, (3) lóbulo suave, (5) lóbulo moderado, (7) lóbulo profundo, (8) lóbulo muito profundo, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPH-Brasília DF ..... 86

Figura 14 - Descritor morfológico da parte aérea, quanto ao número de lóbulos: (0) se a folha é redonda e lisa, (1) se a folha não tem lóbulos laterais, (3) se a folha apresenta três lóbulos, (5) se a folha apresenta cinco lóbulos, (7) se a folha apresenta sete lóbulos, (9) se a folha apresenta nove lóbulos, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF .....87

Figura 15 - Descritor morfológico da parte aérea, quanto ao formato do lóbulo: (0) ausente – folha redonda e lisa, (1) dentado, (2) triangular, (3) semi-circular, (4) semi-elíptico, (5) elíptico, (6) lanceolado, (7) oblongo-lanceolado, (8) linear largo, (9) linear estreito, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF .....87

Figura 16 - Descritor morfológico da parte aérea, para o tamanho da folha madura considerou-se: (3) folha pequena (< 8 cm), (5) folha média (8-15 cm), (7) folha grande (16-25 cm), (9) folha muito grande (> 25 cm), em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF.....88

Figura 17 - Descritor morfológico da parte aérea, para pigmentação das nervuras das folhas: (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 as nervuras totalmente vermelhas, (9) superfície inferior e nervuras totalmente vermelhas, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF .....88

Figura 18 - Descritor morfológico da parte aérea, para cor da folha madura: (1) amarelo-esverdeado, (2) verde, (3) verde com pontas avermelhadas, (4) verde-acinzentado, (5) verde com veias roxas, (6) roxo suave, (7)

predominantemente roxo, (8) verde na face superior e roxo na face inferior, (9) roxo em ambas as faces, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 89

Figura 19 - Descritor morfológico da parte aérea, para cor da folha imatura: (1) amarelo- esverdeado, (2) verde, (3) verde com pontas avermelhadas, (4) verde-acinzentado, (5) verde com veias roxas, (6) roxo suave, (7) predominantemente roxo, (8) verde na face superior e roxo na face inferior, (9) roxo em ambas as faces, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 90

Figura 20 - Descritor morfológico da parte aérea, para comprimento do pecíolo: (1) pecíolo muito curto (< 10 cm), (3) pecíolo curto (10-20 cm), (5) pecíolo intermediário (21-30 cm), (7) pecíolo longo (31-40 cm), (9) pecíolo muito longo (> 40 cm), em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 91

Figura 21 - Descritor morfológico da parte aérea, para 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 e outros verdes, (9) completamente roxo, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 91

Figura 22 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para formato da raiz tuberosa considerou: (1) redondo, (2) redondo-elíptico, (3) elíptico, (4) ovalado, (5) obovado, (6) oblonga, (7) oblonga alongada, (8) longa elíptica, (9) longa irregular, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 97

- Figura 23 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para defeitos na raiz tuberosa avaliou: (0) ausência de defeitos, (1) pele de jacaré, (2) veias, (3) constrictões horizontais rasas, (4) constrictões horizontais profundas, (5) dobras longitudinais rasas, (6) dobras longitudinais profundas, (7) constrictões e dobras profundas, (8) outros, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF .....97
- Figura 24 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor predominante da pele considerou: (1) branco, (2) creme, (3) amarelo, (4) alaranjado, (5) laranja-amarronzado, (6) rosado, (7) vermelho, (8) roxo avermelhado, (9) roxo escuro, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF.....98
- Figura 25 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para intensidade da cor da pele considerou: (1) pálido, (2) intermediário, (3) escuro, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF .....99
- Figura 26 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor secundária da pele considerou: (1) ausente, (2) branco, (3) creme, (4) amarelo, (5) alaranjado, (6) laranja-amarronzado, (7) rosado, (8) vermelho, (9) roxo avermelhado, (10) roxo escuro, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF .....99
- Figura 27 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor predominante da polpa considerou: (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 arroxeadado, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF..... 101

- Figura 28 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor secundária da polpa considerou: (1) ausente, (2) branco, (3) creme, (4) amarelo, (5) alaranjado, (6) rosado, (7) vermelho, (8) vermelho escuro, (9) roxo, (10) roxo escuro, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 101
- Figura 29 - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para distribuição da cor secundária da polpa considerou: (1) ausente, (2) anel próximo da casca, (3) anel largo próximo da casca, (4) manchas esparsas concentradas, (5) anel delgado na polpa, (6) anel largo na polpa, (7) anel e outras manchas na polpa, (8) mancha na secção longitudinal, (9) manchas cobrindo quase tudo, (10) manchas cobrindo toda a polpa, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF ..... 102
- Figura 30 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB, Brasília-DF.....106
- Figura 31 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 111 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) referentes as cinco regiões brasileiras.....107
- Figura 32 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 20 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Nordeste do Brasil.....108

- Figura 33 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Centro-Oeste do Brasil.....108
- Figura 34 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 22 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Sudeste do Brasil.....109
- Figura 35 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 50 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Sul do Brasil.....109
- Figura 36 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao CIP-Peru.....110
- Figura 37 – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pela pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao Peru, Estados Unidos e Japão.....110

- Figura 38 - Descritores morfoagronômicos da parte aérea e raiz: (1) comprimento da haste (dispersa 56,3%), (2) formato da raiz tuberosa (oblonga alongada e longa elíptica, ambas 41%), (3) cor predominante da pele (laranja-amarronzado 33%), (4) cor predominante da polpa (amarelo escuro 21%), (5) cor secundária da polpa (alaranjada 54%), (6) defeitos na superfície da raiz tuberosa (constrições horizontais rasas 39%), (7) distribuição da cor secundária da polpa (manchas cobrindo quase tudo 53%)..... 117
- Figura 39 - Dendrograma obtido a partir da distância Euclideana e método UPGMA utilizando dados de produção (kg/pl), matéria seca (%) e umidade (%) para a caracterização de 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) ..... 118
- Figura 40 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) do Banco de Germplasma da Embrapa- CNPH, Brasília-DF ..... 125
- Figura 41 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 111 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes as cinco regiões brasileiras..... 126
- Figura 42 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 20 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes a região Nordeste ..... 127
- Figura 43 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes a região Centro-Oeste ..... 127

- Figura 44 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 22 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes a região Sudeste ..... 128
- Figura 45 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 50 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes a região Sul ..... 128
- Figura 46 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao CIP-Peru ..... 129
- Figura 47 - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 6 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao Peru, Estados Unidos e Japão ..... 129

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 - Relação dos 135 acessos avaliados, bem como identificação no Banco de Germoplasma na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças (EMBRAPA-CNPQ), local de origem, estado ou país e região brasileira.....60
- Tabela 2 - Características utilizadas como descritores morfológicos de acessos de batata-doce de acordo com (Huamán, 1991) .....71
- Tabela 3 - Relação dos iniciadores utilizados na reação de amplificação de DNA. ....75
- Tabela 4 - Caracterização de alguns descritores referentes à parte aérea de 135 acessos de batata-doce para condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007.....80
- Tabela 5 – Caracterizações de alguns descritores referentes à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007 .....93
- Tabela 6 - Caracterizações de oito descritores morfoagronômicos referentes a parte aérea e à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007 ..... 112



## 1 INTRODUÇÃO

A batata-doce é produzida nas mais variadas regiões do mundo, apreciada por milhões de pessoas em todos os tipos de clima, desde a zona temperada, mediterrânea e principalmente nas regiões tropicais e subtropicais. A espécie *Ipomoea batatas* (L.) Lam. pertence à família Convolvulaceae, é autohexaplóide ( $2n=6x=90$ ), originária da América tropical e propagada, em sua maior parte, por via assexuada (Chen et al., 1992). O mecanismo de auto-incompatibilidade presente na espécie conduz à polinização cruzada e, portanto, a um alto grau de heterozigose (Oliveira et al., 2002). A polinização é, normalmente, feita por insetos e a autofecundação raramente ocorre.

Há grande variabilidade fenotípica e genotípica na cultura, que se encontra disseminada em todo o Brasil. Praticamente, quase todos os estados e municípios brasileiros possuem suas próprias cultivares, que, em muitos casos, são meras duplicatas, pois é comum a ocorrência de cultivares iguais com nomes diferentes e vice-versa (Miranda, 1984; Murilo, 1990; Daros, 1999). A batata-doce tem sido cultivada, no Brasil, ao longo do tempo, de maneira empírica pelas famílias rurais de todo o país. É cultivada em conjunto com diversas culturas, visando à alimentação das famílias, principalmente na primeira refeição diária, sendo utilizada na forma de raízes cozidas, assadas ou fritas. Com o crescente êxodo rural, grande parte do consumo de batata-doce foi substituída por produtos de mais fácil preparo e maior atratividade (SILVA et al., 2004).

Desde 1940, algumas instituições têm realizado trabalhos de melhoramento, conservação e manutenção de banco de germoplasma de batata-doce. Podemos destacar o Instituto Agrônomo-IAC, no Estado de São Paulo, a Universidade Federal de Viçosa-UFV no Estado de Minas Gerais e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, através do Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças-EMBRAPA-CNPH no Distrito Federal. Algumas instituições lançaram novas cultivares e outras as selecionaram dentre o material coletado regionalmente. Alguns pesquisadores realizaram teste de competição de variedades. O sucesso no desenvolvimento de novas combinações de caracteres em futuras cultivares de batata-doce pode ser

limitada pela falta de informação sobre a diversidade do germoplasma disponível em programas de melhoramento. As informações de origem não dão indicação da diversidade genética e pode ocorrer que alguns acessos e/ou cultivares sejam diferentes, apesar de apresentarem nomes muito semelhantes.

A batata-doce não despertou o interesse de muitos pesquisadores no Brasil ao longo desses anos, mas recentemente tem despertado o interesse de alguns jovens pesquisadores, na área da fitotecnia, genética e melhoramento. Dessa forma, tem-se a expectativa de que num futuro próximo teremos novas informações e possíveis novas cultivares.

Avaliações de germoplasma para produção de álcool têm sido feitas por algumas instituições de pesquisa, baseando-se no peso específico, tendo-se selecionado variedades com peso específico entre 1,06 e 1,08 e três clones com peso específico entre 1,08 e 1,10 (Moura et al., 1984). Segundo informações de Martins e Groppo (1997), pode apresentar grande produção de matéria prima por unidade de área, destacando-se ainda por possuir alto teor de vitamina C e potencial para produção de vitamina A.

A Embrapa-CNPq, através dos acessos de germoplasma com alto teor de betacaroteno recebidos do exterior na forma de semente botânica e materiais oriundos de todas as regiões brasileiras, está selecionando novos clones com alto teor de betacaroteno e tipo seco, para a produção de farinha. O grande número de variedades com características diferentes é um fator que aumenta a potencialidade de uso industrial. As cultivares de polpa laranja têm sido utilizadas pelas indústrias para fabricação de doces, massas e outros produtos como sopas e purês.

Várias introduções de cultivares e/ou acessos vêm sendo feitas e atualmente não se dispõe de sua caracterização, assim foi proposto o presente trabalho, com o objetivo de realizar a caracterização morfológica, molecular e agrônômica em diversas cultivares e/ou acessos de batata-doce. A caracterização morfológica é a base atual para registro institucional de cultivares de batata-doce e a caracterização agrônômica fornece informações para o melhoramento genético, para o cultivo comercial e na determinação da finalidade de uso dos cultivares. A caracterização molecular permitirá separar clones indistinguíveis morfológicamente e poderá trazer parâmetros exatos

para o registro de cultivares nacionais ou introduzidos, possibilitando o controle varietal adequado na produção de mudas. Estes dados permitem avaliar o distanciamento genético e distinguindo os materiais introduzidos que apresentam diferenças em relação às cultivares aqui existente. O estudo comparado da caracterização morfológica e agronômica com a molecular poderá indicar se é viável caracterizar as cultivares de batata-doce com dados moleculares.



## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Botânica e taxonomia

A batata-doce é uma planta perene e rústica, da família Convolvulaceae, gênero *Ipomoea* e a espécie é *Ipomoea batatas* (L.) Lam., considerada a espécie economicamente mais importante dessa família (RIBEIRO; BIANCHINI, 1999).

É uma raiz tuberosa, sendo a denominação correta raiz tuberosa, e não tubérculo. O sistema radicular é bastante desenvolvido, profundo com 75 a 90 cm, podendo atingir 1,60 m. As raízes tuberosas originam-se normalmente nos entrenós que se enraizaram, através do acúmulo de amido e açúcares principalmente no tecido parenquimatoso originado no câmbio primário, que se mantêm sempre em atividade. A raiz tuberosa consta de periderme (casca, película externa e pele), córtex (casca interna) e polpa. A periderme pode ser branca, creme, amarelada, rosada, avermelhada, cobre alaranjada, salmão, púrpura ou roxa, ou apresentar cores intermediárias a estas (FOLQUER, 1978).

O caule (haste ou rama) possui hábito de crescimento rasteiro, às vezes trepador ou ereto (tipo moita), de comprimento variável, podendo alcançar até 7 a 8 metros, consistência herbácea, pubescente ou glabras, coloração variável e contendo vasos lactíferos. O comprimento dos entrenós é muito variável (mesmo em uma única rama), sofrendo enorme influência ambiental. As folhas são simples, alternas, dispostas em espiral em torno do caule, pubescente ou glabras. O pecíolo é longo, de cor e pubescência semelhante ao caule, apresentando ou não pigmentação nas inserções com o caule e a lâmina foliar. O limbo foliar é de coloração variável, inclusive das nervuras, e formato bastante variável – cordiforme, cordiforme-arredondada, sagitada, hastada, lobada (número variável de lobos), às vezes fendida ou partida. Os bordos podem ser inteiros, dentados, loubados ou partidos. O tamanho do limbo foliar, bem como do pecíolo, é variável, com a cultivar e condições climáticas, sendo maior nas épocas mais quentes do ano (FOLQUER, 1978; STEINBAUER; KUSHMAN, 1971).

As flores da batata-doce são típicas do gênero *Ipomoea*, mas apresentam variações no tamanho, formato e cor. As inflorescências ocorrem em cachos (cimeras)

nas axilas das folhas. Os botões florais se abrem individualmente, mas podem fazê-lo em grupos de dois ou três. As flores são perfeitas (completas, hermafroditas), com corola gamopétala, com cinco pétalas unidas em forma de funil (infundibuliforme), apresentando cores variando do branco a diversas tonalidades de roxo, segundo a cultivar. O cálice é formado por cinco sépalas, duas exteriores e três inferiores oblongas, persistentes, glabras ou pubescentes, de cor verde-clara a verde-escuro, às vezes com manchas avermelhadas. O androceu possui cinco estames desiguais, com os filamentos aderidos na base da corola e situados em volta do pistilo. As anteras são usualmente brancas, amarelas ou ligeiramente púrpuras, com deiscência longitudinal, e altura (posição) variável em relação ao estigma, em função do comprimento do filamento (filete). O estigma é bilobado, geralmente branco a violáceo. O pistilo tem dois ovários súperos, cada um contendo dois óvulos. (JONES, 1980). As flores possuem uma glândula amarela bem desenvolvida, contendo néctar, que atrai os insetos (MARTIN & JONES, 1972). O fruto é uma cápsula arredondada, seca, bilocular, com diâmetro variável de 3 a 7 milímetros, glabro ou pubescente, com um apículo (terminal) deiscente. Os frutos imaturos são característicos de cada cultivar, apresentando cor variável desde verde claro até púrpuro-escuro, e quando secos são de cor marrom-claro a escuro. Cada fruto pode conter até quatro sementes (JONES, 1980).

As sementes da batata-doce são duras (não absorvem água) e não têm dormência. São pequenas, medindo de 2 a 4 mm de diâmetro. São de coloração marrom escuro, às vezes, pretas, planas em dois lados e angular no outro. O peso médio de 100 sementes é de 2 gramas, mas varia muito de acordado com os progenitores – de 1,3 a 3,0 gramas (JONES & DUKES, 1976).

A batata-doce exige temperaturas altas e não tolera geada. É cultivada numa larga faixa de latitude 40º Norte e Sul, em altitudes de até 2700 m. Para um bom desenvolvimento vegetativo, a cultura exige temperatura média superior a 24°C, alta luminosidade, fotoperíodo longo e adequada umidade do solo. Temperaturas baixas, combinadas com menor luminosidade e fotoperíodo curto e menor umidade do solo favorecem a formação de raízes tuberosas. Em temperaturas menores que 10°C o desenvolvimento vegetativo é quase paralisado e a produtividade decresce. A

temperatura para o bom desenvolvimento do sistema radicular é de 24°C a 27°C. A parte aérea tem ótimo desenvolvimento a 30°C e mínimo a 15°C (FOLQUER, 1978).

O crescimento da planta pode ser dividido em três fases, uma inicial, de pequeno desenvolvimento vegetativo cerca de 50 a 60 dias; uma segunda, de grande desenvolvimento vegetativo, que vai da fase anterior até 90 a 105 dias; e uma terceira, de grande produção e deposição de matéria seca. Estas fases variam com as cultivares, condições climáticas e tratos culturais. Excesso de umidade ou de nitrogênio provoca grande desenvolvimento vegetativo e pouca produção de raízes tuberosas. Aeração deficiente prejudica a tuberização das raízes (EDMOND & AMMERMAN, 1971).

Deve-se buscar estabilidade de produção. Para isto devem-se considerar os fatos da floração ser deficiente e, às vezes, sua total falta dificulta os trabalhos de melhoramento. Muitas pesquisas e métodos foram utilizados para induzir florescimento, alguns com sucesso. Existem diferenças genéticas na incidência da floração, bem como forte influência ambiental. A resposta sazonal de algumas cultivares observadas nas regiões temperadas pode ser perdida nas diferentes regiões tropicais. Existe uma grande variação na resposta ao fotoperíodo. Numa mesma localidade, algumas cultivares florescem no verão, outras na primavera, outras no outono ou inverno. Existem as que florescem quase o ano todo, e as que nunca florescem (JONES, 1980). Veasey et al. (2007) observaram ampla variação no período de florescimento de 53 etnovarietades de batata-doce, originárias do Vale do Ribeira, SP, variando de janeiro a setembro de 2004, sendo que 13,2% das variedades não floresceram. Na Índia, em Trivandrum, Rajendran e Amma (1996) também observaram 13,9% de ausência de florescimento num total de 764 acessos de batata-doce, enquanto que 40% dos acessos avaliados na Indonésia por Mok e Schmiediche (1999) não floresceram. Estes fatos também foram observados por pesquisadores da Embrapa-CNPq em Brasília, onde a maioria das cultivares (60% da coleção) – florescem principalmente no verão e outono. Uma cultivar, Coquinho, floresce durante quase todo o ano e produz boa quantidade de sementes, enquanto que outras cultivares nunca florescem. A relação flor/fruto/semente é muito baixa na batata-doce. Além dos fatores que afetam a floração, outros afetam a fertilização, o desenvolvimento do fruto, a germinação etc.,

dificultando ainda mais o trabalho dos melhoristas. Baixa fertilidade em batata-doce é relatada em vários trabalhos (FOLQUER, 1978).

## 2.2 Origem, evolução e citogenética

A origem genética da batata-doce cultivada refere-se aos ancestrais, aos progenitores imediatos e ao processo de formação da *Ipomoea batatas*. Os geneticistas e melhoristas são mais interessados em conhecer a origem genética da batata-doce, em função da possibilidade de aumentar a diversidade genética existente na espécie, a partir de espécies correlacionadas. Muitas vezes, caracteres de importância econômica e agrícola, como resistência a doenças e pragas, não são encontrados dentro da espécie, portanto, devendo ser introduzidos de espécies aparentadas (Miranda, 1984).

A batata-doce e as espécies a ela relacionadas são pouco estudadas, comparativamente a outras culturas, do ponto de vista da citogenética, taxonômica, morfologia, fisiologia, distribuição geográfica, sistemas de incompatibilidade, cruzamentos compatíveis e outros. Naturalmente estes tópicos são diferentes em espécies silvestres e tipos cultivados, e importantes sobre vários aspectos, inclusive para elucidar e compreender a origem genética e a evolução da espécie (Miranda, 1984).

Para estudar a origem de uma cultura, geralmente é necessário obter informações sobre como, quando e onde as primeiras plantas ocorreram (NISHIYAMA, 1982). As primeiras hipóteses acerca da origem da batata-doce foram baseadas na semelhança de características morfológicas. Assim, vários pesquisadores propuseram que *I. fastigiata*, *I. panduratae* (WAITE, 1907), *I. tiliacea* (HOUSE, 1908), *I. triloba* (WATANABE, 1940) podiam ser a forma ancestral da batata-doce, citados por NISHIYAMA (1982).

*I. mammosa* e especialmente *I. fastigiata* são possíveis progenitores da batata-doce, porque a última produz raízes tuberosas comestíveis, que na Jamaica são chamadas de batatas selvagens, conforme sugere Tioutine (1935). Uma proposta baseada em observações citológicas foi feita por TING e KEHR (1953), sugeriu que a

hibridação espontânea entre duas espécies determinadas, uma diplóide ( $2n=30$  cromossomos) e outra tetraplóide ( $2n=60$ ) produziu um híbrido estéril triplóide ( $2n=45$ ), que por duplicação dos cromossomos originou um hexaplóide ( $2n=90$ ) relativamente fértil. Este autohexaplóide seria a atual batata-doce. Esquemáticamente, teria sido: espécie ( $2n=60$ ) X espécie ( $2n=30$ ) > híbrido  $F_1$  (estéril) > ( $2n=45$ ) > dobramento > híbrido fértil ( $2n=90$ ) = AAAABB

A domesticação da batata-doce ocorreu após o dobramento do número de cromossomos e surgimento da forma hexaploide. Assim, de acordo com os pesquisadores da escola de NISHIYAMA eles não só encontraram a espécie primitiva *I. trifida* ( $2n=90$ ), da qual a batata-doce se originou, mas também encontraram suas formas básicas, que são a *I. leucantha* ( $2n=30$ ) e a *I. littoralis* ( $2n=60$ ), coletadas como selvagens na América, conseguindo resintetizar o tipo primitivo da batata-doce (YEN, 1976). Portanto, todos os ancestrais da batata-doce são selvagens e não produzem raízes tuberosas, sendo que a batata-doce derivou-se diretamente da planta hexaplóide silvestre por mutação gênica, especialmente para a formação de raízes tuberosas (NISHIYAMA, 1982).

Esta teoria acerca da origem genética da batata-doce, proposta e sustentada pelos pesquisadores japoneses, gerou uma grande polêmica, que vem desde o início da década de 60. MARTIN e JONES (1972) sugerem que as formas hexaplóide e tetraplóide de *Ipomoea batatas* evoluíram a partir de espécies diplóides talvez já extintas, ou seja, a origem da batata-doce ainda não parece elucidada. Consideram também que as espécies diplóides auto-férteis são espécies recentemente evoluídas, a partir de ancestrais auto-incompatíveis. Assim, tais espécies diplóides não poderiam ter participado na formação da *I. batatas* ( $2n=90$ ).

Baseando-se em observações citológicas, JONES (1967) considera que a *I. batatas* é um autohexaploide, cuja evolução se deu a partir de tipos cultivados. *I. gracilis*, com 60 cromossomos, originou-se por autopoliploidia, em termos comparativamente recentes. Esta espécie, *I. gracilis*, apresenta semelhança morfológica com *I. batatas* (L.) Lam., existindo a possibilidade de que tenha sido um dos progenitores desta importante cultura (JONES, 1970). Ainda quanto à confusão existente na taxonomia do gênero *Ipomoea*, um grupo americano argumenta que a *I.*

*leucantha* Jacq., considerada por NISHIYAMA et al. (1975), como o progenitor diplóide da batata-doce, é sinônimo de *I. triloba* L., segundo classificação de MATSUDA (1963).

Após estudar as plantas vivas que foram utilizadas nos trabalhos de citologia de JONES, (1980), o pesquisador AUSTIN (1983) concluiu que os tetraplóides, encontrados como silvestres na América tropical, são melhor identificados como derivados de cruzamentos entre o hexaploide *I. trifida*. Propôs ainda um modelo de como isto teria ocorrido (AUSTIN, 1977) que é semelhante ao proposto por JONES (1970). Assim, *I. gracilis* (4x) e *I. littoralis* (4x) são erroneamente denominadas como espécies (AUSTIN, 1977).

Ainda como contestação à teoria de NISHIYAMA sobre a evolução da *I. batatas*, MARTIN et al. (1974) consideram que uma teoria satisfatória para explicar a origem genética da batata-doce deve também explicar a fonte de raízes tuberosas comestíveis, bem como a existência de antocianina e pigmentos carotenóides (cor alaranjada) encontrados nas raízes tuberosas. Na opinião destes autores, explicar o aparecimento de raízes tuberosas apenas após a origem da espécie e/ou como uma série de mutações não constituem uma hipótese plausível. Todas as críticas feitas pelo grupo americano foram rebatidas por NISHIYAMA (1982), apoiadas em inúmeros trabalhos de pesquisa sobre compatibilidade sexual, síntese de poliplóides, análises citogenéticas, comparações de genomas e características morfológicas, como explicado a seguir:

a) A batata-doce originou-se da espécie *I. trifida* hexaplóide por diferenciação gênica, especialmente para a formação de raízes tuberosas. Portanto, a batata-doce cultivada não é completamente homozigota para o caráter formação de raízes tuberosas (NISHIYAMA, 1982) e segrega, conforme constatação do próprio JONES (1967). Se os ancestrais diplóides e tetraplóides formavam raízes tuberosas, como postulado por JONES (1967), a batata-doce deveria ser homozigota para este caráter e não segregar.

b) Todos os híbridos hexaplóides entre batata-doce ( $2n=90$ ), *I. trifida* ( $2n=90$ ), *I. trifida* ( $2n=90$ , obtida a partir do triplóide,  $2n=45$ ) mostraram 45 pares de bivalentes na metáfase I da meiose (ou próximo de 45), mas ocorrendo freqüentemente pareamentos

complexos. Isto indica certamente que estes hexaplóides têm os mesmo genomas (NISHIYAMA, 1982).

c) No híbrido pentaplóide entre *I. batatas* ( $2n=90$ ) e *I. littoralis* ( $2n=60$ ) cerca de 30 pares de bivalentes foram usualmente encontrados na metáfase I da meiose. Então, estas duas espécies têm dois genomas comuns. No híbrido triplóide entre *I. leucantha* ( $2n=30$ ) e *I. littoralis* ( $2n=60$ ), a formação de 16 pares de bivalentes sugere que ambos os pares tem um genoma comum (NISHIYAMA, 1982).d) O híbrido tetraplóide ( $2n=60$ ) entre *I. trifida* ( $2n=90$ , derivada de *trifida*  $2n=45$ ) e *I. leucantha* ( $2n=30$ ), mostrou cerca de 30 pares de bivalentes, no lugar dos 15 esperados. Os citogeneticistas japoneses explicam isto como: 15 cromossomos da *I. trifida* se pareiam com outros 15 da *I. leucantha*, e os restantes 30 cromossomos de *I. trifida* formam outros 15 pares de bivalentes observados. Após exame cuidadoso do comportamento dos cromossomos, eles concluíram que o grupo *I. batatas* [*Leucantha* (BB), *littoralis* (BBBB), *trifida* ( $2n=90$ ) (BBBBBB) e *batatas* (BBBBBB) é autoplóide derivado por duplicação do genoma BB de *I. trifida* ( $2n=30$ ) ou *I. leucantha* ( $2n=30$ ), NISHIYAMA (1982). e) Em função dos itens b, c e d anteriores a origem alopoliplóide da batata-doce postulada por KEHER e TING (1953) e outros autores, deve ser rejeitada (NISHIYAMA, 1982). f) Através da análise de genomas e compatibilidade sexual torna-se fácil fazer distinções entre as espécies do gênero *Ipomoea*, seção *batatas*. Também a produção e análise de inúmeros híbridos poliplóides reforçam a teoria de NISHIYAMA, especialmente o hexaplóide artificial de *I. littoralis* ( $2n=60$ ) x *I. leucantha* ou com *trifida* (triplóide) que foram muito semelhantes ao natural *I. trifida* hexaplóide em quase todas as características (NISHIYAMA, 1982). Os trabalhos desenvolvidos pelos pesquisadores japoneses são extremamente importantes, não só para elucidar e compreender a origem genética e a evolução da batata-doce, mas, sobretudo pela possibilidade que se abre com a utilização dos híbridos hexaplóides ( $2n=90$ ), sintetizados a partir de outras espécies do gênero *Ipomoea*, em programas de melhoramento genético.

### 2.3 Aspectos sócioeconômicos

A batata-doce é uma planta de grande importância econômico-social, participando no suprimento de calorias e minerais na alimentação humana (AZEVEDO et.al., 2002). Ocorre em 111 países, sendo que cerca de 90% da produção é obtida na Ásia, 5% na África e 5% no restante no mundo. A China é o maior produtor mundial, destacando-se com 100 milhões de toneladas (WOO, 2001 citado por SILVA et. al., 2004).

No Brasil, a cultura apresenta custos de produção relativamente pequenos, com baixos níveis de investimentos, e de retorno econômico elevado (MONTES et. al., 2008). A região Sul do Brasil é a principal produtora, responsável por 48,2% da produção e seguida pelo Nordeste, com 35% e a região Sudeste, com 16,2%. Dentre os estados com maior participação da produção nacional se destacam o Rio Grande do Sul com 30%, Paraíba com 10%, Paraná com 9,6%, Santa Catarina com 8,7% e São Paulo com 8,6% da batata-doce nacional (PAM, 2006). Apesar da grande decadência, verifica-se pelos dados estatísticos que a batata-doce ainda detém o sexto lugar entre as hortaliças mais plantadas no Brasil, correspondendo à produção anual de 518.541 toneladas, obtidas em uma área estimada de 44.406 hectares (IBGE, 2006).

O valor nutritivo da batata-doce é alto, comparável ao da *Solanum tuberosum* spp. *tuberosum*. As raízes tuberosas da batata-doce são boa fonte de energia (açúcares e outros carboidratos), cálcio, ferro e outros minerais e vitaminas, principalmente vitamina C. Algumas cultivares são ricas em vitamina A, particularmente as de polpa alaranjada (FOLQUER, 1978; KAY, 1973; STEINBAUER e KUSHMAN, 1971). A composição química varia com a cultivar, condições climáticas, época e estágio de colheita, duração e condições de armazenamento e tratos culturais (MIRANDA et al. 1984; CEREDA et al., 1984).

A batata-doce é uma matéria prima muito versátil, o elevado número de cultivares com características diferentes é um fator que aumenta a pontencialidade de uso industrial (FABRI et al., 2008). Algumas cultivares podem apresentar elevado teor protéico (CARVALHO et al., 1982) ou no caso das que possuem polpa laranja, altos teores de betacaroteno (CARVALHO; OLIVEIRA, 1982). As indústrias brasileiras utilizam as batatas de polpa amarela, creme ou salmão no preparo do doce “marrom

glacê”. O ideal seria utilizar cultivares de polpa alaranjada, pois evitaria a adição de corantes artificiais (CEREDA et al., 1984). Como matéria prima industrial, as raízes da batata-doce são utilizadas para a extração de amido, que é empregado na indústria de tecidos, papel, colas, etc. No Peru, a farinha de batata-doce é misturada à de trigo para o preparado do chamado pão-de-batata-doce (“pan-camote”) (FOLQUER, 1978).

Em Manaus, GUEDES et al. (1980) produziram farinha de batata-doce à semelhança da farinha de mandioca, tendo a mesma sido aceita por todos que a provaram. Outra possibilidade de emprego industrial da batata-doce é para a produção de álcool carburante, como cultura alternativa e/ou complementar à mandioca, sorgo-sacarino, cana-de-açúcar e outras. No Japão, até 1970, o principal emprego da batata-doce era na produção de álcool, havendo os melhoristas japoneses desenvolvido cultivares próprias para esta finalidade (FOLQUER, 1978). Atualmente, diversos países mantêm programas de melhoramento de batata-doce visando esta finalidade, inclusive o Brasil, através das instituições de ensino e pesquisa.

A recomendação de cultivares está estreitamente relacionada com o local e época de plantio, adubação, finalidade da produção, preferência do mercado e do consumidor. A maioria das batatas comercializadas nos grandes centros urbanos brasileiros tem polpa branca ou creme e película externa (periderme) rosa, roxa ou branca. Também são comercializadas batatas com película externa amarela ou creme, com polpa amarela clara, salmão ou mesmo roxa (como beterraba), todas aceitas nos mais diferentes mercados e regiões. São poucos os trabalhos de pesquisa visando selecionar e indicar cultivares para as diferentes regiões do país (MIRANDA et al, 1984).

Como a batata-doce pode ter fins múltiplos, torna-se necessário desenvolver e selecionar cultivares específicos para cada finalidade, e incorporando nestas as principais características agrícolas desejáveis.

## 2.4 Uso e Manutenção de Germoplasma

Os Recursos Genéticos Vegetais constituem a base da cadeia alimentar do homem, além de atender a inúmeras de suas necessidades como combustível, vestuário, medicamentos e habitação. Conservar estes recursos em condições ideais, mantendo sua integridade física e genética, é garantir os genes para a sustentabilidade dos trabalhos de melhoramento de plantas e assegurar o alimento das próximas gerações. A conservação dos recursos genéticos vegetais é uma forte ação mundial. A FAO estima que 6 milhões de acessos de germoplasma sejam conservados em todo mundo (WETZEL, 2006 citado por LOPES et al., 2006).

Segundo Borém e Miranda (2005), a primeira tentativa de definir o termo germoplasma ocorreu na Conferência sobre Exploração, Utilização e Conservação de Recursos Genéticos Vegetais, patrocinada pela FAO, em 1967, em Roma. O termo “germoplasma” é considerado vago e impreciso, mas abrange alguns dos mistérios da hereditariedade, deixando espaço para o que está por ser entendido. Conforme relatou Witt (1985), citado por Borém e Miranda (2005), embora de forma imprecisa, germoplasma tem sido definido como todo material hereditário de uma espécie ou, ainda, todo o patrimônio genético de uma espécie.

Há dois métodos básicos para a conservação de germoplasma: conservação *ex situ* e *in situ* (BORÉM; MIRANDA, 2005). Os bancos de germoplasma funcionam como conservação *ex situ*, em que uma amostra da variabilidade genética de determinada espécie é conservada em condições artificiais, fora do *habitat* da espécie. São atividades dos bancos de germoplasma: levantamento, aquisição, exploração e coleção; manutenção, multiplicação e rejuvenescimento; caracterização, avaliação, documentação e distribuição e intercâmbio do maior número possível de amostras do germoplasma dentro das limitações físico-econômicas. Os bancos de germoplasma devem possuir duas coleções: coleção-base, preservada no longo prazo, e coleção ativa, preservada no médio prazo.

A Coleção de Germoplasma de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) mantida pela Embrapa - Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças (CNPH) foi reunida em expedições de coleta realizadas em conjunto pela Embrapa - CNPH, Embrapa - Centro

Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN), Centro Internacional de La Papa (CIP), e pela duplicação da coleção mantida pela Embrapa - Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura. O material foi coletado em feiras livres, mercados, campos de produtores, e em algumas reservas indígenas (Miranda e França, 1987; RITSCHER et.al., 1999a). Outra forma de coleta foi realizada recentemente por pesquisadores da Embrapa - CNPH, através de canal de mídia televisível, solicitando o envio de materiais de batata-doce ao CNPH. Considerando-se a maneira como esse material foi reunido e a forma de multiplicação da cultura da batata-doce, através de propagação vegetativa, estima-se que parte dos acessos mantidos em coleções sejam duplicatas. A ocorrência de duplicatas não identificadas em Bancos de Germoplasma encarece e dificulta a manutenção adequada do material, gerando problemas relacionados a organização e ao acesso de usuários potenciais ao recurso genético (FRANKEL; BENNET, 1970; STRAUSS et.al., 1989; BEUSELINCK; STEINER, 1992). Assim, a caracterização de Coleções de Germoplasma vem sendo bastante enfatizada (PEETERS; WILLIAMS, 1984; PEETERS; MARTINELLI, 1989).

## **2.5 Descritores na proteção de cultivares**

De acordo com Borém (2005) e segundo a lei de proteção de cultivares, descritores são as características morfológicas, fisiológicas, bioquímicas, ou moleculares que sejam herdadas geneticamente, utilizadas na identificação de uma cultivar. Devendo a cultivar passar pelo teste de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade (DHE), que é o procedimento técnico de comprovação de que a nova cultivar ou a cultivar essencialmente derivada são distinguíveis de outras. Os descritores devem ser conhecidos, homogêneos quanto às suas características em cada ciclo reprodutivo e estável, quanto à repetição das mesmas características ao longo das gerações sucessivas.

Borém (2005) define cultivar como um grupo de plantas com características distintas, uniformes e estáveis. Uma cultivar deve apresentar sua própria identidade, o que a distinguirá das demais. Os descritores varietais que conferem identidade a cultivar são: ciclo, cor das sementes, caracteres morfológicos, reação a doenças,

produção de grãos e padrões izoenzimáticos ou de ácidos nucléicos. A estabilidade da cultivar é importante para a sua identificação, geração após geração.

Os caracteres varietais que podem determinar a identidade, uniformidade e estabilidade, diferem para cada espécie e cada variedade. Dependendo do grau de interação com o ambiente, os caracteres descritivos se diferenciam em fixos e variáveis. Os caracteres fixos, também denominados qualitativos, dependem de um ou de poucos genes de distribuição discreta, são de fácil identificação e pouco afetados pelo ambiente, como por exemplo, a cor da flor. Os caracteres quantitativos ou variáveis dependem da ação de muitos ou poucos genes que interagem com o ambiente e manifesta-se, fenotipicamente, com uma distribuição normal, como por exemplo, altura de planta (SILVA, 2005). Um dos grandes problemas da utilização dos descritores morfológicos de uma espécie é o elevado número de descritores necessários e a considerável influência ambiental tornando o método pouco eficiente, principalmente quando se consideram caracteres métricos, na maioria das vezes influenciadas por grande número de genes e, conseqüentemente, muito influenciados pelo ambiente (JESUS, 2006).

A partir do advento de sistemas organizados de proteção de cultivares no início da segunda metade do século XX, os órgãos oficiais encarregados de executar, em cada país, os sistemas nacionais de proteção de cultivares desenvolveram um completo sistema de verificação da identidade varietal de novas cultivares obtidas pela pesquisa. Dentre os diversos requisitos estabelecidos pelo sistema, representado pela União Internacional para a Proteção das Obtenções Vegetais (UPOV), destaca-se a realização de testes específicos de caracterização e diferenciação de cultivares, conduzido pelo organismo oficial de proteção (SILVA, 2005).

O desenvolvimento de novas cultivares é um processo com custo elevado. Para mantê-lo em funcionamento as instituições de pesquisas tem buscado recursos na proteção de cultivares, que lhes dá direitos sobre a comercialização das variedades protegidas (MAGALHÃES, 2006). No Brasil, essa proteção está amparada na lei de nº 9.456, de 1997, que instituiu a proteção de cultivares, reconhecendo a propriedade intelectual e os direitos ao titular de materiais genéticos protegidos (BRASIL, 2007). A divulgação das espécies vegetais e os respectivos descritores mínimos necessários à

abertura de pedidos de proteção de cultivares é de responsabilidade do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC), órgão do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (SILVA, 2005).

A decisão de qual método utilizar depende dos recursos disponíveis e do grau de confiabilidade do método. A comparação entre métodos de caracterização é uma maneira de estimar o poder de resolução de cada um. Com os dados morfológicos, agronômicos e/ou moleculares é possível estimar o grau de similaridade entre cultivares e/ou acessos. A comparação dos dados de similaridade obtidos permite determinar a possibilidade de uso dos métodos de caracterização (CONTI et al., 2002).

## **2.6 Estudo da variabilidade genética**

A variabilidade genética em populações é de grande importância para os geneticistas, melhoristas e taxonomistas. Melhoramento, classificação de espécies e estudos de evolução são baseados na variabilidade genética. Em populações de plantas, variabilidade e parentesco têm sido tradicionalmente baseados em características morfológicas como coloração de flores, tamanho e forma de folhas e flores e altura de plantas. Recentemente, a facilidade e a rapidez em obterem dados fizeram dos “marcadores” moleculares um bom recurso no estudo da variabilidade genética e na caracterização de cultivares em várias culturas hortícolas. Um pequeno exemplo disto são os trabalhos de Miller e Tanksley (1990) com tomate, de Fidgore et al. (1988) em brássicas e de Panda et al. (1986) em pimentas.

Ferreira e Grattapaglia (1996) comentam que os “marcadores” moleculares apresentam diversas vantagens em relação aos “marcadores” morfológicos. A construção de mapas genéticos é muito mais fácil com marcadores moleculares, pois menos cruzamentos são necessários para efeito de estudo de ligação gênica. Marcadores moleculares também são, em geral, neutros em relação a efeitos fenotípicos e são neutros ou tem o mínimo de efeito epistático ou pleiotrópico. Os marcadores morfológicos são na maioria das vezes dominantes ou recessivos enquanto que os moleculares são geralmente codominantes, o que resulta em maior quantidade de informação genética por loco. Os marcadores moleculares podem ser

identificados em seedlings, células ou tecidos, por outro lado os morfológicos, em geral, só são identificados em plantas adultas.

Com o advento de novas técnicas agrícolas, especialmente nos países mais desenvolvidos, vem ocorrendo a substituição gradual de cultivares tradicionais por outras, geralmente de base genética mais estreita, porém mais produtivas e portadoras de certas características superiores que as credenciam à aceitação pelos agricultores. Este fato pode ser considerado normal, quando se verifica a necessidade de maior produtividade para atender às necessidades de uma população mundial sempre crescente e a certas exigências das indústrias processadoras de produtos agrícolas (BUENO et al., 2001).

Embora a importância da biodiversidade para a agricultura sustentável seja atualmente reconhecida, a diversidade genética nos campos agrícolas é reduzida. Muitos foram os fatores que levaram à perda da variabilidade genética, tais como: introdução de novas cultivares melhoradas, altamente produtivas e uniformes em detrimento das regionais, menos produtivas; destruição dos habitats, poluição do ambiente, crescimento da população e alteração do clima (FARINHA et al., 2003).

Poucas informações são disponíveis acerca de genótipos mais adaptados às condições particulares dos produtores de determinada região, face à escassez de pesquisas inerentes. No entanto, atualmente há considerável diversidade genética de batata-doce, nas diversas regiões produtoras do Brasil, oriunda de segregação sexuada e assexuada e de introduções de plantas provenientes de outras localidades. Diante disso, em programas de melhoramento envolvendo seleção de genótipos superiores é necessário dispor de informações a respeito do germoplasma a ser utilizado, de suas potencialidades genéticas e de parâmetros genéticos intrínsecos às características que serão melhoradas (OLIVEIRA et al., 2000).

O estudo da diversidade genética entre acessos de uma cultura, além de possibilitar identificação de materiais genéticos muito próximos ou duplicados, indica aqueles genótipos mais distantes geneticamente, os quais poderão ser recomendados para futuros programas de policruzamentos no desenvolvimento de cultivares melhorados (SCAPIM et al., 1999). Uma das fases mais importantes em programas de

melhoramento genético é seleção de genótipos com características desejadas tornando o conhecimento do germoplasma disponível (BLANK et al., 2004).

O conhecimento da similaridade genética entre genótipos é útil em programas de melhoramento porque ela facilita e torna eficiente a amostragem e a utilização de bancos de germoplasma. O melhorista pode usar a similaridade genética para tomar decisões na escolha de genótipos para cruzamentos que darão origem a populações, ou utilizar a divergência entre os pais para obtenção de híbridos, maximizando e expressão da heterose (SMITH et al., 1990).

## **2.7 Caracterização Morfológica e Agronômica**

A batata-doce é uma espécie com longo histórico de uso pelos povos das Américas, mas a caracterização de sua diversidade morfológica tem se restringido a coleções em bancos de germoplasma (RITSCHER; HUAMÁN, 2002; DAROS et al., 2002; OLIVEIRA et al., 2000; HUAMÁN et al., 1999; MOK; SCHMIEDICHE, 1999; RITSCHER et al., 1998; CONTRERAS et al., 1995). Uma característica comum nesses estudos tem sido a observação de grande variabilidade fenotípica entre os acessos avaliados desta cultura (RITSCHER; HUAMÁN, 2002; DAROS et al., 2002; OLIVEIRA et al., 2000; MOK; SCHMIEDICHE, 1999), bem como a ocorrência de duplicatas representando 65% (HUAMÁN et al., 1999), 60% (CONTRERAS et al., 1995), 40% (MOK; SCHMIEDICHE, 1999) e 20% (RITSCHER; HUAMÁN, 2002) do total das coleções avaliadas.

A caracterização morfológica de um banco de germoplasma é normalmente a forma mais acessível de quantificar sua diversidade genética e é bastante utilizada (HALCOMB et al., 1997; PERRY; McINTOSH, 1991; SINGH et al., 1991; KRESOVICH; MacFERSON, 1992; RABBANI et al., 1998). A mesma consiste em fornecer uma identidade para cada entrada através do conhecimento de uma série de dados que permitam estudar a variabilidade genética de cada amostra (DAROS et al., 2002).

Foram avaliados por Ritscher e Huamán (2002), 324 acessos nativos de batata-doce, do Banco de Germoplasma de batata-doce, mantida pela Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças, reunida por meio de expedições de coleta e pela

duplicação da coleção anteriormente mantida pela Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura. Utilizaram 25 características morfológicas, onde identificaram 256 tipos morfológicos, sendo 223 acessos com morfologia única e 33 grupos de acessos morfológicamente duplicados. Constataram que 20% da coleção consistia de duplicações.

Daros et. al. (2002) caracterizaram morfológicamente 14 acessos de batata-doce da Coleção de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense, visando otimizar a utilização de genomas de interesse para o melhoramento. Foram avaliados quanto a descritores da parte aérea e das raízes, num total de 20 características. Constatou a ocorrência de variabilidade genética entre os acessos, proporcionada principalmente pelas características pubescência do ápice das ramas, pigmentação das nervuras inferiores da folha e formato das raízes.

Veasey et. al. (2007) avaliaram a diversidade fenotípica de etnovariedades de batata-doce através de descritores morfológicos, visando verificar como esta diversidade está distribuída em nível de roças e comunidades do Vale do Ribeira-SP. Foram avaliados 74 acessos envolvendo 53 etnovariedades, coletadas em 30 roças e distribuídas em 18 comunidades. Foram avaliados nove descritores fenológicos e florais, nove descritores morfológicos da parte aérea e cinco da raiz. Os 14 descritores de parte aérea e raiz foram transformados em dados binários, totalizando 74 atributos. Foi realizada uma análise de agrupamento, empregando-se o coeficiente de similaridade de Jaccard e o método aglomerativo UPGMA. Os dados binários foram também submetidos a uma análise de variância (AMOVA). Não se detectou formação de grupos definidos, indicando que não há estruturação espacial da diversidade para a etnovariedades, mas observou-se grande variação morfológica (índice de Jaccard variando de 0,12 a 1,0) na região estudada.

A caracterização agrônômica consiste em avaliar características desejáveis pelo agricultor e que atendam ao mercado consumidor. Essas características são: população final de plantas na parcela, produtividade em  $t.ha^{-1}$ , a forma da inserção das raízes que dá o grau de dificuldade na colheita, entre outras (SOUZA, 2000). A caracterização morfoagronômica constitui em tarefa de grande importância para a

cultura da batata-doce, para evitar o plantio de formas genômicas semelhantes e o conseqüente estreitamento genético da espécie.

Cavalcante et.al. (2003) avaliaram 14 clones de batata-doce desenvolvidos em Alagoas, mediante análise de variância, comparação das médias e do coeficiente de determinação genotípica, nas condições de clima e solo de Rio Largo-AL. As estimativas dos coeficientes de determinação foram elevadas (acima de 70%), havendo assim pouca influência do ambiente na expressão das variáveis.

A caracterização morfoagronômica constitui em tarefa de grande importância para a cultura da batata-doce, para evitar o plantio de formas genômicas semelhantes e o conseqüente estreitamento genético da espécie.

## **2.8 Caracterização Molecular**

A caracterização de acessos de banco de germoplasma, linhagens ou híbridos por meio de marcadores de DNA tem sido de grande importância na proteção do direito intelectual do melhorista, sendo utilizada como prova legal em processos jurídicos nos países em que já vigoram as leis de proteção de cultivares. Com a aprovação da Lei de Proteção de Cultivares n° 9.456, de 25 de abril de 1997, o *fingerprinting* genético vem sendo utilizado na caracterização de cultivares assegurando os direitos da propriedade intelectual. O elevado nível de resolução genética e confiabilidade obtida por meio da análise com marcadores moleculares, possibilitam a discriminação entre linhagens ou variedades com base genética estreita, o que é comum entre variedades comerciais (BORÉM, 2005).

Marcadores moleculares vêm substituindo ou complementando a caracterização morfológica e agrônômica tradicional, desde que são virtualmente ilimitados, podem cobrir todo o genoma, não são influenciados pelo ambiente e, particularmente em caso de árvores frutíferas, com período juvenil longo, pode ser menor o tempo consumido para a caracterização de novos híbridos (GOULÃO; OLIVEIRA, 2001).

Os marcadores moleculares são ferramentas úteis para detectar variações no genoma, aumentando o poder da análise genética das plantas. Atualmente, existe grande variedade de marcadores moleculares disponíveis para diferentes espécies

vegetais. O uso de marcadores de DNA vem se tornando rotineiro nos programas de melhoramento genético de plantas, aumentando a eficiência e proporcionando maiores ganhos genéticos nas principais culturas de interesse econômico (BORÉM; CAIXETA, 2006).

Diversas técnicas que utilizam o DNA como marcador a nível molecular têm sido desenvolvidas, tais como: Restriction Fragment Length Polymorphisms (RFLPs), que tem sido usado com a finalidade de estudar o genoma em diversas espécies; Polymerase Chain Reaction (PCR) para amplificar o ácido desoxirribonucléico (DNA) e o uso de Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) mostraram ser grande utilidade como recurso para estudo de genoma (WILLIAMS et. al., 1990). Diversos trabalhos visando à análise da diversidade genética de germoplasma de batata-doce já foram realizados tanto com isoenzimas (OLIVEIRA et. al., 2002), como com marcadores moleculares RAPD (GICHUKI et. al., 2003), AFLP (ZHANG et. al., 2004; FAJARDO et. al., 2002; ZHANG et. al., 2000) e com marcadores microssatélites (SSR) como (VEASEY, et. al., 2008; HU et. al., 2004; BUTELER et. al., 1999).

Oliveira et. al. (2002) avaliaram a variabilidade genética de 55 clones de batata-doce, compreendendo cultivares comerciais e acessos obtidos de coletas, por meio de padrões isoenzimáticos, utilizando-se técnicas de análise multivariada. A combinação dos diferentes padrões enzimáticos e tecidos analisados possibilitaram a discriminação individual de 32 dos 55 clones analisados. Os 23 clones restantes foram incluídos em sete grupos distintos, com base nos fenótipos isoenzimáticos exibidos.

Marcadores moleculares vêm substituindo ou complementando a caracterização morfológica e agrônômica tradicional, desde que são virtualmente ilimitados, podem cobrir todo o genoma, não são influenciados pelo ambiente e, particularmente em caso de árvores frutíferas, com período juvenil longo, pode ser menor o tempo consumido para a caracterização de novos híbridos (GOULÃO e OLIVEIRA, 2001).

Segundo Ferreira e Grattapaglia (1996) outros marcadores moleculares baseados em DNA estão sendo utilizados atualmente. Uma classe de marcadores de DNA envolvendo seqüências repetitivas é denominado de Variable Number of Tandem Repeats (VNTR) que são seqüências adjacentes que se repetem em número variável. Um loco hipervariável, também denominado minisatélite é constituído de um número

variável de sequências idênticas repetidas lado a lado que podem ser detectadas, pois formam um pico distinto do pico principal do DNA em gradiente de Cloreto de Césio, por conter uma proporção de bases nitrogenadas G (guanina) e C (citosina) diferente da média do resto do genoma. Outro tipo de marcador são aqueles baseados na amplificação de microssatélites. Há diferentes classes de seqüências repetidas, uma mais complexa e outra mais simples, estas foram denominadas de microssatélites ou Simple Sequence Repeats (SSR).

## **2.9 Marcador SSR**

As técnicas de genética molecular possibilitaram a exploração dos chamados marcadores de DNA que são extremamente úteis na identificação e caracterização molecular de indivíduos e no melhoramento genético (VIANA et. al., 2003). O termo marcador indica que a sua função é, entre outras, identificar ou “etiquetar algo”. Os marcadores genéticos são utilizados para marcar alelos cuja expressão seja de difícil identificação. Nesse caso, seleciona-se o alelo de interesse de forma indireta, por meio de um marcador. Adicionalmente, estes marcadores tem sido utilizados em estudos de divergência genética, testes de paternidade, identificação de cultivares, mapeamento genético de QTL's (Quantitative Trait Loci), entre outros (MONTALDO; MEZA-HERREA, 1998; RAMALHO et. al., 2004).

Os genomas eucariotos são densamente povoados por seqüências simples repetidas, as quais consistem em um a seis nucleotídeos repetidos em tandem. Estes locos são altamente polimórficos, amplificados via PCR e foram também denominados de Sequence Tagged Microsatelite Sites (STMS). As diferentes repetições de microssatélites encontrados são em: (a) repetições perfeitas, quando não apresentam nenhuma interrupção; (b) repetições imperfeitas, quando são interrompidas por bases não repetidas; e (c) repetições compostas, quando duas ou mais repetições (classes) de microssatélites estão dispostas adjacentes. As repetições compostas podem ser perfeitas ou imperfeitas (BORÉM; CAIXETA, 2006). As seqüências de DNA que flanqueiam os microssatélites são geralmente conservadas entre os indivíduos de uma

mesma espécie, permitindo seleção de *primers* ou iniciadores específicos que amplificam, via PCR, fragmentos contendo o DNA repetido em todos os genótipos.

Os marcadores de SSR e de ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) são considerados úteis na identificação de cultivares e na avaliação de relações genéticas, revelando vantagens, devido à alta reprodutibilidade, sobre outros métodos geralmente empregados, baseados em PCR, tais como RAPD e AFLP (GOULÃO e OLIVEIRA, 2001).

Marcadores moleculares baseados em microssatélites têm sido desenvolvidos em várias espécies de plantas cultivadas. Estes marcadores estão substituindo rapidamente outros marcadores em vários tipos de estudos genéticos, principalmente devido à sua reprodutibilidade e simplicidade técnica, à pequena quantidade de DNA requerida, ao baixo custo, ao grande poder de resolução e aos altos níveis de polimorfismo (BORÉM & CAIXETA, 2006) Ferreira e Grattapaglia (1998) e Ramalho et. al., (2004), relatam que antes dos marcadores moleculares utilizavam-se apenas os marcadores morfológicos, sendo estes de fácil detecção, normalmente determinados por um único gene. Podendo citar como exemplo o nanismo, a deficiência em clorofila, a cor das pétalas, entre outros. Porém, seu número reduzido e a incapacidade de marcar alelos de interesse, fizeram com que fossem substituídos por marcadores izoenzimáticos (proteínas) e DNA.

Segundo Ferreira e Grattapaglia (1996) há diferentes classes de seqüências repetidas, uma mais complexa e outra mais simples, estas foram denominadas de microssatélites ou Simple Sequence Repeats (SSR) e constituem-se de pequenas seqüências com um a quatro nucleotídeos de comprimento, repetidas em tandem. Estes locos são altamente polimórficos, amplificados via PCR foram também denominados de Sequence Tagged Microsatellite Sites (STMS). A maior limitação dessa tecnologia de microssatélite é a grande quantidade de trabalho necessário para o desenvolvimento prévio dos marcadores. A aplicação dessa tecnologia exige grande quantidade de trabalho, pessoal especializado e equipamentos sofisticados. Para várias espécies de plantas onde há elevado nível de diversidade genética do DNA, detectável com técnicas mais acessíveis, não justifica, hoje, a magnitude do investimento necessário para o desenvolvimento de marcadores baseados em SSR.

De acordo com Fajardo et. al. (2002) as informações obtidas por meio dos marcadores moleculares são muito úteis na identificação de genótipos contrastantes em programas de melhoramento, permitindo a análise de genótipos de interesse, a obtenção de informações relativas à variabilidade existente e à associação com características fenotípicas. A seleção assistida por marcadores detecta diferenças genético-moleculares, representando um futuro promissor para a agricultura.

Em horticultura, os “marcadores” moleculares têm sido utilizados em estudos de evolução, taxonomia, melhoramento genético, identificação de híbridos e mapeamento. (CONTI, 1998). O conhecimento da similaridade genética entre genótipos é útil em programas de melhoramento porque ela facilita e torna eficiente a amostragem e a utilização de bancos de germoplasma. O melhorista pode usar a similaridade genética para tomar decisões na escolha de genótipos para cruzamentos que darão origem a populações, ou utilizar a divergência entre os pais para obtenção de híbridos, maximizando e expressão da heterose (SMITH et al., 1990).



### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 Local**

Os experimentos de campo foram conduzidos na Fazenda Tamanduá, localizada na BR-060 Km 09, Bairro Gama, pertencente a Embrapa-CNPq, Brasília-DF (Figura 1). A fazenda está localizada na latitude de 15°56'31"S e longitude de 48°8'55"O e a uma altitude de 997 m sobre o nível do mar. Em Brasília, os experimentos foram plantados em solo Latossolo vermelho-escuro. O clima é do tipo Cwa segundo classificação pelo sistema internacional de Koeppen. Vale ressaltar que a letra "C" da classificação de Koeppen significa que a temperatura média do mês mais frio é inferior a 18 °C. A letra "w" significa que a região tem uma média pluviométrica menor que 30 mm no mês mais seco e o "f" significa mais que 30 mm de chuva no mês mais seco. Quanto à temperatura a subdivisão é em "a" e "b" respectivamente, com mais e menos 22 °C como temperatura média do mês mais quente (SETZER, 1966).

Os dados das características moleculares foram obtidos no Laboratório de Ecologia Evolutiva e Genética Aplicada, do Departamento de Genética, da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba-SP.

#### **3.2 Material avaliado**

Foram avaliados 135 acessos do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPq, Brasília-DF, por meio de características morfológicas, agronômicas e moleculares, em experimentos de campo e laboratório. Neste trabalho, caracterizaram-se acessos nativos de batata-doce de todas as regiões brasileiras e acessos introduzidos do Peru e outras localidades (Tabela 1).

**Tabela 1** - Relação dos 135 acessos avaliados, bem como identificação no Banco de Germoplasma na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças (EMBRAPA-CNPH), local de origem, estado ou país e região brasileira

(continua)

<b>Nº CNPH</b>	<b>Local de Origem</b>	<b>Estado/País</b>	<b>Região Brasileira</b>
1015	Brasília	DF	Centro-Oeste
1017	Fortaleza	CE	Nordeste
1027	São José do Mipimbu	RN	Nordeste
1028	São José do Mipimbu	RN	Nordeste
1029	Fortaleza	CE	Nordeste
1031	São Benedito	CE	Nordeste
1032	São Benedito	CE	Nordeste
1033	Fortaleza	CE	Nordeste
1034	São Sebastião	CE	Nordeste
1035	Areia	PB	Nordeste
1036	Cascavel	CE	Nordeste
1041	Dourado	SP	Sudeste
1042	Jaguapé	ES	Sudeste
1044	Campo Grande	MS	Centro-Oeste
1045	Sentinela do Sul	RS	Sul
1047	Brasília	DF	Centro-Oeste
1048	Mato Rico	PR	Sul
1049	São Paulo	SP	Sudeste
1051	Barão de Cotegipe	RS	Sul
1052	Tavares	RS	Sul
1053	Tavares	RS	Sul
1054	São Roque de Minas	MG	Sudeste
1055	Marmeleiro	PR	Sul
1056	Ubiratã	PR	Sul
1057	Carneirinho	MG	Sudeste
1059	Sonho Azul	MT	Centro-Oeste
1060	Nova Olímpia	PR	Sul
1063	Sidrolândia	MS	Centro-Oeste
1064	Teixeira de Freitas	BA	Nordeste
1065	Birigui	SP	Sudeste
1066	Palmares	PE	Nordeste
1068	Campina Verde	MG	Sudeste

**Tabela 1** - Relação dos 135 acessos avaliados, bem como identificação no Banco de Germoplasma na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças (EMBRAPA-CNPH), local de origem, estado ou país e região brasileira  
(continua)

<b>Nº CNPH</b>	<b>Local de Origem</b>	<b>Estado/País</b>	<b>Região Brasileira</b>
1069	Londrina	PR	Sul
1070	Planaltina	GO	Centro-Oeste
1071	Planaltina	GO	Centro-Oeste
1072	Toledo	PR	Sul
1073	Peru	Peru	Desconhecida
1074	Esteio	RS	Sul
1077	Estados Unidos	EUA	Desconhecida
1080	Assis Chateaubriand	PR	Sul
1081	Itajaí	SC	Sul
1083	Porto Alegre	RS	Sul
1084	Charqueadas	RS	Sul
1085	Charqueadas	RS	Sul
1087	Itapagipe	MG	Sudeste
1088	Alto Alegre	SP	Sudeste
1089	Guarapuava	PR	Sul
1090	Agudos	RS	Sul
1091	Sombrio	SC	Sul
1092	Londrina	PR	Sul
1093	Conceição do Rio Verde	MG	Sudeste
1095	Altônia	PR	Sul
1096	Iporã do Oeste	SC	Sul
1098	Matupá	MT	Centro-Oeste
1099	Araruna	PR	Sul
1100	São João do Caiuá	PR	Sul
1102	Sorocaba	SP	Sudeste
1103	Lorena	SP	Sudeste
1104	Jatobá	SP	Sudeste
1105	Santa Fé	PR	Sul
1106	Sete Quedas	MS	Centro-Oeste
1107	Sete Quedas	MS	Centro-Oeste
1108	Canarana	MT	Centro-Oeste

**Tabela 1** - Relação dos 135 acessos avaliados, bem como identificação no Banco de Germoplasma na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças (EMBRAPA-CNPB), local de origem, estado ou país e região brasileira

(continua)

<b>Nº CNPH</b>	<b>Local de Origem</b>	<b>Estado/País</b>	<b>Região Brasileira</b>
1109	Paraíso do Sul	PR	Sul
1110	União da Vitória	PR	Sul
1111	Catanduva	SP	Sudeste
1112	Cruzeiro do Sul	PR	Sul
1114	Peru	Peru	Desconhecida
1115	Santa Maria	RS	Sul
1116	Independência	RS	Sul
1117	Catu	BA	Nordeste
1118	Planaltina	GO	Centro-Oeste
1121	Sidrolândia	MS	Centro-Oeste
1122	Santa Vitória do Palmar	RS	Sul
1123	Santa Vitória do Palmar	RS	Sul
1124	Florianópolis	SC	Sul
1125	Rio Verde	GO	Centro-Oeste
1127	Flor da Serra do Sul	PR	Sul
1128	Campo Mourão	PR	Sul
1129	Marília	SP	Sudeste
1133	São João do Oeste	SC	Sul
1134	Santa Isabel de Selbach	RS	Sul
1135	Gabriel Monteiro	SP	Sudeste
1138	Florianópolis	SC	Sul
1139	Florianópolis	SC	Sul
1142	Nova União	MG	Sudeste
1143	Caucaia	CE	Nordeste
1146	Desconhecida	Desc.	Desconhecida
1147	Pitangueiras	SP	Sudeste
1149	Santo Antonio das Missões	RS	Sul
1152	São Carlos	SP	Sudeste
1153	São Carlos	SP	Sudeste
1154	Rosário do Sul	RS	Sul
1155	Clementina	SP	Sudeste

**Tabela 1** - Relação dos 135 acessos avaliados, bem como identificação no Banco de Germoplasma na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças (EMBRAPA-CNPH), local de origem, estado ou país e região brasileira  
(continuação)

<b>Nº CNPH</b>	<b>Local de Origem</b>	<b>Estado/País</b>	<b>Região Brasileira</b>
1156	Cacoal	RO	Norte
1157	Machado de Assis	PR	Sul
1158	Machado de Assis	PR	Sul
1159	Machado de Assis	PR	Sul
1162	Japão	Japão	Desconhecida
1163	Japão	Japão	Desconhecida
1164	Japão	Japão	Desconhecida
1166	Agudos	RS	Sul
1167	Agudos	RS	Sul
1168	Tucunduva	RS	Sul
1170	Araçatuba	SP	Sudeste
1171	Crisciumal	RS	Sul
1172	Salvador	BA	Nordeste
1174	Fortaleza	CE	Nordeste
1175	Desconhecida	Desc.	Desconhecida
1176	Desconhecida	Desc.	Desconhecida
1177	Antonio Cardoso	BA	Nordeste
1179	Maragogipe	BA	Nordeste
1181	Jaraguá do Sul	SC	Sul
1182	Biguaçu	SC	Sul
1184	Maragogipe	BA	Nordeste
1188	Jaguaribe	CE	Nordeste
1190	Peru (Santo Amaro)	CIP	CIP
1194	Peru (Resisto)	CIP	CIP
1195	Peru (W-119)	CIP	CIP
1196	Peru (Yanshu-1)	CIP	CIP
1200	Peru (Jewel)	CIP	CIP
1202	Peru (IITAB-TIB-11)	CIP	CIP
1210	Peru (LO-323)	CIP	CIP
1213	Peru (AVRDC-CN 1517-142)	CIP	CIP
1214	Peru (AVRDC-CN 1028-15)	CIP	CIP
1218	Peru (Tainunq-66)	CIP	CIP

**Tabela 1** – Relação dos 135 acessos avaliados, bem como identificação no Banco de Germoplasma na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças (EMBRAPA-CNPH), local de origem, estado ou país e região brasileira  
(conclusão)

<b>Nº CNPH</b>	<b>Local de Origem</b>	<b>Estado/País</b>	<b>Região Brasileira</b>
1219	Peru (Blesbok)	CIP	CIP
1223	Peru (Salvboro)	CIP	CIP
1225	Peru (INA-100-INIA)	CIP	CIP
1226	Peru (199026.1)	CIP	CIP
1228	Peru (199043.4)	CIP	CIP
1229	Peru (199043.7)	CIP	CIP
1230	Peru (199055.3)	CIP	CIP
1232	Peru (199062.1)	CIP	CIP
10291	Fortaleza	CE	Nordeste

### 3.3 Delineamento experimental

O delineamento experimental utilizado foi parcela única com 40 plantas de cada acesso. As mudas foram transplantadas em leiras com 1,0 m de largura, distanciadas entre si por 0,5 m, com espaçamento de 0,3 m entre plantas. A disposição foi planejada de forma que acessos morfológicamente semelhantes ficassem lado a lado, facilitando a caracterização comparativa desses acessos. No plantio foram utilizadas mudas uniformes feitas a partir de estacas vegetativas, em bandejas de poliestireno expandido de 72 células, preenchidas com substrato comercial. Quinze dias após o plantio, efetuou-se o replantio das falhas (Figura 2).

Os experimentos foram conduzidos em três épocas diferentes, porém no mesmo local. O primeiro experimento foi implantado em 21 de junho de 2006, o segundo em 15 de setembro de 2006 e o terceiro experimento foi implantado em 12 de fevereiro de 2007. Essa divisão do experimento se fez necessária, pois os acessos a serem caracterizados eram materiais recém introduzidos ao BAG e muitos ainda estavam em processo de quarentena, devendo assim, aguardar a liberação para experimentação no campo. Os tratos culturais, adubação e o controle de pragas e doenças seguiram as recomendações de Filgueira (2003) para a cultura da batata-doce.



**Figura 1** - Vista do experimento de batata-doce conduzido no campo, na Fazenda Tamanduá, localizada na BR-060 Km 09, Bairro Gama, pertencente a Embrapa-CNPq, Brasília-DF



**Figura 2** - Mudanças de batata-doce utilizadas para implantação do experimento no campo, na Fazenda Tamanduá, localizada na BR-060 Km 09, Bairro Gama, pertencente a Embrapa-CNPQ, Brasília-DF

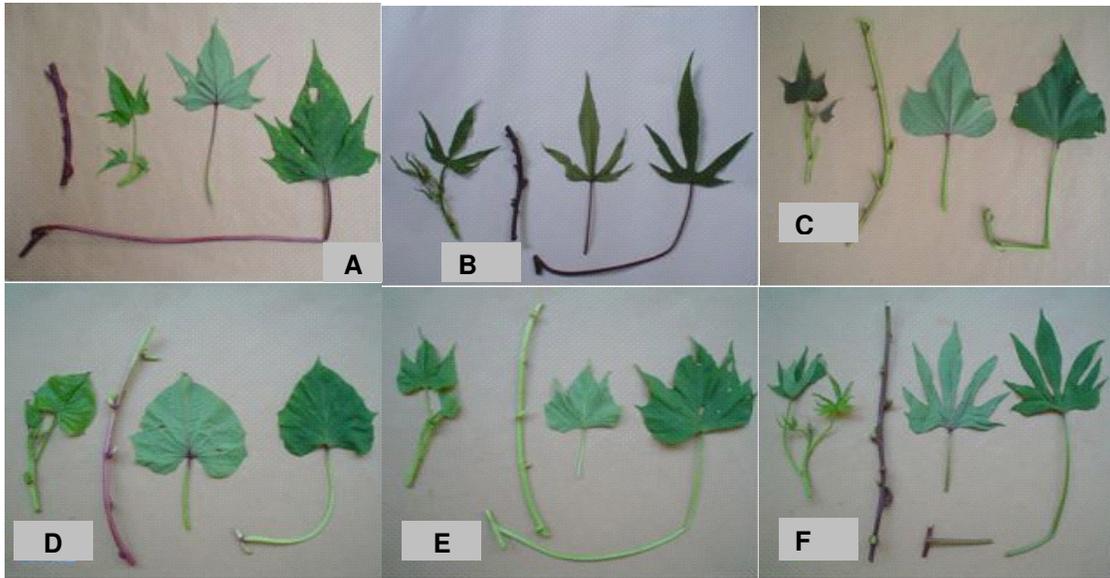
### 3.3.1 Características morfológicas e agronômicas

As características morfológicas analisadas foram escolhidas com base no trabalho de Huamán (1991, 1992) que apresenta os descritores morfológicos mínimos necessários para o registro institucional de cultivares de batata-doce. Esses descritores morfológicos podem ser separados em dois grupos de características. Um grupo que se refere à morfologia da parte aérea da planta, ramos e folhas e outro grupo que se refere às raízes tuberosas. Algumas dessas características são consideradas morfoagronômicas, por apresentarem caracteres de interesse agrônomo. Foram utilizados 21 descritores morfológicos: comprimento da haste, cor predominante da rama, cor secundária da rama, formato geral da folha madura, tipos de lóbulos da folha, número de lóbulos da folha, formato do lóbulo central, tamanho da folha madura, pigmentação das nervuras, cor da folha madura, cor da folha imatura, comprimento do pecíolo, pigmentação do pecíolo (Figura 3 e 4), formato das raízes, defeitos da superfície da raiz, cor predominante da pele, intensidade da cor da pele, cor secundária da pele, cor predominante da polpa, cor secundária da polpa e distribuição da cor secundária da polpa (Figura 5 a 7). As escalas de notas referentes a cada descritor são apresentadas na Tabela 2.

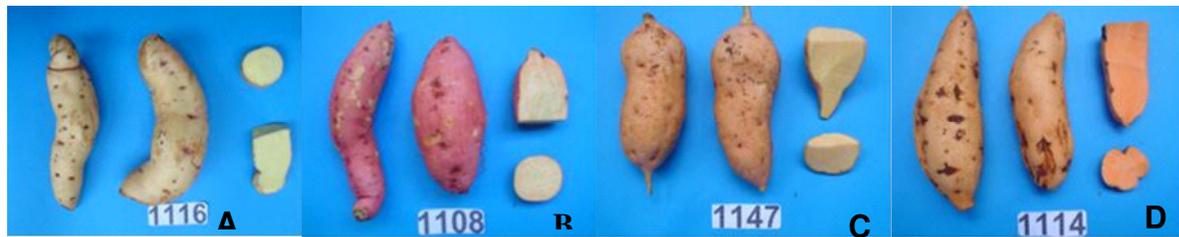
As características da planta e das raízes que, por sua peculiaridade, influem na qualidade da raiz tuberosa, no desempenho da produção ou que afeta de alguma maneira a eficiência do sistema de produção foram consideradas de interesse agrônomo. Algumas dessas características se enquadram como morfoagronômicas: tipo de planta, formato da raiz tuberosa, defeitos na superfície das raízes, cor da pele predominante e secundária, cor da polpa da raiz predominante e secundária, e distribuição da cor secundária. Foi determinado, ainda, a produtividade (kg/ha), a umidade e o teor de matéria seca das raízes tuberosas. Para as análises das características morfológicas e agrônomicas da planta de batata-doce nos três experimentos, os materiais foram coletados na mesma fase de desenvolvimento da planta. As avaliações foram realizadas sempre ao terceiro mês após o plantio para as características vegetativas da parte aérea, e ao quinto mês após o plantio das mudas no campo para as características das raízes, colhendo-se aleatoriamente cinco plantas úteis de cada parcela. A primeira avaliação foi realizada no período de 11 a 15 de setembro de 2006 para as características vegetativas e de 13 a 17 de novembro de 2006 para as características das raízes, correspondendo ao primeiro experimento implantado. A segunda avaliação ocorreu no período 11 a 15 de dezembro de 2006 para as características vegetativas e de 12 a 15 de fevereiro de 2007 para as características das raízes, correspondendo ao segundo experimento implantado. A terceira avaliação foi realizada no período de 14 a 18 de maio de 2007 para as características vegetativas e de 23 a 28 de julho de 2007 para as características das raízes, correspondendo ao terceiro experimento implantado.



**Figura 3** - Diferentes características relacionadas à folha da batata-doce. (A) formato da folha madura é lanceolada, tipo do lóbulo profundo, com cinco lóbulos e formato do lóbulo lanceolado; (B) formato da folha madura quase dividida, tipo do lóbulo muito profundo, com cinco lóbulos e formato do lóbulo central linear estreito; (C) formato da folha madura cordiforme, sem lóbulo central e laterais; (D e F) formato da folha madura cordiforme, tipo de lóbulos, muito suave, com cinco lóbulos laterais e formato do lóbulo central semi-circular; (E) formato da folha madura lobulada, tipo do lóbulo moderado, com cinco lóbulos laterais e formato do lóbulo central lanceolado



**Figura 4** - Diferentes características relacionadas à folha, ao pecíolo e rama. (A) cor da rama completamente avermelhada, todas as nervuras parcialmente vermelhas, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo muito longo (> 40 cm) e pecíolo completamente roxo; (B) cor da rama predominantemente vermelho escuro, todas as nervuras parcialmente vermelhas, cor da folha madura predominantemente roxo, cor da folha imatura roxo suave, pecíolo longo (31-40 cm) e pecíolo completamente roxo; (C) cor da rama verde com poucas manchas vermelhas, todas as nervuras parcialmente vermelhas, cor da folha madura verde, cor da folha imatura roxo suave, pecíolo intermediário (21-30 cm) e pecíolo verde + roxo na inserção da folha; (D) cor da rama completamente avermelhada, todas as nervuras com manchas vermelhas na base, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo curto (10-20 cm) e pecíolo verde + roxo na inserção da folha; (E) cor da rama verde, todas as nervuras verdes, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo muito longo (> 40 cm), e pecíolo verde; (F) cor da rama predominantemente vermelho escuro, todas as nervuras parcialmente vermelhas, cor da folha madura verde, cor da folha imatura verde, pecíolo longo (31-40 cm) e pecíolo verde + roxo nas inserções



**Figura 5** - Diferentes características relacionadas à raiz tuberosa são exemplificadas. (A) raiz com formato longa irregular ou curvada, cor predominante da pele creme, intensidade da cor pálida, cor da polpa branca; (B) raiz com formato longa irregular ou curvada e obovada, cor da pele predominante rosado, intensidade da cor da pele escura, cor da polpa creme; (C) raiz com formato oblonga, cor predominante da pele alaranjado, intensidade da cor da pele intermediário, cor predominante da polpa alaranjado intermediário; (D) raiz com formato elíptico, cor predominante da pele laranja-amarronzado, intensidade da cor da pele escura, cor predominante da polpa alaranjado escuro



**Figura 6** - Descrição de alguns materiais de batata-doce segundo a classificação recebida pela cor predominante da polpa: creme claro (2), amarelo claro (4), amarelo escuro (5), alaranjado claro (6), alaranjado intermediário (7), alaranjado escuro (8) e fortemente arroxeado (9)



**Figura 7** - Descrição de alguns acessos de batata -doce segundo a classificação recebida pelo defeito aparente na raiz tuberosa: pele de jacaré (A); constrictões horizontais profundas (B) e veias (C)

**Tabela 2** - Características utilizadas como descritores morfológicos de acessos de batata-doce de acordo com Huamán (1991)

(continua)

<b>Características</b>	<b>Nota e descrição dos caracteres avaliados</b>
1.Comprimento da haste	3-Ereta (<75 cm); 5- Semi-ereta(75-150 cm); 7- Dispersa (151-250 cm); 9- Muito dispersa (>250cm).
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; 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).

**Tabela 2** - Características utilizadas como descritores morfológicos de acessos de batata-doce de acordo com Huamán (1991)

(conclusão)

<b>Características</b>	<b>Nota e descrição dos caracteres avaliados</b>
<b>13.</b> 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.
<b>14.</b> 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.
<b>15.</b> Defeitos na superfície da raiz tuberosa	0-ausente; 1-pele de jacaré; 2-veias; 3-constrições horizontais rasas; 4-constrições horizontais profundas; 5-dobras longitudinais rasas; 6-dobras longitudinais profundas; 7-constrições e dobras profundas; 8-outros.
<b>16.</b> 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.
<b>17.</b> Intensidade da cor da pele da raiz tuberosa	1-pálido; 2-intermediário; 3-escuro.
<b>18.</b> 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.
<b>19.</b> 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 arroxeadado.
<b>20.</b> 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.
<b>21.</b> 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.

### **3.3.2 Caracterização da diversidade genética por meio de microssatélites em batata-doce**

#### **3.3.2.1 Extração de DNA**

O método de extração utilizado baseou-se nos trabalhos de Doyle e Doyle (1987) e Veasey et al. (2008). Em cada acesso foram coletadas folhas jovens, recém-expandidas, desidratadas em estufa (45°C) por dois ou três dias. As folhas foram colocadas em cadinho de porcelana, onde foram maceradas com um pistilo até obter um pó bem fino. Este material foi colocado em tubo de Eppendorf de 1,5 ml na quantidade de 50 e 100 mg em cada tubo. No tubo com 50 mg de pó das folhas foi adicionado 800 µl de tampão de extração 3% CTAB [TRIS (tris-(hidroximetilaminometano)) - HCl 0,1 M pH 8,0; NaCl 1,2 M; CTAB (brometo de cetiltrimetilamônio) 3%; EDTA (ácido etileno diamino tetracético) 30 mM pH 8,0, e mercaptoetanol 1% adicionado imediatamente antes do uso]. Os tubos foram incubados em banho-maria e aquecidos à 65°C por uma hora. Durante a incubação, os tubos foram agitados lentamente a cada 15 minutos para a homogeneização. Após a incubação foram adicionados 500 µl de clorofil 24:1 (24 partes de clorofórmio em uma parte de álcool isopropílico), misturando-se por agitação manual por 1 minuto, até obter uma emulsão homogênea. Os tubos foram centrifugados a 8.000 rpm durante 10 minutos. Os mesmos foram retirados cuidadosamente e da face superior foi pipetada aproximadamente 600 µl para outro tubo para nova adição de clorofil 24:1. Esta operação foi repetida uma vez. A próxima fase foi a adição de 350 µl de álcool isopropanol (-20°C), centrifugando-se por 10 minutos a 8.000 rpm, o que foi suficiente para ocorrer a precipitação dos ácidos nucleicos no fundo do tubo. Retirou-se 400 µl do sobrenadante e manteve-se os tubos por uma hora na geladeira. Centrifugou-se novamente (8.000 rpm) por 10 minutos. Novamente retirou-se o sobrenadante deixando somente o DNA no fundo. O tubo de Eppendorf foi invertido tomando-se o cuidado necessário para não escorrer para fora o “pellet” (ácidos nucleicos) e foi mantido nesta posição por aproximadamente 12 horas, até evaporar o etanol. O “pellet” foi ressuscitado em 200 µl solução tampão TE (10 mM Tris-HCL pH 8,0; 1 mM EDTA

pH 8,0) e 4 µl de ribonuclease (RNase 10 mg/mL) em cada tubo. O material foi submetido a um banho-maria por 30 minutos à 36-38°C, para posteriormente ser estocado a -20°C.

### 3.3.2.2 Quantificação de DNA extraído

A concentração de DNA foi quantificada em gel de poliacrilamida 4%, tomando-se por referencial DNA padrão (com amplitude de variação de 5, 10, 20, 40, 60, 80 e 100 ng), utilizando-se nitrato de prata como corante. A corrida eletroforética foi realizada em cuba contendo tampão de corrida TBE 1X [100 ml TBE 10X (0,89M Tris base, 0,89M ácido bórico, 20mM EDTA pH 8,0) e 900 ml de água destilada], a uma voltagem inicial de 60 volts por 30 minutos e final de 120 volts durante o período de 1,5 horas. Após a corrida, o gel foi colocado em uma bandeja adicionando-se solução fixadora [etanol absoluto (100 ml), ácido acético (5 ml) e água destilada (895 ml), adicionando-se previamente a esta solução 0,25g de nitrato de prata por 5 minutos]. A solução da bandeja foi drenada, lavando-se o gel duas vezes com 150 ml de água destilada, retirando-se o excesso de prata na drenagem de cada lavagem. A seguir foi adicionada solução reveladora [hidróxido de sódio (30g), água destilada (1000ml) e formaldeído (0,4ml)], e realizada a interpretação dos resultados e fotodocumentação.

### 3.3.2.3 Reações de amplificação em termociclador

As reações de PCR foram conduzidas num volume final de 10,2 µl, contendo 3µl de DNA (15 ng); 0,5µl de cada primer (forward/reverse) (5µM/µL); 1,0 µl de dNTP (2,5 mM de cada dNTP); 1,0 µl de MgCl<sub>2</sub> (50 mM); 1,0 µl de Tampão (10X); 3 µl de H<sub>2</sub>O milliQ e 0,2 µl de TAQ-Polimerase (5U/µL). Foram utilizados oito iniciadores (*primers*) (Tabela 3), selecionados previamente de um total de 11 iniciadores avaliados baseados em Buteler et al. (1999) e Jarret e Bowen (1994). As reações foram realizadas em termociclador da marca BioRad, modelo Mycycler, nas seguintes condições de amplificação: 3 min a 95°C; 5 ciclos de 45s a 94°C, 15s para a temperatura de

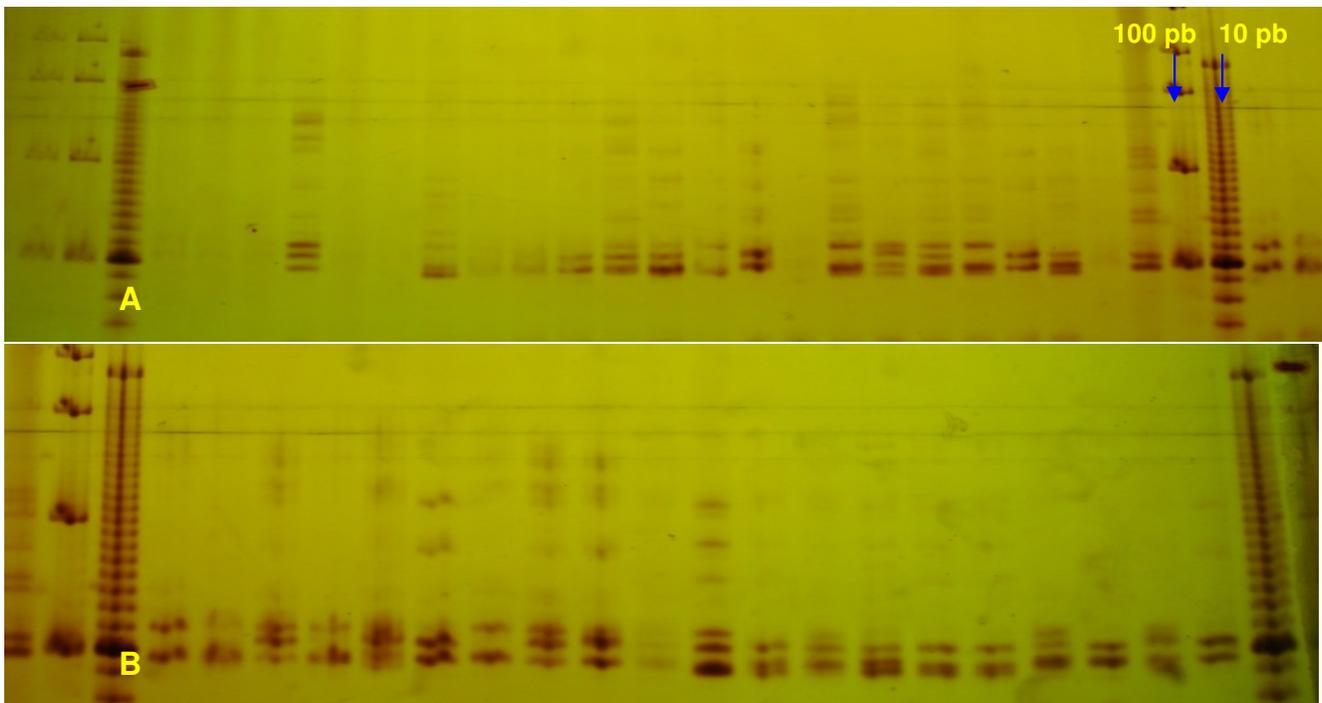
anelamento (variando de 51 a 62°C, dependendo do iniciador), 45s a 72°C; 20 ciclos de 1 min a 90°C, 1 min para a temperatura de anelamento, 1 min a 72°C; e 7min a 72°C para extensão final (BUTELER et al, 1999). As temperaturas de anelamento que foram utilizadas para cada iniciador encontram-se descritas na Tabela 3, bem como a região de amplificação esperada (pares de base) para cada iniciador.

Os produtos da amplificação foram separados em géis de poliacrilamida 6% sob voltagem inicial de 60 volts por 30 minutos e final de 120 volts por 3,5 horas, em tampão de corrida TBE 10%. Foram utilizados marcadores padrão com peso molecular de 10 pb e de 100 pb (Gibco BRL). Após amplificação e separação, o material foi corado com nitrato de prata, conforme descrito acima para a avaliação e fotodocumentado (Figura 8).

**Tabela 3** - Relação dos iniciadores utilizados na reação de amplificação de DNA

Locos (forward/reverse)	Primers pairs 5' 3'	Tamanho esperado <sup>1</sup> pb	Temperatura anelamento
lb – 242	GCGGAACGGACGAGAAAA ATGGCAGAGTGAAAATGGAACA	105-142	52°C
lb – 248	GAGAGGCCATTGAAGAGGAA AAGGACCACCGTAAATCCAA	155-170	62°C
lb – 255	TGGGCATTCTCATATTTTGCT GCCACTCCAACAGCACATAA	165-170	62°C
lb – 255F1	CGTCCATGCTAAAGGTGTCAA ATAGGGGATTGTGCGTAATTTG	210-245	54°C
lb – 286	AGCCACTCCAACAGCACATA GGTTTCCCAATCAGCAATTC	90-122	51°C
lb – 297	GCAATTTACACACAAACACG CCCTTCTTCCACCACTTTCA	130-200	51°C
lb – 316	CAAACGCACAACGCTGTC CGCGTCCCGCTTATTTAAC	140-155	60°C
lb – 318	AGAACGCATGGGCATTGA CCCACCGTGTAAGGAAATCA	125-135	54°C

<sup>1</sup>Baseado nos testes realizados em Piracicaba, no termociclador Mycycler da BioRad (Veasey et al., 2008).



**Figura 8** - Zimogramas dos microssatélites amplificados a partir dos primers Ib 316 (A) e Ib 286 (B)

### **3.4 Análise estatística da caracterização molecular, morfológica e agronômica**

Para a análise estatística dos dados, foram realizadas análises de estatística descritiva para todos os caracteres morfológicos. Os dados morfológicos da parte aérea e da raiz foram convertidos em dados binários (presença = 1 e ausência = 0, para cada classe fenotípica avaliada dentro de cada descritor). Com os dados binários foi obtida uma matriz do coeficiente de similaridade de Jaccard, realizando-se uma análise de agrupamento para variedades pelo método hierárquico aglomerativo UPGMA, utilizando o programa NTSYSpc (ROHLF, 1992). A partir dos índices de similaridade e separando-se as variedades por região, foram realizadas novas análises de agrupamento, pelo critério de agrupamento UPGMA, na seguinte distribuição: total (todos os acessos); regiões do Brasil (incluindo regiões sul, sudeste, centro-oeste, nordeste e norte); região sul; região sudeste; região centro-oeste; região nordeste; Peru (CIP); regiões desconhecidas (Estados Unidos, Japão e Peru). A precisão dos agrupamentos foi avaliada pelo método de Bootstrap, utilizando 10.000 bootstraps por

meio do software BOOD Versão 2.0 (COELHO, 2001). Os dados binários foram também submetidos a uma análise de variância molecular (AMOVA) para verificar a partição da variabilidade entre e dentro de regiões, utilizando o programa Arlequin (SCHNEIDER et al., 2000). Para esta análise, foi considerado um total de 135 acessos. Para a análise molecular, devido ao fato da batata-doce ser uma cultura hexaplóide, fica difícil analisar os dados sem um estudo prévio de herança dos marcadores microssatélites em termos de frequências alélicas e genotípicas. As bandas de microssatélites foram, portanto, analisadas como dados binários (presença/ausência de bandas). As análises realizadas foram as mesmas conforme descrito acima para os dados morfológicos.



## **4 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1 Diversidade fenotípica avaliada por meio de descritores morfológicos**

Os descritores morfológicos da parte aérea com maior variabilidade são representados pelo número mais elevado de caracteres fenotípicos avaliados, com uma porcentagem significativa dos indivíduos em cada classe de caracteres, tais como: comprimento da haste, cor predominante da rama, cor secundária da rama, formato da folha madura, tipo de lóbulos, número de lóbulos, formato do lóbulo central, tamanho da folha madura, pigmentação das nervuras, cor da folha madura, cor da folha imatura, comprimento do pecíolo e pigmentação do pecíolo (Figuras de 9 a 21). Na Tabela 4 são apresentados 75 descritores referentes à parte aérea do total de 97 descritores avaliados para 135 acessos de batata-doce. Observa-se que o comprimento da haste e o tipo de lóbulos foram as características mais variáveis, com grande diversidade entre os acessos, inclusive dentro destes.

Podemos ressaltar que mesmo com o elevado número de acessos (135) e o elevado número de caracteres morfológicos (97) para a parte aérea avaliados neste trabalho, houve a expressão de 77% desses caracteres para esse total de acessos. A ausência de 23% dos caracteres avaliados pode ser decorrente da sua não ocorrência no material avaliado, de fato, e em parte pela dificuldade de identificá-los na planta e por serem subjetivos ou qualitativos, uma vez que o resultado da avaliação varia de acordo com o avaliador, principalmente para as características relacionadas à cor. O número de caracteres que não ocorreram em 135 acessos avaliados são 22 e, desse total, 17 (77%) correspondem a caracteres relacionados à cor: cor predominante da rama, cor secundária da rama, pigmentação das nervuras, cor da folha madura, cor da folha imatura e pigmentação do pecíolo. Os demais caracteres ausentes estão relacionados quanto ao formato da folha madura, número de lóbulos, formato do lóbulo central, tamanho da folha madura e comprimento do pecíolo, correspondendo a 23% dos caracteres ausentes.

**Tabela 4** - Caracterização de alguns descritores referentes à parte aérea de 135 acessos de batata-doce para condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(continua)

Acesso	RAMAS													Acesso	RAMAS												
	CH	CP	CSR	FLF	TLF	NL	FLC	TFM	PN	CFM	CFI	CP	PP		CH	CP	CSR	FLF	TLF	NL	FLC	TFM	PN	CFM	CFI	CP	PP
1015 DF	7	6	2	3	0	1	0	7	8	2	3	5	4	1088 SP	7	1	0	6	3	3	2	7	2	2	2	7	1
1017 DF	7	3	5	6	5	3	2	5	2	2	6	3	1	1102 SP	5	1	0	4	0	0	0	5	2	2	6	7	1
1047 DF	7	1	0	4	1	3	1	5	2	2	6	5	3	1103 SP	7	3	5	4	1	3	1	5	7	2	3	5	4
1070 DF	5	1	0	3	0	0	0	7	8	2	3	7	4	1104 SP	7	4	7	6	1	5	2	5	8	2	6	5	3
1071 DF	7	7	2	6	3	5	2	7	3	2	6	5	4	1111 SP	5	1	0	6	3	3	2	7	2	2	6	7	1
1175 DF	7	1	0	6	5	5	4	5	2	2	2	5	1	1135 SP	7	6	2	4	0	0	0	7	2	2	6	7	5
1176 DF	3	1	0	6	7	5	5	7	7	2	2	7	3	1129 SP	7	1	0	6	3	5	2	5	5	2	2	9	4
1146 DF	7	3	6	3	0	0	0	5	3	2	2	7	4	1147 SP	3	9	0	7	8	5	5	7	8	2	2	7	9
1118 GO	7	3	7	4	0	0	0	5	2	2	6	5	1	1152 SP	3	1	0	6	5	3	2	5	2	2	2	5	1
1125 GO	7	1	0	4	0	0	0	5	2	2	6	7	1	1153 SP	3	1	0	6	5	3	2	5	2	2	6	5	1
1044 MS	7	1	0	6	3	5	2	7	2	2	2	7	1	1155 SP	3	7	2	7	8	5	5	8	2	6	5	9	
1063 MS	5	1	0	6	3	3	2	5	2	2	9	7	1	1170 SP	5	1	0	7	5	3	2	7	2	2	9	7	1
1106 MS	3	6	2	6	7	5	5	5	7	2	3	5	9	1042 ES	7	6	2	7	3	5	2	7	2	2	2	9	9
1107 MS	5	1	0	6	5	3	4	5	2	2	9	5	1	1048 PR	7	1	0	7	3	3	2	5	2	2	6	5	1
1121 MS	7	1	0	3	0	0	0	7	2	2	6	7	1	1055 PR	5	3	6	3	0	1	2	7	7	2	3	7	4
1059 MT	7	3	6	3	0	1	2	5	7	2	3	5	4	1056 PR	5	3	6	3	0	0	0	5	7	2	9	5	4
1098 MT	7	3	5	4	1	3	1	5	8	2	3	7	4	1060 PR	5	6	2	6	3	5	2	5	2	2	3	5	1
1108 MT	3	6	4	6	7	7	5	5	7	2	3	5	9	1069 PR	7	3	5	3	0	1	0	7	2	2	9	7	6
1027 RN	3	6	4	6	5	5	3	7	7	2	6	7	4	1072 PR	7	3	7	4	1	3	1	5	2	2	6	5	1
1028 RN	5	3	6	3	0	1	2	5	5	2	2	3	4	1080 PR	5	1	0	6	5	3	4	7	2	2	6	5	1
1029 CE	7	1	0	3	1	3	1	7	2	2	2	5	1	1089 PR	7	1	0	4	0	0	0	7	2	2	6	7	1
1031 CE	7	3	6	3	0	0	0	7	8	2	2	7	4	1092 PR	5	1	0	4	0	1	2	7	2	2	6	5	1
1032 CE	7	3	6	3	0	0	0	9	2	2	6	7	2	1095 PR	7	3	2	4	0	0	0	7	2	2	6	5	1
1033 CE	7	1	0	3	0	1	0	7	2	2	2	9	1	1099 PR	7	1	0	6	5	5	4	7	2	2	9	7	3
1034 CE	5	3	5	3	0	0	0	7	8	2	6	5	4	1100 PR	3	1	0	6	5	3	4	7	2	6	5	5	1
1036 CE	5	1	0	3	1	3	1	7	2	2	2	7	1	1105 PR	7	3	1	4	0	0	0	5	2	2	9	5	1
1174 CE	3	1	0	6	5	3	4	5	2	2	6	5	1	1109 PR	3	1	0	6	5	3	4	5	2	2	6	7	1
1143 CE	5	6	2	6	3	5	2	7	2	2	6	5	3	1110 PR	7	7	2	4	1	7	1	7	8	2	2	9	9
1188 CE	5	6	2	6	5	3	4	7	7	2	2	9	9	1112 PR	7	1	0	6	3	3	2	5	2	2	6	5	1

**Tabela 4** - Caracterização de alguns descritores referentes à parte aérea de 135 acessos de batata-doce para condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(continuação)

Acesso	RAMAS					FOLHA					Acesso	RAMAS					FOLHA										
	CH	CP	CSR	FLF	TLF	NL	FLC	TFM	PN	CFM		CFI	CP	PP	CH	CP	CSR	FLF	TLF	NL	FLC	TFM	PN	CFM	CFI	CP	PP
10291 CE	7	3	2	3	0	0	0	7	2	2	3	5	1	1127 PR	9	7	2	6	3	7	2	9	8	2	2	7	9
1064 BA	3	1	0	6	5	3	4	5	2	2	6	5	1	1128 PR	7	3	6	6	3	3	2	7	7	2	2	9	3
1117 BA	5	6	2	3	0	0	0	7	3	2	3	5	4	1081 SC	7	3	6	3	0	0	0	7	3	2	3	7	4
1172 BA	9	6	2	6	3	5	2	5	8	2	2	7	4	1091 SC	7	3	6	4	1	3	1	7	7	2	3	7	4
1177 BA	7	6	2	6	3	5	2	7	8	2	3	5	4	1096 SC	7	6	2	4	1	5	1	7	8	2	2	7	4
1045 RS	7	6	2	6	3	5	3	7	8	2	2	7	4	1124 SC	7	3	6	3	0	0	2	7	8	2	9	7	4
1051 RS	7	7	2	6	3	7	2	7	7	2	2	7	4	1133 SC	5	1	0	6	5	5	4	5	3	2	2	7	3
1052 RS	7	7	2	6	3	7	3	7	8	2	3	7	4	1138 SC	3	1	0	3	0	0	0	5	2	2	2	5	1
1053 RS	5	1	0	4	1	5	1	7	8	2	9	7	3	1139 SC	5	9	0	5	7	5	5	5	8	6	9	9	9
1083 RS	5	1	0	4	0	1	0	5	2	2	6	5	1	1181 SC	9	6	2	3	1	3	1	9	2	2	9	7	1
1084 RS	5	3	6	3	0	0	0	5	8	2	3	5	4	1182 SC	7	3	2	3	0	0	0	5	2	2	6	5	1
1085 RS	7	6	2	6	3	3	2	9	8	2	6	7	4	1074 RS	3	3	7	3	0	0	0	7	8	2	6	5	3
1090 RS	7	7	2	3	1	7	1	7	7	2	6	7	4	1041 SP	7	1	0	3	1	3	1	7	2	2	2	9	1
1115 RS	5	6	2	4	1	7	1	7	8	2	6	5	4	1049 SP	5	6	2	3	0	0	0	7	8	2	3	7	4
1116 RS	3	1	0	6	8	5	5	5	2	2	6	5	1	1065 SP	5	1	0	4	0	1	0	5	2	2	6	7	1
1122 RS	5	1	0	6	3	3	2	5	2	2	9	5	3	1232 PER	7	1	0	6	7	5	6	7	7	2	3	7	4
1123 RS	7	4	6	4	1	5	1	7	8	2	6	7	4	1179 BA	7	1	0	6	5	3	4	5	5	2	3	5	3
1134 RS	5	1	0	4	0	0	0	7	2	2	6	7	1	1184 BA	7	3	5	3	0	0	0	7	8	2	9	9	3
1149 RS	7	4	6	3	0	0	0	5	3	2	3	3	4	1035 PB	5	1	0	6	5	5	6	7	2	2	6	5	1
1154 RS	5	1	0	6	5	5	4	5	3	2	2	7	3	1066 PE	7	3	7	6	5	5	4	5	2	2	6	7	1
1157 RS	5	3	6	6	7	5	5	5	8	2	6	5	4	1156 RO	5	1	0	6	5	3	4	5	2	2	6	5	1
1158 RS	7	1	0	3	0	1	0	7	2	2	3	5	1	1054 MG	5	1	0	6	3	3	2	5	2	2	9	5	1
1159 RS	5	3	5	6	7	5	5	5	8	2	6	7	4	1057 MG	3	6	2	6	7	7	7	5	5	2	2	7	9
1166 RS	7	1	0	6	7	5	6	5	2	2	2	5	1	1068 MG	3	6	2	6	7	5	5	5	5	2	2	9	9
1167 RS	7	4	5	3	0	0	0	7	5	2	3	5	4	1087 MG	7	1	0	6	5	3	2	5	2	2	6	5	1
1168 RS	7	7	2	6	5	5	4	7	8	2	3	5	4	1093 MG	5	1	0	6	5	5	4	5	3	2	6	7	3
1171 RS	7	1	0	3	0	0	0	7	2	2	3	5	1	1142 MG	7	6	2	4	1	7	1	7	8	2	6	5	4
1162 DES	7	5	6	3	0	0	0	7	8	2	2	5	4	1210 PER	7	4	7	4	1	1	1	5	5	2	3	3	8
1163 DES	7	3	6	4	1	3	1	9	8	2	2	7	4	1213 PER	7	1	0	4	0	0	0	5	7	2	9	3	1

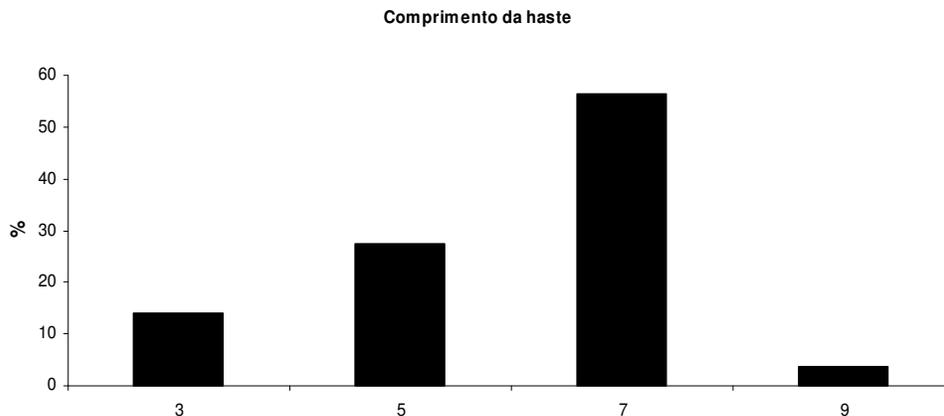
**Tabela 4 - Caracterização de alguns descritores referentes à parte aérea de 135 acessos de batata-doce para condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007**

(conclusão)

Acesso	RAIZ									Acesso	RAIZ				
	FR	DSR	CPP	ICP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS	FR		DSR	CPP	ICP	CSP	
1190 PER	8	4	6	3	0	1	0	0	1219 PER	8	3	7	3	0	
1194 PER	7	3	5	3	0	8	0	0	1223 PER	7	3	4	2	0	
1195 PER	8	0	6	3	0	8	4	8	1225 PER	3	3	4	3	0	
1196 PER	2	2	2	3	0	2	0	0	1226 PER	3	0	6	1	2	
1200 PER	9	4	5	3	0	6	4	8	1228 PER	1	5	2	1	0	
1202 PER	8	4	5	3	0	6	4	8	1229	5	5	6	1	0	
1210 PER	8	0	4	3		8	4	8	1230 PER	7	2	7	3	0	
1213 PER	3	0	5	3	0	4	4		1232 PER	2	5	5	3	0	
1214 PER	6	6	7	3	0	5	4	3	1218 PER	8	5	2	3	0	

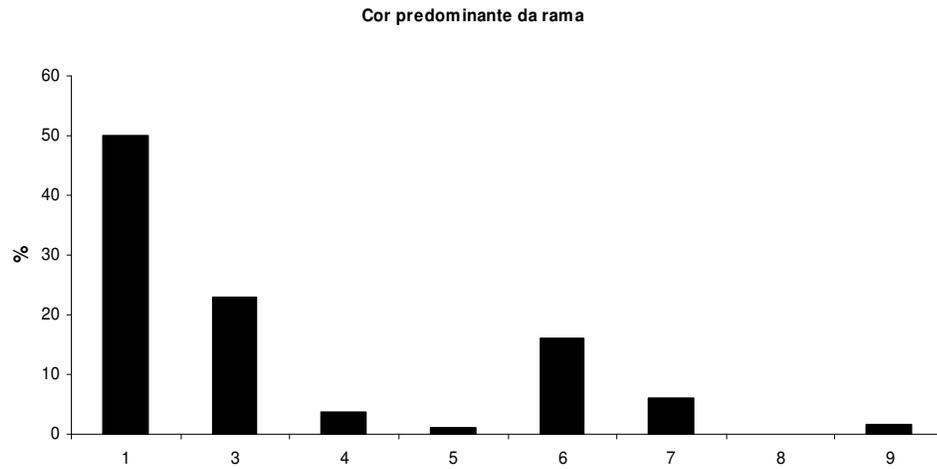
CH = comprimento da haste (3 = ereta, 5 = semi-ereta, 7 = dispersa, 9 = muito dispersa); CP = cor predominante da rama (1 = verde, 3 = verde com poucas manchas avermelhadas, 4 = verde com muitas manchas, 5 = verde com manchas vermelho escuro, 6 = predominantemente vermelho, 7 = predominantemente vermelho escuro, 9 = completamente vermelho escuro); CSR = cor secundária da rama (0 = ausente, 1 = base verde, 2 = ponta verde, 5 = ponta avermelhada, 6 = nós avermelhados, 7 = outros); FLF = formato da folha madura (3 = cordiforme, 4 = triangular, 5 = lanceolada, 6 = lobulada, 7 = quase dividida); TLF = tipo de lóbulo foliar (0 = sem lóbulo, 1 = muito suave, 3 = suave, 5 = moderado, 7 = profundo, 8 = muito profundo); NL = número de lóbulos (0 = se a folha é redonda e lisa, 1 = se não tem lóbulos laterais, 3 = se tem três lóbulos, 5 = se tem cinco lóbulos, 7 = se tem sete lóbulos); FLC = formato do lóbulo central (0 = ausente, 1 = dentado, 2 = triangular, 3 = semi-circular, 4 = semi-elíptico, 5 = elíptico, 6 = lanceolado, 7 = oblongo lanceolado); TFM = tamanho da folha madura (5 = média, 7 = grande, 9 = muito grande); PN = pigmentação das nervuras (2 = verde, 3 = manchas vermelhas na base, 5 = nervura principal avermelhada, 7 = todas nervuras parcialmente vermelha, 8 = todas nervuras totalmente vermelhas); CFM = cor da folha madura (1 = amarelo esverdeado, 2 = verde, 6 = roxo suave); CFI = cor da folha imatura (2 = verde, 3 = verde com pontas avermelhadas, 5 = verde com veias roxas, 6 = roxa suave, 7 = predominantemente roxa, 9 = roxa em ambas as faces); CP = comprimento do pecíolo (3 = curto, 5 = intermediário, 7 = longo, 9 = muito longo); PP = 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, 8 = alguns pecíolos roxos e outros verdes, 9 = completamente roxo).

A maioria dos acessos (56,3%) apresentou comprimento de haste do tipo dispersa, seguida por 27,4% de hastes semi-eretas e por 14,1% de haste ereta que ocorreu em menor porcentagem, conforme pode ser visualizado na Figura 9. Diferentemente de outros caracteres avaliados neste trabalho, o comprimento da haste ocorreu para todas as classes avaliadas

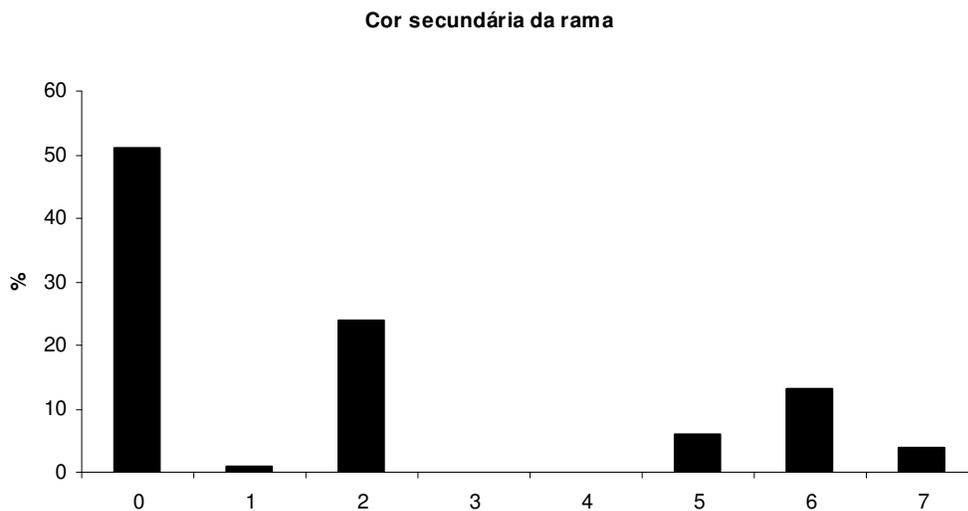


**Figura 9** – Descritor morfológico da parte aérea, comprimento da haste: (3) ereta (< 75 CM), (5) semi-ereta (75-150 cm), (7) dispersa (151-250 cm), (9) muito dispersa (> 250 cm), avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPH-Brasília, DF

Dos 135 acessos avaliados para cor predominante da rama, a maioria dos acessos (50%) se encontra dentro do mesmo caractere (ramas verde), seguida por ramos verdes com poucas manchas vermelhas, não ocorrendo para o caractere completamente avermelhada (Figura 10). Já para cor secundária da rama, a maioria dos acessos (51%) também se encontra dentro do mesmo caractere (ausente), seguida por rama com ponta verde, não ocorrendo os caracteres nós verdes e base avermelhada (Figura 11). Daros et al. (2002), relatam que a cor predominante e secundária das ramos foi uma das características que apresentaram maior variação entre os acessos avaliados. No que se refere à cor predominante da rama, a maioria dos acessos (80%) se encontraram dentro da mesma classe. Quanto à cor secundária, os acessos foram distribuídos de formas mais diferenciadas. Portanto, a cor secundária da rama possibilitou maior discernimento dos acessos. Esses dados diferem dos obtidos neste trabalho (Tabela 4).

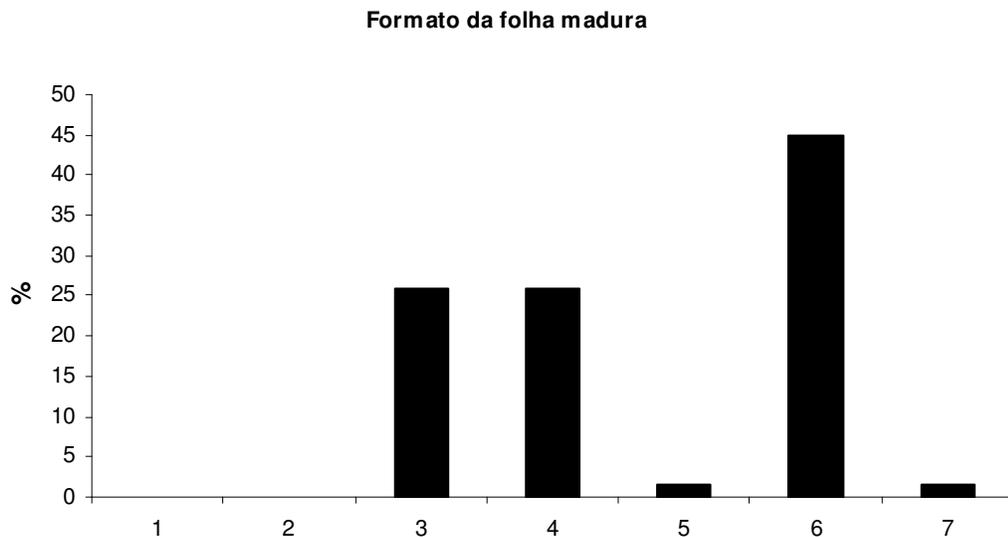


**Figura 10** - Descritor morfológico da parte aérea, cor predominante da rama: (1) verde, (3) verde com poucas manchas avermelhadas, (4) verde com muitas manchas, (5) verde com manchas vermelho escuro, (6) predominantemente vermelho, (7) predominantemente vermelho escuro, (8) completamente avermelhada, (9) completamente vermelho escuro, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF



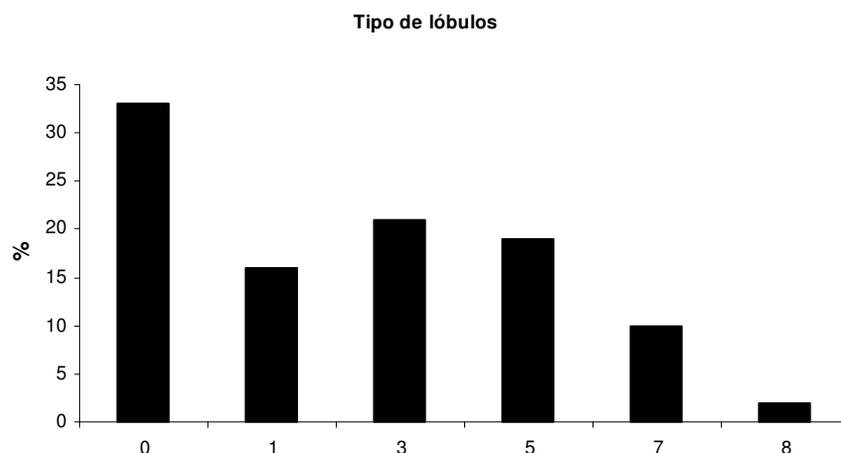
**Figura 11** – Descritor morfológico da parte aérea, cor secundária da rama: (0) ausente, (1) base verde, (2) ponta verde, (3) nós verdes, (4) base avermelhada, (5) ponta avermelhada, (6) nós avermelhados, (7) outras, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

Quanto ao formato da folha madura, observou-se maior expressão para a folha lobulada (45%), seguido do formato cordiforme e triangular, ambos com 26%, não ocorrendo para os caracteres redonda e reniforme (Figura 12). Para o tipo de lóbulos, 33% apresentaram-se com ausência de lóbulo, seguido por lóbulos suaves e moderado (21 e 19%), respectivamente (Figura 13). Esses dados diferem do observado por Daros et al. (2002), que relatam que essa característica foi a que menos proporcionou variabilidade entre os acessos. Porém, concorda com Murilo (1990) que relata o formato das folhas como uma das características mais importantes na distinção genotípica, o que pode ser observado na Tabela 4.



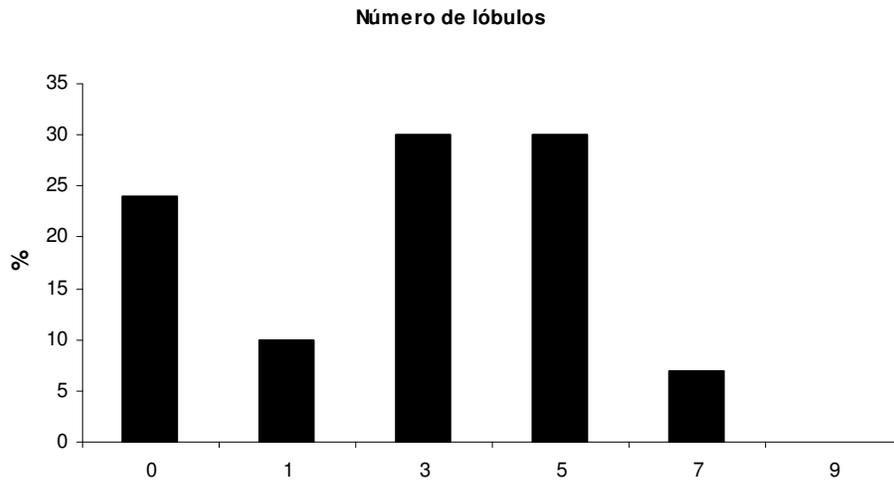
**Figura 12** - Descritor morfológico da parte aérea, formato da folha madura: (1) redonda, (2) reniforme, (3) cordiforme, (4) triangular, (5) lanceolada, (6) lobulada, (7) quase dividida, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPq-Brasília, DF

O número de lóbulos foi de 30% para três e cinco lóbulos, seguidos pela ausência de lóbulos quando a folha é redonda e lisa (24%), não ocorrendo o caractere para nove lóbulos (Figura 14). Quanto ao formato do lóbulo central, 28% apresentou-se ausente, seguido pelo formato triangular (27%) e dentado (16%), não ocorrendo para os caracteres linear largo e linear estreito (Figura 15).

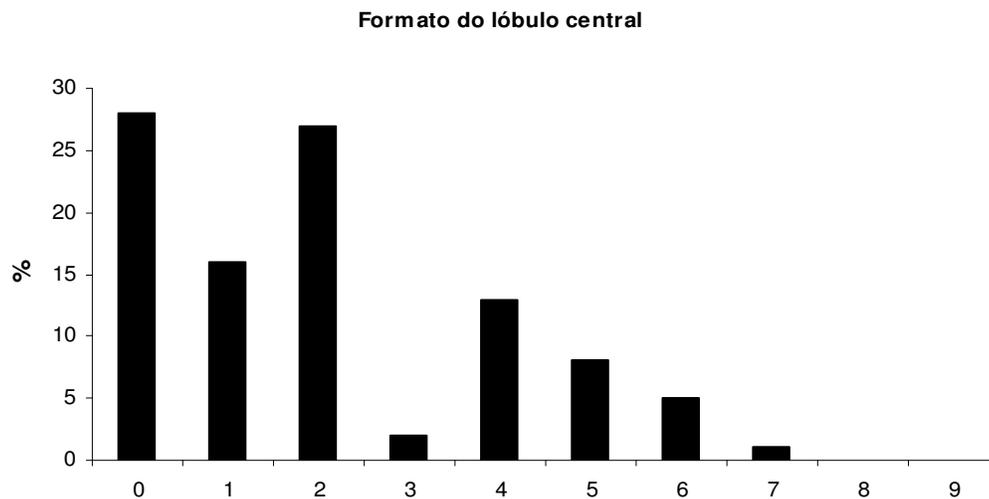


**Figura 13** - Descritor morfológico da parte aérea, tipo de lóbulos: (0) sem lóbulo, (1) lóbulo muito suave, (3) lóbulo suave, (5) lóbulo moderado, (7) lóbulo profundo, (8) lóbulo muito profundo, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPq-Brasília, DF

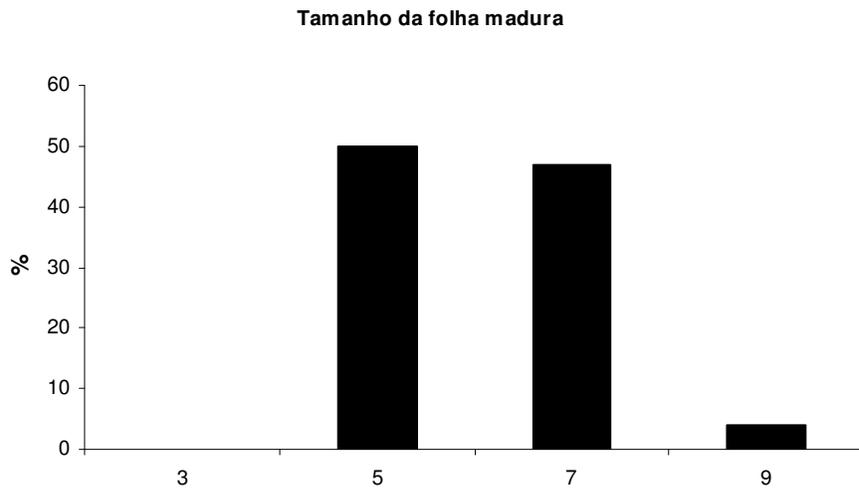
Do total dos acessos avaliados, 50% apresentaram tamanho médio, para folha madura seguido pela folha de tamanho grande, não ocorrendo para o tamanho pequeno (Figura 16). Já em 51% dos acessos predominou a cor verde para pigmentação das nervuras, seguido por todas as nervuras totalmente vermelhas, não ocorrendo para a cor amarela, manchas vermelhas em várias nervuras, nervura principal totalmente vermelha, superfície inferior e nervuras totalmente vermelhas (Figura 17). Daros et al. (2002) relatam que a pigmentação das nervuras foi uma das características que apresentaram maior variação entre os acessos avaliados. A característica pigmentação das nervuras inferiores da folha possibilitou boa discriminação dos acessos, tornando-se uma boa indicadora de variabilidade presente, com a vantagem de ser de fácil classificação. Esses resultados diferem dos obtidos neste trabalho (Tabela 4).



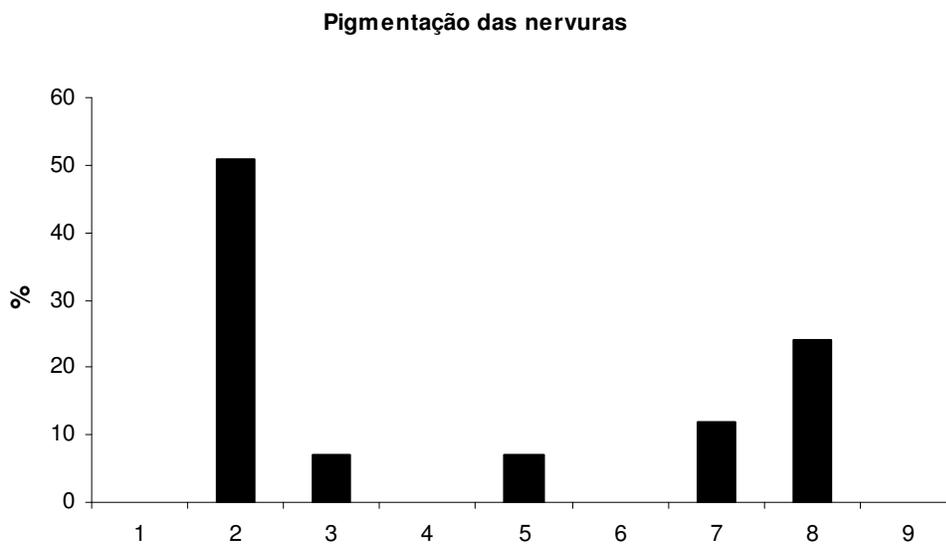
**Figura 14** – Descritor morfológico da parte aérea, quanto ao número de lóbulos: (0) se a folha é redonda e lisa, (1) se a folha não tem lóbulos laterais, (3) se a folha apresenta três lóbulos, (5) se a folha apresenta cinco lóbulos, (7) se a folha apresenta sete lóbulos, (9) se a folha apresenta nove lóbulos, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF



**Figura 15** - Descritor morfológico da parte aérea, quanto ao formato do lóbulo: (0) ausente – folha redonda e lisa, (1) dentado, (2) triangular, (3) semi-circular, (4) semi-elíptico, (5) elíptico, (6) lanceolado, (7) oblongo-lanceolado, (8) linear largo, (9) linear estreito, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF



**Figura 16** - Descritor morfológico da parte aérea, para o tamanho da folha madura considerou-se: (3) folha pequena (< 8 cm), (5) folha média (8-15 cm), (7) folha grande (16-25 cm), (9) folha muito grande (> 25 cm), avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

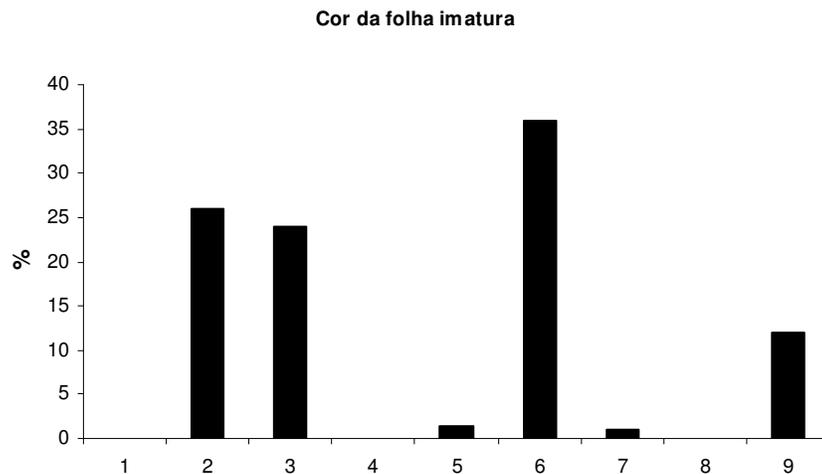


**Figura 17** - Descritor morfológico da parte aérea, para pigmentação das nervuras das folhas: (1) amarelo, (2) verde, (3) manchas vermelhas na base, (4) manchas vermelhas em várias nervuras, (5) nervura principal avermelhada, (6) nervura principal totalmente vermelha, (7) todas as nervuras parcialmente vermelhas, (8) todas as nervuras totalmente vermelhas, (9) superfície inferior e nervuras totalmente vermelhas, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF

A cor verde foi observada em (98%) dos acessos de batata-doce avaliados para cor da folha madura, não havendo expressão para as demais cores avaliadas e em (36%) dos acessos de batata-doce, a cor da folha imatura foi roxo suave, seguida da cor verde e verde com pontas avermelhadas (Figuras 18 e 19). Esse resultado colabora com os resultados observados por Daros et al. (2002), onde relatam que a cor da folha madura foi uma das características que menos proporcionou variabilidade entre os acessos. De acordo com Daros et al. (2002) fica evidente, ao se comparar a cor da folha madura com a cor da folha imatura, que a última se destacou pela maior variação para os acessos avaliados, revelando-se de maior utilidade na distinção genotípica.

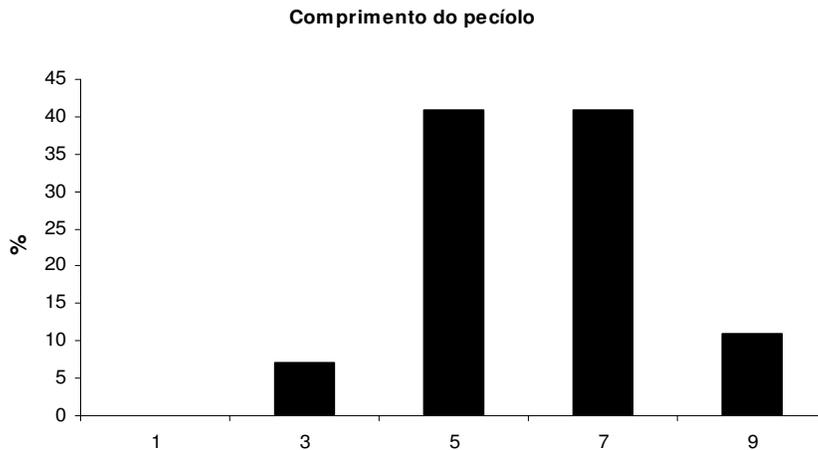


**Figura 18** - Descritor morfológico da parte aérea, para cor da folha madura: (1) amarelo-esverdeado, (2) verde, (3) verde com pontas avermelhadas, (4) verde-acinzentado, (5) verde com veias roxas, (6) roxo suave, (7) predominantemente roxo, (8) verde na face superior e roxo na face inferior, (9) roxo em ambas as faces, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa- CNPH-Brasília DF

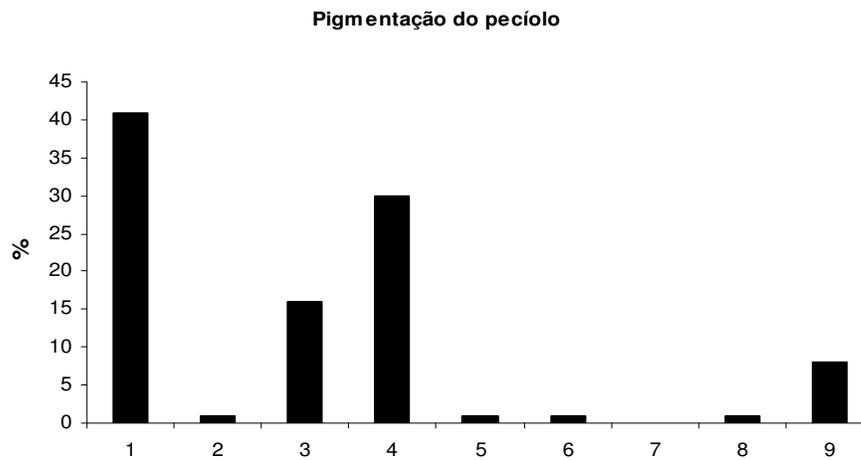


**Figura 19** - Descritor morfológico da parte aérea, para cor da folha imatura: (1) amarelo-esverdeado, (2) verde, (3) verde com pontas avermelhadas, (4) verde-acinzentado, (5) verde com veias roxas, (6) roxo suave, (7) predominantemente roxo, (8) verde na face superior e roxo na face inferior, (9) roxo em ambas as faces, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

Para o comprimento do pecíolo, 41% dos acessos apresentaram tamanho intermediário ou longo, não ocorrendo para comprimento muito curto (Figura 20). Já para a pigmentação do pecíolo, 41% dos acessos apresentaram-se verdes, seguido pela cor verde + roxo nas inserções, não havendo expressão para a cor roxa + verde na inserção da folha (Figura 21). Daros et al. (2002) observaram que para o comprimento do pecíolo, das cinco classes formadas, duas (número sete e nove) não ocorreram na avaliação. Quanto à pigmentação do pecíolo, observaram ocorrência de maior número de classes. Esses dados diferem parcialmente dos dados obtidos neste trabalho, diferindo quanto a uma classe que não ocorreu nesta avaliação (Tabela 4).



**Figura 20** - Descritor morfológico da parte aérea, para comprimento do pecíolo: (1) pecíolo muito curto (< 10 cm), (3) pecíolo curto (10-20 cm), (5) pecíolo intermediário (21-30 cm), (7) pecíolo longo (31-40 cm), (9) pecíolo muito longo (> 40 cm), avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF



**Figura 21** - Descritor morfológico da parte aérea, para 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 e outros verdes, (9) completamente roxo, em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília DF

Os descritores morfológicos da raiz são representados pelo número de caracteres fenotípicos mais predominante para cada descritor, como formato da raiz tuberosa, defeitos na superfície, cor predominante da pele, intensidade da cor da pele, cor secundária da pele, cor predominante da polpa, cor secundária da polpa e distribuição secundária da cor da polpa (Figuras 22 a 29). Na Tabela 5 são apresentados 55 descritores morfológicos da raiz tuberosa do total de 69 descritores avaliados para 135 acessos de batata-doce. A intensidade da cor da pele e a cor predominante da polpa foram as características mais variáveis, ocorrendo para todos os caracteres, com grande diversidade entre os acessos, inclusive dentro destes (Figuras 25 e 27). Podemos destacar que para os 135 acessos avaliados neste trabalho, dos 69 caracteres morfológicos da raiz estudado, houve a expressão de 80% desses caracteres. A ausência de 20% dos caracteres avaliados pode ser decorrente da dificuldade de identificá-los e por serem muitos subjetivos ou qualitativos, uma vez que o resultado da avaliação pode variar de acordo com o avaliador, principalmente para as características relacionadas à cor. Os caracteres que não ocorreram em 135 acessos avaliados são 14 e desses 12 são correspondentes à cor: cor predominante da pele, cor secundária da pele, cor secundária da polpa e distribuição da cor secundária da polpa, correspondendo a 86%. Os demais caracteres ausentes estão relacionados quanto aos defeitos na superfície da raiz, correspondendo a 14% dos caracteres ausentes.

**Tabela 5** – Caracterizações de alguns descritores referentes à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(continua)

RAIZ									RAIZ								
Acesso	FR	DSR	CPP	ICP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS	Acesso	FR	DSR	CPP	ICP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS
1015 DF	8	3	8	3	0	3	2	8	10291 CE	3	3	4	1	0	7	0	0
1017 DF	8	0	8	3	0	1	0	0	1064 BA	8	0	5	3	6	7	2	8
1047 DF	8	0	6	3	0	7	4	3	1117 BA	7	3	2	3	6	5	4	8
1070 DF	9	3	9	3	0	7	0	0	1172 BA	9	3	2	3	0	5	4	8
1071 DF	3	5	5	1	6	7	3	1	1177 BA	9	3	5	3	6	4	4	8
1175 DF	9	3	5	2	3	7	4	8	1179 BA	3	6	2	2	0	2	2	8
1176 DF	8	0	3	3	0	4	0	0	1184 BA	8	5	2	3	0	1	0	0
1146 DF	3	2	9	3	0	4	4	8	1035 PB	5	6	2	3	0	1	0	0
1118 GO	8	0	5	1	0	6	3	8	1066 PE	7	0	9	3	0	8	4	3
1125 GO	8	3	5	3	6	6	4	8	1156 RO	8	3	5	3	6	8	0	0
1044 MS	3	5	2	3	0	5	4	8	1054 MG	8	3	5	2	6	7	4	8
1063 MS	9	3	5	3	6	6	4	8	1057 MG	8	3	8	3	0	5	4	8
1106 MS	3	0	7	1	0	5	4	8	1068 MG	8	0	8	3	0	5	4	8
1107 MS	8	3	5	3	0	6	4	8	1087 MG	3	5	7	1	2	6	3	8
1121 MS	8	3	5	3	0	7	4	8	1093 MG	2	5	2	3	0	6	3	8
1059 MT	8	0	9	3	0	5	9	3	1142 MG	8	0	9	3	0	9	0	0
1098 MT	2	0	9	3	0	5	7	3	1041 SP	9	3	3	2	0	6	3	1
1108 MT	3	0	8	3	0	5	4	8	1049 SP	8	0	9	3	0	4	0	0
1027 RN	8	5	2	2	0	2	2	8	1065 SP	8	3	5	3	0	6	4	8
1028 RN	3	5	2	2	0	1	0	0	1088 SP	8	3	5	3	4	6	4	3
1029 CE	9	3	3	1	4	7	3	1	1102 SP	9	3	5	3	0	7	4	8
1031 CE	8	0	2	3	0	1	0	0	1103 SP	3	0	7	3	0	3	4	8
1032 CE	8	3	2	2	4	5	4	8	1104 SP	8	0	2	3	0	6	4	8
1033 CE	3	4	2	2	4	7	4	8	1111 SP	8	3	5	3	0	6	4	8
1034 CE	9	3	8	3	0	2	1	8	1135 SP	3	5	6	3	0	7	4	8
1036 CE	8	5	5	3	0	8	0	0	1129 SP	3	5	9	3	0	6	4	8
1174 CE	8	0	5	3	6	8	0	0	1147 SP	1	0	4	3	0	5	4	8
1143 CE	8	3	4	3	6	8	0	0	1152 SP	8	0	5	3	0	7	2	8
1188 CE	9	3	3	3	0	5	0	0	1153 SP	3	5	5	3	6	6	4	8

**Tabela 5** – Caracterizações de alguns descritores referentes à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(continuação)

RAIZ									RAIZ								
Acesso	FR	DSR	CPP	ICP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS	Acesso	FR	DSR	CPP	ICP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS
1170 SP	3	5	5	3	6	8	0	0	1074 RS	3	3	4	2	0	8	0	0
1042 ES	9	3	5	1	0	8	4	3	1045 RS	8	0	2	3	6	5	4	8
1048 PR	8	3	5	3	0	7	4	8	1051 RS	3	3	5	3	0	5	4	3
1055 PR	8	3	5	3	0	5	4	8	1052 RS	3	5	5	3	0	5	4	8
1056 PR	8	3	5	3	4	5	4	8	1053 RS	3	2	9	3	0	9	0	0
1060 PR	3	3	4	2	0	7	3	1	1083 RS	8	3	5	3	4	7	4	8
1069 PR	9	3	9	3	0	6	3	2	1084 RS	3	2	9	3	0	9	9	8
1072 PR	3	3	5	3	4	7	4	8	1085 RS	3	5	2	3	0	6	3	8
1080 PR	8	3	5	2	6	7	4	8	1090 RS	8	0	2	3	6	5	4	3
1089 PR	8	3	5	2	2	7	4	8	1115 RS	3	3	5	3	6	5	4	3
1092 PR	9	3	5	3	6	7	4	8	1116 RS	9	3	3	3	0	5	0	0
1095 PR	3	3	5	2	0	7	4	8	1122 RS	3	0	6	3	0	8	4	3
1099 PR	8	1	2	3	0	3	4	3	1123 RS	8	5	2	3	6	5	4	8
1100 PR	8	3	5	3	6	6	4	8	1134 RS	8	0	5	1	6	6	4	8
1105 PR	3	3	5	3	4	7	4	3	1149 RS	2	0	8	3	0	5	4	8
1109 PR	8	3	5	3	6	7	2	2	1154 RS	8	0	8	3	0	4	0	0
1110 PR	3	5	6	1	0	4	4	8	1157 RS	8	0	2	3	0	1	0	0
1112 PR	9	3	7	1	0	7	4	3	1158 RS	9	3	2	3	0	4	4	8
1127 PR	9	0	2	3	0	2	0	0	1159 RS	9	3	2	3	0	1	0	0
1128 PR	8	4	6	3	0	2	0	0	1166 RS	8	0	7	2	0	3	2	8
1081 SC	8	0	6	3	0	5	4	8	1167 RS	5	0	7	3	0	4	4	8
1091 SC	9	0	2	3	6	4	0	0	1168 RS	5	6	4	2	6	3	2	8
1096 SC	3	0	2	3	0	4	0	0	1171 RS	9	3	4	1	0	5	4	8
1124 SC	2	0	9	3	0	5	4	8	1162 DES	5	3	7	2	0	3	2	8
1133 SC	1	5	2	3	0	5	0	0	1163 DES	8	3	9	3	0	9	8	8
1138 SC	8	0	2	3	0	2	2	8	1164 DES	8	5	9	3	0	9	0	0
1139 SC	1	6	9	3	0	7	4	6	1073 DES	1	0	5	3	0	6	4	8
1181 SC	3	5	9	3	0	9	0	0	1114 DES	3	6	4	1	0	6	0	0
1182 SC	5	6	5	3	0	3	4	3	1077 DES	3	0	8	3	0	8	4	8

**Tabela 5** – Caracterizações de alguns descritores referentes à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

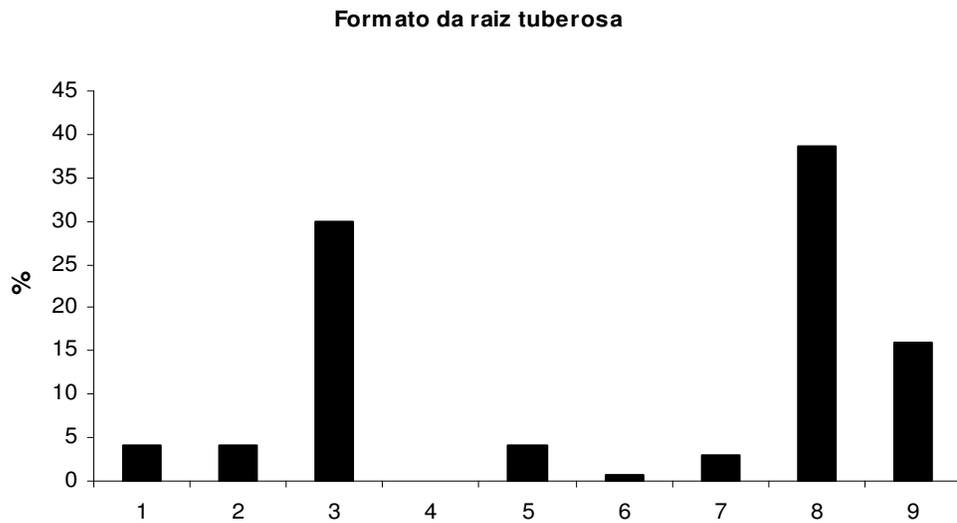
(conclusão)

Acesso	RAIZ								Acesso	RAIZ				
	FR	DSR	CPP	ICP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS		FR	DSR	CPP	ICP	CSP
1190 PER	8	4	6	3	0	1	0	0	1219 PER	8	3	7	3	0
1194 PER	7	3	5	3	0	8	0	0	1223 PER	7	3	4	2	0
1195 PER	8	0	6	3	0	8	4	8	1225 PER	3	3	4	3	0
1196 PER	2	2	2	3	0	2	0	0	1226 PER	3	0	6	1	2
1200 PER	9	4	5	3	0	6	4	8	1228 PER	1	5	2	1	0
1202 PER	8	4	5	3	0	6	4	8	1229	5	5	6	1	0
1210 PER	8	0	4	3		8	4	8	1230 PER	7	2	7	3	0
1213 PER	3	0	5	3	0	4	4		1232 PER	2	5	5	3	0
1214 PER	6	6	7	3	0	5	4	3	1218 PER	8	5	2	3	0

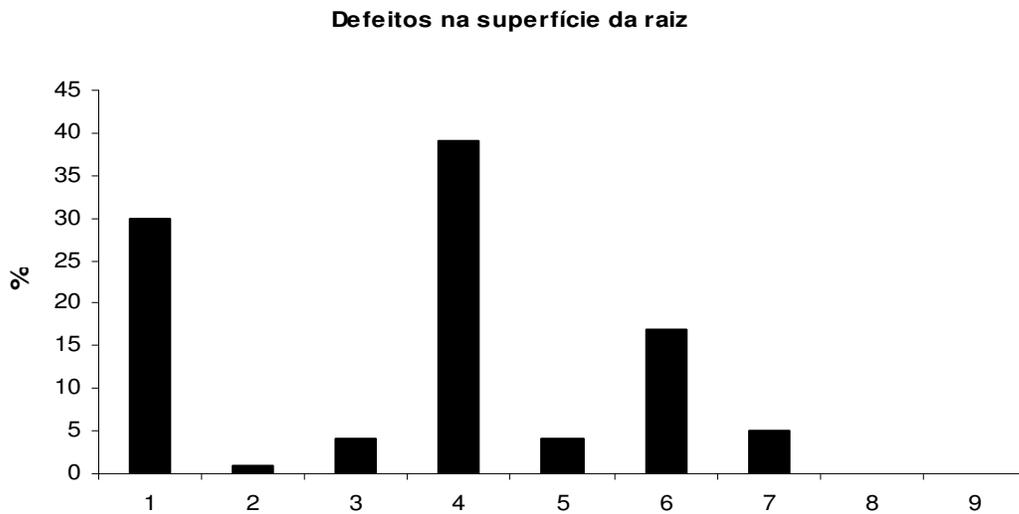
FR = formato da raiz (1 = redondo, 2 = redondo elíptico, 3 = elíptico, 5 = obovado, 6 = oblongo, 7 = oblongo alongado, 8 = longo elíptica, 9 = longa irregular ou curvada); DSR = defeitos na superfície da raiz (0 = ausente, 1 = pele de jacaré, 2 = veias, 3 = constrições horizontais rasas, 4 = constrições horizontais profundas, 5 = dobras longitudinais rasas, 6 = dobras longitudinais profundas); CPP = cor predominante da pele (2 = creme, 3 = amarelo, 4 = alaranjado, 5 = laranja-amarronzado, 6 = rosado, 7 = vermelho, 8 = roxo avermelhado, 9 = roxo escuro); ICP = intensidade da cor da pele (1 = pálido, 2 = intermediário, 3 = escuro); CSP = cor secundária da pele (0 = ausente, 2 = creme, 3 = amarelo, 4 = alaranjado, 6 = rosado); CPPOL = cor predominante da polpa (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 arroxeadado); CSPOL = cor secundária da polpa (0 = ausente, 1 = branco, 2 = creme, 3 = amarelo, 4 = alaranjado, 7 = vermelho escuro, 8 = roxo, 9 = roxo escuro); DCS = (0 = ausente, 1 = anel próximo da casca, 2 =anel largo próximo da casca, 3 = manchas esparsas concentradas, 6 = anel e outras manchas na polpa, 8 = manchas cobrindo quase tudo)

O Banco de Germoplasma de batata-doce mantido pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, através do seu Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças (Embrapa-CNPq), apresentou a maioria dos seus acessos com formato da raiz tuberosa longa elíptica (38%), seguido pelo formato elíptico (30%) e longa irregular (16%) (Figura 22). Daros et al. (2002) observaram que o formato das raízes foi a característica mais variável, com grande diversidade entre os 14 acessos avaliados. Vasconcellos (1986) cita o formato das raízes como uma das características mais importante na descrição de cultivares. Cinco dos acessos avaliados por Daros et al. (2002), (Roxinha, Amarelinha, Acesso 7, Won-A e Rosada) apresentaram o formato longo-elíptico para raízes, considerado ideal para o comércio. Com exceção do acesso 7, houve alguma variação, porém com menor expressão. Com o formato elíptico também desejável ao comércio, citam-se Linha-5, Mandioca, Won-B e Mazomba ocorrendo também alguma variação com a característica anterior. Observa-se no atual trabalho que os formatos com maior ocorrência longo elíptico e elíptico, coincidem com o formato encontrado por Daros et al. (2002) e estas características são a mais desejadas para o comércio.

Os defeitos apresentados pelas raízes com destaque foram constrições horizontais rasas (39%), seguidos pela ausência de defeitos (30%) e dobras longitudinais rasas (17%) e não se expressou em duas classes de defeitos estudadas, sendo uma característica de fácil identificação conforme demonstrados na Figura 23. Daros et al. (2002) avaliaram 14 acessos de batata-doce quanto aos defeitos na superfície da raiz e observaram que para duas classes de defeitos não houve expressão entre os acessos estudados, coincidindo com o observado neste trabalho (Tabela 5). Daros et al. (2002) destacam que entre estes, as nervuras proeminentes foram as que mais se destacaram, ocorrendo em quatro cultivares avaliadas (Roxinha, Paraíba, Rosinha de Verdan e Mazomba), seguidas pelas constrições horizontais superficiais, que ocorreram nas cultivares Amarelinha, Acesso-7 e Won-A. De todos os acessos avaliados, apenas Roxa-roxa e Mandioca não apresentaram qualquer tipo de defeitos na superfície da raiz.

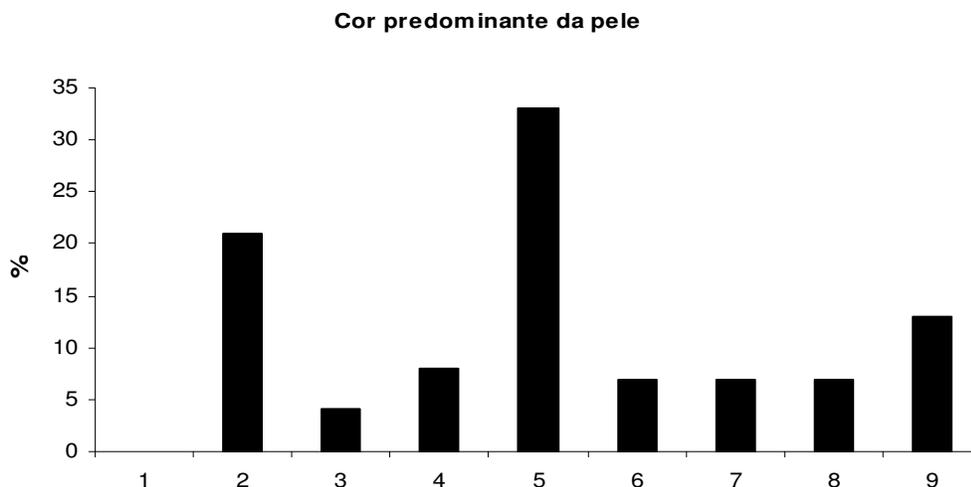


**Figura 22** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para formato da raiz tuberosa: (1) redondo, (2) redondo-elíptico, (3) elíptico, (4) ovalado, (5) obovado, (6) oblonga, (7) oblonga alongada, (8) longa elíptica, (9) longa irregular, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

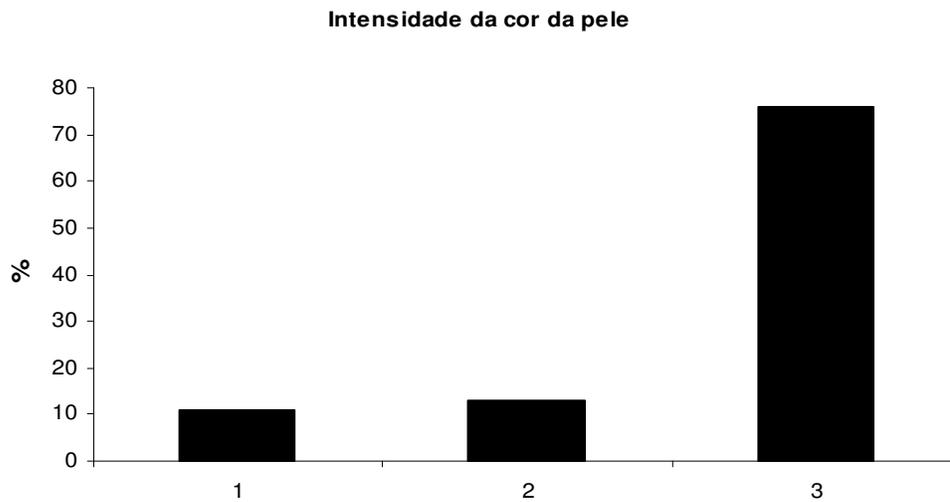


**Figura 23** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para defeitos na raiz tuberosa: (0) ausência de defeitos, (1) pele de jacaré, (2) veias, (3) constrictões horizontais rasas, (4) constrictões horizontais profundas, (5) dobras longitudinais rasas, (6) dobras longitudinais profundas, (7) constrictões e dobras profundas, (8) outros, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

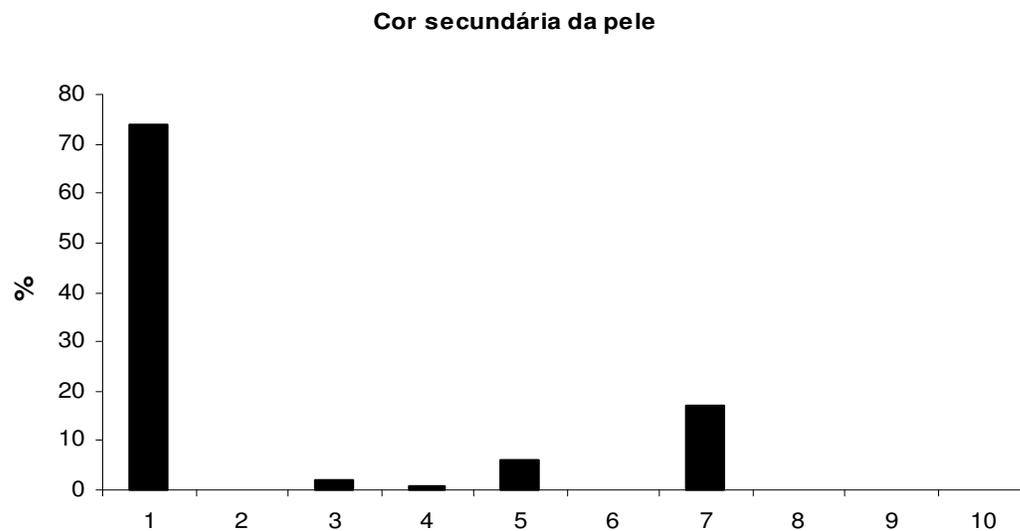
A cor predominante da pele foi laranja-amarronzado (33%), seguida pela cor creme (21%) e roxo escuro (13%), não ocorrendo para a cor branca (Figura 24). Veasey et al. (2007) estudando etnovariedades coletadas no Vale do Ribeira, verificaram a cor creme com 46% para cor predominante da pele, seguida pelas cores cor-de-rosa (26%), as brancas (9,5%) e as roxas (9,5%). Enquanto que Ritschel et al. (1998) verificaram para acessos de batata-doce da coleção mantida pela Empresa de Pesquisa Agropecuária de Santa Catarina (EPAGRI), que houve predominância para a cor vermelha (30%), seguido pela cor rosa (27%), branco (26%) e para cor creme (14%). Daros et al. (2002) observaram que dos 14 acessos de batata-doce da Universidade do Estado do Norte Fluminense, para cor da pele, a cor predominante foi a cor-de-rosa (50%). Neste trabalho, diferentemente do observado por Veasey et al. (2007) e Ritschel et al. (1998), a predominância da cor da pele foi laranja-amarronzado (33%) e não a cor creme (21%), e a cor rosa foi pouco expressiva com apenas 7%, não coincidindo com os dados de Daros et al. (2002). Para intensidade da cor da pele destacou-se a escura com (76%). (Figura 25). Para a cor secundária da pele a maioria dos acessos apresentou ausência desse caractere (74%), e não ocorreu para os demais caracteres estudados branco, laranja-amarronzado, vermelho, roxo avermelhado e roxo escuro (Figura 26).



**Figura 24** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor predominante da pele: (1) branco, (2) creme, (3) amarelo, (4) alaranjado, (5) laranja-amarronzado, (6) rosado, (7) vermelho, (8) roxo avermelhado, (9) roxo escuro, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF



**Figura 25** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para intensidade da cor da pele: (1) pálido, (2) intermediário, (3) escuro, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

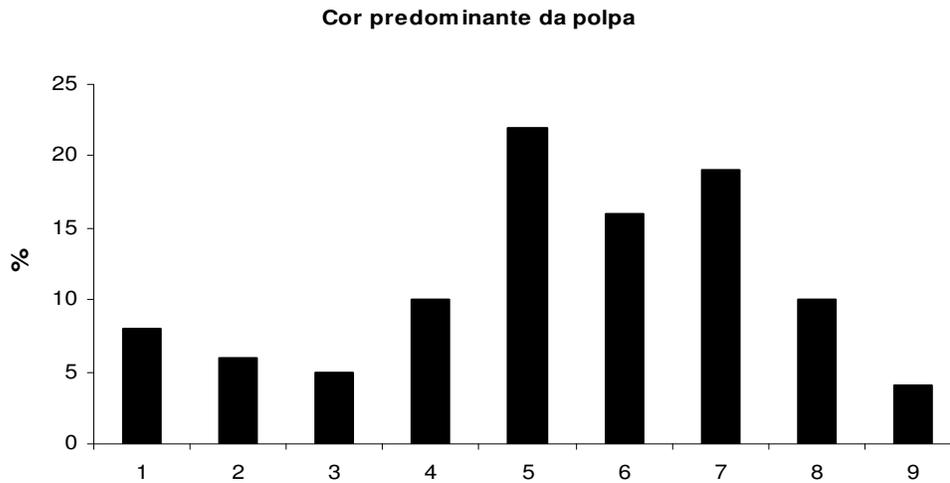


**Figura 26** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor secundária da pele: (1) ausente, (2) branco, (3) creme, (4) amarelo, (5) alaranjado, (6) laranja-amarronzado, (7) rosado, (8) vermelho, (9), roxo avermelhado, (10) roxo escuro, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

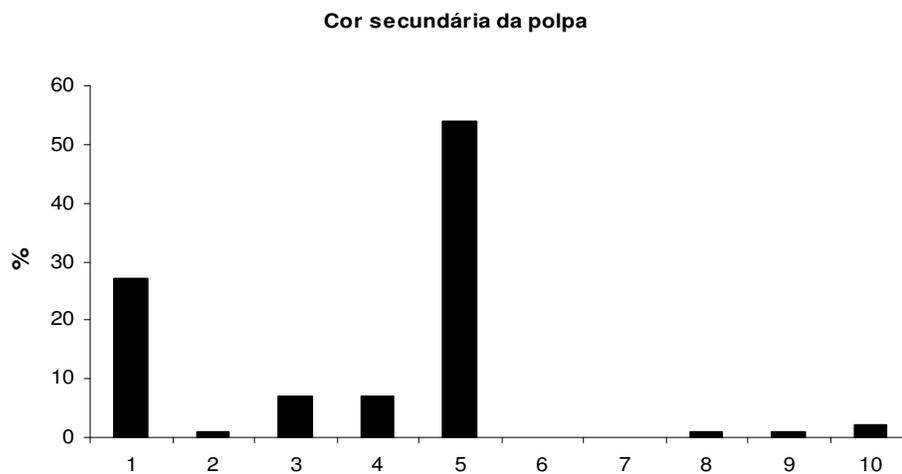
Para cor da polpa predominou o amarelo escuro (21%), seguida pela cor alaranjada intermediária e alaranjada claro com 19% e 16%, respectivamente (Figura 27). Veasey et. al. (2007) relataram que para as etnovariedades do Vale do Ribeira, a cor predominante da polpa foi a creme com 73%, resultado também observado por Ritschel et al. (1998), com 70% dos acessos da coleção da EPAGRI e 50% dos acessos avaliados por Daros et al. (2002). Neste trabalho diferentemente do observado por Ritschel et al. (1998), Daros et. al. (2002) e Veasey et. al. (2007) a cor predominante da polpa foi amarelo-escuro, enquanto que a cor creme, apresentou-se em apenas 5% dos 135 acessos estudados.

A cor secundária da polpa com maior destaque foi a alaranjada (54%), seguida por ausência de cor (27%), não havendo expressão para rosada e vermelha (Figura 28). A distribuição da cor secundária da polpa com maior destaque foi para as manchas cobrindo quase toda a superfície (53%), não se expressando para anel delgado da polpa, anel largo na polpa, mancha na secção longitudinal e manchas cobrindo toda a polpa (Figura 29). Veasey et al. (2007), verificaram a presença de 68% de cor secundária creme nas etnovariedades do Vale do Ribeira e apresentadas na forma de anel estreito próximo da casca (73%), diferentemente do ocorrido neste trabalho, tanto para cor secundária como para a distribuição da cor secundária, conforme as Figuras 28 e 29.

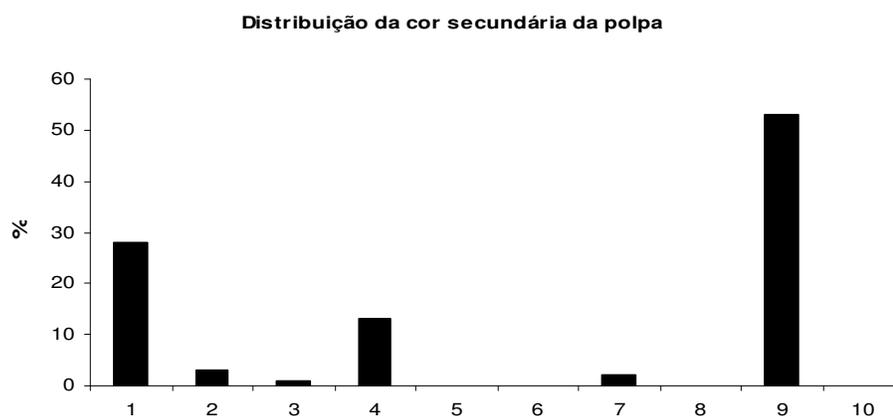
Esse resultado pode ser devido à forma de organização, introdução e coleta de materiais para a formação de coleções em Banco de Germoplasma. Os acessos pré-selecionados para este trabalho são oriundos de uma solicitação para batata-doce com raiz tuberosa com polpa alaranjada e isso explicaria tal predominância da cor laranja-amarronzado para cor de pele e amarelo escuro para cor da polpa.



**Figura 27** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor predominante da polpa: (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 arroxeadado, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF



**Figura 28** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para cor secundária da polpa: (1) ausente, (2) branco, (3) creme, (4) amarelo, (5) alaranjado, (6) rosado, (7) vermelho, (8) vermelho escuro, (9) roxo, (10) roxo escuro, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF



**Figura 29** - Descritor morfológico da raiz tuberosa, para distribuição da cor secundária da polpa: (1) ausente, (2) anel próximo da casca, (3) anel largo próximo da casca, (4) manchas esparsas concentradas, (5) anel delgado na polpa, (6) anel largo na polpa, (7) anel e outras manchas na polpa, (8) mancha na secção longitudinal, (9) manchas cobrindo quase tudo, (10) manchas cobrindo toda a polpa, avaliado em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF

A análise de agrupamento realizada utilizando .124.. descritores morfológicos, da parte aérea e raiz, para os 135 acessos mantidos na Coleção do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB, mostra que os materiais não se agruparam por cor, por região geográfica, ou seja, materiais de regiões muito distantes podem ser morfológicamente muito próximos, até mesmo ocorrer duplicatas (clones) (Figura 30). Acessos que apresentam coeficiente de similaridade igual a 1 são considerados duplicatas morfológicas. Os materiais do Peru-CIP não são distintos dos materiais do Brasil, ou dos demais materiais de outros países, ou seja, não foram agrupados separadamente.

Pela matriz de similaridade morfológica obtida com o coeficiente de Jaccard e através da avaliação dos erros associados às estimativas de distância morfológica através dos procedimentos de “bootstrap”, com um número variável de marcadores através do programa DBOOT 1.0 (COELHO, 2000), pode-se determinar a confiabilidade das estimativas obtidas a partir do número de marcadores analisados.

O dendrograma formado pelos 135 acessos (Figura 30) apresenta dados da matriz de similaridade morfológica obtidas pelo coeficiente de Jaccard (J), que variou de 0,13 a 0,83, grande variabilidade morfológica entre os acessos analisados.

Observou-se elevado grau de similaridade (83%) entre os acessos 1174CE8 e 1156RO8. Para os acessos 1029CE7 e 1041SP6 o grau de similaridade foi de 70% e para os acessos 1159RS1 e 1036CE8 foi de 68%. Observou-se grau de similaridade entre os acessos 1106MS5 e 1108MT5 de 75% e para os acessos 1057MG5 e 1068MG5 foi de 67%. Para os acessos 1200PER6 e 1202PER6 o grau de similaridade foi de 72% e os acessos 1158RS4 e 1171RS5 apresentaram grau de similaridade de 71%. Houve a formação de um pequeno grupo com 52% de similaridade entre os acessos 1116RS5, 1114DES6 e 1225PER8. Para os acessos 1157RS1 e 1159RS1 o grau de similaridade observado foi de 69%.

O dendrograma formado pelos 111 acessos das regiões brasileiras (Figura 31) apresenta dados da matriz de similaridade morfológica obtidas pelo coeficiente de Jaccard (J), que variou de 0,13 a 0,83, também indicando a grande variabilidade do material avaliado. Observou-se para os acessos 1174CE8 e 1156RO8 grau de similaridade de 83%. Para os acessos 1106MS5 e 1108MT5 foi de 75% e acessos 1057MG5 e 1068MG5 foi de 67%, mantendo o grau de similaridade observado no dendrograma para os 135 acessos, assim como para os acessos 1029CE7 e 1041SP6 que mantiveram o mesmo grau de similaridade já observado anteriormente, que foi de 70%.

Por esses 135 acessos apresentarem alta variabilidade entre os materiais estudados, conforme verificado pelo coeficiente de similaridade de Jaccard que variou de 0,13 a 0,83, se propôs verificar a variabilidade desses materiais para cada região de origem separadamente. No entanto, não foi obtido um dendrograma apenas para a região Norte do Brasil, pois esta região colabora com esse estudo com apenas um acesso.

Foram obtidos os dendrogramas através da análise de agrupamentos para os 20 acessos da região Nordeste (Figura 32), verificando-se que o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,17 a 0,75. Pelos dados da matriz de similaridade genética obtidas pelo coeficiente de Jaccard, para a região Nordeste, os acessos 1174CE8 e 1064BA7 apresentaram grau de similaridade de 75% e os acessos 1172BA5 e 1177BA5 apresentaram grau de similaridade de 50%, não ocorrendo formação de grupos bem definidos (Figura 32 e Anexo I). Observou-se grau de

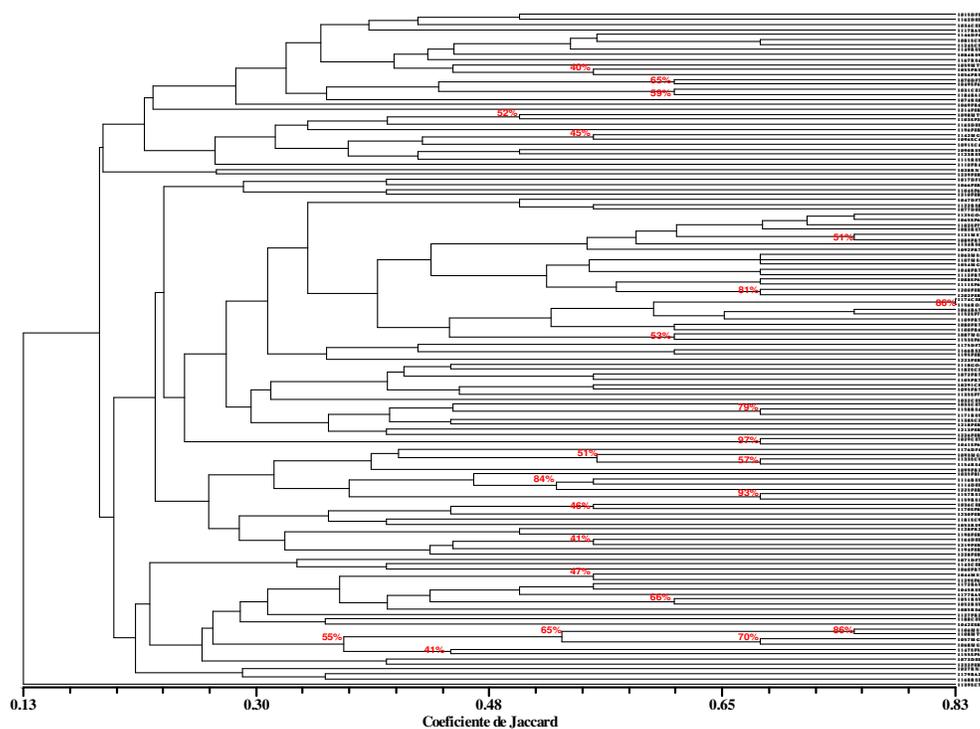
similaridade de 62% para os acessos 1031CE1 e 1184BA1 e de 40% para os acessos 1034CE2 e 1117BA5.

Para os 18 acessos da região Centro-Oeste (Figura 33), o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,15 a 0,75. Foi observada uma duplicada para os acessos 1106MS5 e 1108MT5, ou seja, a similaridade foi de 75%. Este resultado não pode ser comparado com as informações de origem, já que não há maiores informações sobre os acessos (Figura 33 e Anexo G). O grau de similaridade entre os acessos 1107MS6 e 1063MS6, pelos dados morfológicos, foi de 50%. Já para os acessos 1121MS7 e 1125GO6, o grau de similaridade foi de 75%.

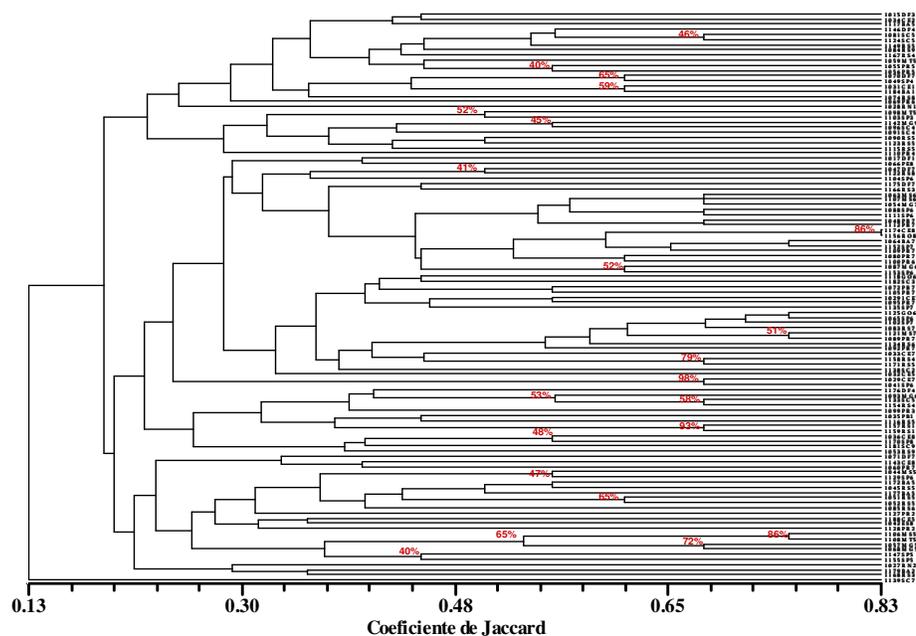
Para os 22 acessos da região Sudeste (Figura 34 e Anexo E), observou-se coeficiente de similaridade de Jaccard de 0,18 a 0,75, ou seja, mostrando a grande variabilidade dos acessos desta região. Os acessos 1065SP6 e 1102SP7 apresentaram um alto grau de similaridade (75%), enquanto que os acessos 1088SP6 e 1111SP apresentaram similaridade de 68%. Foi também observado grau de similaridade pelo coeficiente de Jaccard de 62% entre os acessos 1087MG6 e 1153SP6 e para os acessos 1147SP5 e 1155SP5 o grau de similaridade foi de 45%.

Para os 50 acessos da região Sul (Figura 35 e Anexo C), verificou-se que o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,12 a 0,68. Os dados obtidos pela matriz de similaridade genética pelo coeficiente de Jaccard, para esta região, mostraram similaridade de 68% para os acessos 1157RS1 e 1159RS1, 1133SC5 e 1154RS4, 1081SC5 e 1124SC5, 1158RS4 e 1171RS5, 1092PR7 e 1083RS7, 1048PR7 e 1112PR7. Já os acessos 1051RS5 e 1052RS5, 1080PR7 e 1100PR6, e 1089PR7 e 1095PR7 apresentaram grau de similaridade de 60%. Para os 18 acessos oriundos do Peru-CIP (Figura 36), o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,19 a 0,68. O grau de similaridade entre os acessos 1202PER6 e 1200PER6 o grau de similaridade foi de 68%, não tendo formado grupos definidos. Para os seis acessos dos outros países como Peru, Estados Unidos e Japão (Tabela 1), incluindo-se aqui materiais do Peru, mas não pertencentes ao Banco de Germoplasma do CIP (Figura 37 e Anexo M), o coeficiente de similaridade de Jaccard foi de 0,14 a 0,35. O grau de similaridade entre os acessos 1114DES6 e 1164DES9 foi de apenas 35% e formam um grupo com o acesso 1077DES, com similaridade em torno de 27%. A análise de variância molecular

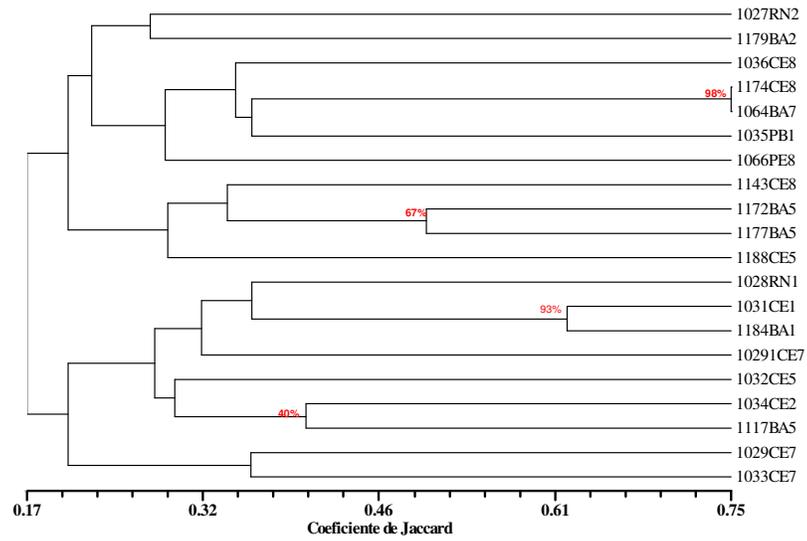
(AMOVA) realizada para dados de presença/ausência de caracteres morfológicos visando verificar a distribuição da variabilidade entre e dentro de regiões geográficas para todos os acessos indicou que a maior parte da variação observada encontra-se dentro de regiões (98,44), em comparação com a variação entre regiões (1,56%) (Anexo O). Para os acessos das regiões do Brasil, indicou que a maior parte da variação observada encontra-se dentro de regiões (99,94%), em comparação com a variação entre regiões (0,06%) (Anexo N). Esses dados concordam, embora em outra dimensão, com a constatação obtida por Veasey et al. (2007) de que a maior parte da variabilidade encontra-se dentro de roças (64,4%). Estes resultados estão de acordo com o sistema de reprodução de batata-doce, que é uma planta alógama com auto-incompatibilidade e reprodução vegetativa (Martin, 1968). Para Plarre (1995) a grande variabilidade encontrada entre 45 a 50 clones de batata-doce originárias de duas localidades da Nova Guiné, são atribuídas, sabendo-se que estas foram introduzidas após contatos com as Américas, através de sementes, ocorrendo mutações e segregação após a seleção das plântulas e posteriormente multiplicadas vegetativamente, estando de acordo com o relatado por Love et al. (1978) que a grande variabilidade morfológica ocorre dentro das roças e está eventualmente ligada a ocorrência de mutações somáticas.



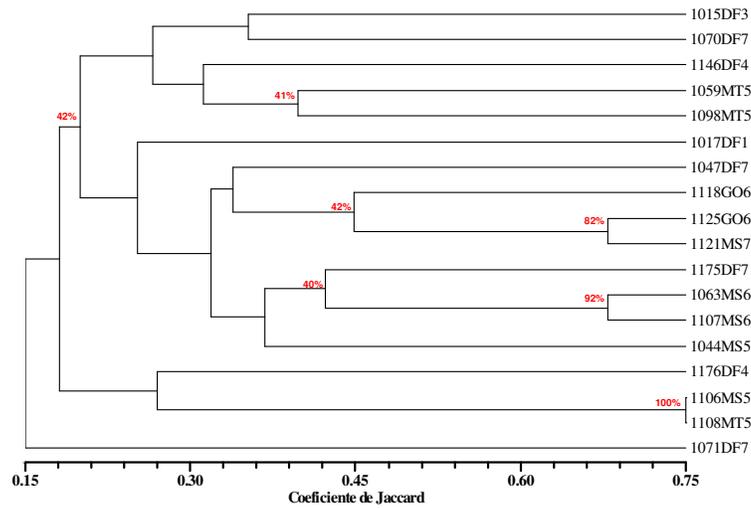
**Figura 30** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) do Banco de Germplasma da Embrapa- CNPH, Brasília-DF



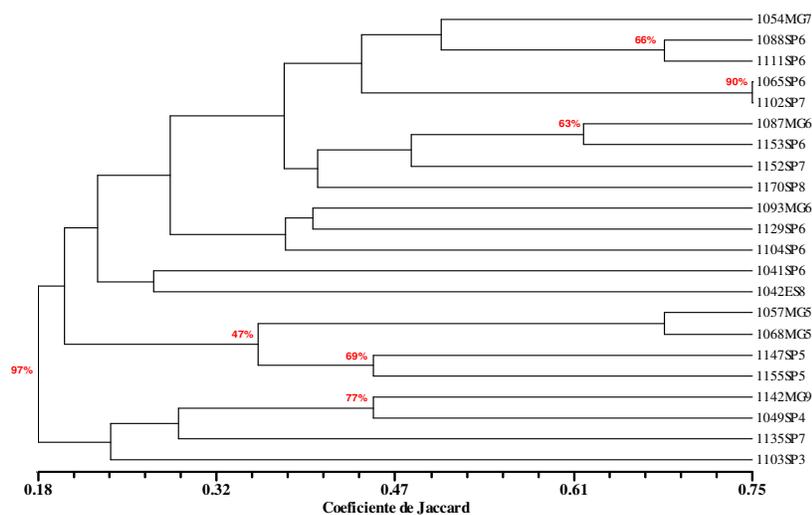
**Figura 31** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 111 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) referentes às cinco regiões brasileiras



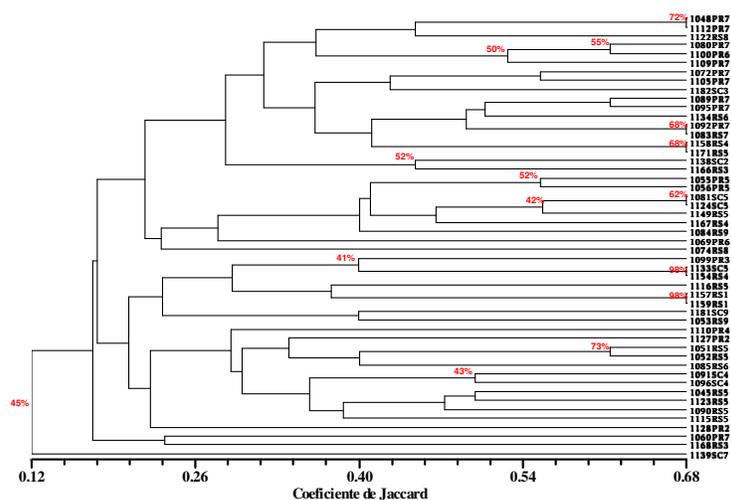
**Figura 32** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Nordeste do Brasil



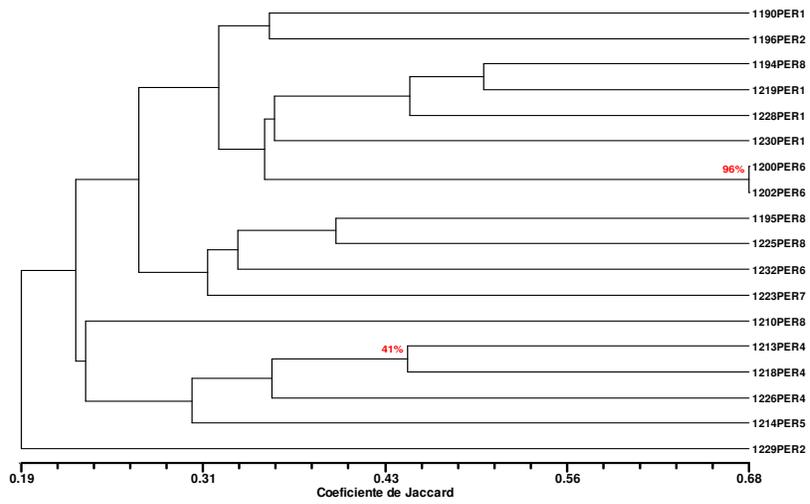
**Figura 33** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Centro-Oeste do Brasil



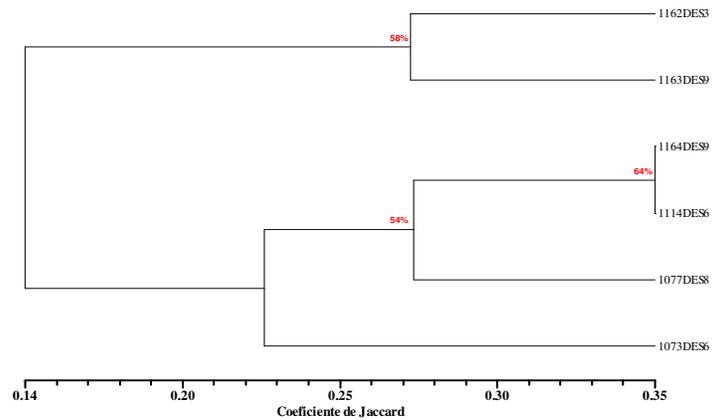
**Figura 34** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Sudeste do Brasil



**Figura 35** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) da região Sul do Brasil



**Figura 36** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao CIP-Peru



**Figura 37** – Dendrograma da caracterização morfológica obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 6 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao Peru, Estados Unidos e Japão

## 4.2 Características agronômicas

Para avaliar as características agronômicas de interesse, recorreu-se a alguns dos descritores morfológicos, tanto da parte aérea como da raiz tuberosa, também considerados agronômicos, tais como: comprimento da haste, formato da raiz tuberosa, cor predominante e secundária da pele, cor predominante e secundária da polpa, distribuição da cor secundária e defeitos na superfície da raiz (Tabela 6). A maior variabilidade é representada pelo número mais elevado de caracteres fenotípicos com uma porcentagem significativa dos indivíduos em cada classe desses caracteres (Figura 38).

Na Tabela 6 são apresentados oito descritores morfoagronômicos referentes à parte aérea e raiz para 135 acessos de batata-doce. A análise das características de interesse morfoagronômicas, demonstrou que pequenas diferenças na morfologia da planta e da raiz resultam em alterações que podem interferir na rentabilidade final da produção comercial de batata-doce. Diferenças apresentadas nas raízes quanto à produção, formato, porcentagem de matéria seca e porcentagem de umidade (Figura 39), influem na escolha pelo melhorista na seleção de novos materiais, bem como, para descrição de descritores morfoagronômicos para registro e proteção de cultivares. Se considerarmos cada acesso uma cultivar, esse resultado influi também na escolha pelo produtor, para finalidade de uso dessas cultivares, do sistema de produção e região produtora. Certamente, aquele que escolher a cultivar que possuir a melhor combinação das características de interesse agronômico, possivelmente obterá o melhor resultado.

**Tabela 6** - Caracterizações de oito descritores morfoagronômicos referentes à parte aérea e à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(continua)

Acesso	Parte aérea e raiz								Acesso	Parte aérea e raiz							
	CH	FR	DSR	CPP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS		CH	FR	DSR	CPP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS
1015 DF	7	8	3	8	0	3	2	8	1088 SP	7	8	3	5	4	6	4	3
1017 DF	7	8	0	8	0	1	0	0	1102 SP	5	9	3	5	0	7	4	8
1047 DF	7	8	0	6	0	7	4	3	1103 SP	7	3	0	7	0	3	4	8
1070 DF	5	9	3	9	0	7	0	0	1104 SP	7	8	0	2	0	6	4	8
1071 DF	7	3	5	5	6	7	3	1	1111 SP	5	8	3	5	0	6	4	8
1175 DF	7	9	3	5	3	7	4	8	1135 SP	7	3	5	6	0	7	4	8
1176 DF	3	8	0	3	0	4	0	0	1129 SP	7	3	5	9	0	6	4	8
1146 DF	7	3	2	9	0	4	4	8	1147 SP	3	1	0	4	0	5	4	8
1118 GO	7	8	0	5	0	6	3	8	1152 SP	3	8	0	5	0	7	2	8
1125 GO	7	8	3	5	6	6	4	8	1153 SP	3	3	5	5	6	6	4	8
1044 MS	7	3	5	2	0	5	4	8	1155 SP	3	3	9	5	0	5	4	8
1063 MS	5	9	3	5	6	6	4	8	1170 SP	5	3	5	5	6	8	0	0
1106 MS	3	3	0	7	0	5	4	8	1042 ES	7	9	3	5	0	8	4	3
1107 MS	5	8	3	5	0	6	4	8	1048 PR	7	8	3	5	0	7	4	8
1121 MS	7	8	3	5	0	7	4	8	1055 PR	5	8	3	5	0	5	4	8
1059 MT	7	8	0	9	0	5	9	3	1056 PR	5	8	3	5	4	5	4	8
1098 MT	7	2	0	9	0	5	7	3	1060 PR	5	3	3	4	0	7	3	1
1108 MT	3	3	0	8	0	5	4	8	1069 PR	7	9	3	9	0	6	3	2
1027 RN	3	8	5	2	0	2	2	8	1072 PR	7	3	3	5	4	7	4	8
1028 RN	5	3	5	2	0	1	0	0	1080 PR	5	8	3	5	6	7	4	8
1029 CE	7	9	3	3	4	7	3	1	1089 PR	7	8	3	5	2	7	4	8
1031 CE	7	8	0	2	0	1	0	0	1092 PR	5	9	3	5	6	7	4	8
1032 CE	7	8	3	2	4	5	4	8	1095 PR	7	3	3	5	0	7	4	8
1033 CE	7	3	4	2	4	7	4	8	1099 PR	7	8	1	2	0	3	4	3
1034 CE	5	9	3	8	0	2	1	8	1100 PR	3	8	3	5	6	6	4	8
1036 CE	5	8	5	5	0	8	0	0	1105 PR	7	3	3	5	4	7	4	3
1174 CE	3	8	0	5	6	8	0	0	1109 PR	3	8	3	5	6	7	2	2
1143 CE	5	8	3	4	6	8	0	0	1110 PR	7	3	5	6	0	4	4	8
1188 CE	5	9	3	3	0	5	0	0	1112 PR	7	9	3	7	0	7	4	3

**Tabela 6** - Caracterizações de oito descritores morfoagronômicos referentes a parte aérea e à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(continuação)

Acesso	Parte aérea e raiz								Acesso	Parte aérea e raiz							
	CH	FR	DSR	CPP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS		CH	FR	DSR	CPP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS
10291 CE	7	3	3	4	0	7	0	0	1127 PR	9	9	0	2	0	2	0	0
1064 BA	3	8	0	5	6	7	2	8	1128 PR	7	8	4	6	0	2	0	0
1117 BA	5	7	3	2	6	5	4	8	1081 SC	7	8	0	6	0	5	4	8
1172 BA	9	9	3	2	0	5	4	8	1091 SC	7	9	0	2	6	4	0	0
1177 BA	7	9	3	5	6	4	4	8	1096 SC	7	3	0	2	0	4	0	0
1045 RS	7	8	0	2	6	5	4	8	1124 SC	7	2	0	9	0	5	4	8
1051 RS	7	3	3	5	0	5	4	3	1133 SC	5	1	5	2	0	5	0	0
1052 RS	7	3	5	5	0	5	4	8	1138 SC	3	8	0	2	0	2	2	8
1053 RS	5	3	2	9	0	9	0	0	1139 SC	5	1	6	9	0	7	4	6
1083 RS	5	8	3	5	4	7	4	8	1181 SC	9	3	5	9	0	9	0	0
1084 RS	5	3	2	9	0	9	9	8	1182 SC	7	5	6	5	0	3	4	3
1085 RS	7	3	5	2	0	6	3	8	1074 RS	3	0	8	0	0	8	0	0
1090 RS	7	8	0	2	6	5	4	3	1041 SP	7	9	3	3	0	6	3	1
1115 RS	5	3	3	5	6	5	4	3	1049 SP	5	8	0	9	0	4	0	0
1116 RS	3	9	3	3	0	5	0	0	1065 SP	5	8	3	5	0	6	4	8
1122 RS	5	3	0	6	0	8	4	3	1232 PER	7	2	5	5	0	6	4	6
1123 RS	7	8	5	2	6	5	4	8	1179 BA	7	3	6	2	0	2	2	8
1134 RS	5	8	0	5	6	6	4	8	1184 BA	7	8	5	2	0	1	0	0
1149 RS	7	2	0	8	0	5	4	8	1035 PB	5	5	6	2	0	1	0	0
1154 RS	5	8	0	8	0	4	0	0	1066 PE	7	7	0	9	0	8	4	3
1157 RS	5	8	0	2	0	1	0	0	1156 RO	5	8	3	5	6	8	0	0
1158 RS	7	9	3	2	0	4	4	8	1054 MG	5	8	3	5	6	7	4	8
1159 RS	5	9	3	2	0	1	0	0	1057 MG	3	8	3	8	0	5	4	8
1166 RS	7	8	0	7	0	3	2	8	1068 MG	3	8	0	8	0	5	4	8
1167 RS	7	5	0	7	0	4	4	8	1087 MG	7	3	5	7	2	6	3	8
1168 RS	7	5	6	4	6	3	2	8	1093 MG	5	2	5	2	0	6	3	8
1171 RS	7	9	3	4	0	5	4	8	1142 MG	7	8	0	9	0	9	0	0
1162 DES	7	5	3	7	0	3	2	8	1210 PER	7	8	0	4	0	8	4	8
1163 DES	7	8	3	9	0	9	8	8	1213 PER	7	3	0	5	0	4	4	3

**Tabela 6** - Caracterizações de oito descritores morfoagronômicos referentes a parte aérea e à raiz de 135 acessos de batata-doce para as condições ambientais do Município de Brasília-DF, 2006-2007

(conclusão)

Acesso	Parte aérea e raiz								Acesso	Parte aérea e raiz							
	CH	FR	DSR	CPP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS		CH	FR	DSR	CPP	CSP	CPPOL	CSPOL	DCS
1164 DES	7	8	5	9	0	9	0	0	1214 PER	5	6	6	7	0	5	4	3
1073 DES	3	1	0	5	0	6	4	8	1218 PER	7	8	5	2	0	4	4	6
1114 DES	3	3	6	4	0	6	0	0	1219 PER	7	8	3	7	0	1	0	0
1077 DES	7	3	0	8	0	8	4	8	1223 PER	7	7	3	4	0	7	4	8
1190 PER	7	8	4	6	0	1	0	0	1225 PER	5	3	3	4	0	8	0	0
1194 PER	7	7	3	5	0	8	0	0	1226 PER	5	3	0	6	2	4	4	3
1195 PER	7	8	0	6	0	8	4	8	1228 PER	7	1	5	2	0	1	0	0
1196 PER	7	2	2	2	0	2	0	0	1229 PER	9	5	5	6	0	2	0	0
1200 PER	7	9	4	5	0	6	4	8	1230 PER	7	7	2	7	0	1	0	0
1202 PER	7	8	4	5	0	6	4	8									

CH=comprimento da haste; FR=formato da raiz; DSR=defeitos da superfície da raiz; CPP=cor predominante da pele; CSP=cor secundária da pele; CPPOL=cor predominante da polpa; CSPOL=cor secundária da polpa; DCS=distribuição da cor secundária da polpa

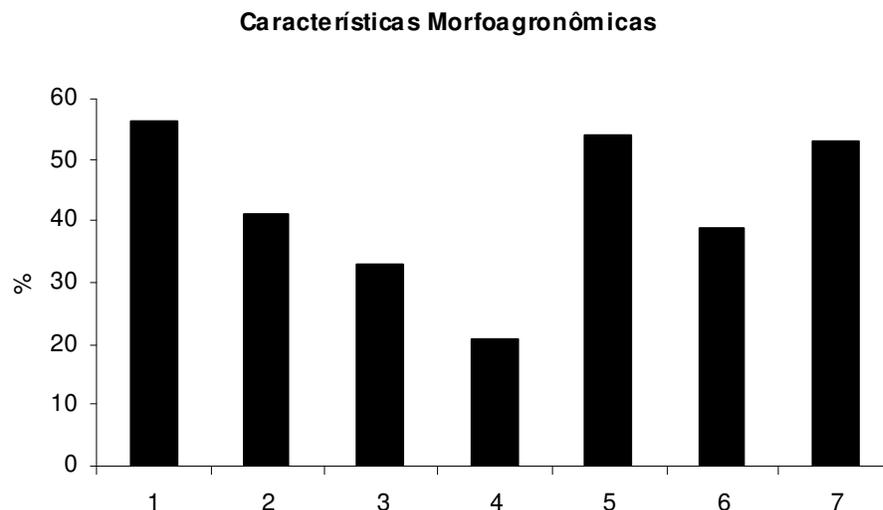
De acordo com Oliveira et al. (2000) avaliaram elevada divergência genética entre 51 clones de batata-doce originária de várias regiões brasileiras e observaram que os caracteres que contribuíram para maior diversidade foram: a distribuição da cor secundária da polpa, o formato da raiz tuberosa e os defeitos na superfície da raiz.

No trabalho atual, além desses caracteres morfoagronômicos: distribuição da cor secundária da polpa, formato da raiz tuberosa e defeitos na superfície da raiz também foi avaliado através de análise multivariada a partir da distância Euclideana e método UPGMA a produtividade em Kg/planta, porcentagem de matéria seca (% MS) e porcentagem de umidade (% Umid.). Verificou-se através dessas análises que os acessos 1029CE7, 1092PR7 e 1105PR7 se agruparam no dendrograma por apresentarem características agrônômicas similares. Para a porcentagem de matéria seca os resultados foram: 78,60; 79,28 e 69,23%, respectivamente. Para a porcentagem de umidade os resultados foram 21,40; 20,72 e 30,77% e para produtividade os resultados foram, 0,97; 2,26 e 2,18 kg/planta respectivamente. A maior porcentagem de matéria seca e a menor porcentagem de umidade foram observadas no acesso 1157RS1 (Figura 39). Souza (2000) avaliou sete acessos de batata-doce quanto a características agrônômicas, comerciais e culinárias. Obteve para características agrônômicas produtividade média de 17,2 t/ha em solo de baixa fertilidade. Quanto aos defeitos na raiz, a ocorrência de rachadura e a presença de broca foram os defeitos mais freqüentes e, por isso, também os mais prejudiciais à comercialização. A combinação de baixa freqüência de raízes comerciais e a presença de defeitos pode comprometer comercialmente uma cultivar de batata-doce, até mesmo produtiva. Esses resultados diferem da avaliação quanto aos defeitos da raiz deste trabalho, pois não se considerou como defeito o ataque por pragas ou doenças, consideraram-se apenas defeitos fisiológicos e/ou morfológicos.

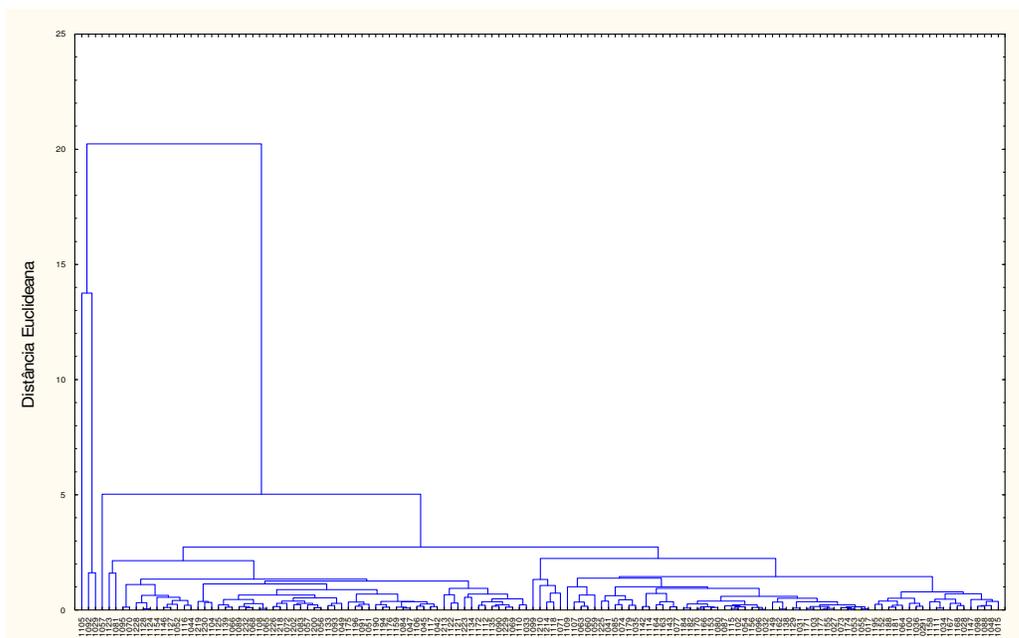
Para Ritschel e Huamán (2002) sob o aspecto de potencial de utilização, as distribuições de freqüência dos descritores morfológicos relacionados às raízes podem ser úteis na escolha de acessos a serem incluídos em ensaios de avaliação. Se o objetivo da seleção de materiais é para o consumo direto ou para a industrialização, acessos que apresentam formatos de raiz fora de padrão devem ser evitados, e preferências regionais com respeito tanto às cores da pele e da polpa ou relacionadas

com o potencial de utilização, como na fabricação do doce marron-glacê, também devem ser consideradas.

Para a característica cor predominante da pele, 33% dos acessos avaliados apresentaram coloração laranja-amarronzado, diferindo do observado por Daros et al. (2002), onde observaram a predominância para cor rosada, que é aceitável pelo mercado, esteve em 50% dos acessos (Roxinha, Amarelinha, Paraíba, Mandioca, Rosada, Rosinha de Verdan e Mazomba). A cultivar Won-B apresentou cor laranja-amarronzada que também é considerada de boa aceitabilidade pelo comércio. Esse dado é importante para ressaltar que nesse trabalho 33% dos acessos apresentaram cor predominante da pele aceitável pelo mercado. A cor secundária da pele não foi expressiva, ressaltando a ausência de cor secundária em 74%. Semelhante ao que ocorreu com a cor predominante da pele, a cor predominante da polpa também variou pouco entre os acessos estudados, com a maioria deles para amarelo escuro (Figura 38). Vale ressaltar que cultivares de batata-doce com cor predominante de polpa variando do amarelo claro ao alaranjado escuro, apesar de apresentar algum ganho nutricional em função da presença de betacaroteno, não é o preferido no mercado consumidor. Porém, vem ganhando destaque pelos benefícios que trazem a saúde.



**Figura 38** – Descritores morfoagronômicos de maior expressão da parte aérea e raiz: (1) comprimento da haste (dispersa 56,3%), (2) formato da raiz tuberosa (oblonga alongada e longa elíptica, ambas 41%), (3) cor predominante da pele (laranja-amarronzado 33%), (4) cor predominante da polpa (amarelo escuro 21%), (5) cor secundária da polpa (alaranjada 54%), (6) defeitos na superfície da raiz tuberosa (constrições horizontais rasas 39%), (7) distribuição da cor secundária da polpa (manchas cobrindo quase tudo 53%), avaliados em 135 acessos de batata-doce do Banco de Germoplasma da Embrapa-CNPB-Brasília, DF



**Figura 39** - Dendrograma obtido a partir da distância Euclidiana e método UPGMA utilizando dados de produção (kg/pl), matéria seca (%) e umidade (%) para a caracterização de 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*)

### 4.3 Diversidade genética avaliada por meio de microssatélites

Observou-se elevada variabilidade genética para os 135 acessos oriundos das cinco regiões brasileiras, acessos de regiões desconhecidas e acessos oriundos do Banco de Germoplasma do CIP (Tabela 1). O dendrograma formado pelos 135 acessos foi feito com os resultados obtidos com os “primers” lb-316, lb-318, lb-242, lb-248, lb-255F, lb-255, lb-286 e lb-297. Estes “primers” foram escolhidos, pois apresentam média quantidade de bandas, são polimórficos e apresentam repetibilidade. O dendrograma formado, baseado no coeficiente de Jaccard (J) e método UPGMA, que desconsidera as coincidências negativas, estão expostos na Figura 40.

A análise de agrupamento mostra que os materiais não se agrupam por cor ou por região geográfica, ou seja, materiais de regiões muito distantes podem ser geneticamente muito próximos, até mesmo duplicatas (clones). Os materiais do Peru não são geneticamente distintos dos materiais do Brasil, ou seja, não foram agrupados separadamente. Existe uma alta variabilidade entre os materiais estudados, que se verifica pelo coeficiente de similaridade de Jaccard que variou de 0,23 a 1,0. Os altos valores de diversidade genética também foram observados por Veasey et al. (2008) no

estudo da caracterização genética de 78 acessos de batata-doce originários de roças de agricultura tradicional do Vale do Ribeira, SP, com coeficiente de Jaccard variando de 0,3 a 1,00. Faraldo et al. (2002) avaliando batata-doce na Nova Guiné com marcadores AFLP obtiveram uma similaridade genética média de 0,72. Pouco tempo depois, Zhang et al. (2004) analisaram também com AFLP, num estudo de maiores dimensões que albergou países da América Latina até países do Pacífico, variedades de batata-doce, tendo sido verificado uma ampla variação genética. No presente trabalho, a maior variação pode estar relacionada com a grande quantidade de materiais originados de diferentes regiões do Brasil, correspondente a 15 Estados brasileiros onde existe a maior possibilidade de obter materiais divergentes, considerando a região total de estudo que engloba os acessos oriundos do Peru e de alguns outros países.

Dados similares ao verificado no presente estudo foram também constatados por Jarret e Bowen (1994), Buteler et al. (1999), Veasey et al. (2008). A alta variabilidade genética da batata-doce pode estar também relacionada ao sistema reprodutivo por alogamia da espécie, que apesar de ser propagada vegetativamente, existe a possibilidade da formação de sementes nas pequenas propriedades, devido a tendência em se manter mais de uma variedade por área, estando em acordo com Miranda (1984), que relata que as cultivares de batata-doce florescem naturalmente na maior parte do território nacional e os insetos fazem os cruzamentos. As sementes caem no solo e uma pequena porcentagem germina naturalmente, propagando-se vegetativamente. Isso explica a diversidade genética existente no meio rural brasileiro. Além disso, as altas taxas de mutações somáticas na espécie podem ter contribuído para estas altas taxas de variação genética. Em outras culturas de raízes tuberosas de propagação vegetativa, como mandioca (FARALDO et al. 2000; SIQUEIRA, 2008) e inhame (MIGNOUNA et al., 2003) também foi verificado alta variabilidade genética utilizando marcadores genéticos.

A disposição dos cultivares no dendrograma deste trabalho permitiu distinguir as mais próximas e as mais distantes geneticamente. Com o dendrograma obtido notamos que não existe uma relação entre a origem dos acessos e o grau de similaridade exposto no dendrograma (Figura 40).

Foi observada a ocorrência de oito duplicatas (acessos 1107MS6 com 1134RS6; acesso 1068MG5 com 1057MG5; acesso 1056PR5 com 1092PR7; acesso 1106MS5 com 1108MT5; acesso 1102SP7 com 1112PR7; acesso 1135SP7 com 1202PER7; acesso 1065SP6 com 1074RS8) e uma com os acessos (1118GO6, 1072PR7 e 1105PR7) todos com grau de similaridade de 100% entre os 135 acessos avaliados. Este tipo de dado tem grande importância na redução de custos na manutenção de bancos de germoplasma, já que materiais duplicados podem ser eliminados do banco de germoplasma, reduzindo os custos de manutenção dos mesmos. Porém, observamos dentre as oito duplicatas que ocorreram para a caracterização molecular, apenas as duplicatas (acesso 1068MG5 com 1057MG5 e acesso 1106MS5 com 1108MT5) ocorreram também na caracterização morfológica conforme pode ser observado na (Figura 30).

Pela existência da alta variabilidade entre os materiais estudados, que se verificou pelo coeficiente de similaridade de Jaccard que variou de 0,23 a 1,0 para os 135 acessos estudados e também para os 111 acessos das cinco regiões do Brasil (Figura 41), se propôs verificar a variabilidade desses materiais para cada região de origem separadamente. Desta forma, foram obtidos os dendrogramas através da análise de agrupamentos para os 20 acessos da região Nordeste (Figura 42 e Anexo H), verificando-se o coeficiente de similaridade de Jaccard que variou de 0,27 a 0,73. Para esta região, os mais similares foram os acessos 10291CE7 e 1035PB1 apresentam grau de similaridade de 73% e os acessos 1117BA5 e 1179BA2 apresentam grau de similaridade de 68%. Houve a formação de dois grupos, um deles contendo os acessos 1174CE8, 1184BA1, 1064BA7, 1143CE8, 1035PB1 e 10291CE7, que se diferenciaram dos demais, com um nível de confiabilidade para a diferenciação dos dois grupos de 82% pela análise de bootstraps. Para os 18 acessos da região Centro-Oeste (Figura 43 e Anexo F), o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,19 a 1,0, ou seja, mostrando grande variabilidade entre os acessos desta região. Os acessos 1106MS5 e 1108MT5 não apresentam diferenças na caracterização molecular, ou seja, a similaridade é de 100%. Os mesmos acessos também não apresentaram diferenças para caracteres morfológicos (Figura 33), ou seja, é comprovadamente considerado o mesmo material genético. Infelizmente, este resultado não pode ser comparado com as

informações de origem, já que não há maiores informações sobre estes acessos. Estes acessos formaram um grupo com os acessos 1015DF3, apresentando uma similaridade de 62%. O grau de similaridade entre os acessos 1071DF7 e 1125GO6, pelos dados moleculares, foi de 82%. Já para os acessos 1175DF7 e 1118GO6, o grau de similaridade foi de 55%. Os acessos 1070DF7, 1063MS6 e 1121MS7, formaram um grupo com grau de confiabilidade de 54% e os acessos 1146DF4, 1107MS6 e 1098MT6 formaram outro grupo com grau de confiabilidade de 45%, pela análise de bootstraps. Para os 22 acessos da região Sudeste (Figura 44 e Anexo D), observou-se coeficiente de similaridade de Jaccard de 0,28 a 1,00. Para esta região, não houve formação de grupos, porém os acessos 1057MG5 e 1068MG5 apresentaram similaridade de 100%, ou seja, formaram uma duplicata. É interessante que, para a caracterização morfológica, esses acessos mostraram-se também com elevada similaridade (68%) (Figura 34). Foi também observado elevado grau de similaridade pelo coeficiente de Jaccard entre os acessos 1088SP6 e 1042ES8 (73%), 1111SP6 e 1152SP7 (75%) e entre os acessos 1102SP7 e 1153SP6 (73%).

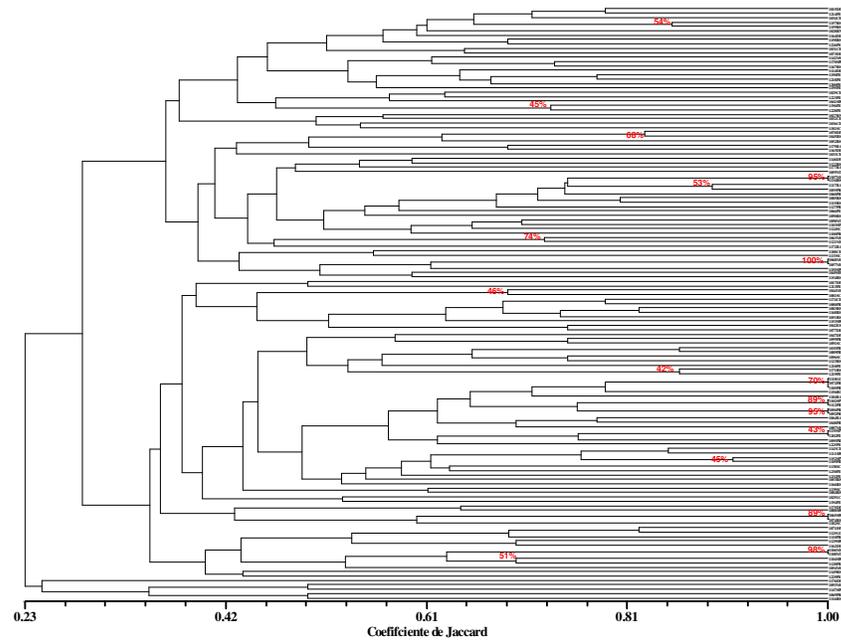
Para os 50 acessos da região Sul (Figura 45 e Anexo B), verificou-se que o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,25 a 1,0, também mostrando elevada variabilidade.. Foram observadas duas duplicatas para os acessos 1056PR5 e 1092PR7, juntamente com os acessos 1072PR7 e 1105PR7, apresentando grau de similaridade de 100%. Na caracterização morfológica, os acessos 1072PR7 e 1105PR7 mostraram-se com elevada similaridade (56%), o que não ocorreu entre os acessos 1056PR5 e 1092PR7 (Figura 35). A similaridade entre os acessos 1157RS1 e 1159RS1 foi de 85% para os microssatélites, enquanto que esses dois acessos mostraram-se idênticos para características morfológicas. A similaridade de 79% no dendrograma entre os acessos 1055PR5 e 1060PR7, pode ser devida a ambas serem da mesma região e mais precisamente do mesmo Estado. Os acessos 1080PR7, 1083RS7, 1168RS3 e 1051RS5, formaram um agrupamento com grau de confiabilidade de 41%, pela análise de bootstraps.

Para os 18 acessos oriundos do Peru-CIP (Figura 46 e Anexo J), o coeficiente de similaridade de Jaccard variou de 0,32 a 0,78, observando-se uma elevada similaridade (78%) entre os acessos 1190PER1 e 1218PER4. Já o grau de similaridade foi de 70%

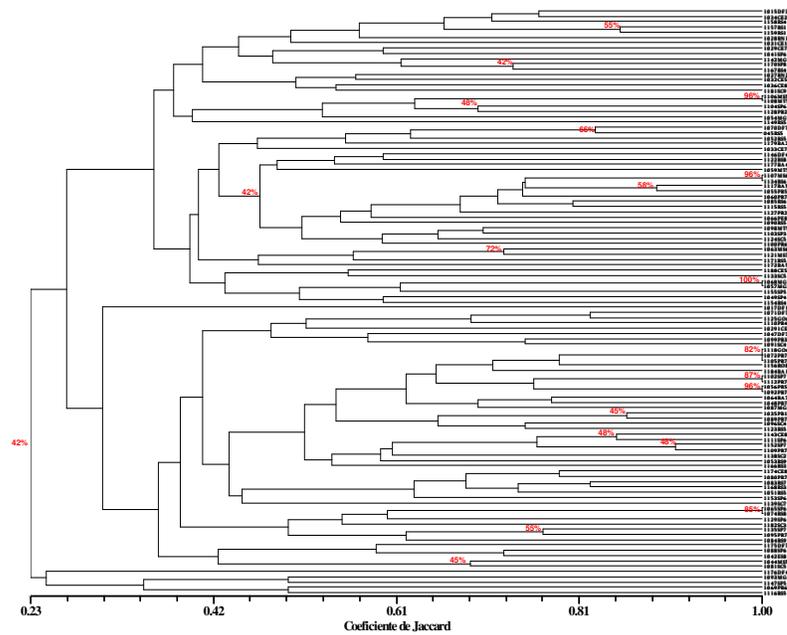
entre 1196PER2 e 1228PER1, de 72% para os acessos 1202PER6 e 1225PER8, e de 63% para os acessos 1230PER1 e 1232PER6, cujos agrupamento mostraram-se com graus de confiabilidade acima de 50% pela análise de bootstraps.

Já para os seis acessos dos outros países como Peru, Estados Unidos e Japão (Tabela 1), incluindo-se aqui materiais do Peru, mas não pertencentes ao Banco de Germoplasma do CIP (Figura 47 e Anexo L), o coeficiente de similaridade de Jaccard foi de 0,26 a 0,58. O grau de similaridade entre os acessos 1114DES6 e 1164DES9 foi de 58% e formam um grupo com o acesso 1073DES6.

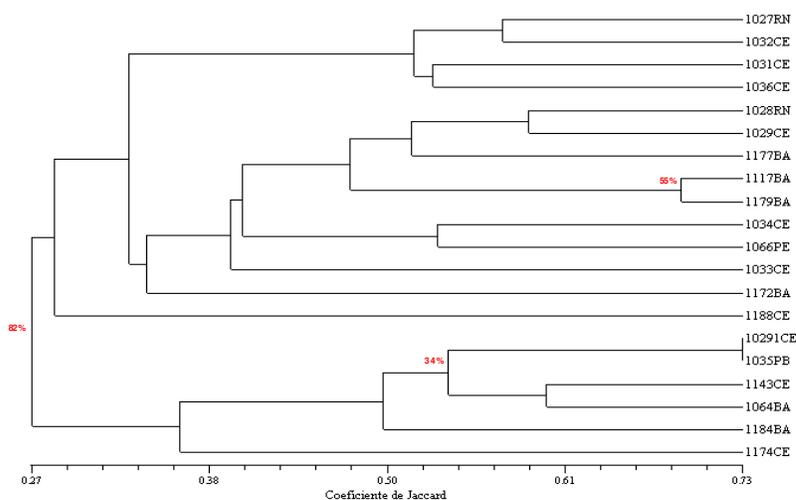
A análise de variância molecular (AMOVA) realizada para verificar como se encontra distribuída a variabilidade genética observada para todos os acessos estudados, indicou que a maior parte da variação ocorre dentro das regiões (98,42%), em comparação com a variação entre regiões (1,58%) (Anexo P). Para os acessos das regiões do Brasil, indicou que a maior parte da variação observada encontra-se dentro de regiões (98,74%), em comparação com a variação entre regiões (1,26%) (Anexo Q). Esses dados concordam, com a constatação obtida por Veasey et al. (2008) de que a maior parte da variabilidade encontra-se dentro de roças (58,2%). Fajardo et al. (2002) também observaram maior variabilidade dentro dos grupos (79,8%) em comparação entre os grupos (20,2%). O mesmo teste padrão da maior variabilidade dentro e menor variabilidade entre roças de exploração agrícola tradicionais foi observado para mandioca (SAMBATTI et al. 2000; PERONI, 2004).



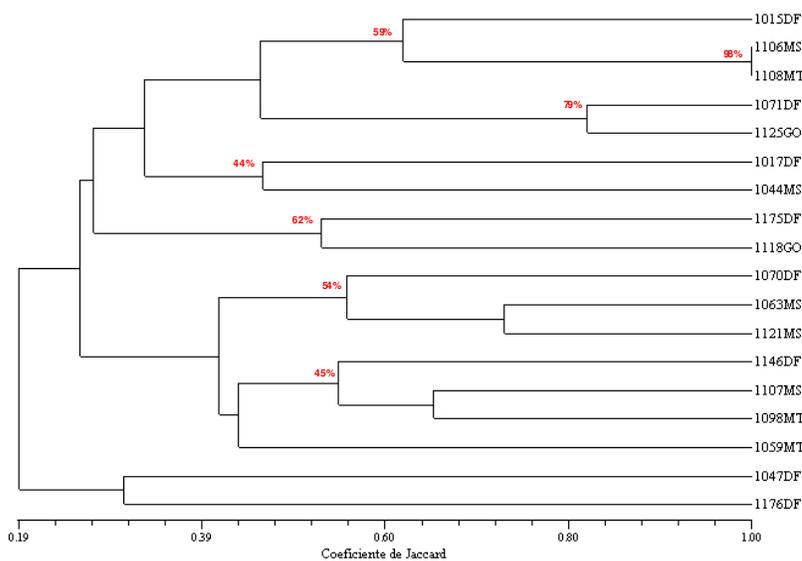
**Figura 40** – Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 135 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) do Banco de Germplasma da Embrapa- CNPH, Brasília-DF



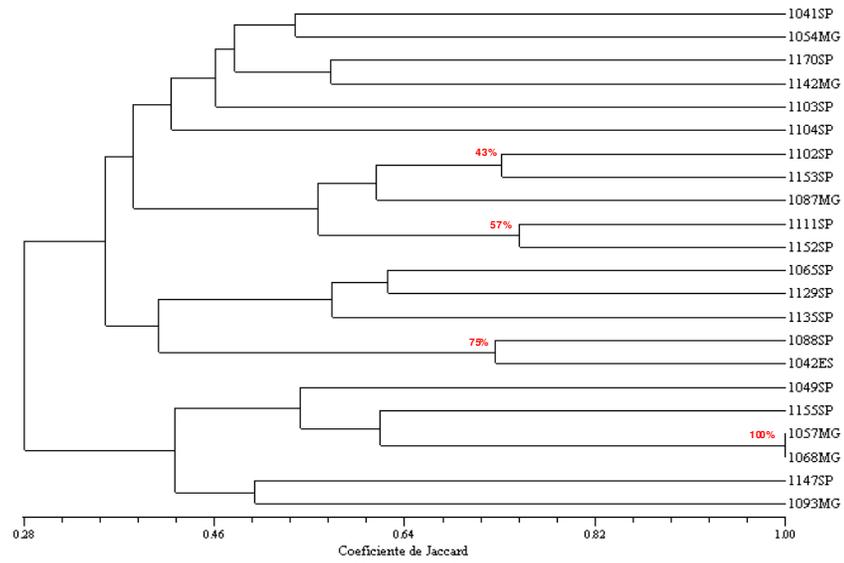
**Figura 41** – Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 111 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes as cinco regiões brasileiras



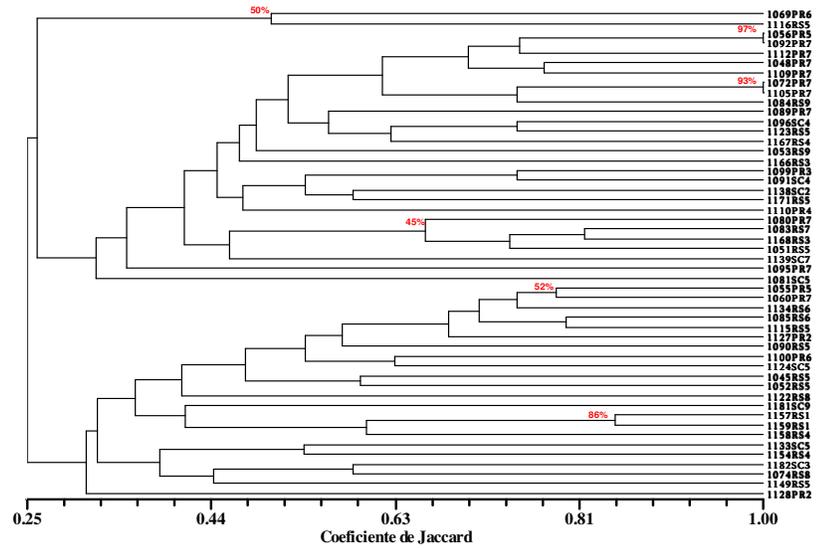
**Figura 42** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 acessos de batata-doce (*Pomoea batatas*) pertencentes a região Nordeste do Brasil



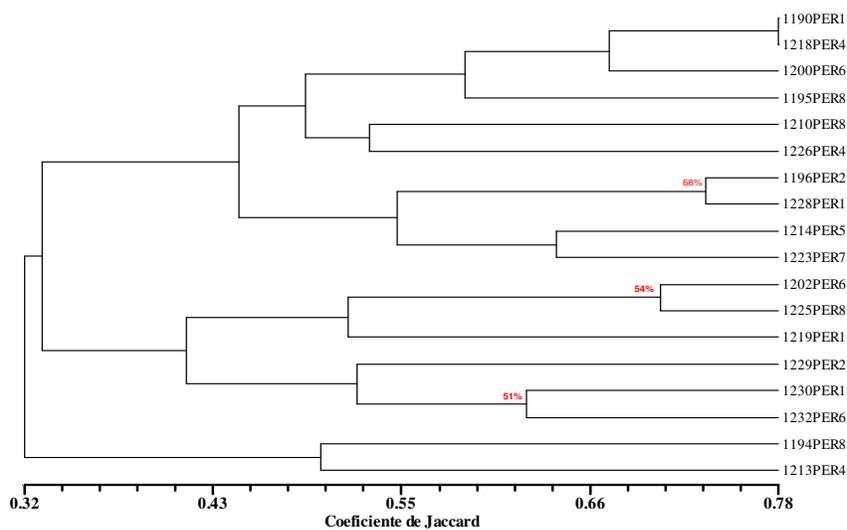
**Figura 43** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 acessos de batata-doce (*Pomoea batatas*) pertencentes à região Centro-Oeste do Brasil



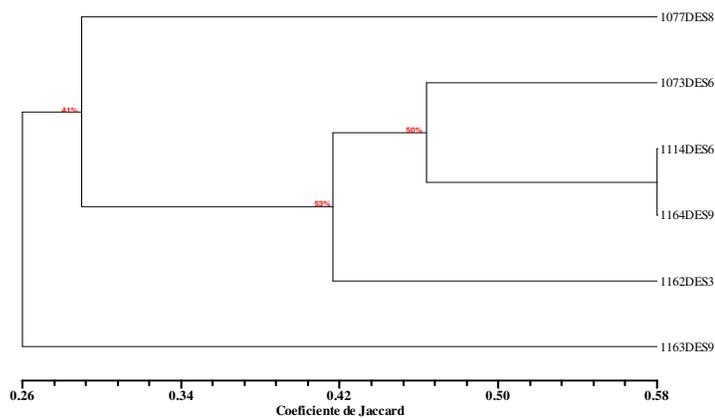
**Figura 44** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes a região Sudeste do Brasil



**Figura 45** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes região Sul do Brasil



**Figura 46** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao CIP-Peru



**Figura 47** - Dendrograma obtido pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard e índice de confiança obtidos por reamostragem do tipo bootstrap com 10.000 repetições para 6 acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas*) pertencentes ao Peru, Estados Unidos e Japão

## 5 CONCLUSÃO

Na análise de agrupamento tanto para os dados morfológicos, bem como, para os dados moleculares, observou-se que os materiais não se agrupam por cor ou por região geográfica, ou seja, materiais de regiões muito distantes podem ser geneticamente muito próximas ou até mesmo duplicatas (clones).

Os materiais da Coleção do Banco de Germoplasma do CIP-Peru e dos demais países Estados Unidos, Japão e Peru não são geneticamente distintos dos materiais do Brasil, ou seja, não foram agrupados separadamente.

Existe uma alta variabilidade entre os materiais estudados, que se verifica pelo coeficiente de similaridade de Jaccard para dados moleculares e para dados morfológicos. Para ambos os marcadores, morfológicos e moleculares, a maior parte da variação ocorre dentro das regiões.

Os resultados da análise de similaridade entre os acessos foram equivalentes, quando utilizadas características morfológicas e agronômicas ou moleculares, indicando que os métodos de caracterização tiveram o mesmo poder de resolução na distinção dos acessos.



## REFERÊNCIAS

ALBERT, B.; BRAY, D.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WATSON, J.D.  
**Molecular biology of the cell.** New York: Garland Publishing, 1994. 1408p.

ALVES, R.F. **Caracterização genética de populações de cupuaçueiro *Theobroma grandiflorum* (Willd. Ex. Spreng.) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos.** 2002. 146p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

AUSTIN, D.F. Variability in Sweet Potatoes in America. In: MARTIN, F.W. (Ed.).  
**Proceeding of the American Society for Horticultural Science**, Tropical Region, v. 27, Part.B, p. 15-26, 1983

AUSTIN, D.F. The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. In: INTERNACIONAL POTATO CENTER (Lima, Peru).  
**Exploration, maintenance and utilization of sweet potato genetic resources.** Lima: Editora, 1988. p. 27-60.

AUSTIN, O.F. Hybrid polyploids in *Ipomoea* section batatas (Convolvulaceae).  
**The Journal of Heredity**, London, v. 68, p. 259-260, 1977.

AZEVEDO, S.M.de; MALUF, W.R.; SILVEIRA, M.A. da; FREITAS, J.A de; Reação de clones de batata-doce aos insetos de solo. **Ciência Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.3, p.545-549, mai/ju., 2002.

BEUSELINCK, P.R.; STEINER, J.J. A Proposed framework for identifying, quantifying and utilizing plant germplasm resources. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 29, p. 261-272, 1992.

BLANK, A. F.; CARVALHO FILHO, J.L.S.; SANTOS NETO, A.L.; ALVES, P.B.; ARRIGONI-BLANK, M.F.; SILVA-MANN, R.; MENDONÇA, M.C. Caracterização morfológica e agrônômica de acessos de manjeriço e alfavaca. **Horticultura Brasileira**, Brasília, DF, v. 22, n. 1, p. 113-116, 2004.

BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. 969 p.

BORÉM, A.; CAIXETA, E.T., (Ed.) **Marcadores moleculares**. Viçosa,: UFV, 2006. 374 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V., (Ed.) **Melhoramentos de plantas**. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.

BRASIL Ministério da Agricultura Pecuária e do Abastecimento. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br> Acesso em: 03 abril 2007.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001. 282 p.

BUSO, G.S.C.; CIAMPI, A.Y.; MORETZOHN, M.C.; AMARAL, Z.P.S.; BRONDANI, R.V. Marcadores Microsatélites em espécies vegetais. **Revista Biotecnologia e Ciência e Desenvolvimento**, Brasília, n.30, p.46-50, Jan. Jun. 2003.

BUTELER, M.I.; JARRET, R.L.; LA BONTE, D.R. Sequence characterization of microsatellites in diploid and polyploid *Ipomoea*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 99, p. 123-132, 1999.

CARVALHO, M.P.M.; OLIVEIRA, S. de; **Características físicas e químicas de 53 cultivares de batata-doce, indicação para uso alimentar e aproveitamento industrial**. Rio de Janeiro: EMBRAPA-CTAA, 1982. 14 p.

CARVALHO, M.P.M.; MOURA, L.L.; STURN, A.P. **Influência de adubação na produção e na proteína de batata-doce.** Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMF, 1982. 13 p.

CAVALCANTE, J.T.; FERREIRA, P.V.; SOARES, L. Avaliação de clones de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.), em Rio Largo-Alagoas. **Magistra**, Cruz das Almas, v.15, n.1, jan-jun., 2003.

CEREDA, M.P. **Agricultura:** tuberosas amiláceas Latino Americanas. São Paulo: Fundação Cargill, 2002. 540p.

CEREDA, M.P.; WOSIACK, G.; CONCEIÇÃO, F.A.D. Avaliação físico-química e reológica de vinte e seis cultivares de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 2, n. 1, p. 6-12, maio, 1984.

CHEN, L.O.; LO, H.S.; CHEN, T.H.; LEE, L. Peroxidase zymograms of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) grown under hydroponic culture. **Botanical Bulletin of Academia Sinica**, Shanghai, v. 33, p. 247-252, 1992.

COELHO, A.G.S. **DBOOT Versão 1.0** Avaliação dos erros associados a estimativas de distância genética através do procedimento de bootstrap, com um número variável de marcadores. Software distribuído pelo autor, 2000.

CONTE, R. **Estrutura genética de populações de Euterpe edulis MART. Submetidas à ação antrópica utilizando marcadores alozímicos e microssatélites.** 2004. 124p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

CONTI, J. H. **Estudo de caracteres morfológicos, agronômicos e moleculares em cultivares do morango (*Fragaria x ananassa* Duch.).** 1998. 154 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

CONTI, J.H.; MINAMI, K.; TAVARES, F.C.A. Comparação dos caracteres morfológicos e agronômicos com moleculares em morangueiros cultivados no Brasil. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, p. 419-423, 2002.

CONTRERAS, J.; AUSTIN, D.F.; PUENTE, F.; DIAZ, J. Biodiversity of sweetpotato (*Ipomoea batatas*, Convolvulaceae) in Southern Mexico. **Economic Botany**, New York v.49, p.286-296, 1995.

DAROS, M. **Caracterização morfológica e estabilidade de produção de *Ipomoea batatas* em Campos dos Goytacazes, RJ**. 1999. 67p. Dissertação (Mestrado na área de Agronomia) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, RJ, 1.999.

DAROS, M.; AMARAL JR, A.T.; PEREIRA, T.N.S.; LEAL, N.R.; FREITAS, S.P.; SEDIYAMA, T. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce . **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n.1, p. 43-47, mar., 2002.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochen Bull**, v.191, p.11-15, 1987.

EDMOND. J.B.; AMMERMAN, G.R. **Sweet Potato**: Production, Processing, marketing. Westport, Connecticut: , AVI, 1971. 334 p.

FABRI, E.G.; SIQUEIRA, M.V.B.M.; BORGES, A.; MELO, P.C.T.; VEASEY, E.A.; SILVA, J.B.C. Variabilidade genética em batata-doce alaranjada com base em marcadores microssatélites. In: CONGRESSOS BRASILEIROS DE OLERICULTURA, 48. , 2008, Maringá. **Resumos...** Maringá: ABH, 2008. p. S4793-S4799 1 CD-ROM: Disponível em: [www.abhorticultura.com.br/](http://www.abhorticultura.com.br/)

FAJARDO, D.S.; LA BONTE, D.R.; JARRET, R.L. Identifying and selecting for genetic diversity in Papua New Guinea sweetpotato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. germplasm collected as botanical seed. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 49, p. 463-470, 2002.

FARALDO, M.I.F.; SILVA, R.M.; ANDO, A.; MARTINS, P.S. Variabilidade genética de etnovariedades de mandioca em regiões geográficas do Brasil. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.57, n.3, p.499-505, Jul.Set.2000

FARALDO, M.I.F.; SILVA, R.M.; ANDO, A.; VEASEY, E.A. Marcadores moleculares em mandioca. In: CEREDA, M.P. (Coord.). **Agricultura: tuberosas amiláceas Latino Americanas**. São Paulo: Fundação Cargill, v.2, 2002. p.100-117

FARINHA, N.; PÓVOA, O.; AMANTE, I. Variabilidade morfológica existente numa coleção de germoplasma de coentro (*Coriandrum sativum* L.) colhido no Sul de Portugal continental. **Anais do Instituto Superior de Agronomia**, Piracicaba, v. 49, p. 105-118, 2003.

FERREIRA, C.F.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLD em análise genética**. Brasília-DF: EBRAPA/CENARGEN, 1995. 220p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2 ed., Brasília: EMBRAPA/CERNAGEM, 1998. 220p.

FIDGORE, S.S.; KENNARD, W.C.; SONG, K.M. Assessment of the degree of restriction fragment length polymorphism in *Brassica*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 75, n. 1/2, p. 833-840, May 1988.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo Manual de Olericultura**: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 2 ed. Viçosa: UFV, 2003. v.2., cap.12, p.161-192: Solanáceas I. Batata: o alimento universal.

FOLQUER, F. La batata (camote). **Estudio de la planta y su producción comercial**. Buenos Aires: Editorial Hemisfério Sur AS, 1978. 145 p.

FRANKHAN, R.; BALLOU, J.D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos de genética da Conservação**. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética 2008. 280p.

FRANKEL, O.H.; BENNET, E. (Ed.). **Genetic resources in plants**: their exploration and conservation. Oxford: Blackwell, 1970. 554 p.

GICHUKI, S.T.; BERENYI, M.; ZHANG, D.; HERMANN, M.; SCHMIDT, J.; GLOSSL, J.; BURG, K. Genetic diversity in sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) LAM.) in relationship to geographic sources as assessed with RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 50, p. 429-437, 2003.

GOULÃO, L.; OLIVEIRA, C. M. Molecular characterisation of cultivars of apple (*Malus x domestica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. **Euphytica**, Dordrecht, v. 122, p. 81-89, 2001.

GUEDES, A.L.C.; CESAR, J.; LEITÃO, A.M. Batata-doce: nova alternativa agrícola para o Estado do Amazonas. In: CONGRESSOS BRASILEIROS DE OLERICULTURA, 20., 1980. Brasília, 1980. **Resumos....** Brasília:SOB, 1980. p. 45.

HALCOMB, J.; TOLBERT, D.M.; JAIN, S.K. A diversity analysis of genetic resources in rice. **Euphytica**. Dordrecht, v.26, p. 441-450, 1997.

HORTON, D.; PRAIN, G.; GREGORY, P. High level investment return for global sweet potato research and development. **CIP Circular**, Lima, v. 17, n.3, p. 1-11, 1989.

HU, J.; NAKATANI, M.; MIZUNO, K.; FUJIMURA, T. Development and Characterization of Microsatellite Markers in Sweetpotato. **Breeding Science**, v. 54, p. 177-188, 2004.

HUAMÁN, Z. **Descriptors for sweet potato**. Rome: CIP; AVRDC; IBPGR, 1991. 134p.

HUAMÁN, Z.; PUENTE, F. de la. Development of a sweet potato gene bank at CIP. **CIP Circular**, Lima, v. 16, p. 1-10, 1988.

HUAMÁN, Z.; AGUILAR, C.; ORTIZ, R. Selecting a Peruvian sweetpotato core collection on the base of morphological, eco-geographical, and disease and pest reaction data. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.98, p.840-844, 1999.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA-IBGE. Disponível em: <<http://ibge.gov.br>>. Acesso em: 16 out. 2008.

JARRET, R.L.; BOWEN, N. Simple sequence repeats (SSRs) for sweetpotato germplasm characterization. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Roma, v.100, p.9-11, 1994.

JESUS, O.N. de. **Caracterização morfológica e molecular de cultivares de bananeira**. 2006. 83p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2006.

- JONES, A. Phenotypic, genotypic and environmental correlation in sweet potatoes. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, Lancaster, v.95, n.3, p.326-330, 1970.
- JONES, A. Sweet potato. In: FEHR, W.R.; HADDEY, H.H. (Ed.). Hybridization of crop plants. **American Society Agronomy Inc**, Madison, p.645-655, 1980.
- JONES, A.; DUKES, P.D. Some seed, seedling, and maternal characters as estimates of commercial performance in sweet potato breeding. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, Lancaster, v. 101, n. 4, p. 385-388, 1976.
- JONES, A. Should Nishiyama's k123 (*Ipomoea trifida*) be designated. *I. Batatas?* **Economic Botany**, New York, v.21, n.2, p.163-166, 1967.
- JONES, A. Sweet potato. In: FEHR, W.R. E H.H. HADDEY (Ed.). Hybridization of crop plants. Madison: **American Society of the Agronomy** 1980. p. 645.655.
- KAY, D.E. **Root crops**. London: The Tropical Products Institute. 1973. 245 p. 2(Root crops, 2).
- KEHR, A.E.; TING, Y.C. Cytological evidence concerning the evolution of *Ipomoea batatas*. **Genetics**, Austin, v. 38, p. 672, 1953.
- KRESOVICH, S.; MCFERSON, J.R. Assessment and management of plant genetic diversity: considerations of intra and interspecific variation. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 29, p. 185-204, 1992.
- KRISHNAN, R.; MAGOON, M.L.; VIJAYA BAI, K. The pachytene chromosomes of *Ipomoea crassicaulis*. **Theoretical and Applied Genetics**., Berlin v. 39, p. 274-279, 1969.

LOVE, J.E.; HERNANDEZ, P.; MAHNOOD, M. Performance of 'Centennial' sweet potato mutants. **Hortscience**, St. Joseph, v.13, p.578-579, 1978.

MAGALHÃES, A.G. **Caracterização de genótipos de alface (*Lactuca sativa* L.) em cultivo hidropônico sob diferentes valores de condutividade elétrica da solução nutritiva**. 2006. 83p. Dissertação (Mestrado em Agronomia)- Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2006.

MARTIN, F.W.; JONES, A. The species of *Ipomoea* closely related to the sweet potato. **Economic Botany**, New York, v. 26, n. 3, p. 201-215, 1972.

MARTIN, F.W.; JONES, A.; RUBERTE, R.M. A wild *Ipomoea* species closely related to the sweet potato. **Economic Botany**, New York v. 28, n. 3, p. 287-292, 1974.

MIGNOUNA, H.D.; ABANG, M.M.; FAGBEMI, S.A. A comparative assessment of molecular marker assays (AFLP, RAPD and SSR) for white yam (*Dioscorea rotundata*) germplasm characterization. **Annals of Applied Biology**, Cambridge, v.142. p.269-276, 2003

MILLER, J.C.; TANKSLEY, S.D. RFLP analysis of phylogenetic relationships and genetic variation in the genus *Lycopersicon*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 80, n. 3, p.437-448, Sep. 1990.

MIRANDA, J.E.C. **Batata-doce: Evolução e melhoramento**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1984. 139p. (monografia).

MIRANDA, J.E.C.; F.H. FRANÇA; O.A. CARRIJO e A.F. de SOUZA, 1984. Cultivo da batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). Brasília, EMBRAPA-CNPB (**Série Instruções técnicas**).

MIRANDA, J.E.C.; FRANÇA, F.H. O programa de pesquisa de batata-doce no Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças. In: SEMINÁRIO SOBRE A CULTURA DA BATATA-DOCE, 1987, Brasília, **Anais...** Brasília: EMBRAPA-CNPB, 1987. p.65-74.

MOK, I.G.; SCHNIEDICHE, P. Collecting, characterizing, and maintaining sweetpotato germplasm in Indonésia. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Rome, v.118, p.12-18, 1999.

MONTALDO, H.H.; MEZA-HERRERA, C.A. Use of molecular markers and major genes in the genetic improvement of livestock. **Journal of Biotechnology**, Holanda, v.1, n.2, p.83-84, Ago. 1998.

MONTES, S.M.N.M.; FIRETTI, R.; GOLLA, A.R.; TARSITANO, M.A.A. **Custos e rentabilidade da batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) na região oeste do estado de São Paulo: estudo de caso**. 2008.

<[http://www.infobibos.com/Artigos/2008\\_1/batata/index.htm](http://www.infobibos.com/Artigos/2008_1/batata/index.htm)>

Acesso em: 16 jan2008

MURILO, D.V. Cultivares de batata-doce. In: ENCONTRO DE PROFESSORES, PESQUISADORES E EXTENSIONISTAS DE OLERICULTURA DO RIO GRANDE DO NORTE, 4., 1990, Mossoró. **Anais...** Mossoró: ESAM, 1990. p. 27-29.

NISHIYAMA, I. Autohexaploid evolution of the sweet potato. In: VILLAREAL, R.L.; GRIGS, T.O. (Ed.).In: SWEET POTATO: INTERNATIONAL SYMPOSIUM.1., 1982. Shanhua, Tainan, Taiwan, 1982. p. 263-274.

NISHIYAMA, I.; MIYAZAKI, T.; SAKAMOTO, S. Evolutionary autopoloidy in the sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) and its progenitor. **Euphytica**, Dordrecht v. 24, p. 197-208, 1975.

OLIVEIRA, A.C.B. de; SEDIYAMA, M.A.N.; SEDIYAMA, T.; FINGER, F.L.; CRUZ, C.D. Variabilidade genética em batata-doce com base em marcadores isoenzimáticos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.4, p.576-582, dez., 2002.

OLIVEIRA, A.C.B. de; SEDIYAMA, M.A.N.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.22, n.4, p.895-900, 2000.

PAM Produção Agrícola Municipal- **Culturas temporárias e permanentes**. Rio de Janeiro: IBGE, 2006. v.30 93 p.

PANDA, R.C.; KUMAR, A.O.; RAJA-RAO, K.G. The use of seed protein electroforesis in the study of the philogenetic relationships in chili pepper (*Capsicum* L.). **Theoretical and Applied genetics**, Berlin, v.72, n.8, p.665-670, Feb. 1986.

PEETERS, J.P.; MARTINELLI, J. A. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germplasm collection. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.78, p.42-48, 1989.

PEETERS, J.P.; WILLIAMS, J.T. Toward better use of genebanks with special reference to information. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Roma, v.60, p.22-32, 1984.

PERONI, N. **Ecologia e genética da mandioca na agricultura itinerante do litoral sul paulista: uma análise espacial e temporal**. 2004. 227p. Tese (Doutorado) Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2004.

PERRY, M.C.; McINTOSH, M.S. Geographical patterns of variation in the USDA soy bean germplasm collection: I. Morphological traits. **Crop Science**, Madison, v.31, n.5, p. 1350-1355, 1991.

PLARRE, W. Evolution and variability of especial cultivated crops in the highlands of West New Guinea (Irian Jaya) under present Neolithic conditions. **Plant Genetic Resources Newsletter**, Rome, v.103, p.1-13, 1995.

RABBANI, M.A.; IWABUCHI, A.; MURAKAMI, Y.; SUZUKI, T.; TAKAYANASHI, K. Variation and the relationship among mustard (*Brassica juncea*) germplasm from Pakistan. **Euphytica**, Dordrecht, v. 101, p. 357-366, 1998.

RAJEDRAN, P.J.; AMMA, C.S.E. Evaluation of sweet potato germplasm. In: KURUP, G.T.; PALANISWANI, M.S.; POTTY, V.P.; PADMAJA, G.; LABEERATHUMMA, S.; PILLAI, S.V. (Ed.). **Tropical Tuber Crops**: problems, prospects and future strategics. New Hampshire: Science Publishers, 1996. p.113-119.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na Agropecuária**. 3 ed. Lavras: Editora da Universidade de Lavras, 2004. 472p.

RITSCHER, P.S.; HUAMÁN, Z. Variabilidade morfológica da coleção de germoplasma de batata-doce da Embrapa- Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, p.485-492, 2002.

RITSCHER, P.S.; HUAMÁN, Z.; LOPES, C.A.; MENÉZES, J.E.; TORRES, A.C. **Catálogo de germoplasma de batata-doce**: I. Coleção mantida pela Embrapa Hortaliças. Brasília: EMBRAPA-CNPQ, 1999. 47p.

RITSCHER, P.S.; THOMAZELLI, L.F.; HUAMÁN, Z. **Caracterização morfológica de germoplasma de batata-doce mantido pela EPAGRI**. Brasília: EMBRAPA, CNPQ, 1998. (Pesquisa em andamento, 16).

ROHLF, J. **NTSYS-pc**: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 1.70 (software). New York: Stony Brook, 1992.

SAMBATTI, J.B.M.; MARTINS, T.S.; ANDO, A. Distribuição da diversidade isoenzimática e morfológica da mandioca na agricultura autóctone de Ubatuba. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.57, p.75-80, 2000.

SCAPIM, C.A.; PIRES, I.E.; CRUZ, C.D.; AMARAL, A.T. Jr.; BRACCINI, A.L.; OLIVEIRA, V. R. Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh, por meio da análise multivariada. **Revista Ceres**, Piracicaba, v. 46, n. 266, p. 347-356, 1999.

SCHNEIDER, S.; ROESSLI, D.; EXCOFFIER, L. **Arlequin ver. 2000**: a software for population data analysis. Geneva: University of Geneva, Genetic and Biometry Laboratory, 2000. Available at: <http://anthropologic.unige.ch/arlequin>. Acesso em: 14 oct. 2004.

SCOTT, K.D.; EGGLE, P.; SEATON, G.; ROSSETTO, E.M.; LEE, L.; HENRY, R.J. Analysis of SSRs derived from grape ESTs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.100, n.5, p. 723-726, Mar. 2000.

SETZER, J. **Atlas climático e ecológico do estado de São Paulo**. São Paulo: Comissão Interestadual da Bacia do Paraná-Uruguaí, 1966. 618p.

SILVA, H. T. **Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares / variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA Arroz e Feijão, 2005. 32p.

SILVA, J.B.C.; LOPES, C.A.; MAGALHÃES, J.S. **Cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas* L.)**. Brasília: EMBRAPA-CNPq, 2004. (Sistema de produção, n.6) .Disponível em: <<http://www.cnpq.embrapa.br/sistprod/batatadoce>>. Acesso em: 27 jul. 2005.

SINGH, S.P.; GUTIERREZ, J.A.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, Washington v. 31, p. 23-29, 1991.

SIQUEIRA, M.V.B.M. **Diversidade genética de etnovarietades de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) em áreas de Cerrado no Estado do Mato Grosso do Sul e de variedades comerciais por meio de microssatélites**. 2008. 88p. Dissertação (Mestrado em Ecologia Aplicada) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C.; BOWEN, S.L.; TENBORG, R.A.; WALL, S.J. Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F1 grain yield, grain yield, heterosis, and RFLPs. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 80, n. 6, p.833-840, Jan. 1990.

SOUZA, A.B de. Avaliação de cultivares de batata-doce quanto a atributos agronômicos desejáveis. **Ciência Agrotecnologia**, Lavras, v.24, n.4, p.841-845, out/dez., 2000.

STEFANOVIC, S.; KRUEGER, L. ; OLMSTEAD, R.G. Monophyly of the Convolvulaceae and circumscription of their major lineages based on DNA sequences of multiple chloroplast loci. **American Journal of Botany**, New York, v. 89, n. 9, p.1510-1522, 2002

STEINBAUER, C.E. :KUSHMAN; L.J. **Sweet-potato culture and diseases**. Washington, D.C. U.S.D.A, 1971. 74p. (Agriculture Handbook ,388)

STRAUSS, M.S.; PINO, J.A.; COHEN, J.I. Quantification of diversity in ex-situ plant collections. **Diversity**, Bethesda, v.16, p.30-32, 1989.

TING, Y.C. ; KEHR, A.E. Meiotic studies in the sweet potato (*Ipomoea batatas* Lam). **The Journal of Heredity**, London v. 44, n. 5, p. 207-211, 1953.

TIOUTINE, M.G. Breeding and selection of sweet potato. **The Journal of Heredity**, London, v.26, n.1, p. 3-10, 1935.

VALOIS, A.C.C. Acesso aos recursos genéticos e repartição de benefícios: uma visão atual e de futuro. In: LIMA, M.C. **Recursos genéticos de hortaliças: riquezas naturais**. São Luis: Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura, 2005, cap 1, p.15-76.

VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G. **Genética**. Viçosa: Editora UFV, 2003. p.247-270. v.1- fundamentos.

VEASEY, E.A.; BORGES, A.; ROSA, M.S.; SILVA, J.R.Q.; BRESSAN, E.A.; PERONI, N. Genetic diversity Brazilian sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam., Solanales, Convolvulaceae) landraces assessed with microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 3, p. 725-733, 2008.

VEASEY, E.A.; SILVA, J.R.Q.; ROSA, M.S.; BORGES, A.; BRESSAN, E.A.; PERONI, N. Phenology and morphological diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas*) landraces of the Vale do Ribeira. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 64, n.4, p. 416-427, July/August. 2007.

ZHANG, D.; CERVANTES, J.; HUAMÁM, Z.; CAREY, E.; GHISLAIN, M.; Assessing genetic diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical América using AFLP. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 47, p. 659-665, 2000.

ZHANG, D.; ROSSEL, G.; KRIEGNER, A.; HIJMANS, R. AFLP assessment of diversity in sweetpotato from Latin América and the Pacific region: Its implications on the dispersal of the crop. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 51, p. 115-120, 2004.

WILLIAMS, J.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, London v.18, p. 6531-6535, 1990

YEN, D.E. Sweet potato – *Ipomoea batatas* (Convolvulaceae). In: SIMMONOS, N.W. (Ed.). **Evolution of crop plantas**. London: Longman, 1976. p. 42-45.

## **ANEXOS**

**Anexo A – Ficha de avaliação para característica morfoagronômicas com descritores sugeridos por Huamán (1991)**

(continua)

**Tipo de planta**

- Comprimento da haste.  
 3. Ereta (<75 cm)  
 5. Semi-ereta (75-150 cm)  
 7. Dispersa (151-250 cm)  
 9. Muito dispersa (>250 cm)

**Cor da rama****A. Predominante**

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

**B. Secundária**

0. Ausente  
 1. Base verde  
 2. Ponta verde  
 3. Nós verdes  
 4. Base avermelhada  
 5. Ponta avermelhada  
 6. Nós avermelhados  
 7. Outras

**Formato da folha madura****A. Formato geral**

1. Redonda



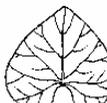
1. Rounded

2. Reniforme (rím)



2. Reniform (kidney-shaped)

3. Cordiforme (coração)



3. Cordate (heart-shaped)

4. Triangular



4. Triangular

5. Lanceolada (lança)



5. Hastate

6. Lobulada



6. Lobed

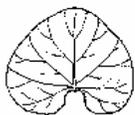
7. Quase dividida



7. Almost divided

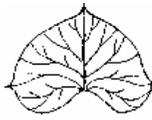
**B. Tipo de lóbulos**

0. Sem lóbulo (lisa)



0. No lateral lobe (entire lobe)

1. Muito suave (dente)



1. Very slight (teeth)

3. Suave



3. Slight

5. Moderado



5. Moderate

7. Profundo



7. Deep

8. Muito profundo



9. Very deep

**C. Número de lóbulos**

Os dois lóbulos basais das folhas não são contados. Contam-se os lóbulos laterais e o central.

Geralmente as folhas têm :

0 – Se a folha é redonda e lisa

1 – Se não tem lóbulos lateral

3

5

7

9

**D. Formato do lóbulo central**

0. Ausente – folha redonda e lisa

1. Dentado (dente)



1. Toothed

2. Triangular



2. Triangular

3. Semi-circular



3. Semi-circular

4. Semi-elíptico



4. Semi-elliptic

**Anexo A – Ficha de avaliação para característica morfoagronômicas com descritores sugeridos por Huamán (1991)**

(continuação)

5. Elíptico



5. Elíptico

6. Lanceolado



6. Lanceolate

7. Oblongo-lanceolado



7. Oblanceolate

8. Linear largo

9. Linear estreito



9. Linea (narrow)

**Tamanho da folha madura**

Comprimento entre a extremidade da folha e o lóbulo basal

3 – Pequena (< 8 cm)

5 – Média (8 – 15 cm)

7 – Grande (16 – 25 cm)

9 – Muito grande (>25 cm)

**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 nervuras parcialmente vermelhas

8. Todas nervuras totalmente vermelhas

9. Superfície inferior e nervuras totalmente vermelhas

**Cor da folha**

**Folha madura**

1. Amarelo-esverdeado

2. Verde

3. Verde com pontas avermelhadas

4. Verde-acinzentado (devido à pubescência)

5. Verde com veias roxas

6. Roxo suave

7. Predominante mente roxo

8. Verde superior e roxo no verso

9. Roxo em ambas as faces

**Folha imatura**

1. Amarela-esverdeada

2. Verde

3. Verde com pontas avermelhadas

4. Verde-acinzentado (devido à pubescência)

5. Verde com veias roxas

6. Roxa suave

7. Predominante mente roxa

8. Verde superior e roxo no verso

9. Roxo em ambas as faces

**Peciolo**

**A. Comprimento**

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)

**B. Pigmentação**

Distribuição de antocianina indica a coloração predominante

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 peciolo roxos outros verdes

9. Completamente roxo

**Raiz tuberosa**

**A. Formato**

1. Redondo



1. Round

2. Redondo – elíptico



2. Round-elliptic

3. Elíptico



3. Elliptic

4. Ovalado (ponta delgada ligada à planta)

5. Obovado (ponta delgada distal)



5. Obovate

6. Oblonga (quase quadrada)



6. Oblong

7. Oblonga alongada (retangular)



7. Long oblong

**Anexo A – Ficha de avaliação para característica morfoagronômicas com descritores sugeridos por Huamán (1991)**

(conclusão)

8. Longa elíptica  
9. Longa irregular ou curvada

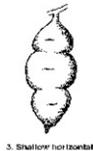
**B. Defeitos na superfície**

0. Ausente  
1. Pele de jacaré

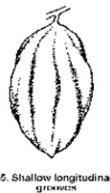


2. Veias

0. Condições horizontais rasas  
4. Condições horizontais profundas



5. Dobras longitudinais rasas



6. Dobras longitudinais profundas  
7. Condições e dobras profundas  
8. Outros

**Cor da pele**

**A. Cor predominante**

1. Branco  
2. Creme  
3. Amarelo  
4. Alaranjado  
5. Laranja - amarronzado  
6. Rosado  
7. Vermelho  
8. Roxo avermelhado  
9. Roxo escuro

**B. Intensidade**

1. Pálido  
2. Intermediário  
3. Escuro

**C. Cor secundária**

0. Ausente  
1. Branco  
2. Creme  
3. Amarelo  
4. alaranjado  
5. Laranja - amarronzado  
6. Rosado  
7. Vermelho  
8. Roxo avermelhado  
9. Roxo escuro

**Cor da polpa**

**A. Cor predominante**

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 arroxeado

**B. Cor secundária**

0. Ausente  
1. Branco  
2. Creme  
3. Amarelo  
4. Alaranjado  
5. Rosado  
6. Vermelho  
7. Vermelho escuro  
8. Roxo  
9. Roxo escuro

**C. Distribuição da cor secundária**

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

**Anexo B – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1069a1109caracterização molecular)**

(continua)

acesso	1069PR6	1055PR5	1056PR5	1048PR7	1072PR7	1060PR7	1080PR7	1089PR7	1092PR7	1099PR3	1100PR6	1105PR7	1095PR7	1109PR7
1069PR6	1,000													
1055PR5	0,167	1,000												
1056PR5	0,235	0,148	1,000											
1048PR7	0,188	0,250	0,750	1,000										
1072PR7	0,313	0,263	0,714	0,750	1,000									
1060PR7	0,167	0,790	0,107	0,136	0,200	1,000								
1080PR7	0,167	0,167	0,500	0,467	0,412	0,217	1,000							
1089PR7	0,222	0,357	0,286	0,625	0,500	0,188	0,222	1,000						
1092PR7	0,235	0,160	1,000	0,750	0,714	0,115	0,500	0,333	1,000					
1099PR3	0,167	0,333	0,333	0,556	0,333	0,333	0,357	0,571	0,333	1,000				
1100PR6	0,091	0,529	0,211	0,286	0,154	0,529	0,357	0,222	0,167	0,375	1,000			
1105PR7	0,313	0,263	0,714	0,750	1,000	0,200	0,412	0,500	0,714	0,333	0,154	1,000		
1095PR7	0,143	0,222	0,375	0,357	0,500	0,158	0,214	0,231	0,375	0,222	0,167	0,500	1,000	
1109PR7	0,385	0,389	0,667	0,778	0,667	0,316	0,500	0,444	0,667	0,313	0,455	0,667	0,444	1,000
1110PR4	0,235	0,333	0,381	0,421	0,500	0,273	0,333	0,333	0,381	0,455	0,188	0,500	0,467	0,429
1112PR7	0,188	0,182	0,706	0,588	0,750	0,130	0,467	0,400	0,800	0,400	0,188	0,750	0,500	0,778
1127PR2	0,167	0,700	0,107	0,182	0,263	0,700	0,273	0,188	0,115	0,333	0,471	0,263	0,158	0,389
1128PR2	0,177	0,360	0,143	0,286	0,211	0,360	0,300	0,235	0,154	0,286	0,316	0,211	0,263	0,278
1091SC4	0,214	0,250	0,467	0,539	0,462	0,250	0,333	0,375	0,539	0,750	0,100	0,462	0,300	0,455
1096SC4	0,333	0,278	0,533	0,615	0,643	0,278	0,438	0,500	0,533	0,600	0,182	0,643	0,417	0,429
1124SC5	0,177	0,619	0,200	0,263	0,278	0,546	0,217	0,357	0,217	0,313	0,625	0,278	0,313	0,444
1081SC5	0,250	0,111	0,292	0,250	0,278	0,154	0,353	0,177	0,318	0,333	0,158	0,278	0,150	0,429
1133SC5	0,188	0,409	0,208	0,263	0,375	0,476	0,191	0,214	0,227	0,200	0,333	0,375	0,188	0,278
1138SC2	0,417	0,278	0,462	0,455	0,462	0,353	0,571	0,333	0,462	0,462	0,273	0,462	0,333	0,600
1139SC7	0,211	0,200	0,409	0,400	0,444	0,111	0,444	0,455	0,409	0,308	0,100	0,444	0,278	0,400
1181SC9	0,177	0,360	0,200	0,200	0,353	0,417	0,217	0,056	0,217	0,250	0,368	0,353	0,222	0,316
1182SC3	0,200	0,300	0,400	0,417	0,300	0,316	0,308	0,273	0,357	0,400	0,500	0,300	0,333	0,267
1134RS6	0,158	0,750	0,185	0,238	0,316	0,750	0,208	0,267	0,200	0,235	0,588	0,316	0,222	0,529
1090RS5	0,357	0,546	0,115	0,143	0,294	0,478	0,167	0,200	0,125	0,167	0,368	0,294	0,111	0,368
1045RS5	0,167	0,522	0,192	0,300	0,263	0,522	0,318	0,357	0,208	0,539	0,625	0,263	0,278	0,316
1083RS7	0,167	0,148	0,684	0,556	0,500	0,192	0,714	0,200	0,765	0,333	0,150	0,500	0,222	0,429

## Anexo B – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1069 a 1109 caracterização molecular)

(conclusão)

acesso	1069PR6	1055PR5	1056PR5	1048PR7	1072PR7	1060PR7	1080PR7	1089PR7	1092PR7	1099PR3	1100PR6	1105PR7	1095PR7	1109PR7
1084RS9	0,300	0,278	0,375	0,375	0,750	0,211	0,286	0,400	0,375	0,250	0,143	0,750	0,556	0,385
1085RS6	0,353	0,636	0,138	0,174	0,300	0,714	0,250	0,235	0,148	0,375	0,529	0,300	0,200	0,500
1074RS8	0,182	0,222	0,539	0,429	0,556	0,158	0,357	0,200	0,539	0,231	0,154	0,556	0,500	0,357
1051RS5	0,222	0,160	0,500	0,400	0,471	0,160	0,563	0,333	0,500	0,455	0,111	0,471	0,211	0,333
1052RS5	0,177	0,417	0,154	0,191	0,278	0,478	0,400	0,200	0,167	0,357	0,444	0,278	0,294	0,263
1053RS9	0,400	0,154	0,476	0,556	0,500	0,111	0,333	0,500	0,476	0,333	0,158	0,500	0,333	0,667
1115RS5	0,313	0,790	0,148	0,182	0,263	0,700	0,217	0,267	0,160	0,250	0,563	0,263	0,222	0,471
1116RS5	0,500	0,095	0,286	0,071	0,300	0,150	0,143	0,200	0,286	0,154	0,077	0,300	0,286	0,200
1122RS8	0,286	0,455	0,167	0,150	0,235	0,391	0,182	0,214	0,182	0,125	0,316	0,235	0,111	0,278
1123RS5	0,267	0,294	0,571	0,667	0,692	0,158	0,375	0,714	0,571	0,500	0,200	0,692	0,546	0,462
1149RS5	0,111	0,346	0,192	0,191	0,211	0,458	0,217	0,250	0,208	0,429	0,227	0,211	0,211	0,250
1154RS4	0,125	0,368	0,211	0,286	0,313	0,368	0,143	0,273	0,235	0,133	0,214	0,313	0,455	0,222
1157RS1	0,158	0,385	0,179	0,174	0,316	0,500	0,318	0,167	0,192	0,429	0,421	0,316	0,191	0,389
1158RS4	0,214	0,217	0,174	0,191	0,357	0,333	0,263	0,167	0,191	0,364	0,167	0,357	0,200	0,200
1159RS1	0,100	0,400	0,185	0,238	0,250	0,458	0,318	0,250	0,200	0,539	0,444	0,250	0,143	0,389
1166RS3	0,462	0,192	0,474	0,471	0,571	0,148	0,300	0,417	0,474	0,286	0,150	0,571	0,294	0,643
1167RS4	0,294	0,400	0,391	0,444	0,667	0,346	0,318	0,462	0,429	0,429	0,286	0,667	0,438	0,563
1168RS3	0,063	0,250	0,429	0,455	0,357	0,250	0,692	0,400	0,500	0,400	0,250	0,357	0,188	0,308
1171RS5	0,273	0,400	0,278	0,546	0,500	0,350	0,357	0,333	0,313	0,455	0,353	0,500	0,167	0,500

**Anexo B – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1110 a 1134 caracterização molecular)**

(continua)

acesso	1110PR4	1112PR7	1127PR2	1128PR2	1091SC4	1096SC4	1124SC5	1081SC5	1133SC5	1138SC2	1139SC7	1181SC9	1182SC3	1134RS6
1110PR4	1,000													
1112PR7	0,529	1,000												
1127PR2	0,333	0,125	1,000											
1128PR2	0,381	0,167	0,478	1,000										
1091SC4	0,539	0,467	0,313	0,333	1,000									
1096SC4	0,643	0,500	0,353	0,375	0,727	1,000								
1124SC5	0,227	0,250	0,478	0,360	0,188	0,222	1,000							
1081SC5	0,333	0,238	0,250	0,240	0,462	0,294	0,115	1,000						
1133SC5	0,238	0,250	0,409	0,348	0,267	0,313	0,409	0,120	1,000					
1138SC2	0,462	0,455	0,353	0,313	0,600	0,583	0,263	0,462	0,167	1,000				
1139SC7	0,429	0,500	0,200	0,148	0,313	0,389	0,115	0,304	0,120	0,429	1,000			
1181SC9	0,350	0,250	0,478	0,360	0,357	0,375	0,417	0,261	0,348	0,353	0,160	1,000		
1182SC3	0,286	0,286	0,250	0,250	0,182	0,300	0,368	0,313	0,412	0,214	0,188	0,238	1,000	
1134RS6	0,261	0,227	0,667	0,346	0,167	0,200	0,667	0,148	0,600	0,263	0,148	0,400	0,368	1,000
1090RS5	0,182	0,136	0,478	0,214	0,118	0,167	0,417	0,077	0,476	0,200	0,120	0,308	0,286	0,591
1045RS5	0,333	0,227	0,522	0,346	0,400	0,438	0,522	0,154	0,391	0,353	0,154	0,400	0,316	0,440
1083RS7	0,381	0,526	0,240	0,280	0,467	0,533	0,154	0,409	0,261	0,462	0,409	0,250	0,313	0,185
1084RS9	0,615	0,500	0,263	0,333	0,364	0,500	0,200	0,429	0,294	0,308	0,615	0,278	0,429	0,263
1085RS6	0,250	0,167	0,714	0,333	0,294	0,316	0,565	0,185	0,435	0,471	0,103	0,440	0,286	0,682
1074RS8	0,462	0,462	0,211	0,211	0,250	0,364	0,278	0,500	0,313	0,200	0,462	0,222	0,583	0,278
1051RS5	0,611	0,588	0,261	0,304	0,615	0,600	0,077	0,450	0,174	0,462	0,550	0,273	0,200	0,111
1052RS5	0,421	0,182	0,478	0,417	0,250	0,375	0,417	0,261	0,409	0,294	0,160	0,360	0,412	0,400
1053RS9	0,304	0,421	0,111	0,107	0,357	0,438	0,160	0,304	0,120	0,583	0,455	0,160	0,250	0,148
1115RS5	0,273	0,174	0,619	0,308	0,167	0,211	0,619	0,111	0,409	0,353	0,154	0,360	0,300	0,750
1116RS5	0,385	0,400	0,150	0,143	0,429	0,444	0,143	0,333	0,111	0,333	0,200	0,263	0,200	0,095
1122RS8	0,136	0,091	0,391	0,185	0,059	0,177	0,524	0,125	0,208	0,167	0,125	0,280	0,263	0,435
1123RS5	0,571	0,539	0,222	0,235	0,500	0,750	0,313	0,235	0,250	0,385	0,412	0,235	0,333	0,211
1149RS5	0,400	0,238	0,346	0,250	0,267	0,294	0,400	0,304	0,280	0,353	0,200	0,400	0,444	0,385
1154RS4	0,400	0,250	0,300	0,333	0,200	0,250	0,444	0,158	0,533	0,177	0,150	0,300	0,417	0,421
1157RS1	0,304	0,217	0,440	0,286	0,313	0,333	0,385	0,333	0,375	0,353	0,185	0,440	0,238	0,480
1158RS4	0,333	0,182	0,261	0,208	0,250	0,462	0,273	0,263	0,368	0,308	0,250	0,400	0,250	0,261

**Anexo B – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1110 a 1134 caracteres molecular)**

(conclusão)

<b>acesso</b>	<b>1110PR4</b>	<b>1112PR7</b>	<b>1127PR2</b>	<b>1128PR2</b>	<b>1091SC4</b>	<b>1096SC4</b>	<b>1124SC5</b>	<b>1081SC5</b>	<b>1133SC5</b>	<b>1138SC2</b>	<b>1139SC7</b>	<b>1181SC9</b>	<b>1182SC3</b>	<b>1134RS6</b>
<b>1159RS1</b>	0,318	0,227	0,458	0,296	0,400	0,333	0,346	0,348	0,333	0,353	0,240	0,400	0,191	0,440
<b>1166RS3</b>	0,350	0,412	0,192	0,240	0,417	0,400	0,192	0,421	0,273	0,500	0,261	0,240	0,467	0,231
<b>1167RS4</b>	0,450	0,421	0,296	0,296	0,400	0,600	0,458	0,192	0,333	0,533	0,292	0,346	0,250	0,385
<b>1168RS3</b>	0,357	0,385	0,389	0,412	0,417	0,500	0,191	0,313	0,167	0,364	0,429	0,238	0,182	0,191
<b>1171RS5</b>	0,429	0,286	0,421	0,500	0,625	0,667	0,333	0,353	0,300	0,583	0,400	0,556	0,238	0,333

**Anexo B – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1090 a 1149 caracterização molecular)**

(continua)

acesso	1090RS5	1045RS5	1083RS7	1084RS9	1085RS6	1074RS8	1051RS5	1052RS5	1053RS9	1115RS5	1116RS5	1122RS8	1123RS5	1149RS5
1090RS5	1,000													
1045RS5	0,400	1,000												
1083RS7	0,115	0,240	1,000											
1084RS9	0,250	0,143	0,375	1,000										
1085RS6	0,636	0,609	0,179	0,191	1,000									
1074RS8	0,263	0,150	0,539	0,533	0,143	1,000								
1051RS5	0,080	0,261	0,667	0,500	0,148	0,357	1,000							
1052RS5	0,360	0,591	0,304	0,278	0,440	0,294	0,333	1,000						
1053RS9	0,167	0,154	0,348	0,467	0,185	0,333	0,292	0,115	1,000					
1115RS5	0,700	0,522	0,148	0,263	0,800	0,211	0,115	0,417	0,200	1,000				
1116RS5	0,143	0,263	0,286	0,267	0,250	0,200	0,385	0,211	0,177	0,150	1,000			
1122RS8	0,455	0,320	0,167	0,158	0,417	0,235	0,083	0,280	0,174	0,524	0,158	1,000		
1123RS5	0,177	0,375	0,375	0,556	0,200	0,556	0,438	0,313	0,467	0,222	0,300	0,267	1,000	
1149RS5	0,250	0,333	0,292	0,412	0,370	0,438	0,261	0,346	0,200	0,346	0,316	0,375	0,235	1,000
1154RS4	0,300	0,350	0,211	0,500	0,273	0,455	0,158	0,444	0,167	0,368	0,231	0,333	0,357	0,444
1157RS1	0,333	0,423	0,269	0,200	0,462	0,211	0,240	0,500	0,185	0,385	0,191	0,214	0,278	0,370
1158RS4	0,208	0,304	0,286	0,294	0,250	0,313	0,250	0,450	0,250	0,208	0,200	0,227	0,385	0,450
1159RS1	0,296	0,500	0,280	0,150	0,423	0,158	0,304	0,400	0,192	0,346	0,143	0,179	0,278	0,333
1166RS3	0,292	0,231	0,333	0,438	0,269	0,375	0,333	0,240	0,450	0,240	0,211	0,208	0,429	0,231
1167RS4	0,296	0,385	0,333	0,353	0,370	0,294	0,304	0,458	0,348	0,400	0,211	0,320	0,643	0,333
1168RS3	0,136	0,421	0,818	0,200	0,227	0,182	0,818	0,444	0,188	0,191	0,214	0,200	0,385	0,182
1171RS5	0,261	0,421	0,278	0,429	0,318	0,267	0,429	0,300	0,375	0,333	0,177	0,238	0,556	0,333

**Anexo B – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1154 a 1171 caracterização molecular)**  
(conclusão)

<b>acesso</b>	<b>1154RS4</b>	<b>1157RS1</b>	<b>1158RS4</b>	<b>1159RS1</b>	<b>1166RS3</b>	<b>1167RS4</b>	<b>1168RS3</b>	<b>1171RS5</b>
<b>1154RS4</b>	1,000							
<b>1157RS1</b>	0,286	1,000						
<b>1158RS4</b>	0,400	0,667	1,000					
<b>1159RS1</b>	0,227	0,850	0,526	1,000				
<b>1166RS3</b>	0,294	0,138	0,130	0,143	1,000			
<b>1167RS4</b>	0,350	0,480	0,526	0,385	0,333	1,000		
<b>1168RS3</b>	0,158	0,350	0,222	0,421	0,222	0,300	1,000	
<b>1171RS5</b>	0,357	0,333	0,333	0,421	0,412	0,421	0,364	1,000

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1048 a 1105 caracterização morfológica)**

(conclusão)

acesso	1048PR7	1055PR5	1056PR5	1060PR7	1069PR6	1072PR7	1080PR7	1089PR7	1092PR7	1095PR7	1099PR3	1100PR6	1105PR7
1181SC9	0,167	0,135	0,105	0,200	0,235	0,235	0,105	0,105	0,105	0,167	0,167	0,105	0,167
1182SC3	0,355	0,235	0,355	0,200	0,273	0,355	0,200	0,313	0,273	0,500	0,235	0,167	0,500
1074RS8	0,135	0,200	0,235	0,200	0,235	0,200	0,167	0,235	0,167	0,400	0,105	0,105	0,235
1045RS5	0,235	0,273	0,200	0,167	0,135	0,135	0,200	0,200	0,167	0,167	0,313	0,200	0,105
1051RS5	0,313	0,400	0,235	0,235	0,200	0,200	0,167	0,200	0,200	0,273	0,273	0,167	0,235
1052RS5	0,273	0,355	0,200	0,200	0,167	0,200	0,167	0,200	0,167	0,273	0,235	0,167	0,167
1053RS9	0,135	0,167	0,105	0,135	0,200	0,167	0,135	0,167	0,200	0,135	0,313	0,105	0,135
1083RS7	0,556	0,313	0,448	0,235	0,200	0,500	0,500	0,556	0,680	0,448	0,200	0,355	0,500
1084RS9	0,167	0,355	0,448	0,200	0,235	0,200	0,105	0,135	0,167	0,273	0,077	0,077	0,273
1085RS6	0,313	0,200	0,105	0,273	0,200	0,200	0,135	0,135	0,135	0,200	0,200	0,135	0,105
1090RS5	0,167	0,313	0,235	0,050	0,167	0,200	0,167	0,200	0,167	0,167	0,273	0,135	0,135
1115RS5	0,200	0,273	0,273	0,200	0,105	0,355	0,273	0,200	0,355	0,313	0,135	0,200	0,273
1116RS5	0,400	0,135	0,167	0,273	0,167	0,235	0,273	0,200	0,313	0,200	0,235	0,273	0,200
1122RS8	0,448	0,167	0,200	0,313	0,135	0,235	0,273	0,135	0,273	0,167	0,355	0,235	0,273
1123RS5	0,200	0,313	0,235	0,050	0,135	0,273	0,200	0,273	0,235	0,200	0,273	0,167	0,135
1134RS6	0,313	0,273	0,273	0,105	0,200	0,235	0,448	0,615	0,500	0,400	0,235	0,355	0,273
1149RS5	0,200	0,355	0,400	0,105	0,200	0,167	0,077	0,200	0,135	0,235	0,135	0,077	0,235
1154RS4	0,235	0,167	0,135	0,167	0,105	0,077	0,235	0,135	0,135	0,050	0,400	0,200	0,077
1157RS1	0,235	0,235	0,273	0,200	0,105	0,167	0,167	0,077	0,135	0,135	0,200	0,105	0,135
1158RS4	0,400	0,355	0,273	0,200	0,400	0,273	0,313	0,400	0,500	0,400	0,313	0,313	0,313
1159RS1	0,200	0,235	0,200	0,200	0,235	0,167	0,135	0,105	0,167	0,135	0,200	0,077	0,135
1166RS3	0,400	0,105	0,135	0,273	0,105	0,200	0,313	0,273	0,200	0,235	0,313	0,235	0,167
1167RS4	0,200	0,313	0,313	0,105	0,273	0,167	0,135	0,235	0,200	0,313	0,167	0,135	0,235
1168RS3	0,135	0,135	0,105	0,235	0,077	0,105	0,273	0,135	0,135	0,200	0,235	0,200	0,077
1171RS5	0,355	0,313	0,313	0,235	0,313	0,235	0,313	0,448	0,400	0,448	0,235	0,273	0,313

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1048 a 1105 caracterização morfológica)**

(conclusão)

acesso	1048PR7	1055PR5	1056PR5	1060PR7	1069PR6	1072PR7	1080PR7	1089PR7	1092PR7	1095PR7	1099PR3	1100PR6	1105PR7
1181SC9	0,167	0,135	0,105	0,200	0,235	0,235	0,105	0,105	0,105	0,167	0,167	0,105	0,167
1182SC3	0,355	0,235	0,355	0,200	0,273	0,355	0,200	0,313	0,273	0,500	0,235	0,167	0,500
1074RS8	0,135	0,200	0,235	0,200	0,235	0,200	0,167	0,235	0,167	0,400	0,105	0,105	0,235
1045RS5	0,235	0,273	0,200	0,167	0,135	0,135	0,200	0,200	0,167	0,167	0,313	0,200	0,105
1051RS5	0,313	0,400	0,235	0,235	0,200	0,200	0,167	0,200	0,200	0,273	0,273	0,167	0,235
1052RS5	0,273	0,355	0,200	0,200	0,167	0,200	0,167	0,200	0,167	0,273	0,235	0,167	0,167
1053RS9	0,135	0,167	0,105	0,135	0,200	0,167	0,135	0,167	0,200	0,135	0,313	0,105	0,135
1083RS7	0,556	0,313	0,448	0,235	0,200	0,500	0,500	0,556	0,680	0,448	0,200	0,355	0,500
1084RS9	0,167	0,355	0,448	0,200	0,235	0,200	0,105	0,135	0,167	0,273	0,077	0,077	0,273
1085RS6	0,313	0,200	0,105	0,273	0,200	0,200	0,135	0,135	0,135	0,200	0,200	0,135	0,105
1090RS5	0,167	0,313	0,235	0,050	0,167	0,200	0,167	0,200	0,167	0,167	0,273	0,135	0,135
1115RS5	0,200	0,273	0,273	0,200	0,105	0,355	0,273	0,200	0,355	0,313	0,135	0,200	0,273
1116RS5	0,400	0,135	0,167	0,273	0,167	0,235	0,273	0,200	0,313	0,200	0,235	0,273	0,200
1122RS8	0,448	0,167	0,200	0,313	0,135	0,235	0,273	0,135	0,273	0,167	0,355	0,235	0,273
1123RS5	0,200	0,313	0,235	0,050	0,135	0,273	0,200	0,273	0,235	0,200	0,273	0,167	0,135
1134RS6	0,313	0,273	0,273	0,105	0,200	0,235	0,448	0,615	0,500	0,400	0,235	0,355	0,273
1149RS5	0,200	0,355	0,400	0,105	0,200	0,167	0,077	0,200	0,135	0,235	0,135	0,077	0,235
1154RS4	0,235	0,167	0,135	0,167	0,105	0,077	0,235	0,135	0,135	0,050	0,400	0,200	0,077
1157RS1	0,235	0,235	0,273	0,200	0,105	0,167	0,167	0,077	0,135	0,135	0,200	0,105	0,135
1158RS4	0,400	0,355	0,273	0,200	0,400	0,273	0,313	0,400	0,500	0,400	0,313	0,313	0,313
1159RS1	0,200	0,235	0,200	0,200	0,235	0,167	0,135	0,105	0,167	0,135	0,200	0,077	0,135
1166RS3	0,400	0,105	0,135	0,273	0,105	0,200	0,313	0,273	0,200	0,235	0,313	0,235	0,167
1167RS4	0,200	0,313	0,313	0,105	0,273	0,167	0,135	0,235	0,200	0,313	0,167	0,135	0,235
1168RS3	0,135	0,135	0,105	0,235	0,077	0,105	0,273	0,135	0,135	0,200	0,235	0,200	0,077
1171RS5	0,355	0,313	0,313	0,235	0,313	0,235	0,313	0,448	0,400	0,448	0,235	0,273	0,313

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1109 a 1182 caracterização morfológica)**

(continua)

acesso	1109PR7	1110PR4	1112PR7	1127PR2	1128PR2	1081SC5	1091SC4	1096SC4	1124SC5	1133SC5	1138SC2	1139SC7	1181SC9	1182SC3
1109PR7	1,000													
1110PR4	0,024	1,000												
1112PR7	0,355	0,135	1,000											
1127PR2	0,105	0,235	0,167	1,000										
1128PR2	0,135	0,200	0,200	0,313	1,000									
1081SC5	0,105	0,167	0,105	0,135	0,235	1,000								
1091SC4	0,135	0,200	0,105	0,235	0,313	0,313	1,000							
1096SC4	0,077	0,400	0,077	0,355	0,235	0,235	0,500	1,000						
1124SC5	0,077	0,200	0,135	0,200	0,235	0,680	0,273	0,273	1,000					
1133SC5	0,273	0,105	0,167	0,273	0,235	0,167	0,167	0,273	0,135	1,000				
1138SC2	0,313	0,105	0,235	0,200	0,167	0,313	0,105	0,167	0,235	0,235	1,000			
1139SC7	0,105	0,135	0,135	0,105	0,077	0,105	0,024	0,105	0,167	0,200	0,105	1,000		
1181SC9	0,167	0,200	0,135	0,273	0,167	0,167	0,235	0,355	0,200	0,200	0,167	0,105	1,000	
1182SC3	0,200	0,135	0,313	0,105	0,135	0,313	0,105	0,135	0,273	0,105	0,355	0,135	0,200	1,000
1074RS8	0,105	0,135	0,135	0,135	0,200	0,235	0,135	0,200	0,235	0,135	0,235	0,050	0,167	0,273
1045RS5	0,167	0,235	0,135	0,313	0,235	0,355	0,273	0,448	0,355	0,235	0,200	0,105	0,135	0,135
1051RS5	0,167	0,313	0,273	0,355	0,313	0,273	0,200	0,313	0,313	0,200	0,105	0,077	0,167	0,235
1052RS5	0,135	0,400	0,167	0,313	0,200	0,355	0,200	0,313	0,355	0,200	0,105	0,105	0,200	0,200
1053RS9	0,135	0,235	0,105	0,200	0,200	0,167	0,273	0,448	0,235	0,355	0,135	0,235	0,400	0,077
1083RS7	0,400	0,105	0,355	0,050	0,077	0,200	0,077	0,077	0,135	0,167	0,400	0,167	0,105	0,355
1084RS9	0,077	0,135	0,105	0,105	0,135	0,448	0,167	0,167	0,400	0,135	0,313	0,167	0,200	0,313
1085RS6	0,167	0,235	0,235	0,355	0,235	0,200	0,200	0,355	0,273	0,200	0,135	0,077	0,313	0,167
1090RS5	0,167	0,273	0,135	0,235	0,167	0,355	0,400	0,355	0,313	0,135	0,167	0,050	0,200	0,235
1115RS5	0,167	0,313	0,167	0,135	0,077	0,167	0,235	0,355	0,200	0,105	0,077	0,105	0,200	0,235
1116RS5	0,355	0,050	0,400	0,200	0,167	0,105	0,135	0,167	0,105	0,355	0,313	0,167	0,200	0,235
1122RS8	0,235	0,135	0,448	0,200	0,273	0,135	0,105	0,135	0,200	0,273	0,273	0,200	0,200	0,235
1123RS5	0,167	0,313	0,105	0,135	0,167	0,355	0,400	0,400	0,355	0,200	0,135	0,105	0,167	0,135
1134RS6	0,313	0,167	0,235	0,077	0,077	0,313	0,167	0,135	0,235	0,135	0,355	0,077	0,105	0,273
1149RS5	0,077	0,135	0,135	0,105	0,135	0,615	0,200	0,167	0,500	0,167	0,313	0,105	0,105	0,313
1154RS4	0,313	0,105	0,167	0,273	0,273	0,200	0,200	0,313	0,135	0,680	0,273	0,167	0,167	0,105
1157RS1	0,167	0,077	0,167	0,273	0,273	0,235	0,273	0,313	0,235	0,313	0,235	0,235	0,135	0,200

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1109 a 1182 caracterização morfológica)**

(conclusão)

acesso	1109PR7	1110PR4	1112PR7	1127PR2	1128PR2	1081SC5	1091SC4	1096SC4	1124SC5	1133SC5	1138SC2	1139SC7	1181SC9	1182SC3
1158RS4	0,200	0,200	0,355	0,135	0,135	0,355	0,235	0,200	0,273	0,167	0,448	0,105	0,167	0,355
1159RS1	0,200	0,077	0,200	0,313	0,200	0,167	0,273	0,313	0,200	0,355	0,135	0,235	0,167	0,167
1166RS3	0,273	0,135	0,355	0,135	0,167	0,167	0,077	0,167	0,135	0,235	0,448	0,135	0,105	0,235
1167RS4	0,050	0,200	0,167	0,105	0,135	0,500	0,235	0,235	0,400	0,077	0,313	0,077	0,105	0,355
1168RS3	0,167	0,200	0,105	0,135	0,105	0,167	0,167	0,200	0,167	0,135	0,105	0,077	0,050	0,200

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1074 a 1122 caracterização morfológica)**

(continua)

<b>acesso</b>	<b>1074RS8</b>	<b>1045RS5</b>	<b>1051RS5</b>	<b>1052RS5</b>	<b>1053RS9</b>	<b>1083RS7</b>	<b>1084RS9</b>	<b>1085RS6</b>	<b>1090RS5</b>	<b>1115RS5</b>	<b>1116RS5</b>	<b>1122RS8</b>
<b>1074RS8</b>	1,000											
<b>1045RS5</b>	0,077	1,000										
<b>1051RS5</b>	0,135	0,400	1,000									
<b>1052RS5</b>	0,135	0,500	0,615	1,000								
<b>1053RS9</b>	0,235	0,167	0,167	0,200	1,000							
<b>1083RS7</b>	0,167	0,135	0,135	0,135	0,167	1,000						
<b>1084RS9</b>	0,313	0,135	0,135	0,235	0,273	0,235	1,000					
<b>1085RS6</b>	0,135	0,400	0,355	0,448	0,167	0,105	0,200	1,000				
<b>1090RS5</b>	0,105	0,448	0,448	0,355	0,167	0,135	0,105	0,235	1,000			
<b>1115RS5</b>	0,200	0,313	0,400	0,355	0,273	0,273	0,200	0,235	0,448	1,000		
<b>1116RS5</b>	0,235	0,135	0,167	0,135	0,235	0,313	0,135	0,135	0,105	0,167	1,000	
<b>1122RS8</b>	0,167	0,167	0,273	0,200	0,273	0,273	0,200	0,235	0,135	0,200	0,273	1,000
<b>1123RS5</b>	0,105	0,500	0,235	0,355	0,273	0,200	0,167	0,313	0,500	0,400	0,135	0,077
<b>1134RS6</b>	0,167	0,235	0,135	0,167	0,200	0,500	0,167	0,135	0,235	0,235	0,167	0,200
<b>1149RS5</b>	0,167	0,235	0,200	0,273	0,077	0,200	0,400	0,167	0,235	0,135	0,135	0,167
<b>1154RS4</b>	0,135	0,235	0,167	0,135	0,355	0,200	0,135	0,135	0,135	0,077	0,313	0,313
<b>1157RS1</b>	0,235	0,273	0,135	0,167	0,235	0,200	0,313	0,235	0,200	0,200	0,355	0,235
<b>1158RS4</b>	0,235	0,200	0,200	0,235	0,167	0,448	0,273	0,167	0,200	0,167	0,313	0,235
<b>1159RS1</b>	0,235	0,235	0,200	0,200	0,273	0,167	0,235	0,273	0,167	0,200	0,400	0,167
<b>1166RS3</b>	0,105	0,235	0,135	0,135	0,135	0,273	0,135	0,135	0,105	0,050	0,313	0,273
<b>1167RS4</b>	0,235	0,235	0,200	0,273	0,105	0,200	0,355	0,167	0,235	0,167	0,105	0,167
<b>1168RS3</b>	0,167	0,313	0,200	0,313	0,105	0,077	0,167	0,200	0,200	0,200	0,105	0,077
<b>1171RS5</b>	0,313	0,167	0,200	0,235	0,135	0,355	0,273	0,105	0,167	0,167	0,313	0,200

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1123 a 1171 caracterização morfológica)**

(conclusão)

acesso	1123RS5	1134RS6	1149RS5	1154RS4	1157RS1	1158RS4	1159RS1	1166RS3	1167RS4	1168RS3	1171RS5
1123RS5	1,000										
1134RS6	0,273	1,000									
1149RS5	0,273	0,200	1,000								
1154RS4	0,135	0,200	0,200	1,000							
1157RS1	0,273	0,135	0,200	0,355	1,000						
1158RS4	0,200	0,313	0,313	0,167	0,135	1,000					
1159RS1	0,235	0,105	0,135	0,313	0,680	0,167	1,000				
1166RS3	0,135	0,235	0,167	0,313	0,273	0,273	0,167	1,000			
1167RS4	0,235	0,235	0,500	0,135	0,167	0,448	0,135	0,200	1,000		
1168RS3	0,235	0,105	0,135	0,135	0,167	0,167	0,135	0,273	0,235	1,000	
1171RS5	0,167	0,400	0,355	0,105	0,077	0,680	0,105	0,273	0,400	0,200	1,000

**Anexo C – Coeficiente de similaridade de Jaccard para 50 genótipos de batata-doce da região Sul do Brasil (1123 a 1171 caracterização morfológica)**

(conclusão)

<b>acesso</b>	<b>1123RS5</b>	<b>1134RS6</b>	<b>1149RS5</b>	<b>1154RS4</b>	<b>1157RS1</b>	<b>1158RS4</b>	<b>1159RS1</b>	<b>1166RS3</b>	<b>1167RS4</b>	<b>1168RS3</b>	<b>1171RS5</b>
<b>1123RS5</b>	1,000										
<b>1134RS6</b>	0,273	1,000									
<b>1149RS5</b>	0,273	0,200	1,000								
<b>1154RS4</b>	0,135	0,200	0,200	1,000							
<b>1157RS1</b>	0,273	0,135	0,200	0,355	1,000						
<b>1158RS4</b>	0,200	0,313	0,313	0,167	0,135	1,000					
<b>1159RS1</b>	0,235	0,105	0,135	0,313	0,680	0,167	1,000				
<b>1166RS3</b>	0,135	0,235	0,167	0,313	0,273	0,273	0,167	1,000			
<b>1167RS4</b>	0,235	0,235	0,500	0,135	0,167	0,448	0,135	0,200	1,000		
<b>1168RS3</b>	0,235	0,105	0,135	0,135	0,167	0,167	0,135	0,273	0,235	1,000	
<b>1171RS5</b>	0,167	0,400	0,355	0,105	0,077	0,680	0,105	0,273	0,400	0,200	1,000

**Anexo D** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 genótipos de batata-doce da região Sudeste do Brasil (1041 a 1155 caracterização molecular)

(continua)

acesso	1041SP6	1049SP4	1065SP6	1088SP6	1102SP7	1103SP3	1104SP6	1111SP6	1129SP6	1135SP7	1147SP5	1152SP7	1153SP6	1155SP5
<b>1041SP6</b>	1,000													
<b>1049SP4</b>	0,409	1,000												
<b>1065SP6</b>	0,214	0,235	1,000											
<b>1088SP6</b>	0,364	0,160	0,545	1,000										
<b>1102SP7</b>	0,316	0,167	0,500	0,353	1,000									
<b>1103SP3</b>	0,476	0,429	0,200	0,318	0,316	1,000								
<b>1104SP6</b>	0,348	0,320	0,278	0,208	0,160	0,429	1,000							
<b>1111SP6</b>	0,500	0,263	0,200	0,353	0,615	0,444	0,333	1,000						
<b>1129SP6</b>	0,250	0,263	0,625	0,438	0,412	0,250	0,263	0,538	1,000					
<b>1135SP7</b>	0,368	0,318	0,583	0,412	0,550	0,300	0,250	0,500	0,563	1,000				
<b>1147SP5</b>	0,333	0,286	0,200	0,211	0,278	0,263	0,217	0,263	0,417	0,353	1,000			
<b>1152SP7</b>	0,389	0,263	0,200	0,353	0,600	0,316	0,263	0,750	0,333	0,389	0,286	1,000		
<b>1153SP6</b>	0,600	0,261	0,462	0,438	0,733	0,412	0,304	0,600	0,286	0,444	0,154	0,583	1,000	
<b>1155SP5</b>	0,409	0,579	0,214	0,208	0,211	0,364	0,304	0,316	0,353	0,333	0,563	0,278	0,250	1,000
<b>1170SP8</b>	0,474	0,292	0,294	0,300	0,381	0,450	0,333	0,412	0,353	0,500	0,350	0,438	0,318	0,500
<b>1054MG7</b>	0,538	0,200	0,308	0,429	0,313	0,429	0,500	0,538	0,500	0,400	0,182	0,250	0,421	0,294
<b>1057MG5</b>	0,364	0,524	0,250	0,217	0,208	0,450	0,435	0,353	0,412	0,304	0,421	0,263	0,261	0,611
<b>1068MG5</b>	0,333	0,526	0,214	0,190	0,182	0,444	0,500	0,333	0,400	0,286	0,412	0,235	0,238	0,625
<b>1087MG6</b>	0,429	0,278	0,385	0,357	0,563	0,250	0,211	0,500	0,333	0,529	0,286	0,462	0,667	0,188
<b>1093MG6</b>	0,381	0,240	0,167	0,174	0,227	0,333	0,391	0,278	0,158	0,217	0,500	0,294	0,208	0,474
<b>1142MG9</b>	0,500	0,333	0,500	0,438	0,462	0,500	0,500	0,500	0,385	0,462	0,200	0,583	0,600	0,316
<b>1042ES8</b>	0,357	0,111	0,300	0,727	0,250	0,267	0,462	0,357	0,400	0,364	0,167	0,273	0,333	0,167

**Anexo D** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 genótipos de batata-doce da região Sudeste do Brasil (1170 a 1042 caracterização molecular)

	(conclusão)							
<b>acesso</b>	<b>1170SP8</b>	<b>1054MG7</b>	<b>1057MG5</b>	<b>1068MG5</b>	<b>1087MG6</b>	<b>1093MG6</b>	<b>1142MG9</b>	<b>1042ES8</b>
<b>1170SP8</b>	1,000							
<b>1054MG7</b>	0,412	1,000						
<b>1057MG5</b>	0,409	0,333	1,000					
<b>1068MG5</b>	0,400	0,400	1,000	1,000				
<b>1087MG6</b>	0,412	0,267	0,263	0,235	1,000			
<b>1093MG6</b>	0,429	0,333	0,476	0,526	0,158	1,000		
<b>1142MG9</b>	0,571	0,538	0,353	0,333	0,444	0,278	1,000	
<b>1042ES8</b>	0,286	0,500	0,118	0,143	0,273	0,118	0,357	1,000

**Anexo D** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 genótipos de batata-doce da região Sudeste do Brasil (1170 a 1042 caracterização molecular)

	(conclusão)							
acesso	1170SP8	1054MG7	1057MG5	1068MG5	1087MG6	1093MG6	1142MG9	1042ES8
1170SP8	1,000							
1054MG7	0,412	1,000						
1057MG5	0,409	0,333	1,000					
1068MG5	0,400	0,400	1,000	1,000				
1087MG6	0,412	0,267	0,263	0,235	1,000			
1093MG6	0,429	0,333	0,476	0,526	0,158	1,000		
1142MG9	0,571	0,538	0,353	0,333	0,444	0,278	1,000	
1042ES8	0,286	0,500	0,118	0,143	0,273	0,118	0,357	1,000

**Anexo E** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 genótipos de batata-doce da região Sudeste do Brasil (1054 a 1111  
caracterização morfológica)

(continua)

acesso	1054MG7	1057MG5	1068MG5	1087MG6	1093MG6	1142MG9	1041SP6	1049SP4	1065SP6	1088SP6	1102SP7	1103SP3	1104SP6	1111SP6
1054MG7	1,000													
1057MG5	0,200	1,000												
1068MG5	0,167	0,680	1,000											
1087MG6	0,355	0,105	0,105	1,000										
1093MG6	0,200	0,200	0,200	0,355	1,000									
1142MG9	0,077	0,200	0,200	0,105	0,105	1,000								
1041SP6	0,235	0,105	0,105	0,273	0,167	0,167	1,000							
1049SP4	0,077	0,200	0,200	0,024	0,135	0,448	0,105	1,000						
1065SP6	0,400	0,273	0,200	0,273	0,355	0,167	0,235	0,235	1,000					
1088SP6	0,448	0,235	0,167	0,313	0,200	0,135	0,355	0,135	0,400	1,000				
1102SP7	0,400	0,235	0,167	0,235	0,313	0,135	0,235	0,235	0,750	0,313	1,000			
1103SP3	0,167	0,167	0,200	0,235	0,135	0,313	0,167	0,167	0,200	0,135	0,200	1,000		
1104SP6	0,235	0,235	0,313	0,273	0,355	0,313	0,135	0,167	0,273	0,235	0,200	0,313	1,000	
1111SP6	0,556	0,273	0,200	0,355	0,355	0,167	0,313	0,200	0,615	0,680	0,500	0,167	0,313	1,000
1135SP7	0,135	0,235	0,200	0,200	0,200	0,273	0,135	0,313	0,355	0,200	0,448	0,235	0,200	0,273
1129SP6	0,273	0,273	0,355	0,355	0,400	0,135	0,235	0,105	0,273	0,355	0,235	0,235	0,400	0,355
1147SP5	0,105	0,313	0,400	0,077	0,200	0,167	0,135	0,200	0,200	0,200	0,200	0,167	0,235	0,235
1152SP7	0,500	0,273	0,313	0,400	0,273	0,167	0,235	0,135	0,355	0,400	0,355	0,235	0,313	0,448
1153SP6	0,500	0,200	0,200	0,615	0,355	0,105	0,200	0,050	0,400	0,400	0,355	0,235	0,313	0,500
1155SP5	0,167	0,313	0,400	0,167	0,200	0,200	0,077	0,135	0,235	0,105	0,273	0,235	0,313	0,200
1170SP8	0,400	0,105	0,077	0,355	0,273	0,135	0,200	0,200	0,273	0,400	0,273	0,105	0,105	0,448
1042ES8	0,235	0,273	0,313	0,167	0,105	0,167	0,273	0,135	0,167	0,400	0,200	0,105	0,200	0,313

**Anexo E** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 22 genótipos de batata-doce da região Sudeste do Brasil (1135 a 1042  
 caracterização morfológica)

(conclusão)

<b>acesso</b>	<b>1135SP7</b>	<b>1129SP6</b>	<b>1147SP5</b>	<b>1152SP7</b>	<b>1153SP6</b>	<b>1155SP5</b>	<b>1170SP8</b>	<b>1042ES8</b>
<b>1135SP7</b>	1,000							
<b>1129SP6</b>	0,235	1,000						
<b>1147SP5</b>	0,200	0,235	1,000					
<b>1152SP7</b>	0,167	0,313	0,235	1,000				
<b>1153SP6</b>	0,235	0,400	0,167	0,556	1,000			
<b>1155SP5</b>	0,235	0,235	0,448	0,235	0,313	1,000		
<b>1170SP8</b>	0,200	0,235	0,135	0,355	0,500	0,105	1,000	
<b>1042ES8</b>	0,235	0,313	0,200	0,200	0,167	0,235	0,200	1,000

**Anexo F** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce da região Centro-Oeste do Brasil (1015 a 1059 caracterização molecular)

(continua)

	1015DF3	1017DF7	1047DF7	1070DF7	1071DF7	1146DF4	1175DF7	1176DF4	1044MS5	1063MS6	1106MS5	1107MS6	1121MS7	1059MT5
<b>1015DF3</b>	1,000													
<b>1017DF7</b>	0,167	1,000												
<b>1047DF7</b>	0,167	0,313	1,000											
<b>1070DF7</b>	0,355	0,135	0,167	1,000										
<b>1071DF7</b>	0,167	0,135	0,135	0,105	1,000									
<b>1146DF4</b>	0,135	0,200	0,273	0,167	0,200	1,000								
<b>1175DF7</b>	0,135	0,235	0,235	0,273	0,105	0,167	1,000							
<b>1176DF4</b>	0,273	0,167	0,167	0,313	0,135	0,167	0,167	1,000						
<b>1044MS5</b>	0,235	0,313	0,313	0,135	0,200	0,235	0,105	0,273	1,000					
<b>1063MS6</b>	0,235	0,235	0,355	0,273	0,135	0,355	0,167	0,313	0,500	1,000				
<b>1106MS5</b>	0,167	0,235	0,235	0,200	0,273	0,355	0,313	0,273	0,167	0,313	1,000			
<b>1107MS6</b>	0,105	0,235	0,235	0,235	0,167	0,400	0,167	0,167	0,200	0,500	0,400	1,000		
<b>1121MS7</b>	0,200	0,135	0,167	0,077	0,200	0,200	0,273	0,167	0,200	0,105	0,235	0,135	1,000	
<b>1059MT5</b>	0,200	0,273	0,355	0,200	0,135	0,448	0,200	0,167	0,313	0,448	0,355	0,680	0,200	1,000
<b>1098MT5</b>	0,355	0,235	0,355	0,448	0,167	0,355	0,235	0,355	0,400	0,680	0,400	0,355	0,105	0,400
<b>1108MT5</b>	0,355	0,273	0,273	0,235	0,135	0,105	0,167	0,355	0,273	0,167	0,167	0,105	0,235	0,167
<b>1118GO6</b>	0,200	0,273	0,355	0,235	0,077	0,077	0,135	0,273	0,200	0,167	0,167	0,135	0,167	0,135
<b>1125GO6</b>	0,273	0,200	0,200	0,105	0,135	0,167	0,273	0,200	0,167	0,135	0,235	0,167	0,750	0,235

**Anexo F** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce da região Centro-Oeste do Brasil (1098 a 1125 caracterização molecular)

(conclusão)

<b>acesso</b>	<b>1098MT5</b>	<b>1108MT5</b>	<b>1118GO6</b>	<b>1125GO6</b>
<b>1098MT5</b>	1,000			
<b>1108MT5</b>	0,263	1,000		
<b>1118GO6</b>	0,238	0,313	1,000	
<b>1125GO6</b>	0,222	0,700	0,389	1,000

**Anexo G** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce da região Centro-Oeste do Brasil (1015 a 1059 caracterização morfológica)

(continua)

acesso	1015DF3	1017DF7	1047DF7	1070DF7	1071DF7	1146DF4	1175DF7	1176DF4	1044MS5	1063MS6	1106MS5	1107MS6	1121MS7	1059MT5
1015DF3	1,000													
1017DF7	0,167	1,000												
1047DF7	0,167	0,313	1,000											
1070DF7	0,355	0,135	0,167	1,000										
1071DF7	0,167	0,135	0,135	0,105	1,000									
1146DF4	0,135	0,200	0,273	0,167	0,200	1,000								
1175DF7	0,135	0,235	0,235	0,273	0,105	0,167	1,000							
1176DF4	0,273	0,167	0,167	0,313	0,135	0,167	0,167	1,000						
1044MS5	0,235	0,313	0,313	0,135	0,200	0,235	0,105	0,273	1,000					
1063MS6	0,235	0,235	0,355	0,273	0,135	0,355	0,167	0,313	0,500	1,000				
1106MS5	0,167	0,235	0,235	0,200	0,273	0,355	0,313	0,273	0,167	0,313	1,000			
1107MS6	0,105	0,235	0,235	0,235	0,167	0,400	0,167	0,167	0,200	0,500	0,400	1,000		
1121MS7	0,200	0,135	0,167	0,077	0,200	0,200	0,273	0,167	0,200	0,105	0,235	0,135	1,000	
1059MT5	0,200	0,273	0,355	0,200	0,135	0,448	0,200	0,167	0,313	0,448	0,355	0,680	0,200	1,000
1098MT5	0,355	0,235	0,355	0,448	0,167	0,355	0,235	0,355	0,400	0,680	0,400	0,355	0,105	0,400
1108MT5	0,355	0,273	0,273	0,235	0,135	0,105	0,167	0,355	0,273	0,167	0,167	0,105	0,235	0,167
1118GO6	0,200	0,273	0,355	0,235	0,077	0,077	0,135	0,273	0,200	0,167	0,167	0,135	0,167	0,135
1125GO6	0,273	0,200	0,200	0,105	0,135	0,167	0,273	0,200	0,167	0,135	0,235	0,167	0,750	0,235

**Anexo G** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce da região Centro-Oeste do Brasil (1198 a 1125 caracterização morfológica)

(conclusão)

acesso	1198MT5	1108MT5	1118GO6	1125GO6
1198MT5	1,000			
1108MT5	0,263	1,000		
1118GO6	0,238	0,313	1,000	
1125GO6	0,222	0,700	0,389	1,000

**Anexo G - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce da região Centro-Oeste do Brasil (1198 a 1125 caracterização morfológica)**

(conclusão)

acesso	1198MT5	1108MT5	1118GO6	1125GO6
1198MT5	1,000			
1108MT5	0,263	1,000		
1118GO6	0,238	0,313	1,000	
1125GO6	0,222	0,700	0,389	1,000

**Anexo H - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 genótipos de batata-doce da região Nordeste do Brasil (1027 a 1174 caracterização molecular)**

(continua)

acesso	1027RN2	1028RN1	1029CE7	10291CE7	1031CE1	1032CE5	1033CE7	1034CE2	1036CE8	1143CE8	1174CE8
1027RN2	1,000										
1028RN1	0,471	1,000									
1029CE7	0,417	0,588	1,000								
10291CE7	0,120	0,105	0,115	1,000							
1031CE1	0,550	0,500	0,320	0,125	1,000						
1032CE5	0,571	0,444	0,400	0,217	0,455	1,000					
1033CE7	0,192	0,316	0,500	0,083	0,154	0,280	1,000				
1034CE2	0,333	0,533	0,348	0,150	0,400	0,526	0,350	1,000			
1036CE8	0,500	0,412	0,391	0,136	0,526	0,550	0,160	0,400	1,000		
1143CE8	0,333	0,200	0,375	0,462	0,333	0,500	0,176	0,294	0,333	1,000	
1174CE8	0,200	0,364	0,412	0,188	0,375	0,316	0,211	0,333	0,294	0,500	1,000
1188CE5	0,182	0,143	0,350	0,235	0,190	0,227	0,300	0,333	0,200	0,222	0,250
1035PB1	0,235	0,273	0,278	0,727	0,333	0,222	0,056	0,150	0,313	0,545	0,308
1064BA7	0,158	0,182	0,263	0,500	0,222	0,353	0,158	0,200	0,222	0,600	0,462
1117BA5	0,269	0,389	0,458	0,217	0,280	0,308	0,333	0,364	0,348	0,353	0,182
1172BA5	0,250	0,263	0,333	0,190	0,261	0,240	0,208	0,286	0,217	0,538	0,263
1177BA5	0,250	0,500	0,524	0,087	0,261	0,409	0,450	0,350	0,400	0,357	0,278
1179BA2	0,250	0,538	0,474	0,222	0,316	0,300	0,412	0,421	0,316	0,176	0,200
1184BA1	0,389	0,417	0,368	0,438	0,263	0,444	0,250	0,400	0,353	0,500	0,353
1066PE8	0,381	0,375	0,348	0,087	0,333	0,364	0,400	0,529	0,286	0,267	0,158

**Anexo H - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 genótipos de batata-doce da região Nordeste do Brasil (1027 a 1174 caracterização molecular)**

(continua)

<b>acesso</b>	<b>1027RN2</b>	<b>1028RN1</b>	<b>1029CE7</b>	<b>10291CE7</b>	<b>1031CE1</b>	<b>1032CE5</b>	<b>1033CE7</b>	<b>1034CE2</b>	<b>1036CE8</b>	<b>1143CE8</b>	<b>1174CE8</b>
<b>1027RN2</b>	1,000										
<b>1028RN1</b>	0,471	1,000									
<b>1029CE7</b>	0,417	0,588	1,000								
<b>10291CE7</b>	0,120	0,105	0,115	1,000							
<b>1031CE1</b>	0,550	0,500	0,320	0,125	1,000						
<b>1032CE5</b>	0,571	0,444	0,400	0,217	0,455	1,000					
<b>1033CE7</b>	0,192	0,316	0,500	0,083	0,154	0,280	1,000				
<b>1034CE2</b>	0,333	0,533	0,348	0,150	0,400	0,526	0,350	1,000			
<b>1036CE8</b>	0,500	0,412	0,391	0,136	0,526	0,550	0,160	0,400	1,000		
<b>1143CE8</b>	0,333	0,200	0,375	0,462	0,333	0,500	0,176	0,294	0,333	1,000	
<b>1174CE8</b>	0,200	0,364	0,412	0,188	0,375	0,316	0,211	0,333	0,294	0,500	1,000
<b>1188CE5</b>	0,182	0,143	0,350	0,235	0,190	0,227	0,300	0,333	0,200	0,222	0,250
<b>1035PB1</b>	0,235	0,273	0,278	0,727	0,333	0,222	0,056	0,150	0,313	0,545	0,308
<b>1064BA7</b>	0,158	0,182	0,263	0,500	0,222	0,353	0,158	0,200	0,222	0,600	0,462
<b>1117BA5</b>	0,269	0,389	0,458	0,217	0,280	0,308	0,333	0,364	0,348	0,353	0,182
<b>1172BA5</b>	0,250	0,263	0,333	0,190	0,261	0,240	0,208	0,286	0,217	0,538	0,263
<b>1177BA5</b>	0,250	0,500	0,524	0,087	0,261	0,409	0,450	0,350	0,400	0,357	0,278
<b>1179BA2</b>	0,250	0,538	0,474	0,222	0,316	0,300	0,412	0,421	0,316	0,176	0,200
<b>1184BA1</b>	0,389	0,417	0,368	0,438	0,263	0,444	0,250	0,400	0,353	0,500	0,353
<b>1066PE8</b>	0,381	0,375	0,348	0,087	0,333	0,364	0,400	0,529	0,286	0,267	0,158

**Anexo H** - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 genótipos de batata-doce da região Nordeste do Brasil (1188 a 1066 caracterização molecular)

(conclusão)

<b>acesso</b>	<b>1188CE5</b>	<b>1035PB1</b>	<b>1064BA7</b>	<b>1117BA5</b>	<b>1172BA5</b>	<b>1177BA5</b>	<b>1179BA2</b>	<b>1184BA1</b>	<b>1066PE8</b>
<b>1188CE5</b>	1,000								
<b>1035PB1</b>	0,385	1,000							
<b>1064BA7</b>	0,333	0,636	1,000						
<b>1117BA5</b>	0,474	0,438	0,389	1,000					
<b>1172BA5</b>	0,250	0,400	0,375	0,550	1,000				
<b>1177BA5</b>	0,263	0,313	0,313	0,476	0,400	1,000			
<b>1179BA2</b>	0,467	0,333	0,222	0,688	0,333	0,500	1,000		
<b>1184BA1</b>	0,250	0,600	0,438	0,286	0,263	0,278	0,357	1,000	
<b>1066PE8</b>	0,263	0,118	0,167	0,500	0,350	0,350	0,438	0,211	1,000

**Anexo I - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 genótipos de batata-doce da região Nordeste do Brasil (1072 a 1188 caracterização morfológica)**

(continua)

acesso	1027RN2	1028RN1	1029CE7	1031CE1	1032CE5	1033CE7	1034CE2	1036CE8	1174CE8	1143CE8	1188CE5
1027RN2	1,000										
1028RN1	0,167	1,000									
1029CE7	0,050	0,077	1,000								
1031CE1	0,200	0,400	0,135	1,000							
1032CE5	0,200	0,200	0,167	0,355	1,000						
1033CE7	0,135	0,235	0,355	0,235	0,355	1,000					
1034CE2	0,200	0,200	0,167	0,355	0,273	0,167	1,000				
1036CE8	0,167	0,235	0,355	0,313	0,135	0,235	0,167	1,000			
1174CE8	0,167	0,105	0,200	0,167	0,105	0,135	0,105	0,400	1,000		
1143CE8	0,235	0,135	0,135	0,167	0,135	0,077	0,200	0,273	0,355	1,000	
1188CE5	0,235	0,167	0,200	0,200	0,077	0,105	0,200	0,273	0,235	0,313	1,000
10291CE7	0,105	0,235	0,313	0,355	0,273	0,313	0,313	0,235	0,167	0,273	0,200
1064BA7	0,235	0,050	0,235	0,105	0,135	0,200	0,135	0,273	0,750	0,235	0,167
1117BA5	0,200	0,167	0,135	0,273	0,313	0,235	0,400	0,135	0,105	0,273	0,235
1172BA5	0,313	0,200	0,105	0,235	0,200	0,135	0,235	0,135	0,105	0,273	0,313
1177BA5	0,235	0,077	0,167	0,167	0,135	0,135	0,273	0,105	0,167	0,400	0,235
1179BA2	0,273	0,200	0,167	0,105	0,135	0,235	0,135	0,135	0,273	0,105	0,167
1184BA1	0,167	0,313	0,105	0,615	0,273	0,235	0,355	0,273	0,135	0,200	0,200
1035PB1	0,235	0,200	0,200	0,235	0,105	0,200	0,200	0,355	0,400	0,355	0,273
1066PE8	0,200	0,105	0,105	0,200	0,200	0,135	0,135	0,200	0,355	0,200	0,167

**Anexo I - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 20 genótipos de batata-doce da região Nordeste do Brasil (1072 a 1188 caracterização morfológica)**

(continua)

acesso	1027RN2	1028RN1	1029CE7	1031CE1	1032CE5	1033CE7	1034CE2	1036CE8	1174CE8	1143CE8	1188CE5
1027RN2	1,000										
1028RN1	0,167	1,000									
1029CE7	0,050	0,077	1,000								
1031CE1	0,200	0,400	0,135	1,000							
1032CE5	0,200	0,200	0,167	0,355	1,000						
1033CE7	0,135	0,235	0,355	0,235	0,355	1,000					
1034CE2	0,200	0,200	0,167	0,355	0,273	0,167	1,000				
1036CE8	0,167	0,235	0,355	0,313	0,135	0,235	0,167	1,000			
1174CE8	0,167	0,105	0,200	0,167	0,105	0,135	0,105	0,400	1,000		
1143CE8	0,235	0,135	0,135	0,167	0,135	0,077	0,200	0,273	0,355	1,000	
1188CE5	0,235	0,167	0,200	0,200	0,077	0,105	0,200	0,273	0,235	0,313	1,000
10291CE7	0,105	0,235	0,313	0,355	0,273	0,313	0,313	0,235	0,167	0,273	0,200
1064BA7	0,235	0,050	0,235	0,105	0,135	0,200	0,135	0,273	0,750	0,235	0,167
1117BA5	0,200	0,167	0,135	0,273	0,313	0,235	0,400	0,135	0,105	0,273	0,235
1172BA5	0,313	0,200	0,105	0,235	0,200	0,135	0,235	0,135	0,105	0,273	0,313
1177BA5	0,235	0,077	0,167	0,167	0,135	0,135	0,273	0,105	0,167	0,400	0,235
1179BA2	0,273	0,200	0,167	0,105	0,135	0,235	0,135	0,135	0,273	0,105	0,167
1184BA1	0,167	0,313	0,105	0,615	0,273	0,235	0,355	0,273	0,135	0,200	0,200
1035PB1	0,235	0,200	0,200	0,235	0,105	0,200	0,200	0,355	0,400	0,355	0,273
1066PE8	0,200	0,105	0,105	0,200	0,200	0,135	0,135	0,200	0,355	0,200	0,167

**Anexo J - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce do CIP-Peru (1223a 1232 caracterização molecular)**

(conclusão)

acesso	1223PER7	1225PER8	1226PER4	1228PER1	1229PER2	1230PER1	1232PER6
1223PER7	1,000						
1225PER8	0,261	1,000					
1226PER4	0,400	0,412	1,000				
1228PER1	0,471	0,174	0,538	1,000			
1229PER2	0,267	0,500	0,400	0,200	1,000		
1230PER1	0,267	0,421	0,400	0,125	0,600	1,000	
1232PER6	0,167	0,450	0,353	0,188	0,444	0,625	1,000

**Anexo K - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce do CIP-Peru (1190 a 1219 caracterização morfológica)**

(continua)

acesso	1190PER1	1194PER8	1195PER8	1196PER2	1200PER6	1202PER6	1210PER8	1213PER4	1214PER5	1218PER4	1219PER1
1190PER1	1,000										
1194PER8	0,273	1,000									
1195PER8	0,355	0,200	1,000								
1196PER2	0,355	0,313	0,200	1,000							
1200PER6	0,235	0,355	0,313	0,313	1,000						
1202PER6	0,313	0,273	0,313	0,273	0,680	1,000					
1210PER8	0,235	0,235	0,313	0,273	0,235	0,235	1,000				
1213PER4	0,235	0,273	0,273	0,235	0,400	0,313	0,273	1,000			
1214PER5	0,200	0,200	0,200	0,273	0,273	0,235	0,200	0,400	1,000		
1218PER4	0,235	0,235	0,313	0,273	0,313	0,313	0,313	0,448	0,273	1,000	
1219PER1	0,355	0,500	0,313	0,355	0,448	0,400	0,235	0,273	0,235	0,355	1,000
1223PER7	0,273	0,235	0,355	0,135	0,235	0,313	0,200	0,167	0,167	0,235	0,235
1225PER8	0,235	0,273	0,400	0,273	0,273	0,273	0,167	0,235	0,235	0,235	0,355
1226PER4	0,167	0,077	0,235	0,077	0,167	0,200	0,135	0,400	0,235	0,313	0,135
1228PER1	0,400	0,400	0,200	0,313	0,313	0,313	0,135	0,167	0,167	0,273	0,500
1229PER2	0,235	0,200	0,167	0,200	0,135	0,105	0,200	0,167	0,200	0,200	0,235
1230PER1	0,355	0,273	0,273	0,355	0,313	0,400	0,105	0,200	0,200	0,235	0,448
1232PER6	0,273	0,200	0,355	0,273	0,313	0,355	0,167	0,273	0,200	0,313	0,200

**Anexo K - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 18 genótipos de batata-doce do CIP-Peru (1223 a 1232 caracterização morfológica)**

(conclusão)

acesso	1223PER7	1225PER8	1226PER4	1228PER1	1229PER2	1230PER1	1232PER6
1223PER7	1,000						
1225PER8	0,273	1,000					
1226PER4	0,167	0,200	1,000				
1228PER1	0,313	0,200	0,167	1,000			
1229PER2	0,167	0,167	0,200	0,355	1,000		
1230PER1	0,273	0,355	0,200	0,355	0,135	1,000	
1232PER6	0,313	0,313	0,135	0,235	0,105	0,273	1,000

**Anexo L - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 6 genótipos de batata-doce do Desconhecido (caracterização molecular)**

acesso	1077DES8	1073DES6	1114DES6	1162DES3	1163DES9	1164DES9
1077DES8	1,000					
1073DES6	0,286	1,000				
1114DES6	0,273	0,353	1,000			
1162DES3	0,313	0,381	0,375	1,000		
1163DES9	0,158	0,250	0,286	0,278	1,000	
1164DES9	0,294	0,579	0,583	0,500	0,333	1,000

**Anexo M - Coeficiente de similaridade de Jaccard para 6 genótipos de batata-doce do Desconhecido (caracterização morfológica)**

acesso	1162DES3	1163DES9	1164DES9	1073DES6	1114DES6	1077DES8
1162DES3	1,000					
1163DES9	0,273	1,000				
1164DES9	0,077	0,200	1,000			
1073DES6	0,167	0,235	0,235	1,000		
1114DES6	0,077	0,050	0,355	0,235	1,000	
1077DES8	0,105	0,235	0,313	0,200	0,235	1,000

**Anexo N** - Dados obtidos através da análise AMOVA para a caracterização morfológica de 135 acessos de batata-doce

Fonte de variação	d.f.	soma dos quadrados	componentes de variação	porcentagem de variação
Entre populações	6	102.086	0.21069 Va	1.56
Dentro de populações	128	1706.521	13.33220 Vb	98.44
Total	134	1808.607	13.54289	

**Anexo O** - Dados obtidos através da análise AMOVA para a caracterização morfológica de 111 acessos de cinco regiões do Brasil

Fonte de variação	d.f.	soma dos quadrados	componentes de variação	porcentagem de variação
Entre populaces	4	54.431	0.00865 Va	0.06
Dentro de Populaces	106	1424.632	13.43993 Vb	99.94
Total	110	1479.063	13.44858	

**Anexo P** - Dados obtidos através da análise AMOVA para a caracterização molecular de 135 acessos de batata-doce

Fonte de variação	d.f.	soma dos quadrados	componentes de variação	porcentagem de variação
Entre populações	6	14.483	0.03032 Va	1.58
Dentro de populações	128	241.146	1.88396 Vb	98.42
Total	134	255.630	1.91428	

**Anexo Q** - Dados obtidos através da análise AMOVA para a caracterização molecular de 111 acessos de cinco regiões do Brasil

Fonte de variação	d.f.	soma dos quadrados	componentes de variação	porcentagem de variação
Entre populações	4	9.771	0.02500 Va	1.26
Dentro de populações	106	207.535	1.95788 Vb	98.74
Total	110	217.306	1.98288	

# Livros Grátis

( <http://www.livrosgratis.com.br> )

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)  
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)  
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)  
[Baixar livros de Matemática](#)  
[Baixar livros de Medicina](#)  
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)  
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)  
[Baixar livros de Meteorologia](#)  
[Baixar Monografias e TCC](#)  
[Baixar livros Multidisciplinar](#)  
[Baixar livros de Música](#)  
[Baixar livros de Psicologia](#)  
[Baixar livros de Química](#)  
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)  
[Baixar livros de Serviço Social](#)  
[Baixar livros de Sociologia](#)  
[Baixar livros de Teologia](#)  
[Baixar livros de Trabalho](#)  
[Baixar livros de Turismo](#)