

Avaliação da divergência genética em batata-doce por procedimentos multivariados

Antonio Carlos Baião de Oliveira^{1*}, Maria Aparecida Nogueira Sedyama¹, Tocio Sedyama² e Cosme Damião Cruz³

¹CTZM/Epamig, C.P. 216, 36571-000, Viçosa-Minas Gerais, Brazil. e-mail: abaiao@mail.ufv.br ²Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-Minas Gerais, Brazil. ³Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-Minas Gerais, Brazil.

RESUMO. Este trabalho foi desenvolvido em área experimental da Epamig, em Oratórios-MG, no verão de 1999, com o intuito de avaliar a divergência genética entre 51 clones de batata-doce, oriundos de várias regiões brasileiras. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas por três fileiras de 3,0 m, com plantas no espaçamento de 1,00 x 0,25 m, sendo considerada parcela útil 2,0 m² da fileira central. As avaliações foram realizadas em cinco plantas competitivas, amostradas na parcela útil. A divergência genética foi avaliada pela distância generalizada de Mahalanobis e pelos métodos de agrupamento de Tocher e hierárquico do vizinho mais próximo, com base em 25 características. Detectou-se ampla variabilidade genética entre os clones, sendo estes reunidos em sete grupos heteróticos em ambos os métodos. Houve boa concordância na formação dos grupos pelos dois métodos. A verificação de pequenas distâncias genéticas entre alguns clones e a inclusão de mais de um clone em determinados grupos indicam a possibilidade de ocorrência de duplicidades entre o conjunto de genótipos avaliados.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*, análise multivariada, agrupamento.

ABSTRACT. Evaluation of genetic divergence in sweet potato by multivariate procedures. This work was carried out at Epamig-CTZM experimental area in Oratórios, MG, during the summer of 1999, in order to evaluate the genetic divergence among 51 sweet potato clones from different Brazilian regions. A randomized complete block design with three replications was used. Each plot consisted of three rows of 3.0 m with the plants in the spacing of 1.00 x 0.25 m. The evaluations were done in five competitive plants located within an area of 2,0 m² in the central row. Genetic divergence, based in 25 characteristics, was estimated by the *Mahalanobis* generalized distance and by two grouping methods, the Tocher's grouping and the hierarchical nearest neighbor. Large genetic variability was detected among the clones, which were then grouped into seven heterotic clusters by the two methods. There was good agreement in the formation of the groups for the two methods. The occurrence of small genetic distances among some clones and the inclusion of more than a clone into a specific group indicate that it might be occurring duplication among the evaluated genotypes might be occurring.

Key words: *Ipomoea batatas*, multivariate analysis, grouping.

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) é uma planta rústica, de fácil cultivo, de ampla adaptação, alta tolerância à seca, de risco mínimo e com baixo custo de produção. Apresenta bom valor nutritivo, sendo consumida principalmente por grupos sociais de menor renda (Miranda *et al.*, 1988). As raízes tuberosas podem ser utilizadas sob diversas formas na alimentação humana e como matéria-prima, na indústria, para produção de doces, pães, álcool e

amido de alta qualidade, este utilizado na produção de tecidos, papel, cosméticos, adesivos e glucose. As batatas e as ramas também podem ser destinadas à alimentação animal, principalmente de bovinos e suínos. Os brotos e as ramas (10 a 15 cm do ápice) podem, ainda, ser utilizados na alimentação humana (Embrapa, 1995). O consumo *per capita* de batata-doce no Brasil é de 3,6 kg/ano, sendo a quarta hortaliça mais consumida pela população brasileira,

superada somente pela batatinha, tomate e abóbora, representando, por isso, importância social neste contexto (França *et al.*, 1988; Pedrosa, 1990; Rezende, 1999).

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 genômica 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. Segundo Miranda *et al.* (1988), um dos parâmetros para a escolha de genitores a serem utilizados em programas de melhoramento é a divergência genética, quantificada, em geral, por estatísticas multivariadas como a distância generalizada de Mahalanobis.

O estudo da diversidade genética entre acessos de uma cultura, além de possibilitar a 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). Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre clones de batata-doce, provenientes de várias regiões brasileiras, que servirá de subsídio para trabalhos de seleção de genótipos superiores.

Material e métodos

Cinquenta e uma introduções de batata-doce, provenientes de várias regiões do Brasil, envolvendo cultivares lançados por instituições de pesquisa e acessos obtidos em feiras livres, mercados e áreas de produtores constituíram o material genético (clones) utilizado neste trabalho. Esses clones tiveram as seguintes origens: 1, 2, 4-12, 15-19 - Janaúba-MG; 20, 21, 22, 32, 33, 34, 53, 54, 55 e 56 - Viçosa-MG; 23, 24 e 25 - Bom Jardim de Minas-MG; 26 - Lavras-MG; 27- Linhares-ES; 28 - Ponte Nova-MG; 29 e 30 - Gurupi-TO; 31 - Venda Nova do Imigrante-ES; 36 - Santo Antônio da Platina-PR; 37 - Londrina-PR; 38 - Holambra II-SP; 39, 41, 42, 43 e 44 - Vitória da Conquista-BA; 45 - Uberlândia; 46 e 47 - São José do Rio Preto-SP; 48 e 49 -

Dourados-MS; 50 - Paula Cândido-MG; 51 e 52 - Mociminho-MG.

Os clones coletados foram multiplicados em viveiro, entre os meses de abril/98 e janeiro/99, na Fazenda Experimental Vale do Piranga (Epamig-CTZM), no município de Oratórios-MG, para fornecimento de quantidade suficiente de mudas para instalação do ensaio de campo. O experimento foi instalado, nesta mesma fazenda, em 26/01/99, no delineamento em blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas de três fileiras de 3,0 m de comprimento, com espaçamento de 1,0 m entre estas e de 0,25 m entre plantas (9,0 m²/parcela), sendo considerada como área útil 2,0 m² da fileira central. As duas fileiras externas foram utilizadas como bordadura. No plantio foram utilizadas mudas uniformes, com seis nós, retiradas da porção média da rama. Quinze dias após o plantio, efetuou-se a replanta das falhas. Aos três meses do plantio foram realizadas as avaliações das características morfológicas da parte aérea, tomando-se como base a metade da rama principal (aproximadamente na altura da oitava folha). Logo após a colheita, foram registrados os descritores morfológicos das raízes.

As observações foram baseadas na média fenotípica de cinco plantas competitivas na área útil da parcela. Os descritores morfológicos utilizados na caracterização dos clones foram aqueles preconizados pelo *International Board for Plant Resources* (IBPGR) para a espécie *Ipomoea batatas* e estão descritos, com suas respectivas escalas de notas, em Huamán (1991). As características vegetativas avaliadas foram: tipo de planta, pigmentação primária da rama principal, pigmentação secundária da rama principal, forma geral das folhas, tipo de lóbulos, número de lóbulos, forma do lóbulo central, cor das folhas maduras, cor das folhas imaturas, pigmentação das nervuras abaxiais, pigmentação do pecíolo, comprimento do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento do pecíolo e tamanho da folha madura. As raízes foram descritas por intermédio da avaliação do formato, do tipo de defeitos, da cor primária da película externa, das cores primária e secundária da polpa e da distribuição da cor secundária desta, da produção de látex e da quantidade de oxidação. Avaliou-se, também, a incidência de broca-das-raízes (*Euscepes postfaciatus*), pela atribuição de notas numa escala de 1 (mais resistente) a 5 (mais susceptível). Foi determinado, ainda, o teor de sólidos solúveis nas raízes.

As análises estatísticas foram feitas utilizando-se o programa computacional Genes (Cruz, 1997). A

análise de variância de cada característica foi realizada adotando-se o modelo estatístico $Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij}$, em que Y_{ij} é o valor observado no i-ésimo clone no j-ésimo bloco ($j = 1, 2, 3$); μ é a média geral do experimento; e e_{ij} é o erro experimental associado à observação Y_{ij} . A variabilidade genotípica, o coeficiente de determinação genotípica e as correlações genotípicas foram estimados, considerando-se o efeito de clones como fixo.

Antes da aplicação das técnicas multivariadas de agrupamento, procedeu-se ao diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlação residual, com o propósito de descartar características consideradas redundantes nas análises, que poderiam levar à formação de matriz singular ou mal-condicionada. O diagnóstico foi realizado com base nos fatores de inflação da variância, na magnitude dos autovalores e no número de condição, conforme Montgomery e Peck (1981), citados por Cruz (1997). Segundo este autor, dada a simetria da matriz de correlações, o número de condição consiste na razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação.

A divergência genética entre os clones foi avaliada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e pelos métodos de agrupamento: hierárquico do vizinho mais próximo (Cruz e Regazzi, 1994) e otimização de Tocher (Rao, 1952). Foram realizados agrupamentos sucessivos pelo método de Tocher, com o propósito de descartar as características irrelevantes para a divergência genética, levando-se em consideração a contribuição relativa de cada característica, de acordo com o método proposto por Singh (1981).

Resultados e discussão

Os resultados da análise de variância univariada revelaram efeito significativo de clone pelo teste F ($P < 0,01$), para todas as características, o que é indicativo da existência de diversidade genética entre os clones avaliados (Tabela 1). Em razão dos elevados valores obtidos para as estimativas dos coeficientes de determinação genotípica (Tabela 1), pode-se constatar que as diferenças entre os clones são, principalmente, atribuídas a causas genéticas.

O diagnóstico de multicolinearidade, realizado na matriz de correlações residuais, não detectou dependência linear entre as características avaliadas, o que poderia levar à formação de matriz singular ou mal-condicionada e, conseqüentemente, a estimativas de distâncias genéticas viesadas. Portanto, não houve necessidade de eliminação de nenhuma das características avaliadas por meio desse

procedimento. Estimaram-se, então, as distâncias genéticas entre os pares de clones por intermédio da distância generalizada de Mahalanobis (Tabela 2), levando-se em consideração as variações residuais das características avaliadas (Cruz e Regazzi, 1994).

Tabela 1. Resumo das análises univariadas de variância, estimativas da variabilidade genotípica (Φ_G), coeficiente de determinação genotípica (H^2) e contribuição relativa para a diversidade genética (C. R.) de 25 características da parte aérea e das raízes, avaliadas em 51 clones de batata-doce. Viçosa, Epamig, 2000

Característica ¹	Teste F	C. V. (%)	Φ_G	H^2	C. R. (%)
TP	9,38**	7,79	0,94	0,89	0,80
PPR	19,87**	28,93	4,28	0,95	1,76
PSR	10,49**	28,19	4,37	0,90	0,61
FGF	11,40**	10,37	0,99	0,91	0,66
TL	14,03**	26,05	3,10	0,93	0,88
NL	16,71**	22,42	2,43	0,94	0,63
FLC	9,62**	24,51	1,57	0,90	0,40
CFM	12,20**	24,13	1,13	0,92	1,67
CFI	12,49**	20,69	2,01	0,92	1,36
PNA	14,70**	17,42	4,08	0,93	0,73
PP	15,85**	16,65	2,57	0,94	0,95
CE	8,45**	12,53	0,66	0,88	0,50
DE	8,00**	18,52	1,22	0,87	0,12
CP	4,55**	14,55	0,72	0,78	0,49
TFM	6,68**	7,56	0,39	0,85	0,93
FOR	104,66**	5,05	4,17	0,99	10,80
TD	61,52**	11,48	4,54	0,98	6,34
CPE	133,05**	7,21	5,68	0,97	15,16
CPP	48,16**	13,74	3,35	0,97	4,02
CSP	162,88**	13,20	4,31	0,99	11,44
DCSP	278,75**	9,56	11,23	0,99	35,79
PLR	18,05**	11,52	0,95	0,94	1,96
QOR	9,22**	11,06	0,38	0,89	0,68
BRO	3,43**	19,57	0,10	0,71	0,57
SS	7,47**	8,29	2,16	0,87	0,76

¹TP = tipo de planta, PPR = pigmentação primária da rama principal, PSR = pigmentação secundária da rama principal, FGF = forma geral das folhas, TL = tipo de lóbulos, NL = números de lóbulos, FLC = forma do lóbulo central, CFM = cor das folhas maduras, CFI = cor das folhas imaturas, PNA = pigmentação das nervuras abaxiais, PP = pigmentação do pecíolo, CE = comprimento do entrenó, DE = diâmetro do entrenó, CP = comprimento do pecíolo, TFM = tamanho da folha madura, FOR = formato das raízes, TD = tipos de defeitos, CPE = cor primária da película externa, CPP = cor primária da polpa, CSP = cor secundária da polpa, DCSP = distribuição da cor secundária da polpa, PLR = produção de látex pela raiz, QOR = quantidade de oxidação da raiz, BRO = incidência de broca-das-raízes, SS = teor de sólidos solúveis

O agrupamento dos clones pelo método de otimização de Tocher foi realizado utilizando-se como referencial a distância máxima entre o conjunto de menores distâncias entre cada clone, obtida da matriz de dissimilaridade genética. A análise por este método possibilitou a reunião dos clones em sete grupos heteróticos, em que se verificou a discriminação individual de três clones (Tabela 3). Nesse agrupamento, pode-se detectar certa coincidência entre similaridade genética e origem geográfica dos clones, pois alguns destes, provenientes de mesma localidade, foram incluídos no mesmo grupo, como é o caso, por exemplo, dos clones 20, 22, 53, 54 e 55 coletados na região de Viçosa-MG, pertencentes ao grupo III. No entanto, a associação entre origem geográfica e similaridade genética de culturas propagadas assexuadamente, como a batata-

doce, não é muito comum, pois os acessos são deslocados de uma localidade para outra sem haver intercâmbio de genes, pelo processo sexual, entre materiais exógenos e locais (Matsuoka *et al.*, 1999). Outro aspecto a ser considerado é que cerca de 31% dos clones (1, 2, 4-12, 15-19) avaliados neste trabalho foram obtidos de uma coleção da Epamig/CTNM (Janaúba-MG), que, por sua vez, os obteve do CNPH (Embrapa - Hortaliças), Brasília-DF, cujo Banco de Germoplasma inclui variedades e acessos considerados geneticamente distintos, não havendo, portanto, concordância entre procedência e similaridade genética entre os clones, neste caso.

Tabela 2. Estimativas das distâncias de Mahalanobis (D^2) para 51 clones de batata-doce, com base em 25 características da parte aérea e das raízes. Viçosa, Epamig, 2000

Clones	Maior D^2	Clone mais distante	Menor D^2	Clone mais próximo	D^2 Média
1	2.467,54	44	191,22	47	903,67
2	1.498,26	38	115,03	29	873,71
4	1.657,43	36	175,46	30	820,75
5	1.408,55	44	62,18	27	540,15
6	2.014,70	44	259,43	47	808,07
7	1.326,63	36	213,04	15	722,25
8	2.374,15	44	46,55	47	842,41
9	1.097,43	44	103,02	12	530,44
10	1.620,27	42	35,26	17	811,04
11	1.546,74	42	61,04	10	793,80
12	1.279,75	44	51,83	19	558,40
15	1.229,75	36	213,04	7	716,62
16	2.034,22	51	206,47	10	1017,54
17	1.699,30	42	35,26	10	857,56
18	1.625,06	36	346,40	7	941,79
19	1.398,16	44	42,49	21	614,90
20	2.007,24	51	72,82	54	1114,00
21	1.276,48	44	42,49	19	563,63
22	2.102,52	42	83,62	20	1070,52
23	1.960,49	44	296,00	43	715,90
24	1.384,33	46	280,85	2	792,52
25	2.732,68	44	42,72	32	912,65
26	2.508,48	44	83,20	51	857,98
27	1.557,74	44	62,18	5	573,41
28	1.467,27	44	143,05	31	553,62
29	1.706,20	38	115,03	2	966,94
30	1.908,41	36	175,46	4	880,83
31	1.445,43	44	143,05	28	621,78
32	2.679,08	44	42,17	25	898,90
33	1.210,12	53	163,23	5	588,50
34	1.209,30	44	102,13	37	518,91
36	1.908,41	30	201,10	2	1118,48
37	1.494,93	44	102,13	34	537,80
38	2.377,77	44	77,75	8	873,46
39	1.939,27	44	250,77	28	836,29
41	1.232,56	1	252,53	7	711,07
42	2.806,22	44	108,65	26	997,76
43	2.166,15	44	296,01	23	855,04
44	2.806,22	42	226,96	48	1544,56
45	2.002,46	53	206,68	46	796,32
46	2.121,14	53	206,68	45	886,69
47	2.385,52	44	46,55	8	819,92
48	2.112,20	42	229,96	44	1172,42
49	1.842,32	44	615,18	6	1058,98
50	2.740,64	44	54,94	32	936,38
51	2.765,91	44	17,16	52	962,70
52	2.740,24	44	17,16	51	963,60
53	2.667,86	51	200,89	20	1427,52
54	2.004,83	51	72,82	20	1156,66
55	1.661,41	44	199,76	37	779,82
56	1.216,21	36	257,28	15	646,58

Tabela 3. Agrupamento de 51 clones de batata-doce, tendo como base características da parte aérea e de raízes, utilizando-se a Distância Generalizada de Mahalanobis e o Método de Otimização de Tocher. Viçosa, Epamig, 2000

Grupos	Clones*
I	25, 32, 50, 26, 42, 52, 51, 38, 47, 8, 1, 6, 45, 37, 34, 28, 5, 27, 21, 9, 12, 39, 31, 19, 23, 33, 46, 56
II	10, 11, 17, 2, 29, 16, 36, 24, 41, 48
III	20, 22, 54, 53, 55
IV	4, 30, 7, 15, 18
V	49
VI	43
VII	44

Maior distância entre as mínimas = 615,18

*Origem dos clones: 1, 2, 4-12, 15-19 - Janaúba-MG; 20, 21, 22, 32, 33, 34, 53, 54, 55 e 56 - Viçosa-MG; 23, 24 e 25 - Bom Jardim de Minas-MG; 26 - Lavras-MG; 27 - Linhares-ES; 28 - Ponte Nova-MG; 29 e 30 - Gurupi-TO; 31 - Venda Nova do Imigrante-ES; 36 - Santo Antônio da Platina-PR; 37 - Londrina-PR; 38 - Holambra II-SP; 39, 41, 42, 43 e 44 - Vitória da Conquista-BA; 45 - Uberlândia; 46 e 47 - São José do Rio Preto-SP; 48 e 49 - Dourados-MS; 50 - Paula Cândido-MG; 51 e 52 - Mocimbo-MG

A presença de mais de um clone no mesmo grupo (Tabela 3) infere a possibilidade de ocorrência de acessos duplicados entre o conjunto de clones utilizados neste trabalho. Ritschel *et al.* (1998) encontraram 24 acessos duplicados e 21 que podem representar duplicações, de um total de 179 acessos de batata-doce mantidos pela Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri), com base em 19 descritores relacionados com a morfologia da parte aérea e das raízes.

O agrupamento foi realizado utilizando-se todas as 25 características avaliadas. Em seguida, foram feitos agrupamentos sucessivos, pelo método de Tocher, com eliminação das características que não afetavam o agrupamento original. Dessa forma, as características tipo de lóbulos (TL), forma do lóbulo central (FLC), pigmentação das nervuras abaxiais (PNA), comprimento do entrenó (CE), diâmetro do entrenó (DE), comprimento do pecíolo (CP), quantidade de oxidação da raiz (QOR), incidência de broca-das-raízes (BRO) e teor de sólidos solúveis (SS) foram descartadas, em razão de não terem influenciado a formação dos grupos originais. Essas características poderão ser suprimidas de análises futuras, nesse tipo de estudo em batata-doce, reduzindo sobremaneira o levantamento de dados.

A contribuição relativa de cada característica para a divergência genética, segundo o método proposto por Singh (1981), mostrou que as características que menos contribuíram para a divergência genética foram, hierarquicamente: diâmetro do entrenó (DE), forma do lóbulo central (FLC), comprimento do pecíolo (CP), comprimento do entrenó (CE), incidência de broca-das-raízes (BRO), pigmentação secundária da rama principal (PSR), número de lóbulos (NL), forma geral das folhas (FGF), quantidade de oxidação das raízes (QOR), pigmentação das nervuras abaxiais (PNA), teor de

sólidos solúveis (SS), tipo de planta (TP) e tipo de lóbulos (TL). Em contrapartida, as características que mais contribuíram para a diversidade foram: distribuição da cor secundária da polpa (DCSP), cor primária da película externa (CPE), cor secundária da polpa (CSP), formato das raízes (FOR), tipos de defeitos (TD) e cor primária da polpa (CPP), nesta ordem (Tabela 1).

Conforme comentado por Cruz (1990), a pequena importância de determinadas características no processo de discriminação de genótipos, nos estudos de divergência genética, pode ser atribuída, na maioria das vezes, ao aspecto redundância ou à invariância. Assim, as características BRO, QOR, CE e CP foram descartadas das análises de divergência genética, em razão de seus valores mais baixos de variabilidade genotípica, expressos pela magnitude da estatística F ou do coeficiente de determinação genotípico (Tabela 1). Por outro lado, os caracteres DE, FLC, TL e PNA tiveram pouca importância para a diversidade entre os clones, provavelmente em função do aspecto redundância, visto que os caracteres TL e FLC são indiretamente representados por NL e FGF, respectivamente, com elevados valores de correlações genotípicas (TL e NL=0,98; TL e FGF=0,90; FLC e NL=0,99; e FLC e FGF=0,94), enquanto DE e PNA estão correlacionados geneticamente, mas em magnitudes inferiores, com TFM e PP, respectivamente (DE e TFM=0,50 e PNA e PP=0,47). O teor de sólidos solúveis (SS) foi descartado, em razão do valor da estatística F, obtido para essa característica, estar entre aqueles mais baixos estimados neste estudo (Tabela 1).

A metodologia descrita por Singh (1981) para determinar a contribuição relativa de cada característica para a divergência genética entre os genótipos foi bastante eficaz, pois as nove características descartadas das análises, por não terem interferido no agrupamento original pelo método de Tocher, estavam entre as treze classificadas como de menor importância por aquela metodologia (Tabela 1). Resultados semelhantes foram obtidos por Garcia (1998), em estudos de diversidade genética, entre clones de eucalipto, com utilização do método de agrupamento de Tocher e descarte de variáveis, com base na contribuição relativa das características pela metodologia proposta por Singh (1981).

De acordo com a distância D^2 de Mahalanobis (Tabela 2), considerando-se as 25 características avaliadas, o par de clones 42 e 44 apresentou a maior distância genética (2.806,22), enquanto o par 51 e 52 exibiu a menor distância (17,16). O clone número 44 apareceu 27 vezes (52,94%) como o clone mais

divergente, seguido dos clones 36 e 42, que apareceram seis vezes cada (11,76%). Analisando no sentido da maior distância média em relação ao conjunto de genótipos, destacaram-se os clones 42 e 51, no grupo I, 48 e 36, no grupo II, 53, no grupo III e 18, no grupo IV, além dos clones 49, 43 e 44, que formaram grupos individuais (Tabela 3). Esses clones podem ser considerados os mais divergentes entre o conjunto de clones avaliados, podendo ser indicados para programas de hibridações dirigidas, desde que apresentem bom desempenho *per se* e haja complementação gênica entre aqueles escolhidos, pois segundo Dias e Kageyama (1997), a divergência entre os genitores não deve ser o único critério considerado na tomada de decisão a respeito de cruzamentos a serem realizados. O desempenho individual dos genótipos em relação a caracteres de alto valor econômico, deve, também, ser considerado. Para Prasad e Singh (1986), cruzamentos entre genitores extremamente divergentes criam uma situação, na qual o funcionamento harmonioso dos alelos é perturbado e as funções fisiológicas perdem em eficiência. Esses autores consideram que genitores com moderada divergência genética e alto desempenho *per se* podem ser mais úteis que aqueles apresentando apenas alta divergência.

O agrupamento pelo método hierárquico do vizinho mais próximo (Figura 1), semelhantemente ao método de otimização de Tocher, possibilitou a reunião dos clones em sete grupos distintos, discriminados da seguinte forma: grupo I = 51, 52, 26, 25, 32, 50, 42, 8, 47, 38, 1, 6, 4, 30, 45 e 46; grupo II = 7, 15, 41, 56, 10, 17, 11, 2, 29, 36, 16, 19, 21, 12, 9, 28, 31, 5, 27, 34, 37, 33, 55, 39, 24 e 22; grupo III = 23 e 43; grupo IV = 18; grupo V = 44 e 48; grupo VI = 20, 54 e 53; e grupo VII = 49. Comparando-se esses resultados com aqueles obtidos pelo método de agrupamento de Tocher (Tabela 3), pode-se verificar que houve boa concordância entre os dois métodos na constituição dos grupos. Como exemplo, o grupo II, formado pelo método do vizinho mais próximo, reuniu todos os clones do grupo II obtido pelo método de Tocher, com exceção do clone 48, que formou o grupo V com o clone 44, o qual formou um grupo isolado pelo método de agrupamento de Tocher (Tabela 3).

Conforme relatado por Cruz e Regazzi (1994), a análise do dendrograma permite ao pesquisador verificar o grau de similaridade entre genitores, genitores e grupos similares, ou entre dois grupos distintos. Dessa forma, pode-se concluir que os clones mais similares são 51 e 52; 25, 32 e 50; 8 e 47; 10, 17 e 11; 19, 21, 12 e 9; 5 e 27; 34 e 37; e 20 e 54.

O clone 49 pode ser considerado o mais divergente em relação aos demais (Figura 1).

Figura 1. Dendrograma ilustrativo do padrão de similaridade entre 51 clones de batata-doce, estabelecido pelo método hierárquico do vizinho mais próximo, baseado nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, obtidas a partir da análise de 25 características da parte aérea e raízes. Viçosa, Epamig, 2000

De forma conclusiva, pode-se constatar que algumas das características avaliadas não tiveram importância no estudo da divergência genética e que os dois métodos de agrupamento utilizados, fundamentados na matriz de distâncias D^2 de Mahalanobis, foram eficazes na reunião dos clones em grupos de similaridade, fornecendo suporte para a seleção de clones divergentes. Estes poderão ser testados quanto aos caracteres de interesse agrônomo e recomendados para uso pelos agricultores, ou usados para iniciar programas de policruzamentos, visando à seleção de combinações superiores.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Fapemig pelo apoio financeiro ao projeto e pela concessão de uma bolsa, modalidade recém-doutor, ao primeiro autor.

Referências bibliográficas

Cruz, C.D. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba, 1990. (Doctoral Thesis in Genetics and Plant Breeding) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

- Cruz, C.D. *Programa genes. Aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 1997. 442p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV, 1994. 390p.
- Dias, L.A.S.; Kageyama, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). *Braz. J. Genet.*, 20(1):63-70, 1997.
- Embrapa. Centro Nacional de Pesquisa de Hortalças. *Cultivo da batata-doce (Ipomoea batatas (L.) Lam)*. Brasília: Embrapa-CNPq, 7, 1995. 19p. Instruções Técnicas.
- França, F.H.; Lopez, C.A.; Jabuonski, R.E. *Seminário sobre a cultura da batata-doce*. Brasília: Embrapa-CNPq, 1988. 126p.
- Garcia, S.L.R. *Importância de características de crescimento, de qualidade da madeira e da polpa na diversidade genética de clones de eucalipto*. Viçosa, 1998. (Master's Thesis in Forest Science) - Universidade Federal de Viçosa.
- Huamán, Z. (Ed.). *Descriptores de la batata*. Lima: CIP; Taipei: AVRDC; Rome: IBPGR, 1991. 134p.
- Matsuoka, S.; Garcia, A.A.F.; Arizono, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (ed.). *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV, 1999. p.205-251.
- Miranda, J.E.C.; Cruz, C.D.; Pereira, A.S. Análise de trilha e divergência genética de cultivares e clones de batata-doce. *Rev. Bras. Genet.*, 11(4):881-892, 1988.
- Pedrosa, L.F.C. Batata-doce. In: ENCONTRO DE PROFESSORES, PESQUISADORES E EXTENSIONISTAS DE OLERICULTURA DO RIO GRANDE DO NORTE, 4, Mossoró. *Anais...* Mossoró: Esam, 1990. p.33-35.
- Prasad, S.K.; Singh, T.P. Heterosis in relation to genetic divergence in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica*, 35:919-924, 1986.
- Rao, C.R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390p.
- Rezende, G.M.. Características produtivas de cultivares de batata-doce sob condições irrigadas e de sequeiro na região norte de Minas Gerais. *Horticult. Bras.*, 17:151-154, 1999.
- Ritschel, P.S.; Thomazelli, L.F.; Huamán, Z. *Caracterização morfológica do germoplasma de batata-doce mantido pela Epagri*. Brasília: Embrapa-Hortalças, Circular Técnica, 16, 1998. p.1-4.
- Scapim, C.A.; Pires, I.E.; Cruz, C.D.; Amaral Júnior, A.T.; Braccini, A.L.; Oliveira, V.R. Avaliação da diversidade genética em *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. por meio da análise multivariada. *Rev. Ceres*, 46(266):347-356, 1999.
- Singh, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Ind. J. Genet. Plant Breed.*, 41:237-245, 1981.

Received on July 28, 2000.

Accepted on August 31, 2000.