

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE BATATA  
ADAPTADOS ÀS CONDIÇÕES TEMPERADA E  
SUBTROPICAL DE CULTIVO DO SUL DO BRASIL**

**TESE DE DOUTORADO**

**Maurício Guerra Bandinelli**

**Santa Maria, RS, Brasil**

**2014**

**SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE BATATA  
ADAPTADOS ÀS CONDIÇÕES TEMPERADA E  
SUBTROPICAL DE CULTIVO DO SUL DO BRASIL**

**Maurício Guerra Bandinelli**

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Área de concentração em Produção Vegetal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS),  
como requisito parcial para obtenção do grau de  
**Doutor em Agronomia.**

**Orientador: Prof. Dilson Antônio Bisognin, PhD.**

**Santa Maria, RS, Brasil**

**2014**

Ficha catalográfica elaborada através do Programa de Geração Automática da  
Biblioteca Central da UFSM, com os dados fornecidos pelo autor.

Guerra Bandinelli, Maurício

Seleção precoce de clones de batata adaptados às  
condições temperada e subtropical de cultivo do Sul do  
Brasil / Maurício Guerra Bandinelli.-2014.

67 f.; 30cm

Orientador: Dilson Antônio Bisognin

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa  
Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós-  
Graduação em Agronomia, RS, 2014

1. Solanum Tuberosum L. 2. Correlação canônica 3.  
Método de seleção precoce I. Bisognin, Dilson  
Antônio II. Título.

---

© 2014

Todos os direitos autorais reservados a Maurício Guerra Bandinelli. A reprodução de partes ou do todo deste trabalho só poderá ser feita com autorização por escrito do autor.

Endereço: Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Departamento de Fitotecnia, Av. Roraima N°1000, Cidade Universitária, Bairro Camobi, Santa Maria, RS, CEP:97105-900.

End. Eletr: [mgbandinelli@gmail.com](mailto:mgbandinelli@gmail.com)

---

**Universidade Federal de Santa Maria  
Centro de Ciências Rurais  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia**

**A Comissão Examinadora, abaixo assinada,  
aprova a Tese de Doutorado**

**SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE BATATA ADAPTADOS ÀS  
CONDIÇÕES TEMPERADA E SUBTROPICAL DE CULTIVO DO SUL  
DO BRASIL**

elaborada por  
**Maurício Guerra Bandinelli**

como requisito parcial para obtenção do grau de  
**Doutor em Agronomia**

**COMISSÃO EXAMINADORA:**

**Dilson Antônio Bisognin, PhD.**  
(Presidente/Orientador)

**Carina Rejane Pivetta, Dra.** (IF FARROUPILHA)

**Lizete Augustin, Dra.** (UPF)

**Liege Camargo da Costa, Dra.** (FEPAGRO)

**Zilmar da Silva Souza, Dr.** (EPAGRI)

Santa Maria, 28 de fevereiro de 2014.

## DEDICATÓRIA

À minha família...

**dedico.**

## AGRADECIMENTOS

Elaborar os agradecimentos talvez esteja entre as tarefas mais difíceis após uma jornada onde muitas pessoas, mesmo que com apenas algumas palavras, contribuíram para que o caminho fosse trilhado, para que os obstáculos fossem vencidos e os objetivos alcançados. Para todas essas pessoas, que não vou me atrever citar nomes, de modo a não ser injusto caso esqueça de algum, deixo o meu MUITO OBRIGADO e a certeza de que sou grato pelo apoio, palavras, ações e pensamentos positivos.

Agradeço à Deus, pela vida.

Aos meus pais Ilio Walter Bandinelli (*in memoriam*) e Zélia Guerra Bandinelli, que juntos constituíram uma família maravilhosa e, também, por todo amor e valores transmitidos.

Ao professor Dilson Antônio Bisognin, pela orientação, amizade e credibilidade, além da essencial contribuição para minha formação intelectual, científica e profissional desde a graduação.

Aos professores Lindolfo Storck e Nereu Augusto Streck, pela co-orientação, amizade e aprendizado. Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pelos conhecimentos a mim transferidos e pela amizade.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia pelo apoio tanto em atividades de campo quanto burocráticas.

Aos amigos do Departamento de Fitotecnia, em especial a equipe do MPVP, pelo incentivo, apoio, suor (literalmente) e risadas despendidos ao longo de muitos anos de convivência e amizade.

Ao amigo Claudinei Ascoli (*in memoriam*), um “Xirú” como amistosamente nos saudávamos, que teve a vida interrompida ainda jovem, mas que durante o tempo em que convivemos, com sua disposição e empenho em realizar qualquer atividade proposta, muito contribuiu para a obtenção dos resultados ora apresentados.

À Universidade Federal de Santa Maria e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pela oportunidade da realização do curso de doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos durante parte do curso. Ao CNPq pelo apoio financeiro ao Programa de Genética e Melhoramento de Batata da UFSM.

**Obrigado!**

## RESUMO

Tese de Doutorado  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia  
Universidade Federal de Santa Maria

### SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE BATATA ADAPTADOS ÀS CONDIÇÕES TEMPERADA E SUBTROPICAL DE CULTIVO DO SUL DO BRASIL

AUTOR: MAURÍCIO GUERRA BANDINELLI  
ORIENTADOR: DILSON ANTÔNIO BISOGNIN

Data e Local da Defesa: Santa Maria, 28 de fevereiro de 2014.

Experimentos foram conduzidos com o objetivo de (i) avaliar o uso da correlação canônica para identificar caracteres de planta e tubérculo que possam ser utilizados para a identificação precoce de clones superiores de batata e (ii) desenvolver e validar um método de seleção precoce de clones de batata para a dormência dos tubérculos, para a identificação de clones com curta ou longa dormência, para serem utilizados respectivamente em condições subtropicais e temperadas de cultivo. O estudo da análise de correlação canônica foi conduzido em duas gerações (plantular e de tubérculo), com nove famílias e um total de 358 clones. A geração plantular (G1) foi conduzida em casa de vegetação, no inverno de 2008, e a geração de tubérculo (G2) em campo, no outono de 2009. Nas duas gerações foram avaliados 13 caracteres de planta e tubérculo: estatura da haste principal (EHP), massa fresca de parte aérea (MFA), massa fresca de estolão (MFE), massa fresca de tubérculos (MFT), número de tubérculos por cova (NTC), tubérculo alongado (TAL), tubérculo achatado (TAC), aspereza da casca (ASP), presença de ponta (PON), embonecamento (EMB), profundidade de gemas (PRG), dias para rompimento da dormência (DRD) e número de brotos por tubérculo (NBT). A variabilidade entre as famílias foi significativa para todos os caracteres nas duas gerações, com exceção de PON na primeira geração e MFA, EMB e PRG na segunda geração. As correlações lineares entre G1 e G2 foram significativas, positivas e altas para 12 dos 13 caracteres avaliados. A análise de correlação canônica mostrou que existe associação entre caracteres de planta e tubérculo nas duas gerações. Porém, não foi observado regra geral para a seleção precoce de clones, válida para qualquer família, sendo a avaliação de clones no conjunto mais eficiente para identificar a correlação de caracteres entre as gerações. Para desenvolver e validar um método de seleção precoce de clones para a dormência dos tubérculos, experimentos foram conduzidos entre os anos de 2010 e 2013, partindo de dois conjuntos independentes de clones. Em 2010, a geração plantular do primeiro conjunto (19 famílias clonais) foi conduzida em casa de vegetação. De cada genótipo foi colhido um tubérculo, totalizando 1.145 clones (minitubérculos), que foram tratados com 30 mg L<sup>-1</sup> de ácido giberélico e armazenados a 20 °C para rompimento da dormência. Após 45 dias de armazenamento, formaram-se quatro grupos de clones com número de dias (45, 60, 75 e 90 dias) necessários para o rompimento da dormência. Uma amostra aleatória dos tubérculos de cada um dos grupos foi utilizada para o cultivo de verão em campo. Por ocasião da colheita, quatro tubérculos foram separados de cada clone para avaliar a dormência e dominância apical, sob armazenamento à temperatura de 20 °C. Em 2012, um segundo conjunto com 1.269 clones (minitubérculos de 16 famílias) foi produzido para separar cinco grupos de clones com número de dias (30, 45, 60, 75 e 90 dias) necessários para o rompimento da dormência dos tubérculos. Para os dois conjuntos de clones, o delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com quatro repetições de cada clone. Houve um padrão de rompimento da dormência e relação direta entre o período de dormência dos tubérculos entre as duas gerações, o que possibilitou desenvolver e validar um método de seleção precoce. Esse método possibilita agrupar clones com similar nível de dormência já na geração de plântula, ou seja, permite a identificação precoce de clones com curta ou longa dormência, com potencial para serem utilizados no desenvolvimento de cultivares adaptadas, respectivamente, as condições subtropicais e temperadas de cultivo na região Sul do Brasil.

**Palavras-chave:** *Solanum tuberosum* L., correlação canônica, dormência, método de seleção precoce.

## ABSTRACT

Doctoral Thesis  
Graduate Program of Agronomy  
Universidade Federal de Santa Maria

### EARLY SELECTION OF POTATO CLONES ADAPTED TO THE TEMPERATE AND SUBTROPICAL GROWING CONDITIONS OF SOUTHERN BRAZIL

AUTHOR: MAURÍCIO GUERRA BANDINELLI

ADVISER: DILSON ANTÔNIO BISOGNIN

Defense Place and Date: Santa Maria, February 28<sup>nd</sup>, 2014.

Experiments were conducted in order to (i) evaluate the use of canonical correlation to identify plant and tuber traits that can be used for early identification of superior potato clones and (ii) develop and validate a method of early selection of potato clones for tuber dormancy, to identify clones with short or long dormancy, with the purpose of being used respectively in subtropical and temperate growing conditions. The study of canonical correlation analysis was conducted in two generations (seedling and tuber) with nine families and a total of 358 clones. The seedling generation (G1) was conducted in a greenhouse in the winter of 2008, and the tuber generation (G2) on the field during the fall season of 2009. From both generations 13 plant and tuber traits were evaluated: height of the main stem (HMS), fresh weight of shoots (FWS), fresh weight of stolons (FWS), fresh weight of tubers (FWT), number of tubers per plant (NTP), elongated-shaped tuber (EST), flattened-shaped tuber (FST), skin texture (SKT), pointed ends (POI), secondary growth (SEG), eye depth (DEP), days to break dormancy (DBD) and number of sprouts per tuber (NST). The variability among families was significant for all traits in both generations except for POI in the first generation and FWS, SEG and DEP in the second generation. The linear correlations between G1 and G2 were significant, positive and high for 12 out of 13 traits evaluated. The canonical correlation analysis showed that there is an association between plant and tuber traits in the two generations. However, no general rule was observed for the early selection of clones, valid for any family, being the evaluation of clones in the set more efficient to identify the correlation of characters between the generations. In order to develop and validate a method of early selection of clones for tuber dormancy, experiments were conducted between the years of 2010 and 2013, beginning with two independent sets of clones. In 2010, seedling generation of the first set (19 clonal families) was conducted in a greenhouse. Tubers from each genotype were harvested (total of 1,145 clones or minitubers), which were treated with 30 mg L<sup>-1</sup> gibberellic acid and stored at 20 °C for breaking dormancy. After 45 days of storage four groups of clones were formed according to the number of days (45, 60, 75 and 90 days) required for breaking dormancy. A random sample of tubers of each group was used for the summer field cultivation. At harvest, four tubers were separated from each clone to assess dormancy and apical dominance under storage of 20 °C. In 2012, a second set with 1,269 clones (minitubers of 16 families) was produced in order to separate five groups of clones according to the number of days (30, 45, 60, 75 and 90 days) required for breaking dormancy of tubers. For both sets of clones, a completely randomized design with four replicates of each clone was utilized. There was a pattern of dormancy breaking and direct relationship within the dormancy period of the tubers between the two generations, that made possible to develop and validate an early selection method. This method enables the assembly of clones with similar dormancy level as of the seedling generation, i.e., allows early identification of clones with short or long dormancy, with potential as new adapted cultivars respectively for subtropical and temperate growing conditions of southern Brazil.

**Key words:** *Solanum tuberosum* L., canonical correlation, dormancy, early selection method.

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	09
<b>2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	12
2.1 Panorama geral do cultivo da batata .....	12
2.2 Principais etapas de um programa de melhoramento de batata .....	14
2.3 Seleção precoce no melhoramento de batata .....	16
<b>3 CAPÍTULO I - CORRELAÇÃO DE CARACTERES DE PLANTA E TUBÉRCULO NAS PRIMEIRAS GERAÇÕES DE SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA</b> .....	19
3.1 Introdução .....	19
3.2 Material e métodos .....	20
3.3 Resultados e discussão .....	23
3.4 Conclusões .....	26
<b>4 CAPÍTULO II - SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE BATATA PARA DORMÊNCIA</b> .....	35
4.1 Introdução .....	35
4.2 Material e métodos .....	38
4.3 Resultados e discussão .....	42
4.4 Conclusões .....	53
<b>5 CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	54
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	56

# 1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da cultura da batata ainda se depara com inúmeros desafios quando se trata do desenvolvimento de cultivares que sejam adaptadas as condições de cultivo do Brasil. Por sua dimensão continental, o Brasil possui uma diversidade de condições de cultivo que não são as adequadas para a maioria das cultivares utilizadas pelos produtores. Isto se deve ao fato de que muitas das cultivares aqui utilizadas são oriundas de países que apresentam condições climáticas e ecológicas bastante distintas das nossas. Em levantamento realizado por Bisognin (2011), foi verificado que das 57 cultivares de batata protegidas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), apenas oito foram desenvolvidas no Brasil. Assim, é urgente a necessidade de desenvolver novas cultivares de batata, que sejam adaptadas às condições brasileiras de cultivos (BISOGNIN, 1996; PINTO, 1999; HELDWEIN et al., 2009; SOUZA, 2010; AUGUSTIN et al., 2012) e que atendam as necessidades das indústrias, dos consumidores e dos agricultores (SILVA; PEREIRA, 2011).

O estreitamento da base genética da batata como consequência do melhoramento genético da cultura, visando adaptá-la a condições específicas de cultivo e, a necessidade de congregarem em um único indivíduo dezenas de características agronômicas, tornam o melhoramento moroso e muitas vezes pouco exitoso, exigindo o uso de parentais superiores nos cruzamentos e a avaliação de populações com um grande número de clones. Nesse sentido, surge uma vertente inesgotável de perguntas que ainda carecem de respostas, ou para as quais as respostas ainda não são claras, uma vez que as opiniões são diversas e ainda controversas no que se refere ao desenvolvimento de novas cultivares. Entre essas questões, reside à incerteza da possibilidade de acelerar as etapas do melhoramento, mediante a seleção de clones promissores nas gerações iniciais de seleção e ainda obter ganhos genéticos significativos.

Na condução de um programa de melhoramento, os principais fatores que oneram e limitam a obtenção de novas cultivares são o tempo gasto, o montante de recursos financeiros e humanos envolvidos e a área física necessária para condução das gerações clonais (AMARO et al., 2003; SILVA; PEREIRA, 2011). Assim, a maximização desses fatores só se torna possível se as técnicas de seleção de clones forem aprimoradas, de modo que permitam identificar genótipos promissores nas primeiras gerações clonais de seleção. De acordo com Wenzel et al. (1983), para se obter uma nova cultivar é necessária a avaliação de 500 mil a

dois milhões de plântulas, além de vários ciclos de cultivos para avaliação de diversos caracteres de interesse. É comum que na primeira geração de seleção seja realizado o descarte de mais de 90% dos indivíduos (TAI; YOUNG, 1984), sendo que a porcentagem de retenção, normalmente, varia de 3 a 30%, de um programa de melhoramento para outro, com relação negativa entre o número de clones produzidos e a proporção de retenção (MARIS, 1988). O grande número de plantas inicialmente avaliadas, aliado ao descarte massivo, só são possíveis pelo fato da batata ser propagada de forma vegetativa, o que permite fixar combinações de caracteres e interações superiores da variância genética nas sucessivas gerações de cultivo, possibilitando a seleção precoce de clones com caracteres desejáveis.

Nas condições Sul brasileiras, estudos anteriormente realizados em cultivos de batata apontam haver uma condição excepcional para o desenvolvimento de estratégias de melhoramento da cultura, que potencializam os ganhos genéticos nas primeiras gerações de seleção. Assim, de modo a aproveitar essa potencialidade e fazer com que o melhoramento genético da batata, nas condições de cultivo do Sul do Brasil, possa ser conduzido dentro dos preceitos de eficiência e economia de recursos financeiros e humanos, além de possibilitar a identificação antecipada de genótipos superiores, estudos utilizando análise de correlação canônica e a seleção precoce baseada na dormência dos tubérculos podem ser úteis.

A vantagem do uso da análise de correlação canônica é que esta permite correlacionar dois conjuntos de caracteres sem haver distinção entre variável dependente e independente, auxiliando o melhorista nos casos onde existe mais de uma variável dependente. Assim, os esforços do melhoramento podem ser dirigidos para caracteres de alta herdabilidade, de fácil mensuração e de menor complexidade (CRUZ; REGAZZI, 1994). Além disso, essa análise pode ser utilizada para avaliar as relações de parte aérea e sistema radicular, caracteres primários e secundários da produção e/ou caracteres fisiológicos e agrônômicos, entre outros (SANTOS et al., 1994). No que diz respeito ao desenvolvimento de novas cultivares, a seleção precoce de indivíduos em populações segregantes reduz o número de clones a serem mantidos e avaliados, contribuindo para a redução de gastos com mão de obra e espaço físico para a condução das gerações clonais a campo, além de proporcionar o direcionamento dos esforços e recursos nas populações com maiores probabilidades de obtenção de genótipos superiores (BISOGNIN; DOUCHES, 2002; AMARO et al., 2003; SILVA; PEREIRA, 2011). Entretanto, a natureza do caráter avaliado é um dos fatores que contribui para a eficácia deste tipo de seleção. Para caracteres com alta herdabilidade, tais como a cor da casca, o formato dos tubérculos, a profundidade de gemas, o apontamento e a curvatura de tubérculos, a seleção precoce tem sido praticada com sucesso (LOVE et al., 1997; GOPAL, 1997; AMARO

et al., 2003; SILVA et al., 2007). Já para caracteres que apresentam baixa herdabilidade a seleção em gerações iniciais deve ser cautelosa, pois o ambiente exerce grande influência sobre a manifestação do fenótipo. Deste modo, a estratégia de seleção dependente da herdabilidade de cada caráter (SILVA; PEREIRA, 2011).

No intuito de aprimorar e desenvolver novas técnicas de seleção de clones que possam ser utilizadas em programas de melhoramento da cultura da batata, experimentos foram conduzidos com os seguintes objetivos: (i) avaliar o uso da correlação canônica para identificar caracteres de planta e tubérculo que possam ser utilizados para a identificação precoce de clones superiores de batata; (ii) desenvolver e validar um método de seleção precoce de clones de batata para a dormência dos tubérculos, que possa ser empregado tanto para a identificação de clones com curta dormência, para ser utilizados em condições subtropicais de cultivo, quanto de longa dormência, para ser utilizados em condições temperadas de cultivo.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Panorama geral do cultivo da batata

A batata é uma planta nativa da América do Sul, mais precisamente da Cordilheira dos Andes, onde é cultivada há mais de 7.000 anos. Pertence à família Solanácea, gênero *Solanum*, o qual contém mais de 2.000 espécies, das quais mais de 160 produtoras de tubérculos. Atualmente, são conhecidas 228 espécies selvagens e sete cultivadas de batata. Dentre as cultivadas, *Solanum tuberosum* spp. *Tuberosum*, que é autotetraploide ( $2n=4x=48$  cromossomos) e com herança tetrassômica multialélica, é a espécie mais produzida no mundo (HAWKES, 1993). A disseminação da batata para outras regiões do globo terrestre iniciou a partir do ano de 1570, quando colonizadores espanhóis levaram tubérculos da América do Sul para a Europa. A partir da sua introdução, a batata sofreu importante mudança adaptativa em relação à região de origem e domesticação. As cultivares foram selecionadas para capacidade de tuberização em dias longos e clima temperado (SOUZA, 2003). Por volta de 1620, a batata seguiu o caminho inverso de sua descoberta, sendo levada da Europa para a América do Norte, onde se tornou alimento popular (LOPES; BUSO, 1997). Tendo em vista sua importância alimentar, a cultura da batata disseminou-se por mais de 140 países, distribuídos em latitudes que oscilam de 65° N a 50° S e em altitudes que variam desde o nível do mar até 4.000 m (HIJMANS, 2001).

Atualmente a batata encontra-se na quarta posição entre as culturas mais produzidas no mundo, atrás apenas do milho, arroz e trigo (FAOSTAT, 2014). Em 2012, a área total colhida de batata no mundo foi superior a 19 milhões de hectares, com uma produção de mais de 368 milhões de toneladas (cerca de 19,1 t ha<sup>-1</sup>). A importância da cultura da batata deve-se, em grande parte, ao seu elevado potencial produtivo e por ser a cultura com maior capacidade de prover calorias, vitaminas e nutrientes por unidade de área cultivada, quando comparada a outras culturas alimentícias (POTATO, 2008). Um estudo recente a respeito da importância da cultura de batata para a humanidade mostrou que a introdução da batata na Europa foi responsável por, aproximadamente, um quarto do crescimento da população e da urbanização entre os anos de 1.700 e 1.900 (NUNN; QUIAN, 2011), sendo o principal alimento consumido nesse período. Essa tendência de crescimento populacional também foi observada

em outras regiões do planeta, evidenciando sua importância histórica como fonte de alimento para as populações.

Nas últimas décadas o cenário produtivo da cultura da batata tem passando por grandes mudanças. Durante muito tempo a produção de batata esteve concentrada em países desenvolvidos. Até início de 1990, grande parte da batata foi cultivada e consumida na Europa, América do Norte e em países da antiga União Soviética. Desde então tem havido aumento na produção de batata na Ásia, África e América Latina, que passou de 84 milhões de toneladas em 1991 para mais de 165 milhões de toneladas em 2007 (Tabela 1). Em 2005, pela primeira vez na história, a produção de batata nos países em desenvolvimento foi superior à dos países desenvolvidos, sendo alavancada principalmente por países como China e Índia (POTATO, 2008).

Tabela 1 – Produção mundial de batata em milhões de toneladas no período de 1991 a 2007.

Países \ Anos	1991	1993	1995	1997	1999	2001	2003	2005	2007
Desenvolvidos	183,13	199,31	177,47	174,63	165,93	166,93	160,97	159,97	159,89
Em desenvolvimento	84,86	101,95	108,5	128,72	135,15	145,92	152,11	160,01	165,41
Mundo	267,99	301,26	285,97	303,35	301,08	312,85	313,08	319,98	325,3

Fonte: Potato (2008).

No ano de 2012, China e Índia lideraram a produção mundial de batata, com 85.920.000 e 45.000.000 de toneladas respectivamente, seguido da Rússia (29.532.530 ton.), Ucrânia (23.250.200 ton.) e Estados Unidos da América (19.165.865 ton.). Na América latina, o Brasil é um dos maiores produtores de batata, com 3.496.166 toneladas, colhidos em mais de 130 mil hectares, e produtividade média de 26,8 t ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2014). Entre as regiões produtoras destacam-se a região Sudeste e Sul, que responderam por 91,2% da produção total de batata. Entre os estados, as maiores produções de batata foram observadas em Minas Gerais (1.181.617 ton.), São Paulo (798.518 ton.), Paraná (746.480 ton.) e Rio Grande do Sul (359.001 ton.). No entanto, os maiores rendimentos médios por hectare foram obtidos nos estados de Goiás (40,0 t ha<sup>-1</sup>), Bahia (35,3 t ha<sup>-1</sup>) e Distrito Federal (35,0 t ha<sup>-1</sup>), seguidos por Minas Gerais (30,7 t ha<sup>-1</sup>), São Paulo (27,8 t ha<sup>-1</sup>) e Paraná (25,5 t ha<sup>-1</sup>). Nesse contexto, o Rio

Grande do Sul encontra-se na penúltima colocação em produtividade média de batata, com  $18,2 \text{ t ha}^{-1}$  (IBGE, 2014).

De toda batata produzida no Brasil a principal forma de comercialização ainda é *in natura*, porém, o mercado de batata processada vem aumentando gradualmente, em virtude da adoção de novos padrões alimentícios pela população, com tendência de uso de comida pronta ou de fácil preparação (ANDREU, 2003). Um levantamento recente mostrou que do total de batata produzida no País, cerca de 10% é destinada ao processamento, sendo o restante da demanda interna, principalmente de produtos congelados (cerca de 250 mil toneladas), suprida em grande parte pela importação a partir da Argentina e da Europa (HORTIFRUTI, 2011). Um dos fatores limitantes ao aumento do volume de produtos processados de batata relaciona-se ao fato de que a maioria das cultivares utilizadas no Brasil são oriundas de outros países e não são adaptadas as nossas condições de cultivo, o que ocasiona a queda da qualidade dos tubérculos (HAYNES; HAYNES, 1983; MENEZES et al., 2001; ANDREU, 2003; POPP, 2005). Desse modo, o mercado consumidor cada vez mais exigente tem feito com que os melhoristas busquem incessantemente o desenvolvimento de novas cultivares que, além de atender as necessidades desse mercado, satisfaçam as necessidades dos produtores e das indústrias de processamento.

## **2.2 Principais etapas de um programa de melhoramento de batata**

Para fins comerciais a batata é multiplicada de forma vegetativa através dos tubérculos, mas também pode ser propagada de forma sexual, com uso de semente botânica obtida por autofecundação ou fecundação cruzada (BORÉM; MIRANDA, 2005). A semente botânica da batata, normalmente, é empregada em trabalhos de melhoramento da espécie, pois este tipo de material implica em alta variabilidade genética das plantas produzidas (PEREIRA; FORTES, 2004). Quando utilizados em lavouras comerciais, o principal problema dos híbridos de batata, derivados de semente botânica, está relacionado a dificuldade de produzir tubérculos uniformes em termos de formato, cor e tamanho (MIHAELA et al., 2012).

A batata é considerada uma cultura altamente heterozigota, sendo a ação de genes não aditivos um fator importante para a maioria dos caracteres de interesse econômico (MONDAL; HOSSAIN, 2006). O desenvolvimento de uma nova cultivar de batata pode ser iniciado com o cruzamento entre clones elite e cultivares, que culmina na produção de

milhares de plântulas, as quais devem ser avaliadas para selecionar clones promissores (MACKAY, 1987). O grande número de indivíduos no início de um ciclo de seleção se faz necessário em virtude da segregação tetrassômica da batata, que aumenta a variabilidade, requerendo populações mais numerosas no intuito de aumentar a probabilidade de se obter os genótipos desejados (PINTO, 1999). No entanto, a herança tetrassômica é um desafio ao melhoramento dessa cultura, pois dificulta o entendimento e o controle genético de uma característica, pela complexidade da segregação polissômica, que aumenta a frequência de heterozigose, rompe interações epistáticas favoráveis e reduz a probabilidade de seleção de indivíduos superiores (DOUCHES; JASTRZEBSKI, 1993).

Um programa de melhoramento tradicional de espécies de propagação vegetativa, a exemplo da batata, é conduzido da seguinte forma: inicialmente procede-se o cruzamento entre clones com características de interesse para obtenção das sementes botânicas. Nessa etapa, a tomada de decisão requer conhecimento da evolução das cultivares modernas, ambientes de destino e usos finais de novas cultivares, além do conhecimento sobre a biologia reprodutiva das plantas de batata e seus parentais silvestres (BRADSHAW, 2007). Com estas sementes são obtidas as famílias, formadas por mudas de constituição genética única (MACKAY, 1987; BRADSHAW, 2007). Tais famílias são, então, submetidas à seleção fenotípica a campo. Nessa etapa, existe a possibilidade de ser realizada a seleção para caracteres com maiores valores de repetibilidade, herdabilidade e correlações entre as gerações (SILVA; PEREIRA, 2011). Assim, nas gerações sucessivas, os clones remanescentes podem ser selecionados para outros caracteres, como resistência a pragas, doenças e de qualidade dos tubérculos. Na sequência, os melhores clones são propagados para condução de ensaios de rendimento. Partindo destes ensaios, os clones selecionados são avaliados em experimentos oficiais para registro e proteção de cultivares e liberação para cultivo ou, ainda, empregados em cruzamentos com outros clones superiores para novos ciclos de seleção recorrente (COSTA, 2007). Nesse esquema de melhoramento, um ciclo de seleção para a cultura da batata pode levar mais de dez anos para ser completado (BRADSHAW; MACKAY, 1994; BISOGNIN, 2011).

Durante o processo de melhoramento, a adoção de mecanismos inadequados de seleção pode inviabilizar qualquer esforço para a obtenção de progresso genético (CARVALHO et al., 2001). Neste sentido, diversos estudos tem sido conduzidos com o objetivo de aumentar a precisão experimental dos ensaios com batata e para identificar de maneira precoce os melhores clones. Estes estudos incluem a definição do tamanho ótimo de parcela para ensaios (STORCK et al., 2005; BISOGNIN et al., 2006; OLIVEIRA, et al.,

2006), a eficiência do uso da seleção entre e dentro de famílias clonais (DINIZ, 2002), a aplicação de índices de seleção para a identificação simultânea de caracteres (BARBOSA; PINTO, 1998) e o uso de análise multivariada (CRUZ, 1997; TAVARES et al., 1999; COIMBRA et al., 2000; LEDO et al., 2003; VIANA et al., 2007), entre elas a correlação canônica (RIGÃO et al., 2009), que permite estimar as relações entre dois grupos de caracteres, buscando a máxima correlação entre os mesmos (MORRISON, 1978).

### **2.3 Seleção precoce no melhoramento da batata**

Em um programa de melhoramento da batata, a redução do tempo para obtenção de genótipos superiores é de fundamental importância, uma vez que a principal limitação tem sido o tempo gasto para obtenção de genótipos superiores (MELO et al., 2011). Neste sentido, a seleção precoce é apontada como uma alternativa para acelerar os ciclos de melhoramento (GOPAL, 1997; LOVE et al., 1997; BISOGNIN; DOUCHES, 2002; AMARO et al., 2003; SILVA et al., 2007; SILVA; PEREIRA, 2011). Esta prática caracteriza-se pela identificação antecipada de genótipos ou caracteres de interesse em gerações iniciais, compreendidas entre o primeiro e o terceiro cultivo (HAYES; THILL, 2003), quando o número de repetições de cada clone é muito pequeno (BRADSHAW et al., 1998; BHERING, et al., 2009), além de promover ganhos genéticos no melhoramento da cultura, reduzindo o tempo necessário para obtenção de genótipos superiores (BISOGNIN; DOUCHES, 2002). Assim, é possível a alocação dos esforços na seleção de outros caracteres de interesse nas gerações seguintes, ou ainda, empregar estes genótipos como parentais em novos cruzamentos (THILL; PELOQUIN, 1995).

As cultivares comerciais de batata combinam em sua constituição dezenas de caracteres (ROSS, 1986), dependendo da finalidade a que se destinam. Caracteres estes que apresentam diferentes níveis de herdabilidade (Tabela 2), devendo a pressão de seleção aplicada nas primeiras gerações clonais ser coerente com a herdabilidade do caráter (SILVA; PEREIRA, 2011). De modo geral, caracteres como aparência dos tubérculos, por apresentarem elevada herdabilidade, são selecionados nas primeiras gerações (SCHAALJE et al., 1987), enquanto que caracteres como rendimento e resistência à doenças são selecionadas em gerações avançadas, nas quais o número de tubérculos-semente de cada clone é maior, permitindo a avaliação com maior número de repetições.

Tabela 2 – Intervalo de herdabilidade ( $h^2$ ) para alguns caracteres componentes da aparência, da produtividade e do processamento de tubérculos de batata.

Caractere avaliado	Intervalo de herdabilidade ( $h^2$ )	Referências
Aparência de tubérculos	0,45-0,73	TAI; YOUNG, 1984; ŠIMKO et al., 1999; SILVA et al., 2006; SATTAR et al., 2007
Aspereza de casca	0,72	SILVA et al., 2006
Coloração da película	0,86	NEELE, et al., 1991
Coloração de chips	0,73	NEELE; LOWES, 1989
Dormência dos tubérculos	0,57-0,58	THOMPSON et al., 1980; VAN DAM, 2002
Estatura de haste	0,81-0,89	GOPAL, 1999; SATTAR et al., 2007
Formato de tubérculo	0,61- 0,70	NEELE, et al., 1991; SILVA et al., 2006
Gravidade específica	0,59-0,74	NEELE; LOWES, 1989; MELO, et al., 2011
Massa fresca de tubérculo	0,18-0,79	BISOGNIN et al., 2012
Massa média de tubérculos	0,49-0,72	NEELE, et al., 1991; GOPAL, 1999; SILVA et al., 2006
Massa seca dos tubérculos	0,55-0,96	NEELE; LOWES, 1989; SILVA et al., 2006; SATTAR et al., 2007
Maturidade de parte aérea	0,82-0,83	GOPAL, 1999
Número de tubérculos	0,45-0,95	NEELE, et al., 1991; DUPLOOY et al., 1996; GOPAL, 1999; SILVA et al., 2006; SATTAR et al., 2007
Profundidade de gemas	0,53-0,69	NEELE, et al., 1991; SILVA et al., 2006
Rendimento de tubérculo	0,44-0,98	GOPAL, 1999; SILVA et al., 2006; SATTAR et al., 2007; MELO, et al., 2011
Uniformidade de formato de tubérculo	0,51	SILVA et al., 2006
Uniformidade de tamanho de tubérculo	0,06	SILVA et al., 2006
Vigor de planta	0,74-0,82	GOPAL, 1999; SATTAR et al., 2007

Em gerações precoces de seleção, a principal limitação na efetividade dos testes tem sido o pequeno número de tubérculos disponíveis por clone. Nesta etapa, os clones são avaliados, geralmente, em cova única ou com número reduzido de repetições, o que dificulta a identificação de genótipos promissores nas primeiras gerações clonais (TAI; YOUNG, 1984; NEELE et al., 1991; BRADSHAW et al., 1998; BHERING et al., 2009). Por conta disso, a seleção precoce de clones de batata para caracteres que apresentam baixa herdabilidade tem sua eficiência questionada (TAI; YOUNG, 1984; NEELE et al., 1991), sendo recomendada apenas para caracteres de alta herdabilidade (GOPAL 1997; LOVE et al., 1997; AMARO et al., 2003; SILVA et al., 2007; VERÍSSIMO et al., 2012). Entretanto, a seleção precoce pode ser aplicada para qualquer caráter, desde que a pressão de seleção a ser aplicada considere a sua herdabilidade (SILVA; PEREIRA, 2011).

Quando no programa de melhoramento um dos objetivos é combinar caracteres por meio da seleção recorrente, torna-se fundamental o emprego de estratégias que permitam identificar e selecionar precocemente clones superiores (BISOGNIN; DOUCHES, 2002).

Neste sentido, para as condições de cultivo do Sul do Brasil, já estão sendo praticadas estratégias de seleção que podem ser combinadas à identificação precoce de caracteres. Gnocato et al. (2013) e Souza (2010), afirmam que a maximização do ganho genético para a seleção de caracteres de qualidade de processamento de tubérculos pode ser obtida se a seleção de clones for iniciada no cultivo de verão, em clima temperado de altitude no Sul do Brasil. Costa (2007) apresenta uma estratégia de melhoramento, adaptada às condições Sul brasileiras de cultivo, que possibilita reduzir o número de clones a ser avaliados para qualidade de tubérculos e maturidade de plantas, aliando resistência a requeima [*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary] e, ainda, podendo ser combinada a seleção de outros caracteres. Estas práticas, associadas à seleção precoce de caracteres, favorecem o desenvolvimento de estratégias de seleção antecipada de clones (THILL; PELOQUIN, 1995), que auxiliam no descarte de indivíduos indesejáveis ao propósito do programa de melhoramento ou que não resultarão em clones promissores para a seleção recorrente, sendo possível aumentar o número de clones em avaliação (BISOGNIN; DOUCHES, 2002; AMARO et al., 2003).

# 3 CAPÍTULO I - CORRELAÇÃO DE CARACTERES DE PLANTA E TUBÉRCULO NAS PRIMEIRAS GERAÇÕES DE SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA

## 3.1 Introdução

A propagação assexuada da batata (*Solanum tuberosum* L.) favorece o emprego de análises estatísticas que permitem correlacionar a expressão de múltiplos caracteres nas diferentes gerações clonais do melhoramento. Destaca-se que a identificação precoce de genótipos superiores em populações segregantes de batata reduz o tempo de desenvolvimento de uma nova cultivar e o número de clones a serem mantidos no programa de melhoramento (BISOGNIN; DOUCHES, 2002), bem como, contribui para a redução de gastos com mão de obra e espaço físico para a condução das gerações clonais a campo, permitindo direcionar esforços e recursos nas populações com maiores probabilidades de obtenção de genótipos superiores (AMARO et al., 2003, SILVA; PEREIRA, 2011).

O uso de análise multivariada tem se tornado cada vez mais importante para programas de melhoramento genético (TAVARES et al., 1999; COIMBRA et al., 2000; LEDO et al., 2003; VIANA et al., 2007). A estimativa da correlação entre caracteres possibilita o uso de seleção indireta (CRUZ, 1997), sendo importante para definir a melhor estratégia de melhoramento a ser empregada (BISOGNIN et al., 2012; PÍPOLO et al., 2005). Entretanto, no caso da correlação simples, seu uso limita-se em avaliar a magnitude e a direção das relações apenas entre dois caracteres (CRUZ, 1997). Assim, quando se tem grupos de variáveis esse tipo de correlação (simples) não permite avaliar as inter-relações existentes. Nesses casos, a correlação canônica pode ser mais apropriada, pois esse método é capaz de estimar as relações entre dois grupos de caracteres, buscando a máxima correlação entre os mesmos (MORRISON, 1978).

Em batata, o uso da análise de correlação canônica permitiu mostrar que existe uma associação entre as medidas do comprimento, o maior e o menor diâmetro e a massa fresca dos tubérculos plantados e colhidos no estudo das três primeiras gerações clonais (RIGÃO et al., 2009). Entretanto, os mesmos autores recomendaram a realização de novos ensaios com outras populações segregantes, ou ainda, que estes sejam conduzidos em diferentes ambientes,

para elucidar e ampliar a compreensão da relação, mesmo porque na literatura pesquisada são escassos os trabalhos utilizando a correlação canônica em batata. Ainda para esta cultura, Silva et al. (2008) observaram correlações genéticas e fenotípicas significativas entre a geração de plântula com a primeira e a segunda geração clonal, concluindo que é possível aplicar seleção na geração de plântula para caracteres de tubérculo de alta herdabilidade.

Os resultados de estudos que visam à seleção precoce em batata são contraditórios, o que pode estar associados ao germoplasma utilizado ou às condições ambientais existentes em cada programa de melhoramento. Para Tai; Young (1984), a interação genótipo vs. ambiente (G x E) é um dos fatores que reduz a confiabilidade da seleção precoce de clones, sobretudo para caracteres de baixa herdabilidade. Neele et al. (1991), não observaram relação satisfatória entre caracteres avaliados na geração plantular e nas gerações cultivadas a campo, sugerindo que o desempenho das plântulas não deve ser levado em consideração para seleção de clones. Entretanto, Brown; Caligari (1986), Caligari et al. (1986), Maris (1988), Gopal et al. (1992) e Silva et al. (2008) afirmam que a seleção precoce é possível de ser praticada, apesar de existir algumas limitações. Essa divergência de opiniões indica que novos estudos devem ser realizados para definir uma estratégia eficaz e identificar quais os caracteres que podem ser selecionados nas primeiras gerações, visando aumentar o ganho genético no melhoramento de batata.

O objetivo deste trabalho foi avaliar o uso da correlação canônica para identificar caracteres de planta e tubérculo que possam ser utilizados para a identificação precoce de clones superiores de batata.

### **3.2 Material e Métodos**

O estudo foi realizado com nove famílias oriundas de cruzamentos controlados entre cultivares de batata (Tabela 3), com aptidão para a utilização na indústria de processamento. Foram utilizadas duas gerações (G1 e G2) das nove famílias, sendo G1 obtida a partir de plântulas produzidas sob telado e G2 a partir dos minitubérculos cultivados no campo experimental, ambos localizados no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS (29°43'S e 53°48'O e altitude de 95m).

Para a obtenção dos minitubérculos da G1, as sementes botânicas dos cruzamentos foram tratadas com solução de ácido giberélico (1.500 mg L<sup>-1</sup>) por 12 horas, para promover o

rompimento da dormência (Figura 1A). A semeadura foi realizada em vasos de polietileno (1.000 cm<sup>3</sup>) contendo substrato comercial à base de casca de *pinus*. Os cultivos foram irrigados, manualmente, uma vez por dia. Os vasos foram mantidos em casa de vegetação, por aproximadamente 25 dias, quando as plântulas emergidas (Figura 1B) se encontravam com um par de folhas definitivas. Após esse período, 150 plântulas de cada cruzamento (família) foram transplantadas para o sistema fechado de cultivo sem solo, com fertirrigação por inundação (ANDRIOLO, 2006), no dia 20 de maio de 2008, para a produção dos minitubérculos. O espaçamento entre plântulas foi de 7,5 x 7,5 cm (Figura 1C) e o plantio em cova única.

Tabela 3 – Relação das nove famílias obtidas por cruzamento controlado com o respectivo código e genealogia utilizadas para as análises de correlação canônica.

Família	Código	Genealogia
1	B 361	ATLANTIC X MISSAUKEE
2	B 362	ASTERIX X MISSAUKEE
3	B 363	CHIPIE X MISSAUKEE
4	B 364	MISSAUKEE X BARAKA
5	B 365	BINTJE X (JAETTEBINTJE X RUSSET BURBANK)
6	B 366	EDEN X BARAKA
7	B 367	EDEN X MISSAUKEE
8	B 368	EDEN X (JAETTEBINTJE X RUSSET BURBANK)
9	B 369	ATLANTIC X CHIPIE

A colheita dos minitubérculos (Figura 1D) ocorreu no dia 12 de setembro de 2008, quando as plantas iniciaram o processo de senescência das folhas. Foram colhidos aleatoriamente 358 genótipos, representando as nove famílias. De cada genótipo foram coletados dois minitubérculos (clones), os quais foram armazenados em câmara frigorífica na temperatura constante de 20 °C ( $\pm 1$  °C), no escuro e com umidade relativa do ar de 85% ( $\pm 5\%$ ), para o rompimento da dormência e para serem utilizados na condução da segunda geração (G2). A G2 foi produzida entre 05 de março e 16 de junho (outono) de 2009, no espaçamento de 0,3 m entre plantas e 0,75 m entre linhas, com duas covas por clone. Os tratamentos culturais e o manejo das plantas seguiram o sistema de produção tecnificado para a cultura da batata (BISOGNIN, 1996; EPAGRI, 2002).

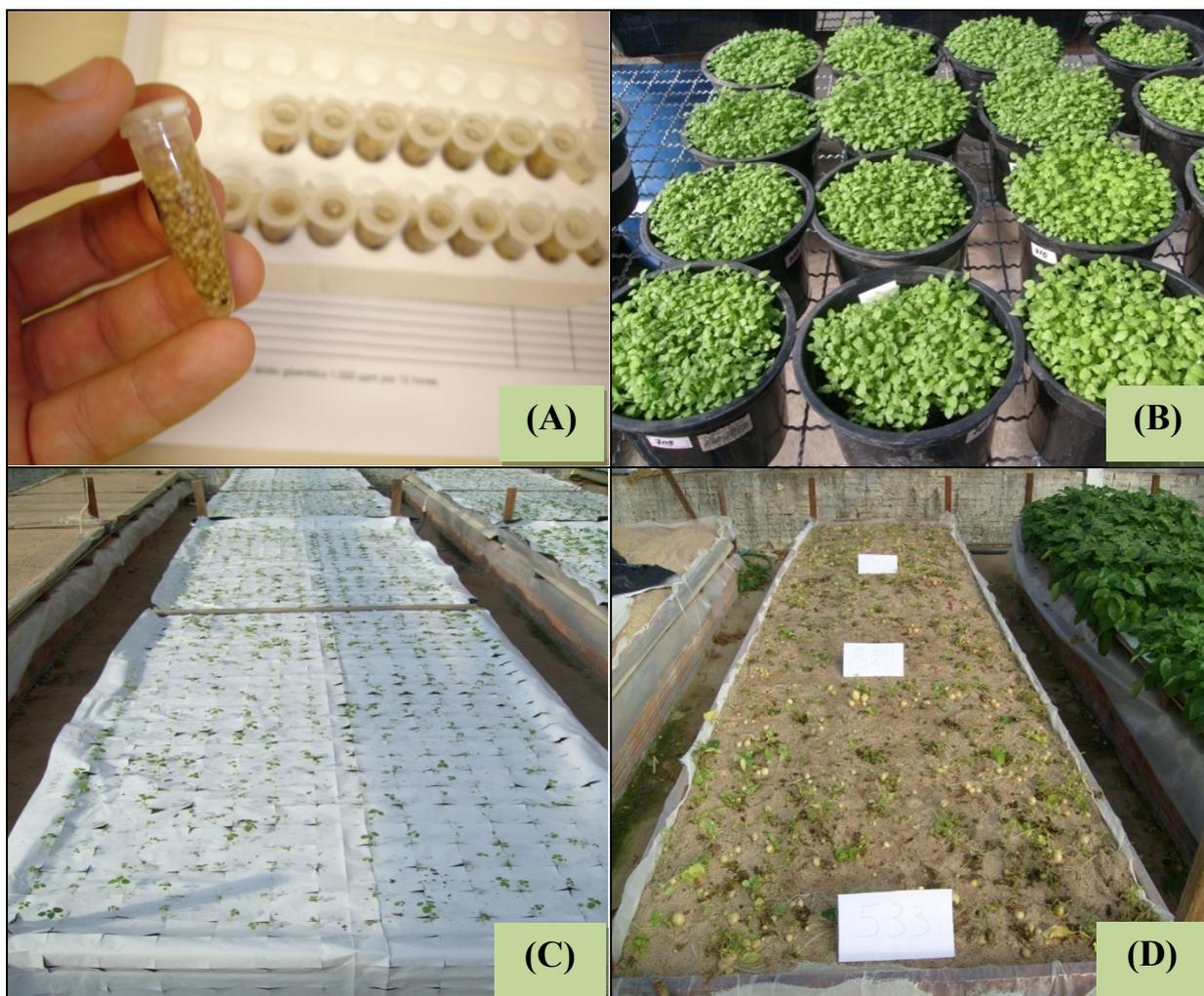


Figura 1 – (A) Sementes botânicas de batata tratadas com  $1.500 \text{ mg L}^{-1}$  de ácido giberélico; (B) Vasos de polietileno com plântulas de batata prontas para transplante; (C) Plântulas de batata transplantadas para o sistema fechado de cultivo sem solo e (D) Colheita de minitubérculos de famílias clonais. (Fotos: Arquivo pessoal).

Em ambas as gerações, foram avaliados os caracteres estatura da haste principal (EHP) (cm), massa fresca da parte aérea (MFA) (g), massa fresca de estolão (MFE) (g), massa fresca de tubérculos (MFT) (g), número de tubérculos por cova (NTC), embonecamento (EMB), presença de ponta (PON) e profundidade das gemas (PRG). Foi considerada como MFE a massa produzida abaixo do nível do substrato (G1) ou solo (G2), após a retirada dos tubérculos. A PON foi definida como ausente ou presente nos tubérculos, assim como o EMB. A profundidade das gemas também foi avaliada em uma escala variando de 1 a 5, sendo o valor 1 para gemas rasas e o valor 5 para gemas profundas. O formato do tubérculo foi avaliado como alongado (TAL) ou achatado (TAC), com a realização de medidas do maior e menor diâmetro do maior tubérculo produzido em cada cova. Visualmente, foi determinada a aspereza da casca (ASP), com uso de escala variando de 1 a 5, sendo 1 casca áspera e 5

casca lisa. Após a avaliação dos caracteres, em cada geração de cultivo (G1 e G2), foram retirados dois tubérculos de cada genótipo e armazenados à temperatura de 20°C, para avaliação do número de dias para rompimento da dormência (DRD) e, posteriormente, do número de brotos por tubérculo (NBT). Considerou-se dormência rompida quando o tubérculo apresentava pelo menos um broto com 2 mm de comprimento (BISOGNIN et al., 2008).

Os dados das avaliações de G1 e G2 foram submetidos às análises das medidas descritivas (média e coeficiente de variação), no geral (358 clones) e por família. Foi realizada a análise da variância entre família usando clones como repetição, para os 13 caracteres avaliados em cada plantio. Também foi realizada a análise da correlação de Pearson entre os caracteres de G1 e G2. Foi procedido o estudo da multicolinearidade dentro de cada grupo, visando reduzir o efeito perturbador da colinearidade na estimativa da correlação canônica. Os grupos de caracteres (G1 e G2), para cada família e no conjunto, foram utilizados para a realização da análise de correlação canônica (CRUZ; REGAZZI, 1994). As análises estatísticas foram realizadas com os aplicativos computacionais Genes (CRUZ, 2001) e SAEG (2007).

### **3.3 Resultados e discussão**

No conjunto das nove famílias, as médias das medidas dos caracteres da segunda geração (G2) foram maiores do que as da primeira (G1) para estatura da haste principal (EHP), massa fresca de parte aérea (MFA), massa fresca de estolão (MFE), massa fresca de tubérculos (MFT), tubérculo alongado (TAL) e embonecamento (EMB), e menores para número de tubérculos por cova (NTC), tubérculo achatado (TAC), aspereza da casca (ASP), presença de ponta (PON), profundidade de gemas (PRG), número de dias para rompimento da dormência (DRD) e número de brotos por tubérculo (NBT) (Tabelas 4 e 5). Nesse caso, verificou-se tendência de melhoria nos valores referentes à qualidade de alguns caracteres da G1 para a G2. O fato de se estar trabalhando com plantas oriundas de materiais propagativos diferenciados nas duas gerações (semente botânica e tubérculos), além das condições de cultivo com características distintas, ou seja, o sistema de cultivo sem solo em telado utilizado na geração de plantular (G1) e o cultivo a campo utilizado na segunda geração (G2), podem culminar em comportamento diferenciado das plantas. Aquelas oriundas de sementes

botânicas, comparadas às provenientes de tubérculos-semente, não apresentam uma fonte extra de energia para impulsionar o crescimento inicial a campo, estando na dependência de condições favoráveis do ambiente (LOMMEN, 1999). No caso das plantas originadas a partir de tubérculos-semente, as reservas armazenadas na forma de amido são mobilizadas assim que o processo de brotação é iniciado, sendo que o vigor da brotação e a taxa de crescimento subsequente normalmente estão relacionados ao conteúdo de reservas armazenadas (DENNY, 1929). Ainda, conforme Sinclair et al., 2004 e Paula et al., 2005, a emissão de folhas de uma planta afeta diretamente a evolução do índice de área foliar, que por sua vez tem relação direta com a interceptação da radiação solar pelo dossel, fotossíntese e o crescimento de diversos órgãos da planta. No entanto, do ponto de vista do melhoramento, as condições distintas utilizadas neste estudo podem ter propiciado a maximização da expressão dos caracteres, indicando a existência de variabilidade genética entre as famílias.

Neste estudo, também foi observado aumento da variabilidade entre os clones (CV maior) para os caracteres EHP, ASP e PON, e redução da variabilidade para os demais caracteres, comparando as duas gerações. A variabilidade entre as famílias foi significativa ( $p \leq 0,05$ ) para todos os caracteres nas duas gerações, com exceção da PON na G1 e MFA, EMB e PRG na G2. Este resultado indica, claramente, a existência de variabilidade genética entre as famílias estudadas, o que torna válido o conjunto de dados utilizado para este estudo e amplia a possibilidade de inferência sobre os mesmos. Além de necessária, a alta variabilidade genética era esperada entre e dentro das famílias de clones, já que nenhuma seleção foi realizada.

A manutenção da variabilidade é importante para melhorar as estimativas das correlações lineares entre os caracteres e da correlação canônica (RIGÃO et al., 2009). Por sofrer ação direta dos efeitos do ambiente a expressão fenotípica e as respostas distintas às condições ambientais, observadas em diferentes genótipos (interação G x E), são frequentemente constatadas em plantas cultivadas (CRUZ; CASTOLDI, 1991), principalmente de propagação vegetativa, a exemplo da batata. Essa interação reduz o ganho genético de seleção nos programas de melhoramento, pois determina inconsistência da superioridade genotípica com relação à variação de ambiente, tornando a seleção mais difícil (BRIGGS; KNOWLES, 1967; TAI; YOUNG, 1984; CRUZ; CASTOLDI, 1991; LOVE et al., 1997).

As correlações lineares entre G1 e G2 foram significativas ( $p \leq 0,05$ ), positivas e altas para 12 dos 13 caracteres avaliados. O único caráter que não apresentou correlação significativa foi o EMB (Tabela 6). As correlações lineares entre os caracteres foram

significativas em 54% dos casos para G1 e 46% dos casos para G2, sendo que, em 30% dos casos, as correlações significativas foram coerentes quanto ao sinal da correlação do G1 com o G2. Correlações significativas, positivas e altas também foram observadas por Rigão et al. (2009) para caracteres de tubérculos de clones de batata produzidos em três épocas de cultivo. Nos dois grupos de caracteres referentes à G1 e G2 a multicolinearidade foi fraca, de acordo com Montgomery; Peck (1982), com número de condição menor que 22 para G1 e menor que 15 para G2. Isto permitiu que todos os caracteres avaliados neste estudo fossem usados para a realização da análise de correlação canônica, pois quando variáveis estão correlacionadas entre si deve-se considerar que o efeito da colinearidade acarreta em resultados pouco confiáveis, induzindo conclusões equivocadas na correlação canônica (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

No conjunto das nove famílias, um total de 358 clones, a correlação canônica foi significativa ( $p \leq 0,05$ ) para as cinco primeiras combinações lineares ( $r_1=0,776$ ;  $r_2=0,689$ ;  $r_3=0,573$ ;  $r_4=0,441$ ;  $r_5=0,383$ ) (Tabelas 7 e 8). No entanto, considerando as correlações canônicas separadamente, para cada uma das nove famílias, o primeiro par canônico foi significativo para todas as famílias e o segundo par foi significativo para cinco das nove famílias. O fato de haver significância estatística para o primeiro par canônico indica que, para as famílias, houve relação entre as medidas dos caracteres avaliados, o que na prática pode auxiliar o processo de melhoramento (RIGÃO et al., 2009), ou seja, pode-se aplicar a seleção precoce de clones para esses caracteres já na G1.

No conjunto das nove famílias, examinando os coeficientes canônicos (maiores que 0,2 em valor absoluto) do primeiro par canônico (Tabela 7), constata-se que valores mais altos para MFA, MFT, PON e NBT e mais baixos para TAL e DRD na G1 determinam valores mais altos de EHP, MFE, MFT e NBT e mais baixos de NTC na G2. Contudo, estes resultados não se repetiram para as nove famílias quando analisadas separadamente, ou seja, somente é válido para a média do conjunto de famílias clonais. Rigão et al. (2009), utilizando a mesma metodologia de análise, também observaram a falta de repetibilidade da relação entre os caracteres de tubérculos de batata em diferentes épocas de cultivo. No entanto, Galarreta et al. (2006) observaram relação mais próxima entre gerações clonais do que entre geração clonal e geração plantular (neste estudo G1) e atribuíram estas diferenças a origem do material, ou seja, a geração plantular é estabelecida a partir de plântulas (oriundas de semente botânica) e as gerações clonais são estabelecidas a partir de tubérculos, o que também pode ter afetado os resultados deste estudo. A utilização da geração de plantular, aqui definida como G1, se justifica pela possibilidade de avaliar um grande número de indivíduos por

unidade de área (~177 indivíduos por m<sup>2</sup>), sem que haja limitação ao crescimento dos tubérculos, o que proporcionaria melhor expressão de caracteres de aparência e rendimento dos tubérculos de batata (VERISSIMO et al., 2012). Além disso, as condições ambientais são relativamente uniformes, pois os minitubérculos são produzidos em casa de vegetação em sistema fechado de cultivo utilizando areia grossa como substrato, o que minimiza a variância ambiental. A possibilidade de aplicação de seleção precoce, já na geração de plântulas produzidas a partir de semente botânica, é altamente benéfica para o programa de melhoramento genético, uma vez que possibilita a eliminação de um grande número de indivíduos antes mesmo de serem avaliados a campo.

Apesar dos resultados da análise de correlação canônica para o conjunto de 358 clones de batata não terem permitido, ainda, estabelecer uma regra geral para a seleção precoce de clones, válida para qualquer família, neste estudo foi observado que existe variação entre famílias de clones de batata, fazendo com que, nesses casos, o ganho genético para a seleção dos caracteres seja menor. Entretanto, com base nos coeficientes canônicos do primeiro par canônico para o conjunto de clones, observa-se a possibilidade de identificação precoce de clones baseados nos caracteres estatura de haste principal e número de brotos por tubérculo, que apresentaram correlação positiva (aumento) entre as gerações e através dos caracteres massa fresca de tubérculos, número de tubérculos por cova e dias para rompimento da dormência, que apresentaram correlação coerente em sinal, apesar da menor magnitude na geração G2.

### **3.4 Conclusões**

O uso da análise de correlação canônica mostrou que existe associação entre caracteres de planta e tubérculo entre geração plantular e clonal. A avaliação de clones no conjunto foi mais eficiente para identificar a correlação de caracteres entre as gerações do que entre famílias. Os caracteres estatura de haste principal, número de brotos por tubérculo, massa fresca de tubérculos, número de tubérculos por cova e dias para rompimento da dormência apresentaram resultados mais promissores para a identificação precoce de clones superiores de batata.

Tabela 4 – Médias e coeficientes de variação (CV%) para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto dos 358 clones avaliados para caracteres de planta e tubérculo de batata na primeira geração de cultivo (G1) em casa de vegetação.

Estatísticas	Famílias com respectivo número de clones avaliados									
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	Conjunto
	Estatura da haste principal (cm)									
Média	21,35	22,30	18,61	27,90	29,15	21,32	19,71	23,73	35,80	24,76*
CV%	26,2	48,1	33,9	38,8	36,8	29,1	38,1	36,2	43,1	44,7
	Massa fresca de parte aérea (g)									
Média	29,00	31,92	23,97	45,95	40,93	27,68	31,13	42,31	51,94	36,62*
CV%	79,2	93,3	69,0	81,8	92,1	91,7	102,4	88,9	102,0	96,7
	Massa fresca de estolão (g)									
Média	0,48	0,78	0,55	0,90	1,46	0,75	0,99	0,56	1,43	0,89*
CV%	101,5	115,1	110,7	111,8	83,5	121,2	108,2	103,6	75,2	108,4
	Massa fresca de tubérculos (g)									
Média	54,02	51,61	79,23	76,86	84,16	41,86	50,59	92,54	75,62	67,94*
CV%	111,2	101,5	66,2	60,5	80,2	70,0	97,6	69,4	49,6	80,1
	Número de tubérculos por cova									
Média	8,03	8,38	9,30	7,88	7,70	5,68	6,62	8,05	9,41	7,94*
CV%	59,7	64,1	57,2	56,7	52,0	83,8	57,4	44,5	52,3	59,0
	Tubérculo alongado									
Média	0,78	0,65	0,78	0,68	0,58	0,44	0,66	0,65	0,67	0,65*
CV%	15,5	23,3	20,7	17,6	26,9	22,2	19,8	17,5	28,2	25,8
	Tubérculo achatado									
Média	0,87	0,87	0,90	0,82	0,89	0,91	0,88	0,84	0,92	0,88*
CV%	11,2	9,6	7,4	11,2	9,8	7,2	9,7	11,9	5,3	9,8
	Aspereza da casca									
Média	3,03	2,31	3,49	3,23	3,45	2,82	2,94	2,90	3,09	3,02*
CV%	23,4	31,0	14,5	16,4	29,3	18,2	23,6	12,7	15,0	23,6
	Presença de ponta									
Média	0,49	0,62	0,51	0,65	0,68	0,82	0,56	0,71	0,63	0,63 <sup>ns</sup>
CV%	103,9	79,4	98,7	74,3	70,3	48,2	90,2	64,0	77,4	76,5
	Embonecamento									
Média	0,38	0,40	0,38	0,23	0,45	0,66	0,47	0,62	0,39	0,44*
CV%	128,1	122,7	129,9	188,0	112,0	73,1	107,7	79,4	126,1	112,7

(continua)

Tabela 4 – Médias e coeficientes de variação (CV%) para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto dos 358 clones avaliados para caracteres de planta e tubérculo de batata na primeira geração de cultivo (G1) em casa de vegetação.

Estatísticas	Famílias com respectivo número de clones avaliados									
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	Conjunto
	Profundidade de gemas									
Média	1,44	1,88	1,57	1,15	1,13	1,16	1,88	1,57	1,33	1,45*
CV%	47,4	42,7	46,4	31,4	41,2	31,9	38,7	44,8	39,1	46,0
	Número de dias para rompimento da dormência									
Média	104,14	107,95	101,80	108,21	84,58	120,07	123,65	122,02	108,22	108,78*
CV%	14,3	18,2	16,6	15,9	21,7	12,3	11,2	14,7	12,0	18,2
	Número de brotos por tubérculo									
Média	3,33	3,27	2,00	2,46	2,04	2,55	2,65	2,63	2,77	2,64*
CV%	38,8	62,3	61,2	51,5	55,1	62,9	58,5	66,6	53,2	58,9

\* Variância entre famílias significativa, pelo teste F a 5% de probabilidade de erro.

Tabela 5 – Médias e coeficientes de variação (CV%) para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto dos 358 clones avaliados para caracteres de planta e tubérculo de batata na segunda geração de cultivo (G2) em campo.

Estatísticas	Famílias com respectivo número de clones avaliados									
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	Conjunto
	Estatura da haste principal (cm)									
Média	28,06	24,21	29,71	22,38	26,80	22,68	19,00	23,59	29,10	25,18*
CV%	30,8	38,1	32,7	43,3	35,8	40,3	49,4	40,7	28,8	38,6
	Massa fresca de parte aérea (g)									
Média	116,80	95,87	136,78	106,86	116,58	93,81	88,00	131,43	116,97	111,84 <sup>ns</sup>
CV%	66,9	71,5	105,8	57,5	63,5	59,6	90,6	66,2	68,1	75,5
	Massa fresca de estolão (g)									
Média	8,00	8,84	9,44	8,14	9,09	7,29	6,10	11,18	8,76	8,60*
CV%	68,6	71,3	53,8	65,9	69,4	59,2	94,9	67,5	45,4	67,0
	Massa fresca de tubérculos (g)									
Média	229,40	174,27	248,10	170,36	248,64	193,63	159,88	258,75	224,90	212,88*
CV%	52,0	64,0	67,5	52,3	67,0	49,9	82,7	71,4	46,3	64,4
	Número de tubérculos por cova									
Média	4,63	5,01	6,46	3,99	5,76	3,67	4,15	5,60	4,42	4,86*
CV%	38,8	72,2	46,4	43,1	46,6	58,3	64,6	51,1	38,4	54,6
	Tubérculo alongado									
Média	1,02	0,82	1,03	0,90	0,75	0,66	0,86	0,85	0,97	0,87*
CV%	14,4	15,0	15,1	14,9	21,2	11,0	18,5	18,2	15,5	20,8
	Tubérculo achatado									
Média	0,82	0,82	0,81	0,77	0,83	0,84	0,81	0,81	0,85	0,82*
CV%	6,7	6,4	7,1	7,0	6,6	6,4	8,1	6,7	5,5	7,1
	Aspereza da casca									
Média	2,31	2,56	2,68	2,15	2,90	2,03	2,21	4,06	2,48	2,61*
CV%	20,3	21,5	19,8	19,8	33,9	14,0	18,8	12,2	26,5	31,2
	Presença de ponta									
Média	0,33	0,49	0,46	0,44	0,65	0,55	0,76	0,60	0,13	0,48*
CV%	143,3	103,7	110,0	157,8	74,3	91,2	57,4	79,2	261,1	108,9
	Embonecamento									
Média	0,56	0,41	0,76	0,65	0,65	0,50	0,70	0,52	0,50	0,58 <sup>ns</sup>
CV%	97,9	120,3	78,8	74,3	74,3	95,9	67,0	96,5	101,1	88,8

(continua)

Tabela 5 – Médias e coeficientes de variação (CV%) para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto dos 358 clones avaliados para caracteres de planta e tubérculo de batata na segunda geração de cultivo (G2) em campo.

Estatísticas	Famílias com respectivo número de clones avaliados									
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	Conjunto
	Profundidade de gemas									
Média	1,36	1,17	1,43	1,21	1,45	1,37	1,27	1,40	1,36	1,34 <sup>ns</sup>
CV%	43,0	42,3	42,1	33,9	53,4	35,7	40,6	37,9	35,7	41,4
	Dias para rompimento da dormência									
Média	105,72	107,95	97,20	100,93	96,64	114,26	107,74	111,90	106,08	105,42*
CV%	13,7	16,6	11,5	12,2	13,7	13,8	14,2	10,3	7,7	13,8
	Número de brotos por tubérculo									
Média	1,24	1,33	1,49	1,65	1,89	1,41	1,15	1,49	1,77	1,50*
CV%	45,1	48,1	43,8	50,1	62,5	55,3	43,6	50,6	64,8	56,5

\* Variância entre famílias significativa, pelo teste F a 5% de probabilidade de erro; ns = variância não significativa.

Tabela 6 – Correlação linear entre os caracteres de clones de batata para a primeira (G1) e a segunda (G2) geração de cultivo.

Variável	EHP**	MFA	MFE	MFT	NTC	TAL	TAC	ASP	PON	EMB	PRG	DOR	NBT
Primeira Geração (G1)													
EHP	1												
MFA	0,73*	1											
MFE	0,60*	0,66*	1										
MFT	0,47*	0,73*	0,49*	1									
NTC	0,41*	0,47*	0,59*	0,50*	1								
TAL	-0,13*	-0,04	-0,03	-0,01	0,13*	1							
TAC	-0,15*	-0,16*	0,01	-0,16*	-0,06	-0,01	1						
ASP	-0,01	-0,01	-0,02	0,00	-0,08*	0,16*	-0,01	1					
PON	0,12*	0,12*	0,10*	0,19*	0,07	-0,37*	-0,09*	-0,05	1				
EMB	0,06	0,14*	0,01	0,22*	0,00	-0,28*	-0,05	-0,15*	0,13*	1			
PRG	0,00	0,11*	0,04	0,15*	0,15*	0,16*	0,06	-0,16*	-0,01	-0,01	1		
DRD	-0,14*	-0,06	-0,10*	-0,12*	-0,05	0,00	0,08*	-0,16*	-0,02	0,06	0,04	1	
NBT	0,05	0,11*	0,06	0,10*	-0,01	-0,01	-0,09*	-0,15*	-0,04	-0,03	0,10*	-0,11*	1
Segunda Geração (G2)													
EHP	1												
MFA	0,70*	1											
MFE	0,60*	0,63*	1										
MFT	0,63*	0,71*	0,62*	1									
NTC	0,49*	0,58*	0,65*	0,60*	1								
TAL	0,10*	0,04	-0,01	-0,07	0,03	1							
TAC	0,00	-0,07	0,01	-0,05	0,01	-0,10	1						
ASP	0,03	0,08*	0,14*	0,16*	0,09*	0,02	-0,02	1					
PON	-0,09*	-0,04	0,02	0,01	0,01	-0,42*	-0,04	0,04	1				
EMB	0,12*	0,15*	0,20*	0,19*	0,23*	0,07	0,00	-0,07	0,04	1			
PRG	0,11*	0,15*	0,16*	0,21*	0,24*	0,00	0,10*	0,04	0,09*	0,14*	1		
DRD	-0,16*	-0,13*	-0,15*	-0,25*	-0,16*	0,02	0,04	0,05	-0,06	-0,07*	-0,06	1	
NBT	0,25*	0,21*	0,25*	0,32*	0,22*	-0,11*	-0,02	0,03	0,07	0,08*	0,09*	-0,28*	1

(continua)

Tabela 6 – Correlação linear entre os caracteres de clones de batata entre a primeira (G1) e a segunda (G2) gerações de cultivo.

Variável	EHP**	MFA	MFE	MFT	NTC	TAL	TAC	ASP	PON	EMB	PRG	DRD	NBT
Primeira Geração (G1) vs Segunda Geração (G2)													
EHP	0,49*	0,52*	0,36*	0,55*	0,37*	-0,01	-0,10*	0,01	0,14*	0,12*	0,08*	-0,17*	0,16*
MFA	0,39*	0,51*	0,31*	0,57*	0,36*	-0,01	-0,16*	-0,01	0,19*	0,16*	0,22*	-0,11*	0,12*
MFE	0,38*	0,56*	0,34*	0,63*	0,28*	-0,08*	-0,15*	-0,05	0,24*	0,19*	0,17*	-0,06	0,08*
MFT	0,32*	0,49*	0,25*	0,61*	0,25*	-0,10*	-0,18*	-0,01	0,16*	0,21*	0,15*	-0,23*	0,23*
NTC	0,25*	0,39*	0,26*	0,46*	0,33*	0,01	-0,13*	-0,08*	0,11*	0,13*	0,19*	-0,11*	-0,01
TAL	-0,03	-0,04	-0,08*	0,04	0,13*	0,62*	0,05	0,13*	-0,30*	-0,19*	0,13*	0,03	-0,04
TAC	0,03	-0,02	0,08*	-0,03	0,00	-0,09*	0,25*	-0,02	0,04	0,06	-0,07	0,00	-0,05
ASP	-0,05	0,03	-0,09*	0,15*	-0,01	0,02	-0,02	0,19*	0,01	0,01	0,06	0,01	0,01
PON	-0,04	0,04	-0,01	0,08*	-0,03	-0,30*	-0,10*	-0,09*	0,18*	0,18*	-0,01	-0,01	-0,04
EMB	0,11*	0,13*	0,12*	0,20*	0,09*	0,06	-0,14*	0,03	0,01	0,02	0,02	-0,03	0,00
PRG	0,00	0,06	0,06	0,16*	0,09*	0,06	-0,02	0,00	0,11*	0,00	0,17*	-0,04	0,01
DRD	-0,06	-0,05	-0,01	-0,18*	0,02	-0,01	0,11*	-0,18*	-0,15*	0,06	-0,04	0,52*	-0,05
NBT	0,30*	0,33*	0,18*	0,28*	0,06	-0,19*	-0,08*	0,11*	0,10*	0,12*	0,02	-0,20*	0,13*

\* Significativo pelo teste t, em nível de 5% de probabilidade de erro.

\*\* EHP= Estatura da Haste Principal; MFA= Massa Fresca de Parte Aérea; MFE= Massa Fresca de Estolão; MFT= Massa Fresca de Tubérculos; NTC= Número de Tubérculos por Cova; TAL= Tubérculo Alongado; TAC= Tubérculo Achatado; ASP= Aspereza da Casca; PON= Presença de ponta; EMB= Embonecamento; PRG= Profundidade de Gemas; DRD= Dias para Rompimento da Dormência; NBT= Número de Brotos por Tubérculo.

Tabela 7 – Coeficientes canônicos e correlação canônica do primeiro par canônico (CC1), para caracteres de batata na primeira (G1) e segunda (G2) geração de cultivo para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto dos 358 clones avaliados.

Caracteres Avaliados	Famílias com respectivo número de clones avaliados									
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	Conjunto
Coeficientes canônicos da Primeira Geração (G1)										
EHP	-0,038	-0,006	-0,081	-0,134	0,144	0,224	-0,142	0,075	-0,566	0,070
MFA	1,107	0,170	-0,766	0,429	-0,338	0,001	0,187	-0,102	0,653	0,429
MFE	-0,170	-0,333	0,266	0,005	0,444	0,637	-0,129	0,028	-0,279	-0,143
MFT	0,119	0,368	0,387	0,217	1,022	1,045	0,257	0,683	0,710	0,850
NTC	0,106	0,082	0,126	0,015	-0,088	-0,713	-0,050	-0,392	-0,275	-0,145
TAL	-0,035	0,102	0,211	0,283	-0,029	0,280	-0,024	-0,089	-0,219	-0,294
TAC	-0,113	-0,033	0,026	0,150	-0,153	-0,027	0,066	0,125	0,282	-0,107
ASP	-0,145	0,163	-0,052	0,176	-0,171	0,062	-0,137	0,024	0,244	0,103
PON	0,296	-0,031	0,487	0,019	-0,104	-0,282	-0,176	0,245	0,147	0,199
EMB	0,187	0,012	0,213	0,094	-0,006	0,247	0,299	0,062	0,011	0,104
PRG	0,176	-0,030	-0,532	-0,030	0,103	-0,395	-0,226	0,223	-0,072	0,141
DRD	-0,167	-0,510	0,258	-0,168	0,008	0,199	-0,417	-0,167	-0,044	-0,270
NBT	0,093	0,163	0,029	-0,283	0,118	-0,059	0,383	0,126	0,039	0,210
Coeficientes canônicos da Segunda Geração (G2)										
EHP	-0,241	-0,245	0,184	-0,348	0,150	0,282	0,181	0,100	-0,187	0,203
MFA	0,529	-0,097	-0,216	0,649	0,344	0,070	0,510	0,001	-0,028	0,184
MFE	0,495	-0,090	-0,093	0,229	0,676	0,586	-0,043	0,732	0,114	0,611
MFT	0,462	0,851	0,291	-0,256	0,054	0,476	0,440	0,324	0,839	0,535
NTC	0,103	-0,034	-0,054	0,029	-0,316	0,011	-0,509	-0,513	-0,289	-0,285
TAL	0,085	-0,074	0,035	-0,070	-0,022	0,009	-0,029	0,015	-0,132	-0,174
TAC	0,285	-0,027	-0,052	0,236	0,144	-0,083	0,134	0,077	0,206	-0,027
ASP	-0,101	0,136	-0,534	0,367	-0,302	0,420	-0,248	0,133	-0,024	0,070
PON	0,067	-0,201	-0,079	-0,128	0,221	0,057	0,324	0,192	0,129	0,186
EMB	-0,236	0,030	0,021	0,059	0,283	0,241	-0,085	-0,076	-0,109	0,047
PRG	0,087	-0,120	0,058	-0,194	0,136	-0,107	-0,168	-0,001	-0,046	-0,018
DRD	-0,063	-0,337	0,332	0,183	0,142	0,291	-0,155	-0,071	-0,225	-0,168
NBT	0,151	0,061	-0,644	0,230	0,139	-0,071	-0,089	0,122	0,146	0,288
CC1	0,966*	0,983*	0,976*	0,968*	0,964*	0,957*	0,986*	0,953*	0,907*	0,776*

\* Significativo pelo teste t em nível de 5% de probabilidade de erro.

\*\* EHP= Estatura da Haste Principal; MFA= Massa Fresca de Parte Aérea; MFE= Massa Fresca de Estolão; MFT= Massa Fresca de Tubérculos; NTC= Número de Tubérculos por Cova; TAL= Tubérculo Alongado; TAC= Tubérculo Achatado; ASP= Aspereza da Casca; PON= Presença de Ponta; EMB= Embonecamento; PRG= Profundidade de Gemas; DRD= Dias para Rompimento da Dormência; NBT= Número de Brotos por Tubérculo.

Tabela 8 – Coeficientes canônicos e correlação canônica do segundo par canônico (CC2), para caracteres de batata na primeira geração (G1) e segunda geração (G2) de cultivo para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto dos 358 clones avaliados.

Caracteres avaliados	Famílias com respectivo número de clones avaliados									
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	Conjunto
Coeficientes canônicos da Primeira Geração (G1)										
EHP	-0,145	0,065	-0,597	-0,649	0,228	-0,394	-0,081	-0,149	-0,492	-0,231
MFA	0,203	0,929	0,967	0,569	0,448	0,953	0,360	1,034	0,610	0,308
MFE	-0,206	-0,173	-0,018	-0,141	-0,232	-0,472	-0,113	-0,778	-0,127	0,317
MFT	-0,238	-0,111	-1,027	-0,243	-0,376	-0,192	0,018	-0,092	-0,382	-0,474
NTC	-0,046	-0,346	-0,221	0,217	-0,037	0,259	0,091	0,110	-0,012	-0,116
TAL	-0,127	0,196	-0,083	0,213	-0,195	-0,014	0,077	0,190	0,256	-0,796
TAC	-0,222	0,304	0,078	-0,009	0,013	-0,076	0,004	-0,241	0,553	-0,036
ASP	0,185	0,083	0,286	-0,013	-0,106	-0,050	0,067	-0,055	-0,034	-0,177
PON	0,038	-0,587	0,030	-0,181	-0,016	0,140	0,192	-0,238	0,535	0,041
EMB	0,115	0,139	-0,081	0,157	0,083	-0,025	-0,071	-0,046	0,133	0,086
PRG	-0,001	-0,207	0,461	-0,030	-0,300	0,148	0,124	-0,055	-0,208	-0,165
DRD	-0,065	0,317	0,245	0,118	0,064	-0,236	0,298	0,314	0,081	0,148
NBT	0,102	0,211	0,031	-0,056	-0,386	0,039	0,013	0,267	0,270	0,001
Coeficientes canônicos da Segunda Geração (G2)										
EHP	-0,096	0,318	-0,672	-0,533	0,245	-0,091	0,001	0,002	-0,586	0,004
MFA	-0,638	-0,382	0,315	0,474	0,186	0,404	-0,691	-0,488	-0,028	-0,142
MFE	0,163	-0,036	0,130	0,165	-0,674	0,340	0,532	0,290	-0,207	0,089
MFT	0,612	0,478	-0,357	0,209	0,165	-0,661	0,366	0,286	-0,231	-0,051
NTC	-0,247	0,084	-0,304	-0,506	0,298	0,051	0,091	0,262	0,175	-0,015
TAL	-0,127	0,270	0,025	0,238	-0,321	-0,345	0,042	0,107	-0,283	-0,874
TAC	-0,180	-0,196	0,056	0,135	0,109	0,034	-0,044	-0,232	0,129	0,053
ASP	0,046	0,214	0,310	-0,041	0,079	-0,222	0,126	0,095	0,073	-0,213
PON	0,021	0,106	-0,001	-0,185	0,043	-0,219	-0,182	-0,321	-0,312	0,063
EMB	-0,140	-0,102	-0,184	0,221	0,216	-0,064	0,160	0,128	-0,394	-0,055
PRG	0,024	-0,018	0,217	0,066	-0,284	-0,095	0,126	0,066	-0,010	-0,140
DRD	-0,173	0,551	0,058	0,020	-0,113	-0,170	0,042	0,503	0,270	0,335
NBT	0,140	-0,182	0,170	0,024	-0,268	-0,123	0,031	0,277	0,319	0,134
CC2	0,928	0,899	0,952*	0,890	0,888*	0,905	0,960*	0,883*	0,868*	0,689*

\* Significativo pelo teste t em nível de 5% de probabilidade de erro.

\*\* EHP= Estatura da Haste Principal; MFA= Massa Fresca de Parte Aérea; MFE= Massa Fresca de Estolão; MFT= Massa Fresca de Tubérculos; NTC= Número de Tubérculos por Cova; TAL= Tubérculo Alongado; TAC= Tubérculo Achatado; ASP= Aspereza da Casca; PON= Presença de Ponta; EMB= Embonecamento; PRG= Profundidade de Gemas; DRD= Dias para Rompimento da Dormência; NBT= Número de Brotos por Tubérculo.

## **4 CAPÍTULO II - SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE BATATA PARA DORMÊNCIA**

### **4.1 Introdução**

A batata é cultivada no Sul do Brasil, tanto em condições temperadas de altitude com clima do tipo Cfb (temperado úmido com verões temperados) onde a temperatura média do ar no mês mais quente não ultrapassa os 22 °C, quanto em condições de clima subtropical do tipo Cfa (temperado úmido com verões quentes) onde a temperatura média do ar no mês mais quente é superior a 22 °C, conforme classificação de Köppen (MORENO, 1961). Em condições temperadas, como é o caso dos Campos de Cima da Serra do Rio Grande do Sul e do Planalto Sul Catarinense, com altitudes entre 900 a 1.500 m, o plantio de batata é realizado uma vez ao ano, de final de setembro até início de fevereiro, sendo a colheita realizada entre os meses de fevereiro e junho (HELDWEIN et al., 2009). Já em condições de clima subtropical, a exemplo da região Central do Rio Grande do Sul, normalmente, são utilizados dois cultivos anuais de batata. Um dos cultivos é conduzido no outono, sendo o plantio realizado nos meses de fevereiro a março e a colheita em junho, e o outro cultivo conduzido na primavera, com plantio entre os meses de julho a agosto e colheita em dezembro (HELDWEIN et al., 2009).

Em condições temperadas, os produtores podem utilizar cultivares com maior ciclo vegetativo e, também, de longa dormência dos tubérculos, pois o cultivo nessas condições é realizado uma vez no ano. Nesse caso, o uso de cultivares de curta dormência acarretaria na necessidade de conservação da batata-semente sob baixas temperaturas (2 a 4 °C) para a manutenção da qualidade fisiológica (BEUKEMA; VAN DER ZAAG, 1990; BISOGNIN et al., 2008). Por outro lado, cultivares com menor período de dormência dos tubérculos e menor ciclo vegetativo são indicadas para condições de clima subtropical, com dois cultivos anuais (PEREIRA; DANIELS, 2003), já que o intervalo entre cultivos é curto e os tubérculos-semente devem ser plantados completamente brotados (BISOGNIN, 1996; CONCEIÇÃO et al., 1999). O plantio de tubérculos dormentes resulta em atraso na emergência e cobertura do solo, além de falhas e desuniformidade no estande de plantas (SCHOLTE, 1990; HIRANO, 2003), o que dificulta os tratos culturais e reduz o rendimento em relação ao potencial da cultivar (BISOGNIN; STRECK, 2009). Portanto, tubérculos com

longa dormência são adequados para locais onde realiza-se apenas um cultivo anual (SOUZA, 2010), ao passo que tubérculos de curta dormência são indicados em locais que permitam dois cultivos anuais (BISOGNIN, 1996; CONCEIÇÃO et al., 1999; PEREIRA; DANIELS, 2003; SOUZA, 2010), devendo ser um dos primeiros caracteres a ser selecionado em um programa de melhoramento de batata.

Em programas de melhoramento genético de batata, a identificação precoce de indivíduos superiores em populações segregantes reduz o número de clones a serem mantidos e avaliados, contribuindo para a redução de gastos com mão de obra e espaço físico para a condução das gerações clonais a campo, direcionando esforços e recursos para as populações com maior probabilidade de seleção de genótipos superiores (BISOGNIN; DOUCHES, 2002; AMARO et al., 2003). A natureza do caractere avaliado é um dos fatores que contribui para a eficácia deste tipo de seleção. Para caracteres com alta herdabilidade, como a cor da casca, o formato dos tubérculos, a profundidade das gemas, o apontamento e a curvatura dos tubérculos, a seleção precoce tem sido praticada com sucesso (GOPAL, 1997; LOVE et al., 1997; AMARO et al., 2003; SILVA et al., 2007). Já para caracteres que apresentam baixa herdabilidade a seleção em gerações iniciais deve ser cautelosa, em virtude da grande influência que o ambiente exerce na manifestação do fenótipo. Portanto, a estratégia de seleção dependente da herdabilidade de cada caráter.

A dormência dos tubérculos de batata, definida como a fase fisiológica em que o crescimento dos brotos não ocorre mesmo em condições ambientais ideais (REUST, 1986), é considerada um caractere quantitativo (BRYAN, 2011), sob controle poligênico (SIMMONDS, 1964). Análises de QTL (Locos de Caracteres Quantitativos) indicam que a dormência dos tubérculos é controlada por, pelo menos, nove loci distintos (VAN DEN BERG et al., 1996). O controle genético e os processos fisiológicos que regulam a dormência são complexos e fortemente influenciados pelas condições ambientais de pré e pós-colheita (SUSNOSCHI, 1981; SUTTLE, 2004; 2007). A duração desta fase pode variar de acordo com o genótipo (BURTON, 1989; VAN ITTERSUM et al., 1992; STRUIK, 2007), a idade fisiológica do tubérculo (MÜLLER et al., 2010) e as injúrias ocasionadas durante a colheita. A dormência dos tubérculos também pode ser influenciada pelo balanço hormonal entre promotores e inibidores do crescimento (HEMBERG, 1985; SUTTLE, 2004), pois a brotação ocorre quando há um balanço favorável dos promotores em relação aos inibidores (LECLERC et al., 1995; SUTTLE, 2004). No entanto, a provável ocorrência de múltiplos reguladores de crescimento atuando no controle da dormência dos tubérculos dificulta o seu entendimento (COLEMAN et al., 2001).

Tubérculos produzidos em condições ambientais com baixas temperaturas tendem a apresentar maior período de dormência do que aqueles produzidos em altas temperaturas, especialmente durante o final do período de crescimento (BEUKEMA; VAN DER ZAAG, 1979). Assim, diferentes clones e/ou condições de cultivo resultam em tubérculos com diferentes períodos de dormência. A conservação em câmaras frigoríficas é outro fator que interfere no tempo em que os tubérculos permanecem dormentes (MÜLLER et al., 2010), sendo que este tende a ser inversamente proporcional a temperatura de armazenamento, sobretudo na faixa compreendida entre 4 e 25 °C (CARLI et al., 2010). O crescimento dos brotos também é afetado pela temperatura, sendo que valores entre 16 e 20°C parecem ser mais adequados para o crescimento dos mesmos (BEUKEMA; VAN DER ZAAG, 1979).

Em virtude de a dormência ser um caráter de herança quantitativa (BRYAN, 2011), que sofre grande influência do ambiente (SUSNOSCHI, 1981; SUTTLE, 2004; 2007) e do balanço entre promotores e inibidores do crescimento (HEMBERG, 1985; SUTTLE, 2004), normalmente, os programas de melhoramento genético de batata não realizam seleção nas primeiras gerações clonais. A primeira geração de seleção, geralmente, é estabelecida no campo com tubérculos produzidos em ambiente protegido, a partir de plântulas oriundas de sementes botânicas. Esses tubérculos, em geral, são de tamanho pequeno e poderiam apresentar um período de duração de dormência similar a aqueles produzidos no campo, pois Leclerc et al. (1995) encontraram correlação significativa para o período de dormência de tubérculos produzidos *in vitro* e *in vivo*. Portanto, por ser um caráter fundamental em cultivares utilizadas em condições subtropicais (BISOGNIN, 1996; CONCEIÇÃO et al., 1999; SOUZA, 2010), a definição de uma estratégia de seleção precoce para o período de dormência dos tubérculos seria de grande valia para os programas de melhoramento, principalmente se o método fosse eficaz em classificar precocemente os clones de batata em diferentes níveis de dormência.

Após o rompimento da dormência, algumas cultivares manifestam dominância apical, que é caracterizada pela inibição da brotação das gemas laterais, exercida pela gema apical (BISOGNIN et al., 2008). A dominância apical é um caráter que pode ser influenciado, entre outros fatores, por estresse abiótico (ESHEL; TERPER-BAMNOLKER, 2012), incluindo a temperatura de armazenamento (MÜLLER et al., 2010), uma vez que o aumento no número de semanas que os tubérculos permanecem expostos a baixas temperaturas reduz a dominância apical (STRUIK, 2007). Recentemente, Terper-Bamnolker et al. (2012) observaram que o rompimento da dominância apical está ligada a morte programada de células do meristema apical dominante, fato que estimularia o início da brotação das gemas

laterais. Entretanto, os mecanismos envolvidos na regulação da dominância apical ainda não foram claramente elucidados, apesar do conhecimento do comportamento desse processo ser importante para o cultivo de batata, pois o plantio de tubérculos nesse estágio resulta em baixa densidade de plantas, independente do tamanho dos tubérculos, o que afeta negativamente o potencial produtivo da lavoura (BISOGNIN; STRECK, 2009).

O presente trabalho teve como objetivo desenvolver e validar um método de seleção precoce de clones de batata para a dormência dos tubérculos, que possa ser empregado tanto para a identificação de clones com curta dormência, para serem utilizados em condições subtropicais de cultivo, quanto de longa dormência, para serem utilizados em condições temperadas de cultivo.

## 4.2 Material e métodos

Para desenvolver um método de seleção precoce de clones de batata para a dormência dos tubérculos, foram utilizados 19 famílias oriundas de cruzamentos controlados entre clones/cultivares de batata (Tabela 9), com aptidão para a utilização na indústria de processamento. Foram utilizadas duas gerações (G1 e G2) das 19 famílias, sendo G1 os minitubérculos obtidos de plântulas produzidas sob telado no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), em sistema fechado de cultivo sem solo, e G2 os tubérculos produzidos na área experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural (EPAGRI) de São Joaquim - SC (28°16'S e 49°56'O e altitude de 1.400 m).

Para a produção dos minitubérculos da G1, as sementes botânicas dos cruzamentos foram tratadas com solução de ácido giberélico ( $1.500 \text{ mg L}^{-1}$ ) por 12 horas, para promover o rompimento da dormência. A semeadura foi realizada em vasos de polietileno ( $1.000 \text{ cm}^3$ ) contendo substrato comercial à base de casca de *pinus*. Os cultivos foram irrigados, manualmente, uma vez por dia. Os vasos foram mantidos em casa de vegetação, por aproximadamente 25 dias, quando as plântulas emergidas se encontravam com um par de folhas definitivas. Após esse período, 150 plântulas de cada cruzamento (família) foram transplantadas para o sistema fechado de cultivo sem solo, com fertirrigação por inundação (ANDRIOLO, 2006), entre os dias 29 de abril a 06 de maio de 2010, para a produção dos minitubérculos. O espaçamento entre plântulas foi de 7,5 x 7,5 cm e o plantio realizado em cova única.

Tabela 9 – Relação das 19 famílias obtidas por cruzamento controlado com o respectivo código e genealogia utilizadas para o desenvolvimento do método de seleção precoce.

Família	Código	Genealogia
1	SMSJ10521	MB 9846-01 X MISSAUKEE
2	SMSJ10522	ELVIRA X MISSAUKEE
3	SMSJ10523	FRITAL INTA X MISSAUKEE
4	SMSJ10524	BARAKA X MISSAUKEE
5	SMSJ10525	MISSAUKEEX BARAKA
6	SMSJ10526	MISSAUKEEX (JAETTE BINTJE x RUSSET BURBANK)
7	SMSJ10527	(JAETTE BINTJE x RUSSET BURBANK) X MISSAUKEE
8	SMSJ10528	EMERAUDE X MISSAUKEE
9	SMSJ10529	ASTERIX X MISSAUKEE
10	SMSJ10530	BINTJE X MISSAUKEE
11	SMSJ10531	CATUCHA X MISSAUKEE
12	SMSJ10532	ELIZA X MISSAUKEE
13	SMSJ10533	FL1867 X MISSAUKEE
14	SMSJ10534	CHIPIE X MISSAUKEE
15	SMSJ10535	SERRANA X MISSAUKEE
16	SMSJ10536	EESJ01733 X MISSAUKEE
17	SMSJ10537	CL 90-3-46 X MISSAUKEE
18	SMSJ10538	LADY ROSSETA X MISSAUKEE
19	SMSJ10539	ATLANTIC X MISSAUKEE

A colheita dos minitubérculos ocorreu entre os dias 11 e 13 de julho de 2010, sendo realizada de 1.145 genótipos (plântulas) das 19 famílias. De cada genótipo foi coletado um minitubérculo. Após sete dias à temperatura de 25 °C (período de cura), os tubérculos foram aspergidos com solução de ácido giberélico de 30 mg L<sup>-1</sup> (BENEDETTI et al., 2005) e armazenados em câmara frigorífica na temperatura constante de 20 °C ( $\pm$  1°C), no escuro e com umidade relativa do ar de 85% ( $\pm$  5%), para o rompimento da dormência. Após 45 dias de armazenamento, em intervalos de 15 dias e para cada família, foram separados os minitubérculos com dormência rompida, ou seja, aqueles que apresentavam pelo menos um broto com 2 mm de comprimento (BISOGNIN et al., 2008). Assim, formaram-se quatro grupos de minitubérculos (D45, D60, D75 e D90) que correspondem, respectivamente, ao período de rompimento da dormência dos tubérculos até 45, 60, 75 e 90 dias. À medida que os minitubérculos com a dormência rompida foram sendo coletados, os mesmos eram transferidos para câmara frigorífica e mantidos a 10 °C, de modo a retardar o processo de envelhecimento fisiológico até que o último grupo de dormência (D4) fosse obtido.

Para obtenção da segunda geração (G2), uma amostra de 40 minitubérculos de cada grupo foi retirada, aleatoriamente, para ser plantada na Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural (EPAGRI) de São Joaquim, SC. O plantio foi realizado no dia 09 de

novembro de 2010, no espaçamento de 0,30 m entre plantas e 0,75 m entre linhas, com uma cova por clone. Os tratos culturais e o manejo das plantas seguiram o sistema de produção tecnificado para a cultura da batata (BISOGNIN, 1996; EPAGRI, 2002). Por ocasião da colheita, realizada no dia 25 de janeiro de 2011, somente as covas que apresentavam quatro ou mais tubérculos foram colhidas, de modo que os tubérculos foram separados em quatro repetições, estando todos os clones colhidos de cada um dos grupos de dormência igualmente representados nas quatro repetições. Os tubérculos foram então levados para o Departamento de Fitotecnia da UFSM, sendo armazenados na temperatura constante de 20 °C ( $\pm 1^\circ\text{C}$ ) e umidade relativa de 85% ( $\pm 5\%$ ), para avaliar o rompimento de dormência e da dominância apical.

Para validar o método de seleção precoce de clones para dormência dos tubérculos, foram utilizados 16 famílias oriundas de cruzamentos controlados entre clones/cultivares de batata (Tabela 10). A geração G1 foi obtida da mesma forma descrita anteriormente, com a diferença de que foram transplantadas 200 plântulas de cada cruzamento (família) para o sistema fechado de cultivo sem solo. O transplante foi realizado entre os dias 14 e 20 de maio de 2012 e a colheita dos minitubérculos foi realizada entre os dias 14 e 17 de agosto de 2012, quando as plantas iniciaram o processo de senescência das folhas. De cada genótipo, nas 16 famílias, foi coletado um tubérculo (clone), totalizando 1.269 clones. Após sete dias à temperatura de 25°C, os tubérculos foram aspergidos com uma solução de ácido giberélico a 30 mg L<sup>-1</sup> (BENEDETTI et al., 2005) e armazenados em câmara frigorífica na temperatura constante de 20°C ( $\pm 1^\circ\text{C}$ ) e umidade relativa de 85% ( $\pm 5\%$ ), para que houvesse o rompimento da dormência. Após 15 dias de armazenamento, os minitubérculos foram vistoriados, procedendo-se a retirada daqueles com dormência rompida, em intervalos de 15 dias, do trigésimo até o nonagésimo dia de armazenamento, ou seja, aos 30, 45, 60, 75 e 90 dias (D30, D45, D60, D75 e D90, respectivamente) eram retirados os minitubérculos com pelo menos um broto com 2 mm de comprimento, para a formação dos respectivos grupos. Os minitubérculos coletados eram identificados e transferidos para câmara frigorífica a 10°C, para retardar o processo de envelhecimento fisiológico, até que o último grupo fosse obtido.

Após a última coleta (90 dias), foi retirada uma amostra aleatória de 50 minitubérculos de cada um dos cinco grupos de dormência para formar a segunda geração (G2). A G2 foi conduzida na área experimental da EPAGRI, em São Joaquim-SC. O plantio foi realizado no dia 23 de novembro de 2012, no espaçamento de 0,30 m entre plantas e 0,75 m entre linhas. Os tratos culturais e o manejo das plantas seguiram o sistema de produção tecnificado para a cultura da batata (BISOGNIN, 1996; EPAGRI, 2002).

Tabela 10 – Relação das 16 famílias obtidas por cruzamento controlado com o respectivo código e genealogia utilizadas para a validação do método de seleção precoce.

Família	Código	Genealogia
1	SMSJ12522	ELVIRA X MISSAUKEE
2	SMSJ12528	EMERAUDE X MISSAUKEE
3	SMSJ 12529	ASTERIX X MISSAUKEE
4	SMSJ 12534	CHIPIE X MISSAUKEE
5	SMSJ 12535	SERRANA X MISSAUKEE
6	SMSJ 12537	CL90-3-46 X MISSAUKEE
7	SMSJ 12539	ATLANTIC X MISSAUKEE
8	SMSJ 12567	ASTERIX X CAESER
9	SMSJ 12568	ASTERIX X CUPIDO
10	SMSJ 12569	ASTERIX X FL1867
11	SMSJ 12571	INIA793101-3 X MISSAUKEE
12	SMSJ 12558	ATLANTIC X BARAKA
13	SMSJ 12566	AGRIA X FL1625
14	SMSJ 12570	02083-6 X MISSAUKEE
15	SMSJ 12572	93060-4 X MISSAUKEE
16	SMSJ 12573	000176 X MISSAUKEE

Por ocasião da colheita, realizada em 15 de fevereiro de 2013, somente as covas que apresentavam quatro ou mais tubérculos foram colhidas, de modo que os tubérculos foram separados em quatro repetições, estando todos os clones colhidos de cada um dos grupos de dormência igualmente representados nas quatro repetições. Os tubérculos colhidos foram levados para o Departamento de Fitotecnia da UFSM, sendo armazenados na temperatura constante de 20 °C ( $\pm 1^\circ\text{C}$ ) e umidade relativa de 85% ( $\pm 5\%$ ). Durante o armazenamento, os tubérculos de cada repetição (representando diferentes genótipos) foram avaliados duas vezes por semana quanto ao rompimento da dormência e da dominância apical. Considerou-se o rompimento da dormência quando 51% dos clones de cada repetição tivessem pelo menos um broto com 2 mm de comprimento e o rompimento da dominância apical quando 51% dos clones tivessem com, no mínimo, dois brotos de 2 mm de comprimento (BISOGNIN et al., 2008). Com essas avaliações, obteve-se o número de dias após o armazenamento, em temperatura controlada, necessários para que cada grupo de clones atingisse os estádios fisiológicos de início (rompimento da dormência) e plena (rompimento da dominância apical) brotação dos tubérculos (BISOGNIN; STRECK, 2009) e a evolução da brotação dos tubérculos nos diferentes grupos. Com os dados originais foram calculadas as áreas abaixo da curva de progressão (BISOGNIN et al., 2002) da brotação dos tubérculos, as quais foram empregadas nas análises estatísticas.

O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Visando atender ao pressuposto da homogeneidade das variâncias os dados de contagem foram transformados para  $\sqrt[2]{(x+0,5)}$  e submetidos à análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro, com o auxílio do programa SISVAR (FERREIRA, 2011).

### 4.3 Resultados e discussão

Para o desenvolvimento do método de seleção precoce, cerca de 51% dos clones plantados em campo, ao final da safra de verão em São Joaquim-SC, produziram pelo menos quatro tubérculos e, portanto, foram utilizados para a avaliação da brotação (Tabela 11). Assim, na soma de clones dos quatro grupos separados com base no número de dias até o rompimento da dormência, um total de 73 clones colhidos para serem avaliados.

Tabela 11 – Número total de genótipos (minitubérculos) obtidos na geração plantular em telado do Departamento de Fitotecnia da UFSM, número de clones plantados na EPAGRI de São Joaquim (SC) e número de clones colhidos com a produtividade de pelo menos quatro tubérculos por cova em cada grupo de dormência.

Grupos de Clones	Nº de genótipos colhidos na geração plantular	Nº de clones plantados	Nº de clones colhidos
D45	36	36	18
D60	314	40	15
D75	470	40	20
D90	162	41	20
Total	1.145	157	73

A análise de variância mostrou diferença significativa entre os grupos de clones para as variáveis avaliadas (Tabela 12). De acordo com os resultados, foi possível distinguir três grupos de dormência dos tubérculos ainda na geração plantular. Considerando que, para as condições subtropicais, onde são conduzidos dois cultivos de batata por ano (BISOGNIN; STRECK, 2009) utiliza-se clones de curta dormência, representados neste experimento pelo grupo D45, a seleção precoce reduziria o número de clones que seriam avaliados em cova única de 1.145 para 36, ou seja, uma redução de aproximadamente 97% no

número de clones a serem avaliados. No caso do grupo D60, a redução no número de clones seria de aproximadamente 72% (Tabela 12). Estes percentuais poderiam ser ainda mais reduzidos se a seleção para outros caracteres fosse combinada. Assim, seria possível aumentar consideravelmente o número de cruzamentos e clones a serem avaliados, utilizando de forma eficiente os recursos financeiros, físicos e humanos envolvidos no processo de melhoramento (BISOGNIN; DOUCHES, 2002; AMARO et al., 2003; SILVA; PEREIRA, 2011).

Os resultados apresentados neste estudo coincidem com o usual no melhoramento genético da cultura da batata. O fato da batata cultivada ser um autotetraplóide, no processo de hibridação ocorre grande segregação genética em F<sub>1</sub>. Assim, preconiza-se que na primeira geração deve ser feita maior eliminação de clones, cujo percentual é acima de 90% nos Programas de Melhoramento do Canadá (TAI; YOUNG, 1984). De acordo com Maris (1988), na geração plantular e na segunda geração, a porcentagem de retenção varia de 3 a 30% entre programas de melhoramento, com relação negativa entre o número de clones produzidos e a proporção de retenção.

Não foi observada diferença quanto ao período de dormência entre os grupos D60 e D75 (60 e 75 dias de dormência, respectivamente) e entre os grupos D75 e D90 (75 e 90 dias de dormência, respectivamente), o que impossibilitou a clara definição do período de dormência em que os tubérculos do grupo D75 se enquadram, apesar de ter sido possível a separação do grupo de longa dormência do grupo de curta dormência. Este resultado pode ter sido influenciado pelo pequeno intervalo considerado entre os níveis de dormência (15 dias). Como a dormência é um caráter fortemente influenciado pelas condições ambientais de pré e pós-colheita (SUSNOSCHI, 1981; SUTTLE, 2004; 2007) é provável que essas condições tenham afetado a velocidade do rompimento da dormência. De modo geral, foi verificada antecipação no rompimento da dormência dos tubérculos, exceto para o grupo D60, comparado aos grupos de dormência inicialmente formados (Tabela 12). Para a formação dos grupos, foram utilizados tubérculos que brotaram entre 30 e 45 dias (D45), de 45 a 60 dias (D60), de 60 a 75 dias (D75) e de 75 a 90 dias (D90), sendo que, na geração de campo, estes mesmos grupos de tubérculos romperam a dormência, respectivamente aos 39, 62, 66 e 72 dias. Mesmo assim, é possível observar a tendência da manutenção dos intervalos de dormência e a distinção entre os grupos extremos (D45 e D90), sendo que a seleção dos clones para período de dormência longa também foi satisfatória, no que diz respeito à redução do número de clones a serem plantados na G2, caso o melhoramento fosse voltado ao desenvolvimento de cultivares adaptadas às regiões de clima temperado, com apenas um cultivo anual (HELDWEIN et al., 2009). Cabe ressaltar que a anotação do número de dias

para o rompimento da dormência ocorreu quando 51% dos tubérculos da amostra apresentaram pelo menos um broto com 2mm de comprimento (BISOGNIN; STRECK, 2009).

Quanto ao rompimento da dominância apical dos tubérculos, apenas o grupo D45 diferiu dos demais, apresentando o menor período (Tabela 12). A não ocorrência de diferenciação entre os grupos pode estar relacionada com o fato da temperatura de 20 °C ser mais eficaz no rompimento da dormência do que da dominância apical de tubérculos (MÜLLER et al., 2010). Além disso, esse caráter é influenciado por estresses abióticos (ESHEL; TERPER-BAMNOLKER, 2012), que podem interferir na relação de dominância entre o meristema apical e os meristemas laterais (TERPER-BAMNOLKER et al., 2012). É importante ressaltar que o plantio de tubérculos nesse estágio de brotação não é recomendado, pois resulta na formação de lavoura com poucas hastes, não uniforme e de baixo potencial produtivo (HIRANO, 2003; BISOGNIN et al., 2008; SCHOLTE, 1990). Sendo assim, é importante que o rompimento da dormência seja seguido pelo rompimento da dominância apical dos tubérculos, evitando-se a necessidade do emprego de métodos químicos para induzir a brotação das gemas laterais.

Tabela 12 – Número de clones avaliados e o respectivo número de dias até o rompimento da dormência e da dominância apical dos tubérculos de cada grupo de clones.

Grupos de Clones	Nº de clones avaliados	Dormência (dias)	Dominância (dias)
D45	18	39,0 a*	51,2 a
D60	15	62,0 b	86,7 b
D75	20	66,2 bc	102,5 b
D90	20	72,0 c	110,5 b
CV (%)	--	2,9	7,4

\* Médias seguidas pela mesma letra na vertical não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Como a brotação dos tubérculos foi avaliada duas vezes por semana durante o período de armazenamento, foi possível acompanhar o comportamento de cada grupo de clones até que todos os tubérculos apresentassem pelo menos um broto de 2mm de comprimento (Figura 2). Assim, verificou-se que os dois grupos de menor dormência (D45 e D60) apresentaram comportamento diferenciado desde o início até o final do período que os

tubérculos romperam a dormência. Por outro lado, os grupos D75 e D90 apresentaram maiores diferenças até o rompimento da dormência de 51% dos tubérculos.

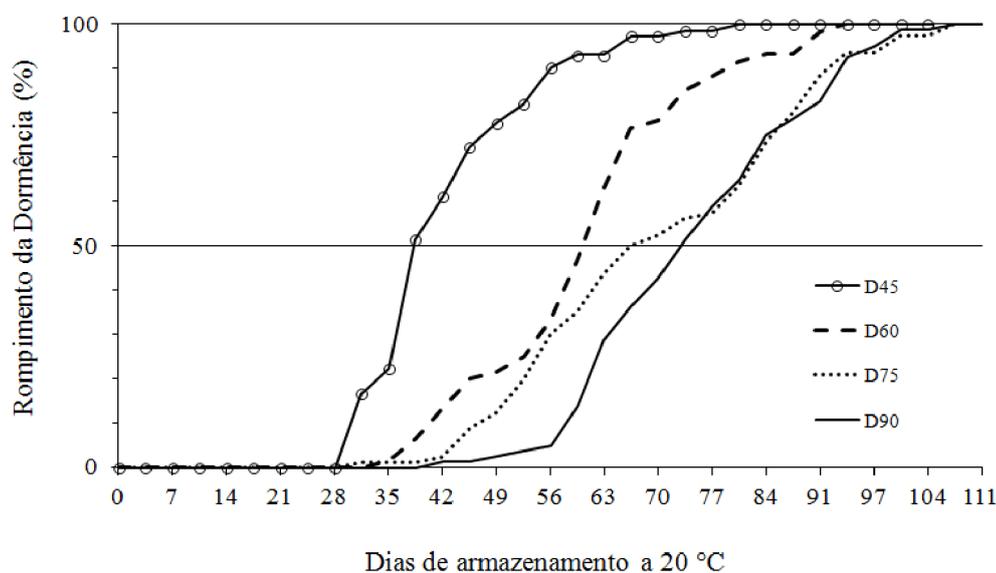


Figura 2 – Evolução da porcentagem de tubérculos com dormência rompida nos quatro grupos de dormência (D45= 45 dias; D60= 60 dias, D75 = 75 dias e D90= 90 dias).

O cálculo da área abaixo da curva de progressão da brotação dos tubérculos possibilitou avaliar o comportamento dos grupos em três momentos da progressão do rompimento da dormência (Tabela 13). Aos 42 dias, quando o grupo D45 apresentou as quatro repetições com dormência rompida, aos 76 dias, quando ocorreu o rompimento da dormência das repetições de todos os grupos, e aos 108 dias, quando 100% dos tubérculos apresentaram dormência rompida. A análise da variância mostrou haver diferenças significativas entre grupos nos intervalos avaliados, sendo que, aos 76 dias e aos 108 dias, todos os grupos diferiram entre si. A partir destes resultados, pode-se observar que, exceto para o início do rompimento da dormência (42 dias), os grupos de clones mantiveram diferenças em termos do rompimento da dormência de 51% dos tubérculos (Figura 2). Os resultados deste experimento mostram que o método de seleção precoce foi eficaz para separar grupos de clones com diferentes períodos de dormência já na geração de famílias de tubérculos, podendo constituir-se de ferramenta útil em programas de melhoramento que visam selecionar clones precocemente para este caractere.

Tabela 13 – Área Abaixo da Curva de Progressão da brotação dos tubérculos, calculada a partir da porcentagem de rompimento da dormência dos genótipos para início, quando o grupo D1 rompeu a dormência, quando todos os grupos romperam a dormência e ao final do rompimento da dormência dos clones.

Grupos de Clones	Início	Rompimento – 51%	Final – 100%
	42 dias	76 dias	108 dias
D45	677,1 a	9.058,3 a	18.627,1 a
D60	82,5 b	4.416,7 b	13.498,3 b
D75	39,4 bc	2.965,6 c	10.668,1 c
D90	5,0 c	1.726,9 d	9.312,5 d
CV(%)	31,9	6,5	2,3

\* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Neste primeiro experimento, as avaliações foram encerradas aos 140 dias, quando todos os grupos alcançaram 51% dos clones com dominância apical rompida. Em função disso, nenhum clone atingiu 100% de rompimento da dominância apical durante o período (Figura 3), nem mesmo os do grupo D45. Também se observa que, novamente, os grupos D45 e D60 apresentaram comportamento diferenciado desde o início até o final do período em que os tubérculos romperam a dominância apical. Já os grupos D75 e D90, tiveram as maiores diferenças até o rompimento da dominância de 51% dos tubérculos.

A análise da variância realizada a partir da área abaixo da curva de progressão da brotação dos tubérculos, para o início do rompimento da dominância (59 dias) observada no grupo D45, quando todos os grupos atingiram o rompimento (51% - 122 dias) e ao final da avaliação de rompimento (140 dias) da dominância apical, mostrou haver diferença significativa entre grupos, sobretudo para o grupo D1, que diferiu dos demais em todas as avaliações (Tabela 14). No entanto, o comportamento observado para a dominância apical dos tubérculos não seguiu o mesmo padrão de rompimento da dormência. Estes resultados, juntamente com aqueles apresentados na tabela 12, sugerem que o rompimento da dominância apical não é um evento concomitante ao rompimento da dormência, para clones que apresentam esse caráter, corroborando com Terper-Bamnlker et al. (2012), ao mencionar que existem outros mecanismos influenciando a dominância apical, além do balanço entre promotores e inibidores da brotação. Associa-se a isto, o fato da temperatura de 20 °C ser menos eficaz para o rompimento da dominância apical (MÜLLER et al., 2010), o que certamente contribuiu para as respostas observadas.

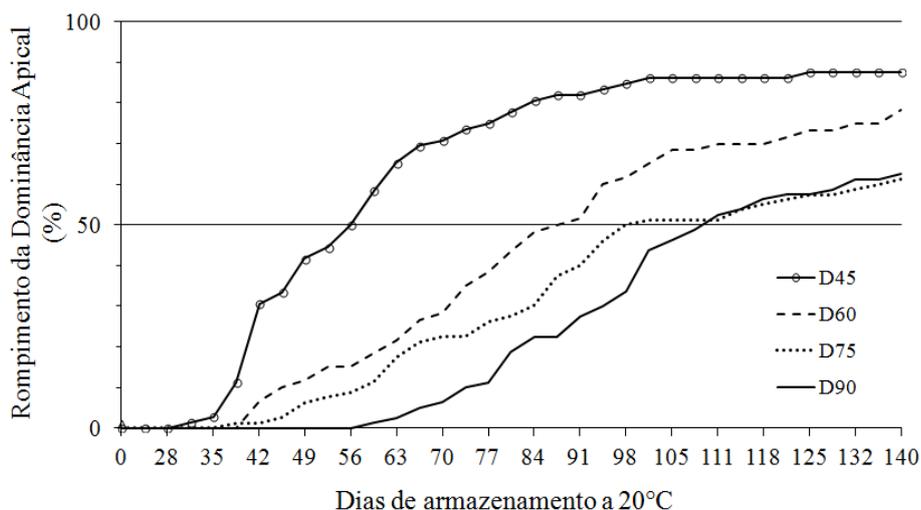


Figura 3 – Evolução da porcentagem de tubérculos com dominância apical rompida para os quatro grupos de dormência (D45= 45 dias; D60= 60 dias, D75 = 75 dias e D90= 90 dias).

Tabela 14 – Área abaixo da curva de progressão da brotação dos tubérculos, calculada a partir da porcentagem de rompimento da dominância apical dos clones para início, quando o grupo D1 rompeu a dominância, quando todos os grupos romperam a dominância e ao final do período de avaliação (140 dias).

Grupos de Clones	Início 59 dias	Rompimento – 51% 122 dias	Final 140 dias
D45	1.968,7 a*	15.681,2 a	21.244,4 a
D60	533,3 b	8.880,0 b	13.547,5 b
D75	255,6 b	6.430,0 bc	10.070,6 bc
D90	6,9 c	4.313,1 c	8.020,6 c
CV(%)	20,9	10,7	9,1

\* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

No segundo experimento, foram produzidas em casa de vegetação as famílias de tubérculos utilizados para a validação do método de seleção precoce para dormência. Para esse conjunto de dados, foram separados cinco grupos de clones, conforme o número de dias necessários até o rompimento da dormência dos minitubérculos (Tabela 15). Estes grupos foram obtidos a partir de um conjunto de 1.269 tubérculos (genótipos). Para manter número equilibrado de clones a serem avaliados, foram plantados a campo 50 minitubérculos de cada grupo, representando 250 clones em avaliação. Dos clones plantados, foram colhidos 186, com variação de 32 a 46 clones por grupo, que foram armazenados a 20°C ( $\pm 1^\circ\text{C}$ ) e umidade relativa de 85% ( $\pm 5\%$ ), para quantificar o número de dias necessário para o rompimento da dormência e da dominância apical.

Tabela 15 – Número total de genótipos selecionados, plantados em campo e colhidos de cada grupo de dormência.

Grupos de Clones	Nº de genótipos colhidos na geração plantular	Nº de Clones plantados	Nº Clones colhidos
D30	54	50	33
D45	257	50	46
D60	529	50	42
D75	186	50	32
D90	50	50	33
Total	1.076	250	186

Da mesma forma que observado na avaliação do conjunto de clones do primeiro experimento e considerando que para as condições subtropicais, onde são conduzidos dois cultivo anuais de batata (BISOGNIN; STRECK, 2009), existe a necessidade de clones que apresentem curta dormência, representados neste experimento pelos grupos D30 e D45, a aplicação da seleção precoce reduziria o número de clones a serem avaliados em cova única de 1.269 para 54 no grupo D30, e para 257 no grupo D45, ou seja, uma redução de aproximadamente 96% e 80%, respectivamente. Estes resultados coincidem com o preconizado em programas de melhoramento convencional da batata em outros países no que se refere ao percentual de clones eliminados (TAI; YOUNG, 1984; MARIS, 1988).

A análise da variância mostrou diferenças significativas entre grupos de clones, tanto para o número de dias até o rompimento da dormência quanto para a dominância apical (Tabela 16). O teste de Tukey mostrou que somente os grupos D45 e D60 não diferem entre si quanto ao número de dias para rompimento da dormência. No caso da dominância apical, as diferenças entre grupos foram menores, pois o teste de Tukey mostrou diferença significativa apenas dos grupos D30 e D45 em relação ao grupo D90.

O tempo necessário para o rompimento da dormência dos clones cultivados a campo foi maior do que os intervalos das classes formadas ainda na geração plantular (Tabela 16), variando de 64,5 a 102,2 dias. Este resultado foi o inverso do observado no primeiro experimento, onde se verificou o adiantamento do rompimento da dormência em relação às classes estudadas (Tabela 12). Entretanto, em razão da dormência ser uma característica dependente do clone (BURTON, 1989; STRUIK, 2007; VAN ITTERSUM et al., 1992) e controlada por diversos genes (SIMMONDS, 1964), as condições ambientais de pré e pós-colheita e o balanço hormonal entre promotores e inibidores do crescimento apresentam grande influência sobre a manifestação deste caráter (SUTTLE, 2004; 2007; HEMBERG,

1985; SUSNOSCHI, 1981). Isto torna a interação dos fatores que afetam o comportamento da dormência mais difícil de ser prevista, especialmente em populações segregantes. Contudo, é importante ressaltar que, mesmo não havendo coincidência ou proximidade entre o número de dias para rompimento da dormência com as classes analisadas, o padrão de brotação observado na geração de plântula foi constatado nas gerações de campo, a partir da avaliação dos dois conjuntos independentes de clones.

Tabela 16 – Número de dias para o rompimento da dormência e da dominância apical de cada grupo de clones.

Grupos de Clones	Nº de clones avaliados	Rompimento da dormência (dias)	Rompimento da dominância apical (dias)
D30	33	64,5 a*	91,2 a
D45	46	76,0 b	102,0 ab
D60	42	82,0 b	112,7 bc
D75	32	91,7 c	115,2 bc
D90	33	102,2 d	128,5 c
CV(%)	--	5,2	7,3

\* Médias seguidas pela mesma letra na vertical não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

A evolução do rompimento da dormência, apresentada na figura 4, complementa os resultados apresentados na tabela 16. As curvas referentes a cada grupo de clones foram diferentes desde o início até o final do período que os tubérculos romperam a dormência, não havendo o mesmo tipo de sobreposição de curvas observada no primeiro experimento (Figura 2). O fato de maior número de clones terem sido avaliados em cada grupo, este segundo experimento pode ter contribuído para melhor acessar a variância genética, auxiliando na confirmação da eficiência do método mesmo para intervalos de apenas 15 dias para a formação dos grupos. Entretanto, para dominância apical, em razão de suas características (ESHEL; TERPER-BAMNOLKER, 2012; MÜLLER et al., 2010; TERPER-BAMNOLKER, 2012), observou-se mais uma vez que o método não se ajustou a separação de clones por intervalos, sendo mais adequado para separação de clones em intervalos de rompimento da dormência.

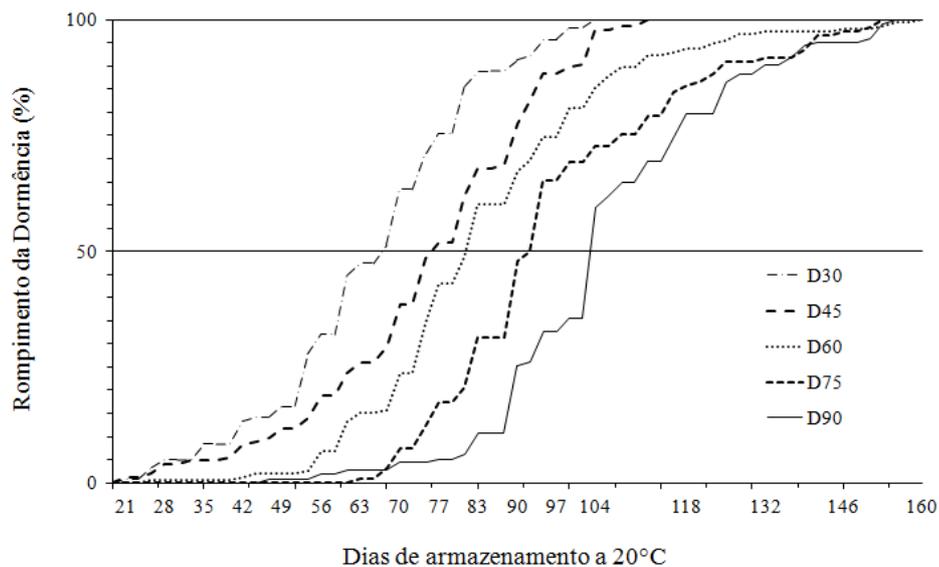


Figura 4 – Evolução da porcentagem de tubérculos com dormência rompida para os cinco grupos de dormência (D30= 30 dias; D45= 45 dias; D60= 60 dias, D75 = 75 dias e D90= 90 dias).

A análise da variância para a área abaixo da curva de progressão da brotação dos tubérculos aos 68 dias, quando o primeiro grupo apresentou dormência rompida nas quatro repetições (no caso o grupo D30), aos 103 dias, quando foi verificado o rompimento da dormência das repetições de todos os grupos e aos 160 dias, quando 100% dos tubérculos apresentavam dormência rompida (Tabela 16) acusou diferenças significativas entre grupos nos intervalos avaliados, sendo que, aos 103 dias e aos 160 dias, todos os grupos diferiram entre si. Entretanto, aos 68 dias foi possível observar a formação de três grandes grupos, sendo o primeiro constituído pelos grupos D30 e D45, o segundo apenas pelo grupo D60, e o terceiro pelos grupos D75 e D90. Os resultados observados na figura 5 e na tabela 17 corroboram com aqueles observados na tabela 16, onde também foi possível verificar a separação de quase todos os grupos em relação ao número de dias necessários até o rompimento de dormência, exceto os grupos D45 e D60, que não diferiram entre si.

A evolução do rompimento da dominância apical (Figura 5), indicou que nenhum grupo atingiu 100% de rompimento da mesma. Além disso, visualmente os grupos D60 e D75 apresentaram comportamento similar em relação à evolução do rompimento da dominância apical dos tubérculos. A análise da variância realizada com dados do início do rompimento (94 dias), pleno rompimento (51% - 133 dias) e final da avaliação (190 dias) de rompimento da dominância apical (Tabela 18), mostrou que não foi possível distinguir, claramente, os grupos de dominância apical, assim como o observado na tabela 16, para o período em dias

que cada grupo levou para romper a dominância. Estes resultados mostram que, comparado à dormência, a dominância apical é uma característica difícil de ser mensurada (ESHTEL; TERPER-BAMNOLKER, 2012; TERPER-BAMNOLKER et al., 2012), e indicam que a dormência e a dominância dos tubérculos podem ter diferente controle genético, o que seria interessante sob o ponto de vista do melhoramento genético. Em se confirmando estes resultados, seria possível desenvolver cultivares de batata de curta ou longa dormência combinadas com curta dominância apical.

Tabela 17 – Área abaixo da curva de progressão da brotação dos tubérculos, calculada a partir da porcentagem de rompimento da dormência dos clones para início, quando o grupo D30 rompeu a dormência, quando todos os grupos romperam a dormência e ao final do rompimento da dormência dos clones.

Grupos de Clones	Início 68 dias	Rompimento – 51% 103 dias	Final – 100% 160 dias
D30	2.670,2 a*	10.745,5 a	27.818,8 a
D45	1.614,5 a	7.994,0 b	24.950,9 b
D60	591,5 b	5.821,5 c	21.918,7 c
D75	52,1 c	3.303,0 d	18.290,5 d
D90	119,4 c	1.794,8 e	15.714,9 e
CV(%)	22,2	7,2	2,7

\* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

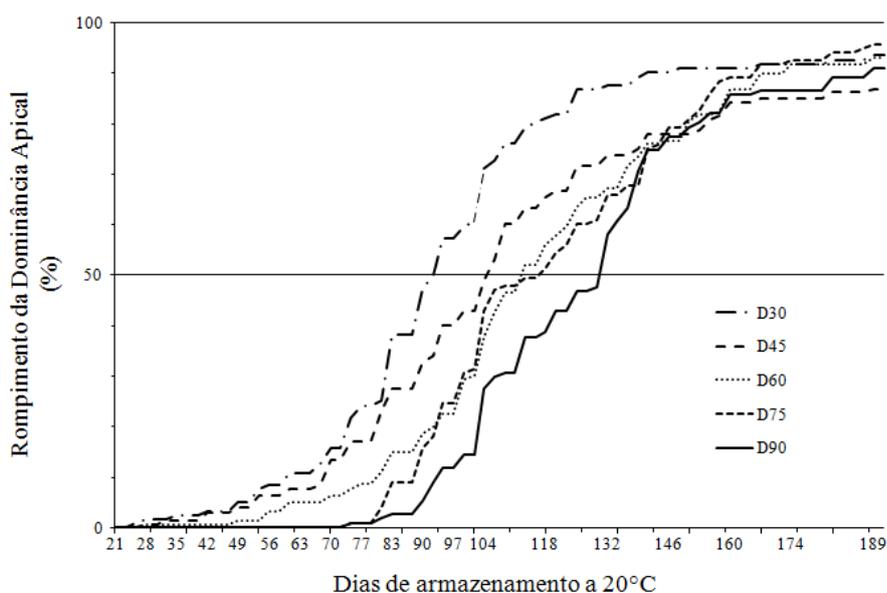


Figura 5 – Evolução da porcentagem de tubérculos com dominância apical rompida para os cinco grupos de dormência (D30= 30 dias; D45= 45 dias; D60= 60 dias, D75 = 75 dias e D90= 90 dias).

Tabela 18 – Área abaixo da curva de progressão da brotação dos tubérculos, calculada a partir da porcentagem de rompimento da dominância apical dos clones para início, quando o grupo D1 rompeu a dominância, quando todos os grupos romperam a dominância e ao final do período de avaliação (190 dias).

Grupos de Clones	Início 94 dias	Rompimento – 51% 133 dias	Final da avaliação 190 dias
D30	2.801,9 a*	11.361,8 a	26.885,7 a
D45	2.104,0 a	8.816,7 a	22.750,0 ab
D60	1.056,9 b	6.308,1 b	20.468,2 bc
D75	418,7 c	5.656,4 bc	19.911,1 bc
D90	186,3 c	3.869,3 c	17.441,0 c
CV(%)	13,1	7,6	4,7

\* Médias seguidas pela mesma letra minúscula na coluna não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Não considerando o número de dias que os grupos de mesma classe (Tabelas 12 e 16) levaram para o rompimento da dormência, nos dois conjuntos independentes de clones, observou-se que a separação por intervalos de rompimento da dormência na geração plantular foi eficiente em discriminar clones com diferentes níveis de dormência dos tubérculos, uma vez que essas diferenças foram confirmadas após o cultivo a campo da primeira geração. No entanto, o rompimento da dominância apical não acompanhou a tendência observada para dormência dos clones.

A comprovação da eficácia de um método é extremamente importante para os programas de melhoramento da batata, uma vez que permite realizar a seleção precoce para um caráter quantitativo, controlado por diversos genes (SIMMONDS, 1964) e muito influenciado pelas condições ambientais de pré e pós-colheita (SUTTLE, 2004; 2007; SUSNOSCHI, 1981) e pelo balanço entre promotores e inibidores do crescimento (SUTTLE, 2004; HEMBERG, 1985). Assim, a utilização deste método, combinado à seleção precoce de outros caracteres que possuam alta herdabilidade (AMARO et al., 2003; LOVE et al., 1997; GOPAL, 1997; SILVA et al., 2007), possibilitará o aumento do número de clones a serem avaliados durante o processo de seleção e, acima de tudo, representa um importante ganho de tempo e redução de custos para os programas de melhoramento, conforme preconizado por Bisognin; Douches (2002) e Amaro et al. (2003).

Considerando que a possibilidade de realização de dois cultivos anuais em condições de clima subtropical e de apenas um cultivo em condições de clima temperado tem mostrado ser importante ferramenta para o melhoramento da cultura da batata (SOUZA et al., 2010, 2011), a seleção de clones com períodos diferenciados de dormência, ainda na geração de plantular, possibilita o direcionamento dos clones selecionados para as condições que melhor

se adaptam. Assim, o método de seleção precoce de clones para dormência dos tubérculos apresentado neste estudo pode tornar o melhoramento genético da cultura mais dinâmico e eficiente, favorecendo o desenvolvimento de cultivares que sejam mais bem adaptadas às condições brasileiras de cultivos (BISOGNIN, 1996; PINTO, 1999; HELDWEIN et al., 2009; SOUZA, 2010; AUGUSTIN et al., 2012). Também possibilitará avaliar um maior número de famílias de clones no campo com a mesma mão de obra e a quantidade de recursos financeiros, pois o percentual de eliminação de clones chegou a 97%, antes mesmo de ser conduzida a primeira geração de seleção em campo.

#### **4.4 Conclusões**

O método de seleção precoce de clones de batata para a dormência dos tubérculos permite selecionar clones para curta e longa dormência ainda na geração plantular, além de permitir a identificação precoce de clones que podem ser utilizados em programas de melhoramento, visando ao desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições temperadas ou subtropicais de cultivo do Sul do Brasil.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Para o estudo em questão, realizado com nove famílias clonais e um total de 358 clones, o uso da análise de correlação canônica mostrou não haver regra geral que possa ser aplicada às diferentes famílias estudadas, sendo a realização da avaliação do conjunto de clones mais eficiente para a identificação de associações de caracteres entre as duas gerações de cultivo. Entretanto, estudos com outros grupos de clones devem ser conduzidos de modo a entender melhor as associações existentes e propiciar a ampliação da base de dados sobre o uso de correlações canônicas na cultura da batata, uma vez que ainda são escassos os trabalhos que utilizam esta análise com ferramenta auxiliar no processo de identificação de genótipos superiores de batata.

No caso da seleção baseada na dormência dos clones de batata, os resultados obtidos foram promissores no que diz respeito a possibilidade de selecionar precocemente clones de batata com diferentes níveis de dormência do tubérculos. A metodologia de seleção proposta pode ser considerada um avanço para o melhoramento da cultura, pois a dormência é um caráter governado por diversos genes, fortemente influenciado pelo ambiente, o que dificulta ainda mais a seleção em gerações iniciais do melhoramento. Entretanto, combinando o efeito de temperatura de armazenamento e o uso de ácido giberélico foi possível expressar as diferenças genéticas deste caráter e, mais importante, identificar diferentes grupos de dormência nos conjuntos de clones avaliados.

Por se tratar da avaliação de material segregante, ao invés de clones de um único genótipo, a confirmação de que é possível realizar a seleção para dormência ainda na geração de famílias de tubérculos apresenta-se como um avanço tecnológico para os programas de melhoramento de batata no Brasil. Esta metodologia vem ao encontro do que se preconiza nos programas de melhoramento de batata, e a alocação eficiente de recursos financeiros e humanos, bem como a aceleração do processo de seleção de genótipos superiores, o que neste estudo ficou evidenciado como sendo possível de ser realizado, uma vez que o índice de descarte chegou a 97% da população original, no caso de seleção voltada para clones de curta dormência.

A eficácia do método foi comprovada com os resultados obtidos a partir de dois conjuntos independentes de clones produzidos e avaliados com a mesma metodologia, sendo que, a confirmação dos resultados em ambos os experimentos evidencia que a seleção

praticada é passível de repetibilidade, podendo ser adotada como uma análise adequada para a seleção de clones para dormência em populações segregantes de batata. Isto abre precedentes para que os programas de melhoramento ampliem as ações voltadas ao desenvolvimento de cultivares adaptadas as diversas regiões produtoras de batata do Brasil, no intuito de alavancar o lançamento de cultivares e futuramente atender a demanda de cultivares adaptadas às diversas regiões produtoras e suas condições climáticas e mercadológicas específicas.

Considerando que nas condições Sul brasileiras de cultivo existe regiões onde são realizados dois cultivos anuais de batata ou apenas um cultivo, é possível, através da seleção precoce de clones com base nos níveis de dormência, direcioná-los para os ambientes de cultivo que mais se adaptam. Sendo assim, clones de longa dormência podem ser direcionados para programas de melhoramento que visam o desenvolvimento de cultivares adaptada a regiões de clima temperado, onde se pratica apenas um cultivo anual e que requerem cultivares com tubérculos que suportam longos períodos de armazenamento em câmaras frigoríficas, sem que haja brotamento dos tubérculos. Ou, ainda, para programas de melhoramento em condições de clima subtropical, onde são praticados dois cultivos anuais, sendo requeridos clones de menor dormência, devido ao pequeno intervalo entre cultivos e a necessidade de que os tubérculos apresentem brotação satisfatória antes do plantio.

## REFERÊNCIAS

AMARO, G. B. et al. Seleção precoce de clones de batata para caracteres de tubérculo. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras v. 27, n. 3, p. 585-589, mai./jun. 2003.

ANDREU, M. A. Industrialização e melhoramento genético da batata: desafios para um futuro próximo. **Revista da Batata**, v. 3, p. 22-23, 2003. Disponível em: <[http://www.abbatatabrasileira.com.br/revista08\\_007.htm](http://www.abbatatabrasileira.com.br/revista08_007.htm)> Acesso em: 12 jan 2012.

ANDRIOLO, J. L. Sistema hidropônico fechado com subirrigação para produção de minitubérculos de batata. In: SIMPÓSIO DE MELHORAMENTO GENÉTICO E PREVISÃO DE EPIFITIAS EM BATATA. **Anais...** Santa Maria. UFSM, 2006. p.26-40.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DA BATATA – ABBA, 2014. Disponível em: <[http://www.abbatatabrasileira.com.br/alim\\_valornutricional.htm](http://www.abbatatabrasileira.com.br/alim_valornutricional.htm)>. Acesso em: 05 de janeiro de 2014.

AUGUSTIN L. et al. Genotype x environment interaction of agronomic and processing quality traits in potato. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 30, n. 1, p. 84-90, jan./mar. 2012.

BARBOSA, M. H. P.; PINTO, C. A. B. P. Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 2, p. 149-156, fev. 1998.

BENEDETTI, M. et al. Quebra de dormência de minitubérculos de batata. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 1, p. 31-38, jan./fev. 2005.

BEUKEMA, H. P.; VAN DER ZAAG, D. E. **Introduction to potato production**. Wageningen: PUDOC, 1990. 207p.

BEUKEMA, H. P.; VAN DER ZAAG, D. E. **Potato improvement**: some factors and facts. Wageningen: International Agricultural Centre, 1979. 224p.

BHERING, L. L. et al. Seleção assistida por marcadores para teor de matéria seca e açúcares redutores em tubérculos de batata. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 1, p. 38-44, jan./fev. 2009.

BISOGNIN, D. A. **Recomendações técnicas para o cultivo da batata no Rio Grande do Sul e Santa Catarina**. Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 1996, 64p.

BISOGNIN, D. A. et al. Half-sib progeny evaluation and selection of potatoes resistant to the US 8 genotype of *Phytophthora infestans* from crosses between resistant and susceptible parents. **Euphytica**, Wageningen, v. 125, n. 1, p. 129-138, Jan./Apr. 2002.

BISOGNIN, D. A.; DOUCHES, D. S. Early generation selection for potato tuber quality in progenies of late blight resistant parents. **Euphytica**, Wageningen, v. 127, n. 1, p. 1-9, Jan./Apr. 2002.

BISOGNIN, D. A. et al. Plot size variation to quantify yield of potato clones. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, n. 4, p. 485-488, out./dez. 2006.

BISOGNIN, D. A. et al. Envelhecimento fisiológico de tubérculos de batata produzidos durante o outono e a primavera e armazenados em diferentes temperaturas. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 59-65, mar./abr.2008.

BISOGNIN, D. A.; STRECK, N. A. **Desenvolvimento e manejo das plantas para alta produtividade e qualidade da batata**. 1. ed. Itapetininga, SP: Associação Brasileira da Batata, v. 1, 30p., 2009 (Publicação Técnica).

BISOGNIN, D. A. Breeding vegetatively propagated horticultural crops. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 11, n. esp. p. 35-43, June. 2011.

BISOGNIN, D. A. et al. Heritability and correlation among potato tuber traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, n. 3, p. 215-219, set. 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 4 ed.,2005. 525p.

BRADSHAW J. E. et al. Early-generation selection between and within pair crosses in a potato (*Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum*) breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 97, n. 8, p. 1331-1339, Aug.1998.

BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. Breeding strategies for clonally propagated potatoes. In BRADSHAW, J. E. e MACKAY, G. R. (eds.) **Potato genetics**. CABI, Cambridge, 1994, p.467-497.

BRADSHAW, J. E. Potato breeding strategy. In: VREUGDENHIL, D. (Editor). **Potato Biology and Biotechnology: Advances and Perspectives**. Published by Elsevier, 2007. p.161-177. Disponível em:

<<http://www.committeefirstprinciples.org/Information/Agriculture/Fruits%20&%20Vegetables/Potato%20Biology%20and%20Biotechnology.pdf>> Acesso em: 04 jan 2012.

BRIGGS, F. N.; KNOWLES, P. F. **Introduction to plant breeding**. New York: Reinhold, 1967. 426p.

BROWN, J.; CALIGARI, P. D. S. The efficiency of seedling selection for yield and yield components in a potato breeding programme. **Z Pflanzenzücht**, n. 96, p. 53-62, 1986.

BRYAN, G. J. Mapping Complex Potato Traits. In: BRADEEN, J.M; KOLE, C. (Editors). **Genetics, Genomics and Breeding of Potato**. Science Publisher, 2011. p.113 -132.

BURTON, W. G. **The Potato**. (3th ed.). Essex, UK: Longman Scientific & Technical, 1989. 742 p.

CALIGARI, P. D. S.; BROWN, J.; ABBOT, R. J. Selection for yield and yield components in the early generations of a potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 73, n. 2, p. 218-222, 1986. Disponível em:  
<<http://link.springer.com/journal/122/73/2/page/2>> Acesso em: 04 jan 2014.

CARLI, C. et al. Assessment of dormancy and sprouting behavior of cip elite and advanced clon under different storage conditions. **Potato Research**, Wageningen, v. 53, n. 4, p. 313-323, Oct./Dec. 2010.

CARVALHO, F. I. F. et al. **Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção**. Pelotas: Ed. Universitária da UFPel, 99 p. 2001.

COIMBRA, J. L. M. et al. Correlações canônicas: II - análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, . 1, p. 31-35, jan./mar. 2000.

COLEMAN, W. K; DONNELLY, D. J.; COLEMAN, S. E. Potato microtubers as research tools: a review. **American Journal of Potato Research**, Orono, v. 78, n. 1, p. 47-55, Jan./Feb. 2001.

CONCEIÇÃO, A. M. da, et al. Etanol para quebra de dormência em batata (*Solanum tuberosum* L.). **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 5, n. 2, p. 84-85, 1999.

COSTA, L. C. **Desenvolvimento de clones de batata de alta qualidade de tubérculo a partir de genitores resistentes a requeima**. 2007. 79 p. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, 2007.

CRUZ, C.D. **Programa genes**: versão Windows – Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C.D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 1997. 442p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. v.2, 585p.

CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 38, n. 219, p. 422-430, jul./set.1991.  
Disponível em: <<http://www.ceres.ufv.br/ceres/revistas/V38N219P04091.pdf>> Acesso em: 10 jan 2014.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.

DENNY, F. E. Role of Mother Tuber in Growth of Potato Plant. **Botanical Gazette**, v. 87, p. 157-194, 1929.

DOUCHES, D.S.; JASTRZEBSKI, K. **Potato: *Solanumtuberosum* L.**. In: KALLOO, G.; BERGH, B. O. (eds) Genetic improvement of vegetable crops. Pergamon Press, New York, p.605-644, 1993. Disponível em:  
[http://books.google.com.br/books?id=3n7e2VYtLVsC&pg=PA49&dq=Potato:+Solanumtuberosum+L..+In:+KALLOO,+G.;+BERGH,+B.+O.+\(eds\)+Genetic+improvement+of+vegetable+crops&hl=pt-BR&sa=X&ei=ATVOVNPuLcfEggSCpYK4Bw&ved=0CCcQ6AEwAA#v=onepage&q=Potato%3A%20Solanumtuberosum%20L..%20In%3A%20KALLOO%2C%20G.%3B%20BERGH%2C%20B.%20O.%20\(eds\)%20Genetic%20improvement%20of%20vegetable%20crops&f=false](http://books.google.com.br/books?id=3n7e2VYtLVsC&pg=PA49&dq=Potato:+Solanumtuberosum+L..+In:+KALLOO,+G.;+BERGH,+B.+O.+(eds)+Genetic+improvement+of+vegetable+crops&hl=pt-BR&sa=X&ei=ATVOVNPuLcfEggSCpYK4Bw&ved=0CCcQ6AEwAA#v=onepage&q=Potato%3A%20Solanumtuberosum%20L..%20In%3A%20KALLOO%2C%20G.%3B%20BERGH%2C%20B.%20O.%20(eds)%20Genetic%20improvement%20of%20vegetable%20crops&f=false) Acesso em: 06 jan 2014.

DINIZ, M. C. D. R. **Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata**.2002. 123 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG.

DU PLOOY, F. I. et al., 1996. Study of the inheritance of some agronomic traits in a potato breeding population. In: VAN DAM, J. et al. Genetic characterisation of tetraploid potato (*Solanumtuberosum* L.) emphasising genetic control of total glycoalkaloid content in the tubers. **Euphytica**, Wageningen, v. 110, n. 1, p. 67-76, 1999.

EPAGRI. **Sistemas de produção para batata-consumo e batata-semente em Santa Catarina**. 3.ed.ver.atual. Florianópolis: EPAGRI, 2002, 123p.

ESHEL, D.; TEPER-BAMNOLKER, P. Can loss of apical dominance in potato tuber serve as a marker of physiological age? **Plant Signaling & Behavior**, v. 7, n. 9, p. 1158-1162, Sep. 2012.

FAOSTAT. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/faostat-gateway/go/to/download/Q/QC/S>>. Acesso em: 05 de janeiro de 2014.

FERREIRA, D. F. **Sisvar**: a computer statistical analysis system. **Ciência e Agrotecnologia** v. 35, n. 6, p. 1039-1042, Nov./Dec. 2011.

GALARRETA, J. I. R.; EZPELETA, B.; PASCUALENA, J.; RITTER, E. Combining ability and correlations for yield components in early generations of potato breeding. **Plant Breeding**, v. 125, n. 2, p. 183-186, Apr. 2006.

GNOCATO, F. S. et al. Variação nos ganhos de seleção para caracteres de qualidade de tubérculos de batata na região Sul do Brasileira. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 1, p. 50-56, jan. 2014.

GOPAL, J.; GAUR, P. C.; RANA, M. S. Early generation selection for agronomic characters in a potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 84, n. 6, p. 709-713, Aug. 1992.

GOPAL, J. Progeny selection for agronomic characters in early generations of a potato breeding programme. **Theoretical Applied Genetics**. Berlin v. 95, n. 2, p. 307-311, July. 1997.

GOPAL, J. Genetic parameters and character association for clonal selection in potato breeding programmes. **Agronomie**, v. 19, n. 6, p. 531-539, 1999.

HAWKES, J. G. Origins of cultivated potatoes and species relationships. In: BRADSHAW, J. E.; MACKAY, G. R. (ed). **Potato Genetics**, Cambridge: CAB International. 1993. p.3-42.

HAYES, R. J.; THILL, C. A. Genetic gain from early generation selection for cold chipping genotypes in potato. **Plant Breeding**, v. 122, n. 2, p. 158-163, Apr. 2003.

HAYNES, K. G.; HAYNES, F. L. Stability of high specific gravity genotypes of potatoes under high temperatures. **American Potato Journal**, Orono, v. 60, n. 1, p. 17-26, Jan. 1983.

HELDWEIN, A. B.; STRECK, N. A.; BISOGNIN, D. A. Batata. In: MONTEIRO, J.E.B.A. (Org.) **Agrometeorologia dos cultivos – O fator meteorológico na produtividade dos principais cultivos anuais e perenes no Brasil**. 1ª ed., Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento, Brasília, p.91-109. 2009. 530p.

HEMBERG, T. Potato rest. In: Li, P. H. (ed.). **Potato Physiology**. Orlando, USA: Academic Press, 1985. p.353-388.

HIJMANS, R. J. Global distribution of the potato crop. **American Journal of Potato Research**, Orono, v. 78, n. 6, p. 403-412, Nov./Dec. 2001.

HIRANO, E. Colheita e pós-colheita de batata semente. In: PREIRA, A. S. & DANIELS, J. (Org.). **O cultivo da batata na região sul do Brasil**. Embrapa Clima Temperado: Brasília, 2003. P.509-528.

HORTIFRUTI BRASIL. **Procuram-se agroindústrias!** CEPEA ESALQ-USP. Ano 10. n. 104. Agosto 2011. Disponível em: <http://www.cepea.esalq.usp.br/hfbrasil/> Acesso em 23 nov 2011.

**IBGE** – Séries Históricas e Estatísticas. Disponível em: <<http://seriesestatisticas.ibge.gov.br/>>. Acesso em 23 de janeiro de 2014.

LECLERC, Y. et al. Microtuber dormancy in three potato cultivars. **American Potato Journal**, Orono, v. 72, n. 4, p. 215-223, Apr. 1995.

LEDO, C. A. S. et al. Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 6, p. 1214-1221, nov./dez. 2003.

LOMMEN, W. J. M. Causes for low tuber yields of transplants from *in vitro* potato plantlets of early cultivars after field planting. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 133, n. 3, p. 275-284, Nov. 1999.

LOPES, C. A.; BUSO, J. A. **Cultivo da batata (*Solanum tuberosum* L.)**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 1997. 36 p.

LOVE, S. L.; WERNER, B. K.; PAVEK, J. J. Selection for individual trait in the early generations of a potato breeding program dedicated to producing cultivars with tubers having long shape and russet skin. **American Potato Journal**, Orono, v. 74, n. 3, p. 199-213, May/June. 1997.

MACKAY, G. R. **Selecting and breeding for better potato cultivars**. In ABBOTT, A. J.; ATKIN, R. K. (eds.) Improving vegetatively propagated crops. Academic Press, London, 1987, p. 181-196.

MARIS, B. Correlations within and between characters between and within generations as a measure for the early generation selection in potato breeding. **Euphytica**, Berlin, v. 37, n. 3, p. 205-224, Apr.1988.

MIHAELA, C. et al. Production of seedling tubers from true potato seed (TPS) in protected area. **Journal of Horticulture, Forestry and Biotechnology**, Timisoara, v. 16, n. 4, p. 136-141, 2012. Disponível em: <[http://www.usab-tm.ro/Journal-HFB/romana/2012/Lista%20lucrari%20PDF/Lucrari%2016\(4\)/28%20Cioloca%20Mihaela.pdf](http://www.usab-tm.ro/Journal-HFB/romana/2012/Lista%20lucrari%20PDF/Lucrari%2016(4)/28%20Cioloca%20Mihaela.pdf)> Acesso em: 08 jan 2014.

MELO, D. S. et al. Early selection of full-sib potato families. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n. 6, p. 1101-1109, Nov./Dec. 2011.

MENEZES, C. B.; PINTO, C. A. B. P.; LAMBERT, E. S. Selection of potato clones for cool and warm seasons in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 1, n. 1, p. 145-157, Jan./Feb. 2001.

MONDAL, M. A. A.; HOSSAIN, M. M. Combining ability in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Bangladesh Journal of Botany**, Dhaka, v. 35, n. 2, p. 125-131, Dec. 2006.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1982. 504p.

MORENO, J. A. **Clima do Rio Grande do Sul**. Porto Alegre, Secretaria da Agricultura, 1961. 42p.

MORRISON, D.F. **Multivariate statistical methods**. 2.ed. Tokyo: McGraw Hill, 1978. 415p.

- MÜLLER, D. R. et al. Dormência e dominância apical de diferentes tamanhos de tubérculos de batata. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 12, p. 2454-2459, dez. 2010.
- NEELE, A. E. F.; LOUWES, K. M. Early selection for chip quality and dry matter content in potato seedling populations in greenhouse or screenhouse. **Potato Research**, Wageningen, v. 32, n. 3, p. 293-300, Sep./Dec. 1989.
- NEELE, A. E. F.; NAB, H. J.; LOWES, K. M. Identification of superior parents in a potato breeding programme. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 82, n. 3, p. 264-272, Sep. 1991.
- NUNN, N.; QIAN, N. The potato's contribution to population and urbanization: evidence from a historical experiment. **The Quarterly Journal of Economics**, v. 126, n. 2, p. 593-650, 2011. Disponível em: <<http://scholar.harvard.edu/nunn/publications/potatos-contribution-population-and-urbanization-evidence-historical-experiment>> Acesso em: 07 jan 2012.
- OLIVEIRA, S. J. R. et al. Índice de heterogeneidade, coeficiente de variação e tamanho ótimo de parcela em batata. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 6, p. 1710-1716, nov./dez. 2006.
- PAULA, F. L. M. Filocrono da planta de batata cultivar Asterix em diferentes épocas de plantio. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, v. 13, p. 326-333, 2005.
- PEREIRA, A. S.; DANIELS, J. **O cultivo da batata na região sul do Brasil**. Embrapa Clima Temperado. Brasília, DF. 2003. 567p.
- PEREIRA, J. E. S.; FORTES, G. R. de L. Produção de mudas pré-básicas de batata por estaquia a partir de plantas micropropagadas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 2, p. 186-192, abr./jun. 2004.
- PINTO, C. A. B. P. Melhoramento Genético da batata. **Informe Agropecuário**, v. 20, p. 120-128, 1999.
- PÍPOLO, V. C.; GASTALDI, L. F.; PÍPOLO, A. E. Correlações fenotípicas entre caracteres quantitativos em soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 26, n. 1, p. 11-16, jan./mar. 2005.
- POPP, P. **Batata para processamento: aptidão da matéria prima para processamento**. In: SEMINÁRIO MINEIRO SOBRE PROCESSAMENTO DE BATATAS. **Anais ...** Pouso Alegre, 2005. 8p.1 CD ROM.
- POTATO 2008. Disponível em: <[www.potato2008.org](http://www.potato2008.org)>. Acesso em: 12 de janeiro de 2014.

REUST, W. Rapport de la Réunion de la Section Physiologie de l'EAPR à St-Andrews, Ecosse, du 26–30 août 1985: Physiological age of the potato. **Potato Research**, Wageningen, v. 29, n. 2, p. 268-271, Apr./June. 1986. Disponível em: <<http://link.springer.com/journal/11540/29/2/page/1>> Acesso em 23 nov de 2011.

RIGÃO, M.H. et al. Correlação canônica entre caracteres de tubérculos para seleção precoce de clones de batata. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 8, p. 2347-2353, nov. 2009.

ROSS, H. **Potato breeding** - problems and perspectives. Paul Parey, Berlin and Hamburg, 1986. 132p. (Advances in plant breeding series 13).

SINCLAIR, T. R. et al. Sugarcane leaf area development under field conditions in Florida, USA. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 88, n. 2-3, p. 171-178, Aug. 2004.

SAEG- **Sistema para Análises Estatísticas**, Versão 9.1. Viçosa: Fundação Arthur Bernardes. UFV, 2007.

SANTOS, C.A.F. et al. Correlações canônicas entre componentes primários e secundários da produção de grãos em guandu (*Cajanus cajan* (L.) MILLSP). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, n. 236, p. 459-464, 1994.

SATTAR, M. A. et al. Genetic variability, correlation and path analysis in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Bangladesh Journal of Plant Breeding and Genetics**, Gazipur, v. 20, n. 1, p. 33-38, Jan./June. 2007.

SCHAALJE, G. B.; LYNCH, D. R.; KOZUB, G. C. Field evaluation of a modified augmented design for early stage selection involving a large number of test lines without replication. **Potato Research**, Wageningen v. 30, n. 1, p. 35-45, Jan./Mar. 1987.

SCHOLTE, K. **Breaking dormancy of seed potatoes: International potato course: production, storage and seed technology**. International Agricultural Centre. 1990. 4p.

SILVA, J. O. da, et al. Early generation selection for tuber appearance affects potato yield components. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 6, n. 1, p. 73-78, Jan./Feb. 2006.

SILVA, G. O. et al. Parâmetros genéticos em primeiras gerações de seleção de batata (*Solanum tuberosum* L.). **Magistra**, Cruz das Almas, v. 19, p. 98-103, 2007.

SILVA, G. O. et al. Seleção para caracteres fenotípicos de tubérculos nas primeiras gerações em batata. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 3, p. 168-172, mai./jun. 2008.

SILVA, G. O.; PEREIRA, A. S. Seleção em gerações iniciais para caracteres agrônômicos em batata. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 4, p. 449-455, out./dez. 2011.

ŠIMKO I., Similarities of QTLs detected for in vitro and greenhouse development of potato plants. **Molecular Breeding**, Dordrecht, v. 5, n. 5, p. 417-428, Sep./Oct.1999.

SIMMONDS, N. W. The genetics of seed and tuber dormancy in the cultivated potatoes. **Heredity**, Londres, v. 19, n. 3, p. 489-504, July/Sep.1964.

SOUZA, Z. da S. Ecofisiologia. In: PEREIRA, S. A.; DANIELS, J. (Org.). **O cultivo da batata na Região Sul do Brasil**. Brasília: Embrapa, 2003. P.80-104.

SOUZA, Z. da S. **Desenvolvimento de clones de batata para processamento industrial e adaptados as condições subtropical e temperada de cultivo do sul do Brasil**. 2010. 147f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Santa Maria, RS.

SOUZA, Z. da S. et al. Seleção de clones de batata para processamento industrial em condições de clima subtropical e temperado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 11, p. 1503-1512, dez. 2011.

STORCK, L. et al. Comprimento e largura do tamanho ótimo da parcela experimental em batata. **Ciencia Rural**, Santa Maria, v. 35, n. 5, p. 1043-1048, set./out. 2005.

STRUIK, P. C. The Canon of potato science: 40. Physiological age of seeds tubers. **Potato Research**, Wageningen v. 50, n. 3-4, p. 375-377, July. 2007.

SUSNOSCHI, M. Seed potato quality as influenced by high temperatures during the growth period. 2. Sprouting pattern in several cultivars in response to storage temperature. **Potato research**, Wageningen v. 24, n. 4, p. 381-388, Oct./Dec.1981. Disponível em: <<http://link.springer.com/journal/11540/24/4/page/1>> Acesso em: 22 nov 2013.

SUTTLE; J.C. Dormancy and Sprouting. In: VREUGDENHIL, D. (Editor). **Potato Biology and Biotechnology: Advances and Perspectives**. Elsevier, 2007. p. 287-309. Disponível em: <<http://www.committeefirstprinciples.org/Information/Agriculture/Fruits%20&%20Vegetables/Potato%20Biology%20and%20Biotechnology.pdf>> Acesso em: 17 dez 2011.

SUTTLE; J.C. Physiological regulation of potato tuber dormancy. **American Journal of Potato Research**, Orono, v. 81, n. 4, p. 253-262, July/Aug. 2004.

TAI, G. C. C.; YOUNG D. A. Early generation selection for important agronomic characteristics in a potato breeding population. **American Potato Journal**, Orono, v. 61, n. 7, p. 419-434, July. 1984. Disponível em: <<http://link.springer.com/journal/12230/61/7/page/1>> Acesso em: 17 dez 2011.

TAVARES, M. et al. Efeitos diretos e indiretos e correlações canônicas para caracteres relacionados com a produção de pimentão. **Bragantia**, Campinas, v. 58, n. 1, p. 41-47, jan./jun.1999.

TEPER-BAMNOLKER, P. et al. Release of apical dominance in potato tuber is accompanied by programmed cell death in the apical bud meristem. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 158, n. 4, p. 2053-2067, Apr. 2012.

THILL, C. A.; PELOQUIN, S.J. A breeding method for accelerated development of cold chipping clones in potato. **Euphytica**, Wageningen, v. 84, n. 1, p. 73-80, 1995. Disponível em: <<http://link.springer.com/journal/10681/84/1/page/1>> Acesso em: 22 nov 2013.

THOMPSON, P. G.; HAYNES F. L.; MOLL, R.H. Estimation of genetic variance components and heritability for tuber dormancy in diploid potatoes. **American Potato Journal**, Orono, v. 57, n. 2, p. 39-46, Feb. 1980. Disponível em: <<http://link.springer.com/journal/12230/57/2/page/1>> Acesso em: 10 out 2013.

VAN DAM, J. **Genetic characterisation of agronomic and morphological traits and the development of DNA markers associated with total glycoalkaloid content in the tubers of tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.)**. PhD Thesis, Wageningen University, The Netherlands, 101p. 2002. Disponível em: <<http://library.wur.nl/WebQuery/clc/1659647>> Acesso em: 12 jan 2014.

VAN DEN BERG, J.H. et al. QTL analysis of potato tuber dormancy. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 93, n. 3, p. 317-324, Aug. 1996. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24162286>> Acesso em: 12 jan 2014.

VAN ITTERSUM, M. K. 1992. **Dormancy and vigour of seed potatoes**. PhD thesis, Wageningen Agricultural University, Wageningen, the Netherlands. Disponível em: <<http://edepot.wur.nl/201609>> Acesso em: 07 jan 2014.

VERISSIMO, M. A. A. et al. Expressão de caracteres de tubérculos em função do tamanho de recipiente usado no cultivo de batata na geração de plântulas. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 6, p. 787-793, nov./dec. 2012.

VIANA, A. P. et al. Polinização seletiva em maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) monitorada por vetores canônicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 6, p. 1627-1633, nov./dec. 2007.

WENZEL, G.; BAPAT, V. A.; UHRIG, H. New strategy to tackle breeding problems of potato. In: SEN, S. K.; GILES, K. L. (eds). **Plant Cell Culture in Crop Improvement**. New York: Plenum Press, 1983. p. 337-349.

WILTSHIRE, J. J. J.; COBB, A. H. A review of the physiology of potato tuber dormancy. **Annals of Applied Biology**, Warwick, v. 129, n. 3, p. 553-569, Dec. 1996. Disponível em: <<http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1744-7348.1996.tb05776.x/abstract>> Acesso em: 12 jan 2014.