

Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP

Vanderley Borges^{1*}, Paulo Vanderlei Ferreira², Laílton Soares², Gilcilene Martins Santos² e Amanda Maria Marcelino Santos²

¹Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Universidade Federal de Alagoas, BR104 Norte, Km 14, 57100-000, Rio Largo, Alagoas, Brasil. ²Unidade Acadêmica Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, Alagoas, Brasil. *Autor para correspondência. E-mail: vanderley-agro@ig.com.br

RESUMO. Objetivou-se classificar e selecionar clones de batata-doce, utilizando-se a metodologia REML/BLUP. O experimento foi conduzido no município de Rio Largo, Estado de Alagoas, situado a 127 m de altitude, com latitude 9°27'S e longitude 35°27'W. Foram avaliados cinco clones (CL-2, CL-3, CL-4, CL-6 e CL-8) em delineamento experimental de blocos completos casualizados com oito repetições. As variáveis analisadas foram Número de Raízes Comerciais (NRC); Número de Raízes Não-Comerciais (NRNC); Número Total de Raízes (NTR); Peso da Parte Aérea (PPA); Peso Médio de Raízes Não-Comerciais (PMRNC); Comprimento de Raízes Comerciais (CRC); Peso Médio de Raízes Comerciais (PMRC); Diâmetro de Raízes Comerciais (DRC). A análise de deviance indicou que os clones diferenciam-se estatisticamente para NRNC, NTR, PMRNC, CRC e DRC. O CL-06 ocupou a primeira colocação para NRNC, NTR, PMRNC, PMRC, DRC; o CL-03, para PPA e CRC e o CL-02, para NRC. Pela classificação das médias genotípicas, o melhor clone foi o CL-06.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*, modelo misto, análise de deviance, classificação genotípica.

ABSTRACT. Sweet potato clone selection by REML/BLUP procedure. The objective of this work was to classify and select sweet potato clones, using the REML/BLUP methodology. The study was carried out in Rio Largo, Alagoas State, located 127 m above sea level, 9°27'S and 35°27'W. Five clones were evaluated (CL-2, CL-3, CL-4, CL-6 and CL-8) in a randomized complete blocks design with eight replications. The analyzed variables were number of commercial roots (NCR), number of non-commercial roots (NNCR), total number of roots (TNR), aerial part weight (APW), average weight of non-commercial roots (AWNCR), commercial root length (CRL), average weight of commercial roots (AWCR), and diameter of commercial roots (DCR). The analysis of deviance showed that the clones differ statistically for NNCR, TNR, AWNCR, AWCR, CRL and DCR. CL-06 had the best NCRN, NNCR, TNR, AWNCR, AWCR, DCR; CL-03 for APW and CRL, and CL-02 for NCR. By the classification of genotypic averages, the best clone was CL-06.

Key words: *Ipomoea batatas*, mixed model, analysis of deviance, genotypic classification.

Introdução

As inferências sobre os materiais genéticos em experimentos de campo, a fim de se classificar aqueles candidatos a serem lançados como cultivares, não é tarefa fácil, pois essas inferências devem ser baseadas nos verdadeiros valores genotípicos. Ou seja, inferência de genótipos, em qualquer fase de um programa de melhoramento, deve ser baseada em médias genéticas e não fenotípicas, pois as médias genotípicas são as médias futuras quando os cultivares forem plantados em cultivos comerciais.

Conforme Resende (2004), a análise de variância (ANOVA), desde sua criação por Ronald Fisher, junto à análise de regressão foram, por muito tempo, a base da análise e modelagem estatística. Porém,

após o desenvolvimento dos métodos BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) por C. R. Henderson, na década de 1940 (BERNARDO, 2002), e REML (Restricted Maximum Likelihood) por Patterson e Thompson, em 1971 (RESENDE, 2002), fez com que estes se constituíssem, hoje, modelos de maior precisão para a análise em uma gama de aplicações, substituindo, com vantagem, o método ANOVA, especialmente nos casos de experimentos com certos graus de desbalanceamento. Muito embora, como afirma Bernardo (2002), o procedimento BLUP não fosse usado no melhoramento de plantas até o início dos anos de 1990.

Sendo o problema central do melhoramento de plantas a predição dos valores genéticos dos materiais superiores, já que a mesma necessita dos

verdadeiros valores dos componentes de variância, torna-se imprescindível o uso dos métodos BLUP e REML. A predição do BLUP presume o conhecimento dos valores de componentes de variância (MARCELINO; IEMMA, 2000) e, como isto não é possível, têm-se utilizado estimativas destes componentes via REML, ambos associados a um modelo linear misto. Ou seja, modelo que contém efeitos fixos além da média geral e efeito aleatório além do erro (RESENDE, 2004).

A consideração de efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial no melhoramento genético de plantas, pois só assim se pode fazer seleção genética. Caso contrário, a seleção é fenotípica. A abordagem de efeitos de tratamentos como aleatória é enfatizada por vários autores (DUARTE; VENCOVSKY, 2001; RESENDE; DUARTE, 2007; PIEPHO et al., 2007).

Resende e Duarte (2007) demonstraram a transição de efeitos de tratamentos de fixo para aleatório. Entretanto, quando houver necessidade de escolha entre o modelo aleatório e o fixo, deve-se adotar o primeiro quando o número de tratamentos em questão for maior que cinco e, fixo quando menor (RESENDE, 2007b). Por outro lado, quando o número de tratamentos for igual a cinco pode-se adotar qualquer um dos modelos, mas de preferência o modelo de efeitos aleatórios, por este ser mais conservador que o de efeito fixo. A aceitação de efeitos de tratamentos como aleatórios culmina na rejeição dos testes de comparações múltiplas (TCM), uma vez que estes foram derivados sobre o enfoque da Anova. Assim, a consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial para se fazer seleção e inferir sobre os valores médios propriamente ditos.

A utilização de modelos mistos já é realizada com frequência em plantas perenes como eucalipto (RESENDE; HIGA, 1994), café (RESENDE et al., 2001), leucena (COSTA et al., 2001) e frutíferas (RESENDE; DIAS, 2000) semelhantemente ao melhoramento animal. Porém, em plantas anuais, ainda são insipientes literaturas usando essa teoria, especialmente no Brasil.

O maior entrave em se utilizar modelos mistos é pelas dificuldades de cálculos e modelagem e pela necessidade de recursos computacionais, embora, de certa forma, isto não seja mais problema após o desenvolvimento de *softwares* como DFREML em 1988; MTDFREML em 1993; ASREML em 1998 (RESENDE, 2002); SELEGEN REML-BLUP em 1997 (RESENDE; OLIVEIRA, 1997) e ainda de implementações no SAS (DUARTE; VENCOVSKY, 2001).

O enfoque de modelos misto e BLUP também tem sido usado em outros objetivos (BERNARDO,

1995, 1996; PIEPHO; MÖHRING, 2005; PIEPHO et al., 2007; MORA et al., 2007; YAN; RAJCAN, 2003). No entanto, ainda muito pouco utilizados em culturas anuais como em hortaliças, e, em especial, em batata-doce.

Tanto no desenvolvimento como na indicação de variedades recém-liberadas, a seleção exige maior competição entre genótipos candidatos. Assim, estimação de valor genotípico está no cerne de qualquer esforço do melhoramento (PIEPHO et al., 2007). No caso de plantas autógamas, como a batata-doce, a seleção de genótipos para lançamento como cultivares tem sido baseada na análise de variância (ANOVA) das características em questão, seguida de testes de comparações múltiplas (como Tukey, Scott-Knott ou similares).

Outros estudos com batata-doce (CAVALCANTE et al., 2006) e diversas outras hortaliças-tuberosas (ROESLER et al., 2008; ZÁRATE et al., 2007, 2008) têm sido realizados, sempre utilizando-se o método Anova como forma de diferenciar tratamentos. Faz-se, portanto, necessário iniciar a aplicação da técnica REML/BLUP a fim de que se consiga selecionar e oferecer aos produtores das mais diversas regiões de cultivo, cultivares de amplo aspecto genético e produtivo com maior acurácia.

Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi aplicar a metodologia REML/BLUP com enfoque de modelos mistos, em batata-doce, a fim de se classificar e se selecionar clones.

Material e métodos

Foram avaliados cinco clones da batata-doce, obtidos a partir de sementes botânicas de populações de polinização livre, em novembro/97 pelo Setor de Melhoramento de Plantas e Nutrição Animal da UFAL (Universidade Federal de Alagoas). São eles: CL - 2, proveniente da cultivar Co Branca; CL - 3, CL - 4, provenientes da cultivar Co Copinha; CL - 6, proveniente da cultivar 60 dias; CL - 8, proveniente da cultivar Pixaim I.

O presente trabalho foi conduzido no município de Rio Largo, Estado de Alagoas, na área experimental da Unidade Acadêmica Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas, localizada no Campus Delza Gitaí, BR 104 Norte, km 85. O solo é classificado como Latossolo Amarelo coeso distrófico, com pH em torno de 4,5. O município está situado a uma altitude de 127 m acima do nível do mar, com latitude de 9° 27 'S, longitude de 35° 27 'W e clima B1A`sw2 na classificação de Thornthwaite - Mather.

Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com cinco tratamentos (cinco clones) e

oito repetições (oito blocos). As parcelas experimentais foram constituídas por três leiras de 4,0 m de comprimento cada, com dez plantas por leira, no espaçamento de 0,80 m x 0,40 m, considerando-se como área útil a fileira central. Houve perda de uma parcela na repetição 8, levando-se o experimento a ser não-balanceado.

Foram avaliadas as seguintes variáveis agronômicas referentes às médias de oito plantas competitivas da leira central de cada parcela experimental:

1. Número de Raízes Comerciais (NRC): refere-se à quantidade de raízes comerciais, (acima de 80 g), por clone; 2. Números de Raízes Não-Comerciais (NRNC): refere-se à quantidade de Raízes Não-Comerciais, (abaixo de 80 g), por clone; 3. Número Total de Raízes (NTR): refere-se ao total de Raízes Comerciais e Não-Comerciais produzidas por cada clone; 4. Peso da Parte Aérea (PPA)¹: refere-se ao peso, em kg, da parte aérea dos clones, retirando-se a 3 cm do nível do solo, obtido pela balança de precisão; 5. Peso Médio de Raízes Não-Comerciais (PMRNC): refere-se ao peso, em gramas, de Raízes Não-Comerciais (abaixo de 80 g e superiores a 800 g) por cada clone, obtido pela balança de precisão; 6. Comprimento das Raízes Comerciais (CRC): refere-se ao comprimento da raiz, em centímetros, utilizando-se os tubérculos avaliados no (DMR). Medição feita por uma régua; 7. Peso Médio de Raízes comerciais (PMRC): refere-se ao peso médio de Raízes Comerciais (peso acima de 80 g e inferior a 800 g), obtido pela balança de precisão; 8. Diâmetro de Raízes Comerciais (DRC): refere-se ao diâmetro, em centímetros, da parte intermediária transversal da raiz, dos tubérculos classificados como comerciáveis (Medição realizada, utilizando-se paquímetro)

Para as análises, consideraram-se os dados de médias de parcelas e utilizou-se o programa SELEGEN (RESENDE; OLIVEIRA, 1997; RESENDE, 2007a), modelo 20 (Blocos ao acaso, teste de clones não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas) denotado na forma matricial por: $y = Xr + Zg + e$, em que y é o vetor de dados observados conhecidos, r é o vetor de efeitos de repetições desconhecidos (assumidos como fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos desconhecidos (assumidos como aleatórios), e , o vetor de erros (aleatórios) e X e Z , matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2002), sendo $g \sim N(0, G)$, $e \sim N(0, R)$, $E(y) = Xr$ e $V(y) = ZGZ' + R$. G é a matriz de variâncias e

covariâncias dos efeitos genéticos e R , matriz de variâncias e covariâncias dos erros. Para esse modelo, as equações de modelos mistos são (RESENDE, 2002):

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Por se tratar de experimento desbalanceado, realizou-se análise de deviance (ANADEV) (RESENDE, 2007b), a qual substituiu o teste F de uma ANOVA nos casos de análise de modelos mistos com dados desbalanceados. As deviances foram obtidas, rodando-se o modelo com e sem os valores de h^2 para cada variável e, em seguida, subtraindo-os e confrontando-os com o valor do Qui-quadrado com um grau de liberdade a 5% de probabilidade. O fator bloco, considerado de efeito fixo, foi testado pelo teste F de Snedecor. Os clones foram considerados como não-aparentados em virtude da falta de maiores informações de parentesco.

Resultados e discussão

Na Tabela 1 constam os valores das deviances para as variáveis deste estudo. Observa-se que, para o número de raízes comerciais (NRC), peso da parte aérea (PPA) e peso médio de raízes comerciais (PMRC), não se constatou diferença significativa pelo teste de Qui-quadrado a 5% de probabilidade, indicando-se que, para essas variáveis, especialmente NRC e PMRC, qualquer um dos clones aqui estudados podem ser recomendados para cultivos.

O número e o peso médio de raízes comerciais são por demais importantes para recomendação de clones de batata-doce, pois são estes os principais fatores de produtividade. A parte aérea, por sua vez, é um fator fisiológico que está intimamente ligado à produção de raízes, uma vez que maior quantidade de ramos aéreas poderá ocasionar maior rendimento de raízes, pela alta produção de fotoassimilados, muito embora nem sempre seja observado, principalmente nos casos de excesso de fornecimento de nitrogênio (MIRANDA et al., 1995). Neste estudo, isso se constata pelo clone que apresentou maior peso da parte aérea (CL-3) e em que não foram observados nem maior número e nem maior peso de raízes comerciais, apenas comprimento de raízes, quesito em que o referido clone foi melhor classificado.

Neste estudo se verificou que a média do número de raízes comerciais (NRC) foi em torno de nove e o de peso médio de raízes comerciais

¹Peso refere-se à massa, em gramas, de acordo com o Sistema Internacional de unidades.

(PMRC) próximo a 297,00 gr (Tabela 2). Na avaliação da variável peso médio de raízes comerciais, verificou-se que os resultados não diferiram estatisticamente conforme a análise de deviance (ANADEV) (Tabela 1). Observou-se, porém, que os clones 6 e 8 foram os de melhores médias (312,98 e 310,67 g, respectivamente) (Tabela 2). A magnitude desses valores são concordantes com os padrões de classificação apresentados por Miranda et al. (1995) e Soares et al. (2002). Está ainda em concordância com os resultados de Resende (1999) e Resende (2000).

Verificou-se por esta análise que os efeitos de genótipos foram significativos para NRNC, NTR, PMRNC, CRC e DRC e que seus respectivos efeitos genotípicos explicaram 60, 57, 44, 29 e 30% da variação total, conforme o coeficiente de determinação (h^2g) (Tabela 1).

A literatura é carente de estudos que avaliem a diferença entre o número de raízes comerciais por clone em batata-doce, tendo sido dado maior ênfase para o rendimento de raízes. Entretanto, o número de raízes pode ser um grande coadjuvante para se determinar o rendimento total das mesmas. Neste estudo, comprovou-se que a magnitude do número de raízes comerciais pouco diferenciou do número de raízes não-comerciais dentro de cada Clone. A maior diferença ocorreu no Clone 6, onde o número de raízes não-comerciais foi superior ao número de raízes comerciais em cerca de 90% (Tabela 2). No entanto, essa diferença nada interferiu no peso

médio de raízes comerciais, como se observou na Tabela 2, corroborando a análise de deviance (Tabela 1). Ou seja, mesmo naqueles clones que produzem quantidade superior de raízes não-comerciais, o peso médio das raízes comerciais continua dentro dos padrões comerciais, conforme Miranda et al. (1995) e Soares et al. (2002) e também com os encontrados por Resende (1999) e Resende (2000). Os demais clones apresentaram valores bem próximos para NRC e NRNC.

Quando se analisam efeitos de tratamentos, tomando-os como aleatórios, os testes de comparações múltiplas entre médias de tratamentos não devem ser utilizados, uma vez que estes são derivados em suposição de efeitos tratamentos como fixos (RESENDE, 2004) e também porque são aplicados e produzem inferências sobre médias fenotípicas e não médias genotípicas (RESENDE, 2002). O que se obtém é um ordenamento decrescente dos genótipos em função de seus valores genéticos (DUARTE; VENCOVSKY, 2001).

Na Tabela 2 estão dispostos a ordem, o valor genotípico e a nova média dos clones para as variáveis aqui estudadas. Como pôde ser observado, o clone 6 foi o primeiro no ordenamento para as variáveis NRNC, NTR, PMRC e DRC. Mesmo sendo o primeiro colocado para produção de raízes não-comerciais (ou NRNC), o referido clone se destacou também para peso médio e diâmetro de raízes comerciais, o que o tornou promissor.

Tabela 1. Valores de Deviance para oito variáveis¹ em cinco clones de batata-doce.

NRC	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	123,07	1,67 ^{NS}	Vg = 2,11 ^{NS}	$h^2g = 15,41^{NS}$
	Modelo completo	124,74			
NRNC	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	138,30	18,28**	Vg = 28,78**	$h^2g = 0,60^{**}$
	Modelo completo	156,58			
NTR	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	164,41	16,73**	Vg = 48,61**	$h^2g = 0,57^{**}$
	Modelo completo	181,14			
PPA	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	129,45	0,00 ^{NS}	Vg = 0,03 ^{NS}	$h^2g = 0,01^{NS}$
	Modelo completo	129,45			
PMRNC	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	297,61	5,65*	Vg = 4189,63*	$h^2g = 0,44^*$
	Modelo completo	303,26			
CRC	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	81,10	5,14*	Vg = 1,60*	$h^2g = 0,29^*$
	Modelo completo	86,24			
PMRC	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	324,57	0,36 ^{NS}	Vg = 571,66 ^{NS}	$h^2g = 0,06^{NS}$
	Modelo completo	324,93			
DRC	Efeito	Deviance	LRT	Comp. de Var.	Coef. de Determ.
	Clones	182,38	5,41**	Vg = 31,66**	$h^2g = 0,30^{**}$
	Modelo completo	187,79			
	Blocos		F = 14,92**		

¹NRC = Número de Raízes Comerciais (unidades); NRNC = Número de Raízes Não-Comerciais (unidades); NTR = Número Total de Raízes (unidades); PPA = Peso da Parte Aérea (kg); PMRNC = Peso Médio de Raízes Não-Comerciais (g); CRC = Comprimento de Raízes Comerciais (cm); PMRC = Peso Médio de Raízes Comerciais (g); DRC = Diâmetro de Raízes Comerciais (cm); *: significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste do Qui-quadrado para as variáveis; **: significativo a 1% de probabilidade de erro pelo teste do Qui-quadrado para as variáveis e F de Snedecor para blocos; NS: não-significativo.

Tabela 2. Ordenamento (ord), clones (CL), valor genotípico (u+g), nova média de oito variáveis¹ de clones batata-doce.

NRC				NRNC				NTR				PPA			
Ord	CL	u+g	Nova média	Ord	CL	u+g	Nova média	Ord	CL	u+g	nova média	Ord	CL	u+g	nova média
1	2	10,56	10,56	1	6	19,83	19,83	1	6	30,33	30,33	1	3	7,72	7,72
2	6	10,12	10,34	2	2	12,66	16,24	2	2	23,92	27,13	2	2	7,72	7,72
3	4	9,01	9,9	3	3	8,62	13,70	3	3	17,40	23,88	3	4	7,71	7,72
4	8	8,20	9,47	4	4	8,50	12,40	4	4	16,14	21,95	4	6	7,71	7,72
5	3	8,12	9,20	5	8	8,25	11,57	5	8	14,13	20,38	5	8	7,69	7,71
PMRNC				CRC				PMRC				DRC			
Ord	CL	U+g	Nova média	Ord	CL	U+g	nova média	Ord	CL	u+g	nova média	Ord	CL	U+g	nova média
1	8	214	214	1	3	14,80	14,80	1	6	314	312,98	1	6	69,82	69,82
2	3	87,12	150,55	2	2	13,92	14,36	2	8	308,36	310,67	2	8	66,45	68,14
3	4	81,54	127,56	3	6	13,28	14,00	3	3	298,81	306,72	3	4	62,29	66,19
4	6	79,47	115,54	4	8	12,82	13,71	4	4	284,75	301,22	4	3	59,51	64,52
5	2	76,37	107,71	5	4	12,41	13,45	5	2	280,67	297,11	5	2	57,82	63,18

¹NRC = Números de Raízes Comerciais (unidades); NRNC = Número de Raízes Não-Comerciais (unidades); NTR = Número Total de Raízes (unidades); PPA = Peso da Parte Aérea (kg); PMRNC = Peso Médio de Raízes Não-Comerciais (g); CRC = Comprimento de Raízes Comerciais (cm); PMRC = Peso Médio de Raízes Comerciais (g); DRC = Diâmetro de Raízes Comerciais (cm).

Valores genotípicos devem ser os preferíveis pelos pesquisadores de melhoramento, pois são estes os verdadeiros valores a serem preditos. Valores de nova média são as predições feitas pelo BLUP para os cultivos comerciais, ou seja, nos cultivos comerciais os clones deverão produzir, em média, tais valores. Pela metodologia REML/BLUP o que realmente se estima e, ou se prediz são estes valores. Neste estudo, pode ser verificado que os valores genotípicos (u+g) são bem próximos da nova média e vice-versa.

A obtenção de estimadores e preditores em modelos mistos é realizada por processos iterativos. Para se iniciar o processo iterativo, foi fornecido o valor inicial para h_g^2 igual a 0,10, como sugerido por Resende (2007a). Com o processamento, foram obtidos os resultados de componentes de variância genotípica e residual (Vg e Ve, respectivamente); variância fenotípica individual (Vf); herdabilidade (h^2g); acurácia da seleção de clones (Acclon); CV genético (CVg); CV ambiental (CVe) e coeficiente de variação relativa (CVR = CVg/CVe), contidos na Tabela 3.

Os CVe's apresentaram variação entre 12,39 e 67,76% e, na sua maioria, altos, considerando-se o delineamento, os blocos casualizados e para as características, especialmente as quantitativas, aqui estudadas (Tabela 3). Valores desta natureza para CV, como também para outros parâmetros estatísticos, são comuns quando se avaliam culturas cujo caráter em estudo é de estruturas subterrâneas, em que o controle ambiental é dificultado (CAVALCANTE et al., 2006). Resultados semelhantes foram observados por Cavalcante et al. (2003, 2006), trabalhando com 14 clones de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). Cavalcante et al. (2003, 2006) informam que em outras culturas como cenoura, (*Daucus carota* L.) mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), batatinha (*Solanum tuberosum* L.), batata-baroa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft.) e

inhame (*Colocasia esculenta* (L.) Schott.) também se têm verificado valores de CVe dessa magnitude. Cavalcante et al. (2003, 2006) citam outros trabalhos com resultados análogos.

Estimativas do coeficiente de herdabilidade evidenciam bom controle genético na expressão de caracteres e indicam grande potencial para seleção dentro do experimento. Como pôde ser verificado na Tabela 2, para as variáveis aqui estudadas, os valores de h^2g variaram de $0,01 \pm 0,02$ e $0,60 \pm 0,36$, indicando grande amplitude. Conforme Resende (2002), desvios padrão de até 20% para a herdabilidade seriam os mais desejados para uso de predição de valores genéticos. Especialmente para NRC, CRC, PMRC e DRC, os valores encontrados no presente trabalho (Tabela 3) estão próximos da recomendação citada.

Tabela 3. Estimativas de componentes de variância genotípica e residual (Vg e Ve, respectivamente); variância fenotípica individual (Vf); herdabilidade \pm desvio-padrão da herdabilidade ($h^2g \pm s(h^2g)$); acurácia da seleção de clones (Acclon); CV genético (CVg); CV ambiental (CVe); coeficiente de variação relativa (CVR = CVg/CVe) de cinco clones de batata-doce.

Variável ¹	Vg	Ve	Vf	$h^2g \pm s(h^2g)$	Acclon	CVg%	CVe%	CVR
NRC	2,11	11,57	13,68	$0,15 \pm 0,18$	0,77	15,78	36,97	0,43
NRNC	26,78	17,45	44,23	$0,60 \pm 0,36$	0,96	44,71	36,09	1,24
NTR	48,61	35,89	84,50	$0,57 \pm 0,34$	0,96	34,20	29,38	1,16
PPA	0,03	18,18	18,21	$0,01 \pm 0,02$	0,11	2,25	55,28	0,04
PMRNC	4189,63	5330,22	9519,85	$0,44 \pm 0,31$	0,93	60,10	67,79	0,89
CRC	1,160	2,78	3,94	$0,29 \pm 0,25$	0,88	8,01	12,39	0,65
PMRC	571,66	8149,81	8721,46	$0,06 \pm 0,12$	0,61	8,05	30,38	0,26
DRC	31,66	72,56	104,22	$0,30 \pm 0,25$	0,88	8,90	13,48	0,66

¹NRC = Número de Raízes Comerciais (unidades); NRNC = Número de Raízes Não-Comerciais (unidades); NTR = Número Total de Raízes (unidades); PPA = Peso da Parte Aérea (kg); PMRNC = Peso Médio de Raízes Não-Comerciais (g); CRC = Comprimento de Raízes Comerciais (cm); PMRC = Peso Médio de Raízes Comerciais (g); DRC = Diâmetro de Raízes Comerciais (cm).

A acurácia evidencia alta precisão das inferências das médias genotípicas pois, de acordo com Resende (2002), esta tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor

genotípico da cultivar (ou genótipo), sendo uma correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros. Pelos resultados da Tabela 3, de acordo com Resende e Duarte (2007), as acurácias estão com valores entre moderada (0,61 ou 61%) para PMRC e muito alta (0,96 ou 96%) para NRNC e NTR. As variáveis de interesse para seleção e classificação dos clones ficaram com valores de acurácia intermediários (NRC = 0,77; CRC = 0,88; DRC = 0,88), indicando classe de precisão alta e seletividade mediana. Os valores de CVg e h²g, como também de Vg, são baixos para NRC, CRC e DRC, caracterizando fixação genotípica (homozigose), indicando possibilidade de clonagem via propagação vegetativa.

Conclusão

O procedimento REML/BLUP apresentou-se altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos genótipos, especialmente pelo desbalanceamento.

Pela metodologia REML/BLUP, o clone CL-6 foi o melhor classificado, sendo, para efeito de seleção, o mais indicado.

Agradecimentos

Ao CNPq, pelo fornecimento da bolsa de Mestrado ao primeiro autor.

Referências

- BERNARDO, R. Genetic models for predicting maize-single cross performance in unbalanced yield trial data. **Crop Science**, v. 35, n. 1, p. 141-147, 1995.
- BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize-single cross performance given erroneous inbred relationships. **Crop Science**, v. 36, n. 4, p. 862-866, 1996.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plant**. Woodbury: Stemma Press, 2002.
- CAVALCANTE, J. T.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L. Avaliação de clones de batata-doce em Rio Largo – Alagoas. **Magistra**, v. 15, n. 1, p. 13-17, 2003.
- CAVALCANTE, J. T.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; BORGES, V.; SILVA, P. P.; SILVA, J. W. Análise de trilha em caracteres de rendimento de clones de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 28, n. 2, p. 261-266, 2006.
- COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; FERREIRA, M. S.; FERREIRA, J. S. **Estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos para o caráter germinação em Leucena pelo procedimento REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2001. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, n. 7).
- DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R. Estimação e predição por modelo linear misto com ênfase na ordenação de médias de tratamentos genéticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 1, p. 109-117, 2001.

MARCELINO, S. D. R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 4, p. 109-117, 2000.

MORA, F.; PUPIM-JUNIOR, F.; SCAPIM, C. A. Predicción del efecto de cultivares de algodón en la presencia de interacción genotipo-ambiente. **Ciencia e Investigación Agraria**, v. 34, n. 1, p. 13-21, 2007.

MIRANDA, J. E. C.; FRANÇA, F. H.; CARRIJO, O. A.; SOUZA, A. F.; PEREIRA, W.; LOPES, C. A.; SILVA, J. B. C. **A cultura da batata-doce**. Brasília: Embrapa, 1995.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Best linear unbiased prediction for subdivided target region. **Crop Science**, v. 45, n. 3, p. 1151-1159, 2005.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BUCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety test. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2007.

RESENDE, G. M. Características produtivas de duas cultivares de batata-doce sob duas condições irrigadas e de sequeiro na região norte de Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, v. 17, n. 2, p. 151-154, 1999.

RESENDE, G. M. Características produtivas de duas cultivares de batata-doce em duas épocas de colheita, em Porteirinha, MG. **Horticultura Brasileira**, v. 18, n. 1, p. 68-71, 2000.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen-REML/BLUP**. Curitiba: Embrapa Florestas, 2002. (Documentos, 77).

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Floresta, 2004. (Documentos, 100).

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b.

RESENDE, M. D. V.; DIAS, L. A. S. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos em espécies frutíferas. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 22, n. 1, p. 44-52, 2000.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de Eucalipto – seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal**, n. 28-29, p. 11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, E. B. Sistema 'SELEGEN' - Seleção genética computadorizada para o melhoramento de espécies perenes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, n. 9, p. 931-939, 1997.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI JÚNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento

do cafeeiro pelo procedimento REML/BLUP. **Bragantia**, v. 60, n. 3, p. 185-193, 2001.

ROESLER, P. V. S. O.; GOMES, S. D.; MORO, E.; KUMMER, A. C. B.; CEREDA, M. P. Produção e qualidade de raiz tuberosa de cultivares de batata-doce no oeste do Paraná. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 1, p. 117-122, 2008.

SOARES, K. T.; MELO, A. S.; MATIAS, E. C. **A cultura da batata-doce**. João Pessoa: Emepa-PB, 2002, (Documentos, 41).

YAN, W.; RAJCAN, I. Prediction of cultivar performance base on single – versus Multiple-year tests in soybean. **Crop Science**, v. 43, n. 2, p. 549-555, 2003.

ZÁRATE, N. A. H.; VIEIRA, M. C.; GRACIANO, J. D.; GIULIANI, A. R.; HELMICH, M.; GOMES, H. E. Produção e renda bruta de mandioquinha-salsa, solteira e

consorciada com cenoura e coentro. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 29, n. 4, p. 549-553, 2007.

ZÁRATE, N. A. H.; VIEIRA, M. C.; GRACIANO, J. D.; PEZZONI FILHO, J. C. Número de fileiras no canteiro e espaçamento entre plantas na produção e na rentabilidade da beterraba em Dourados, Estado do Mato Grosso do Sul. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 30, n. 3, p. 397-401, 2008.

Received on August 27, 2008.

Accepted on February 3, 2009.

License information: This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.