

Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem

Alcinei Místico Azevedo¹, Valter Carvalho de Andrade Júnior², José Altair Figueiredo², Carlos Enrik Pedrosa³, Daniel José Silva Viana², Vinícius Teixeira Lemos³, Irã Pinheiro Neiva⁴

¹ Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, Av. PH Rolfs, s/n, Centro, CEP 36571-000 – Viçosa-MG, Brasil. E-mail: alcineimistico@hotmail.com

² Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Campus JK, Departamento de Agronomia, Ciências Agrárias, Rua da Glória, 187, Campus I, CEP 39100-000, Diamantina-MG, Brasil. E-mail: valterjr@ufvjm.edu.br; altairfig@yahoo.com.br; daniel.silva@ufvjm.edu.br

³ Universidade Federal de Lavras, Departamento de Agricultura, Campus Universitário, CEP 37200-000, Lavras-MG, Brasil. Caixa Postal 3037. E-mail: carlosenrik@yahoo.com.br; lemosvt@yahoo.com.br

⁴ Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Norte de Minas Gerais, Campus Araçuaí, Rodovia BR 367, km 278, s/n, CEP 39600-000, Araçuaí-MG, Brasil. E-mail: iraaeronomia@yahoo.com.br

RESUMO

Atentando-se à necessidade de adoção de sistemas agrícolas mais sustentáveis, é importante que os programas de melhoramento de batata-doce procurem aumentar além da produtividade de raízes a produtividade e a qualidade de ramas para a produção de silagem. Objetivou-se avaliar a divergência genética e a importância de caracteres associados à produção e qualidade de silagem de ramas em genótipos batata doce. O experimento foi conduzido no Campus JK da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri no delineamento experimental em blocos casualizados, com 12 tratamentos e quatro repetições. Foram avaliadas doze características de ramas e silagem. Verificou-se variabilidade genética entre os genótipos, sendo possível a seleção de genitores divergentes para futuros programas de melhoramento para produção de silagem. Os genótipos BD-54 e BD-31TO foram os mais divergentes em relação aos demais, sendo indicada a sua utilização em cruzamentos visando o melhoramento da cultura para silagem, uma vez que o elevado desempenho *per se* de todos os genótipos avaliados já foi verificado em trabalhos anteriores. As características Na, NDT e FDN foram aquelas que mais contribuíram para a divergência.

Palavras-chave: alimentação animal, análise multivariada, *Ipomoea batatas*, melhoramento genético

Genetic diversity and importance of traits in sweet potato genotypes aiming at silage production

ABSTRACT

In view of the need for the adoption of more sustainable agricultural systems, it is important that the breeding programs for sweet potato seek to increase, besides the productivity of roots, the productivity and quality of vines for silage making. The objective of this study was to evaluate the genetic diversity and the importance of traits related to production and quality the of silage of vines of sweet potato genotypes. The experiment was conducted on the JK Campus of the Federal University of Vales do Jequitinhonha e Mucuri, in a randomized-block design with 12 treatments and four replicates. Twelve traits of vines and silage were evaluated. Genetic variability was detected among the genotypes, allowing for the selection of divergent genotypes for future breeding programs for silage production. Genotypes BD-54 and BD-31TO were the most divergent, and so they are indicated for use in crosses aiming at the breeding of this crop for silage-making, given that the high performance *per se* of all evaluated genotypes has already been verified in previous studies. The Na, TDN, and NDF traits were those that most contributed to divergence.

Key words: animal feeding, multivariate analysis, *Ipomoea batatas*, genetic breeding

Introdução

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L. (Lam.)) é originária das Américas Central e do Sul, sendo encontrada desde a Península de Yucatan, no México, até a Colômbia. A cultura pertence à família Convolvulaceae, sendo a única espécie cujos indivíduos são hexaplóides ($2n = 6x = 90$), sendo este nível de ploidia o mais provável responsável pela alta variabilidade genética encontrada na espécie. Esta variabilidade genética é amplificada pela auto-incompatibilidade, que ocasiona a polinização cruzada favorecendo a variabilidade genotípica desta cultura.

Diante da grande variabilidade genética da espécie, a exploração nas diversas populações foi foco de muitos trabalhos, possibilitando a seleção de genótipos de batata-doce para inúmeros propósitos como melhor qualidade nutricional e resistência a pragas e doenças (Andrade Júnior et al., 2012); maior densidade e produção de raízes para a alimentação humana (Cardoso et al., 2007); maior teor de matéria seca e produção de biomassa (Gonçalves Neto et al., 2012); maior aptidão para produção de etanol (Gonçalves Neto et al., 2011); e maior produção de ramas para alimentação animal (Viana et al., 2011; Andrade Júnior et al., 2012).

O cultivo da batata-doce é amplamente difundido entre os pequenos agricultores, que na grande maioria das vezes a utilizam apenas na alimentação humana, sem aproveitar as ramas e as raízes refugos, podendo estas serem utilizadas para a alimentação animal (Figueiredo et al., 2012). As ramas de batata-doce são ricas em amido, açúcares e vitaminas, possuem altas porcentagens de proteína bruta e boa digestibilidade, sendo um material de alto valor nutritivo. Em países como a China e Vietnã, as ramas são empregadas exclusivamente ou em associação às raízes para a alimentação de suínos, seja na forma fresca ou conservada como silagem (Monteiro et al., 2007). De acordo com Viana et al. (2011), a silagem de ramas de batata-doce apresenta teores protéicos, energéticos e perfil fermentativo adequado para a alimentação animal.

Atentando-se à necessidade de adoção de sistemas agrícolas mais sustentáveis, é importante que os programas de melhoramento de batata-doce procurem aumentar, além da produtividade de raízes, a produtividade e a qualidade de ramas para a produção de silagem. Considera-se que qualquer programa de melhoramento tem como ponto de partida a variabilidade genética, e que sua caracterização e avaliação são ferramentas indispensáveis aos trabalhos de melhoramento de plantas.

Para a quantificação da variabilidade genética, os caracteres biométricos são descritores bastante acessíveis quando comparados com técnicas moleculares mais avançadas. Esse procedimento vêm sendo utilizado na caracterização e avaliação da divergência genética de germoplasma por meio de análise multivariada, sendo utilizado na batata-doce por vários autores (Veasey et al., 2007; Cavalcante et al., 2010; Neiva et al., 2011; Moulin et al., 2012). Dentre as técnicas multivariadas empregadas, destacam-se a distância Euclidiana, a distância generalizada de Mahalanobis, as variáveis canônicas, os componentes principais e o método hierárquico do vizinho mais próximo (Silva et al., 2011, Azevedo et al., 2013). Cruz

et al. (2012) afirmaram que a escolha do método de análise a ser empregado é função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma de obtenção dos dados.

Desta forma, objetivou-se neste trabalho avaliar a divergência genética e a importância de caracteres associados à produção de silagem de ramas em genótipos de batata-doce.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido no Setor de Olericultura, localizado no Campus JK da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) em Diamantina, MG, com altitude de 1.387 m e coordenadas 18°12'01"S e 43°34'20"W. O solo é classificado como Neossolo Quartzarênico Órtico típico. Durante o período de realização do experimento, as temperaturas máxima e mínima médias foram de 24,4 e 14,7 °C, respectivamente e precipitação anual média de 1.082 mm. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 12 tratamentos (genótipos) e quatro repetições, totalizando 48 parcelas de 4,5 m² cada. O espaçamento foi de 1,0 m entre linhas (leiras) e 0,30 m entre plantas. Os clones avaliados fazem parte do banco de germoplasma da UFVJM, sendo: BD-06, BD-38, BD-45, BD-25, BD-31TO, BD-15, BD-67, BD-42, BD-54, Cambraia, e as cultivares Brazlândia Rosada e Brazlândia Branca. A origem destes genótipos é detalhada por Andrade Júnior et al. (2006), sendo a maioria obtidos por coletas na região do Vale do Jequitinhonha.

A adubação de plantio foi feita com 10 t ha⁻¹ de esterco de curral curtido, 180 kg ha⁻¹ de fósforo, 45 kg ha⁻¹ de potássio e 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio, de acordo com a análise química do solo e recomendação para a cultura (Filgueira, 2008). O plantio foi realizado utilizando-se ramas selecionadas e padronizadas com oito nós, enterrando-se de 3 a 4 nós, sendo realizado o replantio das ramas assim que necessário até os 20 dias após o plantio. A irrigação por aspersão foi realizada do plantio até o pegamento das mudas. Aos 30 dias do plantio das ramas aplicou-se em cobertura, 45 kg ha⁻¹ de potássio e 30 kg ha⁻¹ de nitrogênio.

A colheita foi realizada aos 163 dias após o plantio, quando as raízes estavam desenvolvidas. A produtividade de massa verde foi determinada por meio da pesagem das ramas colhidas rente ao solo, nas parcelas de cada tratamento, sendo os resultados expressos em t ha⁻¹. Para cálculo dos teores de matéria seca, foram retiradas subamostras das ramas recém-colhidas, que foram pesadas, colocadas em sacos de papel e mantidas em estufa com ventilação forçada a 60 °C, até atingir massa constante. A produtividade de massa seca das ramas foi obtida pelo produto entre a produtividade de massa verde e o teor de matéria seca das ramas, sendo os resultados expressos em t ha⁻¹. Para a produção das silagens, a parte aérea foi cortada rente ao solo e submetida ao emurchecimento em ambiente coberto com sombrite, durante quatro dias. As ramas foram picadas em um desintegrador com tamanhos de partículas em torno de 2 cm e ensiladas em silos de PVC, com 50 cm de altura e 10 cm de diâmetro, providos com válvula de Bünsen e lacrados com fita adesiva. A abertura dos silos foi realizada aos 46 dias após a ensilagem, sendo retiradas amostras de silagem

da porção central de cada silo, que foram congeladas para posterior realização das análises.

O teor de proteína bruta da silagem foi determinado por destilação em aparelho Kjeldahl (semimicro), sendo seus valores expressos em porcentagem da matéria seca (Silva & Queiroz, 2002). As fibras em detergente ácido (FDA) e detergente neutro (FDN) foram determinadas pelo método descrito por Silva & Queiroz (2002). Os nutrientes digestíveis totais (NDT) foram obtidos conforme recomendações de Sniffen et al. (1992), sendo seus valores expressos em porcentagem de matéria seca. O pH foi determinado por potenciometria em eletrodo de vidro, segundo técnica da Association of Official Analytical Chemists (AOAC, 1990). Os minerais cálcio, fósforo e sódio foram determinados por espectrofotometria de absorção atômica com chama de acetileno, segundo metodologia estabelecida por Sarruge & Haag (1974).

As análises multivariadas foram realizadas utilizando-se o programa Genes. Para a aplicação do método de agrupamento de otimização de Tocher, foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade. O método hierárquico do vizinho mais próximo e a análise de variáveis canônicas também foram utilizados no estudo da diversidade genética entre os genótipos. Para identificar os caracteres mais importantes para a divergência, estimou-se a contribuição relativa para a divergência genética pelo método proposto por Singh.

Resultados e Discussão

As medidas de dissimilaridade genética (Tabela 1), estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), variaram de 13,03 a 2.083,86, o que segundo Benitez et al. (2011) indica a presença de ampla divergência genética entre os genótipos estudados. Verificou-se maior dissimilaridade do genótipo BD-54 em relação aos genótipos BD-31TO e Cambraia, com estimativas de distâncias de 2.083,86 e 1.387,36, respectivamente. A dissimilaridade entre o genótipo BD-54 e os genótipos BD-31TO e Cambraia também foi verificada por Neiva et al. (2011) avaliando caracteres morfológicos. A dissimilaridade encontrada neste artigo pode ser explicada pelos maiores teores de matéria seca de ramas, fibra em detergente neutro, fibra em detergente ácido e menores teores de nutrientes digestíveis totais e fósforo em relação aos genótipos BD-31TO e Cambraia. Quanto aos genótipos menos dissimilares, verificou-se menores estimativas de

dissimilaridade do genótipo BD-25 em relação ao BD-06 e BD-38 (13,03 e 14,63, respectivamente). Estes genótipos tiveram valores muito próximos para o teor de matéria seca, nutrientes digestíveis totais, fibra em detergente neutro, fósforo e cálcio.

Observou-se que entre todas as possíveis combinações de cada um dos genótipos avaliados, a maioria teve distância máxima quando combinada com os genótipos BD-31TO e BD-54, indicando que estes genótipos são os mais divergentes do grupo de genótipos avaliados. Esta informação relevante demonstra que estes genótipos podem ser utilizados em cruzamentos, pois segundo Belete et al. (2011), o cruzamento entre genótipos com maior divergência genética possibilita a obtenção de populações altamente segregantes, com maior probabilidade de encontrar genótipos transgressivos para múltiplas características. Além da dissimilaridade, para a escolha de genitores é importante que se tenha elevado desempenho *per se*, o que já foi confirmado para todos os genótipos em trabalhos anteriores (Gonçalves Neto et al., 2011; Viana et al., 2011; Andrade Júnior et al., 2012; Andrade Júnior et al., 2014; Azevedo et al., 2014). Azevedo et al. (2014) avaliando 65 genótipos de batata-doce verificaram que os genótipos BD-06, BD-15, BD-38, Cambraia, BD-67, BD-45 e BD-42 se apresentaram entre os mais produtivos, com média de 4,19 t ha⁻¹ de ramas e 11,02 t ha⁻¹ de raízes comerciais. Os genótipos BD-54, BD-67 e Brasilândia rosada se destacaram para a produção de ramas por Andrade Júnior et al. (2012) com média de 16,37 t ha⁻¹. Já Andrade Júnior et al. (2014) verificaram o destaque do genótipo BD-31TO com 6,90 t/ha.

A análise de agrupamento pelo método de Tocher possibilitou a separação dos 12 genótipos em três grupos. O primeiro grupo foi formado pelos genótipos BD-06, BD-25, BD-38, BD-42, BD-15, BD-67, 'Braz. Branca', BD-45 e 'Braz. Rosada', totalizando 75% dos genótipos avaliados. Isto indica que embora haja alguns genótipos com grande divergência genética entre si, a maioria é similar, o que segundo Silva et al. (2011) evidencia uma base genética restrita entre os genótipos avaliados. Os genótipos pertencentes à este grupo apresentam valores próximos para o teor de matéria seca e teor de sódio. O segundo grupo foi formado pelos genótipos Cambraia e BD-31TO, estes genótipos apresentaram valores muito próximos para produtividade de matéria verde, produtividade de matéria seca, FDA, NDT e teor de cálcio. Já o terceiro grupo foi formado pelo genótipo BD-54, este genótipo se destacou em relação ao demais pela maior produtividade de matéria seca de ramas e menor teor de NDT. O cruzamento de

Tabela 1. Estimativas para a distância dos genótipos de batata-doce mais próximos e mais distantes, baseados nas distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2). Diamantina, UFVJM, 2009

Gen.	Menor D^2	Gen. mais próximo	Maior D^2	Gen. mais distante	D^2 Média
BD-06	13,03	BD-25	893,64	BD-31TO	221,439
BD-25	14,63	BD-38	804,00	BD-31TO	222,4689
BD-15	42,55	BD-42	1180,12	BD-31TO	313,599
BD-38	14,63	BD-25	742,34	BD-31TO	214,9406
Cambraia	60,53	Braz. Rosada	1387,36	BD-54	470,068
BD-31TO	344,03	Cambraia	2083,86	BD-54	904,2498
BD-67	17,26	Braz. Branca	949,70	BD-31TO	240,8837
BD-45	50,35	Braz. Rosada	850,37	BD-54	258,5194
BD-42	23,59	BD-25	998,06	BD-31TO	256,3138
BD-54	162,23	BD-15	2083,86	BD-31TO	713,0773
Braz. Branca	17,26	BD-67	1012,56	BD-31TO	266,8121
Braz. Rosada	50,35	BD-45	962,39	BD-54	313,922

genótipos pertencentes de diferentes grupos de dissimilaridade é desejável, proporcionando maior variabilidade genética nas progênesis.

Figueiredo et al. (2012), avaliando os mesmos genótipos deste trabalho, afirmaram que as silagens produzidas caracterizam-se como volumosas de boa qualidade, apresentando valores médios de 11,59% de proteína bruta, baixos teores de fibra e teores de NDT superiores a 62,90%, com bom potencial de utilização das ramas na forma de silagem para a alimentação animal. Gonçalves Neto et al. (2011) avaliando 39 genótipos de batata-doce quanto às suas aptidões na alimentação humana, animal e produção de etanol verificaram destaque para os genótipos BD-06, BD-42 e BD-67 na alimentação animal. Para a alimentação humana destacaram-se os genótipos BD-06, BD-38 e 'Brazlândia Rosada'. Os genótipos BD-06 e BD-67 também apresentaram aptidão para a produção de etanol.

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram mais de 80% da variância total contida no conjunto das características analisadas (92,02% da variância total acumulada) (Tabela 2). Portanto, foi possível explicar a variabilidade manifestada entre os genótipos avaliados e, desta forma, representar os dados num gráfico bidimensional (Cruz et al., 2012).

A partir da análise da dispersão gráfica dos escores (Figura 1), foi possível separar os genótipos também em três grupos,

Tabela 2. Estimativas dos autovalores associados às variáveis canônicas, visando estimar a dissimilaridade entre genótipos de batata-doce. Diamantina, UFVJM, 2009

Variáveis canônicas	Estimativas dos autovalores	
	λ_j (%)	λ_j (%) _{Acum}
Y1	80,88	80,88
Y2	11,14	92,02
Y3	5,11	97,13
Y4	1,22	98,34
Y5	0,64	98,99
Y6	0,45	99,44
Y7	0,30	99,73
Y8	0,15	99,88
Y9	0,09	99,97
Y10	0,02	100,00
Y11	0,00	100,00
Y12	0,00	100,00

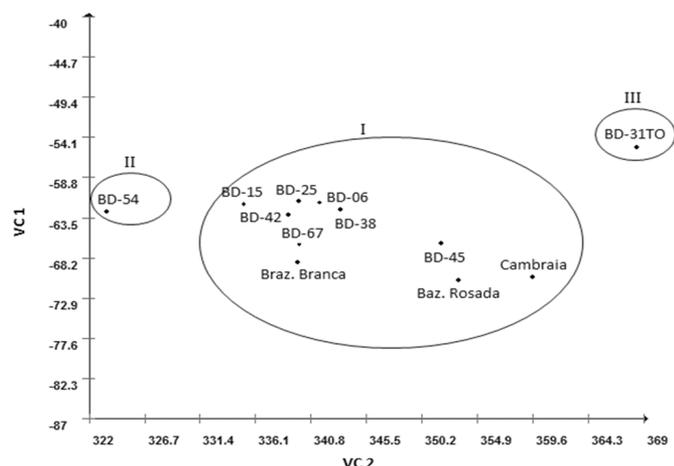


Figura 1. Dispersão gráfica dos escores em relação às duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) em genótipos de batata-doce. Diamantina, UFVJM, 2009

contudo, o genótipo Cambraia que segundo o Método Tocher fazia parte do grupo 2, foi alocado no grupo 1, da mesma forma que o observado no dendrograma ilustrativo (Figura 2) considerando-se o corte como a distância de 40%. Diferenças para a estimação da divergência genética entre o método Tocher e o dendrograma, também foram observadas por outros autores (Ivoglo et al., 2008; Azevedo et al., 2013), indicando a diferença entre os métodos quanto à precisão e critério. Segundo Azevedo et al. (2013) diferenças entre os resultados de diferentes métodos de análise multivariada é natural, uma vez que os métodos se fundamentam em técnicas distintas de agrupamento. Desta forma, é importante confrontar os resultados obtidos por diferentes metodologias de análise multivariada, a fim de se obter uma interpretação mais precisa dos resultados.

Dentre as vantagens da utilização das técnicas de análise multivariada destaca-se a possibilidade de avaliar a importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados. Desta forma, com base no critério proposto por Singh (1981), em termos da contribuição relativa de cada caráter avaliado para a divergência genética entre os genótipos (Tabela 3), observou-se a maior contribuição relativa para as características teor de sódio (39,11%), nutrientes digestíveis totais (13,95%) e fibra em detergente neutro (10,52%), totalizando 63,58%, sendo estas as principais determinantes na quantificação da divergência genética. A baixa importância relativa das características pH (1,40%), teor de cálcio (0,26%) e proteína bruta (0,03%) sugerem que a

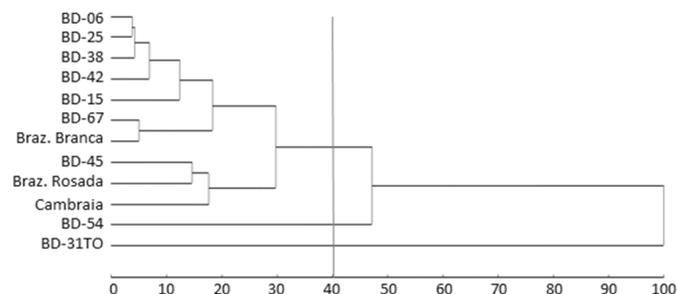


Figura 2. Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade obtido pelo método do vizinho mais próximo, com base na distância generalizada de Mahalanobis em genótipos de batata-doce. Diamantina, UFVJM, 2009

Tabela 3. Contribuição relativa (%) de características para a divergência genética em genótipos de batata-doce, estimados pelo método proposto por Singh (1981). Diamantina, UFVJM, 2009

Características	S _j	Valor (%)
Na	7543,30	39,11
NDT	2691,46	13,95
FDN	2029,03	10,52
% P	1755,41	9,10
PMV	1678,86	8,70
MS	1180,51	6,12
PMS	1026,58	5,32
FDA	631,06	3,27
MSS	426,77	2,21
pH	269,05	1,40
% Ca	49,49	0,26
% PB	5,57	0,03

PMV= produtividade de massa verde; MS=teor de matéria seca das ramas; PMS=produtividade de massa seca das ramas; MSS=teores de matéria seca; FDN= fibra em detergente neutro; FDA= fibra em detergente ácido; NDT=nutrientes digestíveis totais; pH= potencial hidrogeniônico; PB= proteína bruta; P= fósforo; Ca= cálcio; Na= sódio.

análise destas características podem ser dispensáveis em futuros trabalhos, reduzindo gastos de mão-de-obra, custo e tempo.

Conclusão

Os genótipos BD-54 e BD-31TO são recomendados para cruzamentos com os demais genótipos. As características Na, NDT e FDN foram as que mais contribuíram para a divergência, já as características pH, %Ca e %PB apresentaram menor contribuição, sendo dispensáveis em futuros trabalho.

Agradecimentos

À FAPEMIG, ao CNPq e à CAPES pela concessão de bolsas de estudos e recursos financeiros para o desenvolvimento do projeto.

Literatura Citada

- Andrade Júnior, V. C.; Pereira, R. C.; Dornas, M. F. S.; Ribeiro, K. G.; Valadares, N. R.; Santos, A. A.; Castro, B. M. C. Produção de silagem, composição bromatológica e capacidade fermentativa de ramas de batata-doce emurchecidas. *Horticultura Brasileira*, v.32, n.1, p.91-97, 2014. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362014000100015>>.
- Andrade Júnior, V. C.; Viana, D. J. S.; Figueiredo, J. A.; Neiva, I. P.; Massadi, M. D. Coleta de clones e formação de banco de germoplasma de batata-doce no Vale do Jequitinhonha-MG. In: Congresso Brasileiro de Olericultura, 46., 2006, Goiânia-GO. Anais... Goiânia: Associação Brasileira de Horticultura, 2006. <http://www.abhorticultura.com.br/biblioteca/arquivos/Download/Biblioteca/46_0341.pdf>. 10 Mai. 2014.
- Andrade Júnior, V. C.; Viana, D. J. S.; Pinto, N. A. V. D.; Ribeiro, K. G.; Pereira, R. C.; Neiva, I. P.; Azevedo, A. M.; Andrade, P. C. R. Características produtivas e qualitativas de ramas e raízes de batata-doce. *Horticultura Brasileira*, v.30, n.4, p.584-589, 2012. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000400004>>.
- Association Of Official Analytical Chemists - AOAC. Official methods of analysis of the Association. Washington: AOAC, 1990. 1140p.
- Azevedo, A. M.; Andrade Júnior, V. C.; Viana, D. J. S.; Elsayed, A. Y. A. M.; Pedrosa, C. E.; Neiva, I. P.; Figueiredo, J. A. Influence of harvest time and cultivation sites on the productivity and quality of sweet potato. *Horticultura Brasileira*, v.32, n.1, p.21-27, 2014. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362014000100004>>.
- Azevedo, A. M.; Andrade Júnior, V. C.; Oliveira, C. M.; Fernandes, J. S. C.; Pedrosa, C. E.; Dornas, M. F. S.; Castro, B. M. C. Seleção de genótipos de alface para cultivo protegido: divergência genética e importância de caracteres. *Horticultura Brasileira*, v.31, n.2, p.260-265, 2013. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000200014>>.
- Belete, Y. S.; Kebede, S. A.; Gemelal, A. W. Multivariate analysis of genetic divergence among ethiopian mustard (*Brassica carinata* A. Brun) genotypes in relation to seed oil quality traits. *International Journal of Agricultural Research*, v.6, n.6, p.494-503, 2011. <<http://dx.doi.org/10.3923/ijar.2011.494.503>>.
- Benitez, L. C.; Rodrigues, I. C. S.; Arge, L. W. P.; Ribeiro, M. V.; Braga, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. *Revista Ciência Agronômica*, v.42, n.2, p.409-416, 2011. <<http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902011000200021>>.
- Cardoso, A. D.; Viana, A. E. S.; Matsumoto, S. N.; Bonfim Neto, H.; Khouri, C. R.; Melo, T. L. Características físicas e sensoriais de clones de batata-doce. *Ciência e Agrotecnologia*, v.31, n.6, p.1760-1765, 2007. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2011001100013>>.
- Cavalcante, M.; Ferreira, P. V.; Paixão, S. L.; Costa, J. da; Pereira, R. G.; Madalena, J. A. Desempenho agrônomo, dissimilaridade genética e seleção de genitores de batata doce para hibridização. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v.5, n.4, p.485-490, 2010. <<http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v5i4a816>>.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 514p.
- Figueiredo, J. A.; Andrade Junior, V. C.; Pereira, R. C.; Ribeiro, K. G.; Viana, D. J. S.; Neiva, I. P. Avaliação de silagens de ramas de batata-doce. *Horticultura Brasileira*, v.30, n.4, p.708-712, 2012. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000400024>>.
- Filgueira, F. A. R. Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 402p.
- Gonçalves Neto, A. C.; Maluf, W. R.; Gomes, L. A. A.; Gonçalves, R. J. S.; Silva, V. F.; Lasmar, A. Aptidões de genótipos de batata-doce para consumo humano, produção de etanol e alimentação animal. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.46, p.1513-1520, 2011. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2011001100013>>.
- Gonçalves Neto, A. C.; Maluf, W. R.; Gomes, L. A. A.; Maciel, G. M.; Ferreira, R. P. D.; Carvalho, R. C. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. *Horticultura Brasileira*, v.30, n.4, p.713-719, 2012. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000400025>>.
- Ivoglio, M. G.; Fazuoli, L. C.; Oliveira, A. C. B. de; Gallo, P. B.; Mistro, J. C.; Silvarolla, M. B.; Toma-Braghini, M. Divergência genética entre progênies de café robusta. *Bragantia*, v.67, n.4, p.823-83, 2008. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052008000400003>>.
- Monteiro, A. B.; Massaroto, J. A.; Gasparino, C. F.; Silva, R. R.; Gomes, L. A. A.; Maluf, W. R.; Silva Filho, J. C. Silagens de cultivares e clones de batata doce para alimentação animal visando sustentabilidade da produção agrícola familiar. *Cadernos de Agroecologia*, v.2, n.2, p.978-981, 2007. <<http://www.aba-agroecologia.org.br/revistas/index.php/cad/article/view/2697/2353>>. 12 Out. 2014.
- Moulin, M. M.; Rodrigues, R.; Gonçalves, L. S. A.; Sudré, C. P.; Gonzaga, M. P. A comparison of RAPD and ISSR markers reveals genetic diversity among sweet potato landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). *Acta Scientiarum. Agronomy* v.34, n.2, p.139-147, 2012. <<http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v34i2.12616>>.

- Neiva, I. P.; Andrade Júnior, V. C.; Viana, D. J. S.; Figueiredo, J. A.; Mendonça Filho, C. V.; Parrella, R. A. C.; Santos, J. B. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, Diamantina. *Horticultura Brasileira*, v.29, n.4, p.537-541, 2011. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362011000400016>>.
- Sarruge, J. R.; Haag, H. P. *Análise química em plantas*. Piracicaba: ESALQ, 1974. 55p.
- Silva, D. J.; Queiroz, A. C. *Análise de alimentos: métodos químicos e biológicos*. Viçosa: UFV, 2002. 235p.
- Silva, G. C.; Oliveira, F. J.; Anunciação Filho, C. J.; Simões Neto, D. E.; Melo, L. J. O. T. Divergência genética entre genótipos de cana-de-açúcar. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v.6, n.1, p.52-58, 2011. <<http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v6i1a848>>.
- Singh, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, v.41, n.2, p.237-245, 1981.
- Sniffen, C. J.; O'Connor, J. D.; van Soest, P. J.; Fox, D. G.; Russell, J. B. A net carbohydrate and protein system for evaluating cattle diets: II. Carbohydrate and protein availability. *Journal of Animal Science*, v.70, n.11, p.3562-3577, 1992. <<http://dx.doi.org/1992.70113562x>>.
- Veasey, E. A.; Silva, J. R. Q.; Rosa, M. S.; Borges, A.; Bressan, E. A.; Peroni, N. Phenology and morphological diversity of sweet potato (*Ipomoea batatas*) landraces of the Vale do Ribeira. *Scientia Agrícola*, v.64, n.4, p.416-427, 2007. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162007000400013>>.
- Viana, D. J. S.; Andrade Júnior, V. C.; Ribeiro, K. G.; Pinto, N. A. V. D.; Neiva, I. P.; Figueiredo, J. A.; Lemos, V. T.; Pedrosa, C. E.; Azevedo, A. M. Potencial de silagens de ramas de batata-doce para alimentação animal. *Ciência Rural*, v.41, n.8, p.1466-1471, 2011. <<http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782011000800027>>.