

BANDINELLI, MG; BISOGNIN, DA; STORCK, L; GNOCATO, FS; KIELSE, P; ASCOLI, C. 2017. Correlação de caracteres de planta e tubérculo nas primeiras gerações de seleção de batata. Horticultura Brasileira 35: 082-088. DOI - <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170113>

## Correlação de caracteres de planta e tubérculo nas primeiras gerações de seleção de batata

Maurício G Bandinelli<sup>1</sup>; Dilson A Bisognin<sup>2</sup>; Lindolfo Storck<sup>3,2</sup>; Francisco S Gnocato<sup>2</sup>; Paula Kielse<sup>2</sup>; Claudinei Ascoli<sup>2,4</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal de Ciência e Tecnologia Farroupilha (IF Farroupilha), Jaguari-RS, Brasil; [mgbandinelli@gmail.com](mailto:mgbandinelli@gmail.com); <sup>2</sup>Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, Brasil; [dilson.bisognin@ufsm.br](mailto:dilson.bisognin@ufsm.br) (autor para correspondência); [francisco.saccolgnocato@gmail.com](mailto:francisco.saccolgnocato@gmail.com); [paulinhakielse@gmail.com](mailto:paulinhakielse@gmail.com); <sup>3</sup>Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFP), Pato Branco-PR, Brasil;

<sup>4</sup>In memoriam

### RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar o uso da correlação canônica para identificar caracteres de planta e tubérculo que possam ser utilizados para a seleção precoce de clones de batata. 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 a estatura da haste principal (EHP), a massa fresca de parte aérea (MFA), de estolão (MFE) e de tubérculos (MFT), o número de tubérculos por cova (NTC), de tubérculos alongado (TAL) e achatado (TAC), a aspereza da casca (ASP), a presença de ponta (PON), o embonecamento (EMB), a profundidade de gemas (PRG), o número de dias para rompimento da dormência (DRD) e de brotos por tubérculo (NBT). A variabilidade entre as famílias foi significativa para a maioria dos 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 observada uma 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.

**Palavras-chave:** *Solanum tuberosum*, análise multivariada, correlação canônica, seleção precoce.

### ABSTRACT

#### Correlation of plant and tuber traits of potato in early generations of selection

The aim of this work was to evaluate canonic correlation as a tool to identify plant and tuber traits for early selection of potato clones. The canonical correlation analysis was carried out in two generations (seedling and tuber) with 358 clones, representing nine segregating families. The seedling generation (G1) was produced in a screen house during the winter of 2008, and the tuber generation (G2) in the field during the fall season of 2009. The evaluations were: height of the main stem (EHP), fresh weight of the aboveground part (MFA), stolons (MFE) and tubers (MFT), number of tubers (NTC), tubers with elongated (TAL) and flattened shape (TAC), skin texture (ASP), pointed ends (PON), secondary growth (EMB), eye depth (PRG), days to breaking dormancy (DRD) and number of sprouts per tuber (NBT). The variability among families was significant for all traits in both generations, except for PON in the first and MFA, EMB and PRG in the second generation. Linear correlations between G1 and G2 were significant, positive and high for 12 out of 13 evaluated traits. Based upon canonical correlation analysis, there is an association between plant and tuber traits between generations. However, there is no general rule for early selection of clones applied for all families, the evaluation of clones being the best strategy to identify correlated traits between generations.

**Keywords:** *Solanum tuberosum*, multivariate analysis, canonical correlation, early selection.

(Recebido para publicação em 20 de maio de 2015; aceito em 17 de fevereiro de 2016)

(Received on May 20, 2015; accepted on February 17, 2016)

O desenvolvimento de cultivares de batata em um programa de melhoramento genético tradicional inicia-se pelo processo de hibridação entre genótipos de interesse, obtendo-se as sementes botânicas. A partir destas sementes são produzidas as famílias, de constituição genética única (Bradshaw, 2007), iniciando-se então a produção de tubérculos e a seleção fenotípica a campo. Nesta etapa é possível realizar a seleção para caracteres com maiores

valores de repetibilidade, herdabilidade e correlações entre as gerações (Silva & Pereira, 2011). Assim, nas gerações sucessivas, os clones são propagados e comparados em ensaios de rendimento para a definição daqueles a serem avaliados nos ensaios de valor de cultivo e uso e/ou de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade, visando, respectivamente, o registro e a proteção de cultivares. Conduzido desta forma, são necessários mais de dez anos para

completar um ciclo de desenvolvimento de cultivares de batata (Bradshaw & Mackay, 1994; Bisognin, 2011).

A seleção precoce é apontada como uma alternativa para acelerar o processo de melhoramento (Bisognin & Douches, 2002; Silva & Pereira, 2011), uma vez que a principal limitação tem sido o tempo gasto para a seleção de clones superiores (Melo *et al.*, 2011). Esta prática caracteriza-se pela identificação antecipada de clones ou caracteres de

interesse em gerações iniciais, compreendidas entre o primeiro e o terceiro cultivo (Hayes & Thill, 2003), quando o número de repetições é limitado pela disponibilidade de tubérculos-semente (Bhering *et al.*, 2009).

Neste sentido, estudos têm sido conduzidos com o objetivo de aumentar a precisão experimental dos ensaios com batata e 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; Ledo *et al.*, 2003), como a correlação canônica, que permite estimar as relações entre dois grupos de caracteres, buscando a máxima correlação entre os mesmos (Rigão *et al.*, 2009).

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.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos experimentos em telado e campo, utilizando nove famílias (B361, B362, B363, B364, B365, B366, B367, B368 e B369), obtidas através de cruzamentos controlados entre clones e cultivares de batata com aptidão para a utilização na indústria de processamento. As famílias foram avaliadas em duas gerações (G1 e G2), sendo que para a obtenção dos minitubérculos da G1, as sementes botânicas dos cruzamentos foram tratadas com solução de ácido giberélico (1.500 mg/L) por 12 horas, para promover o rompimento da dormência. Em seguida foram semeadas em vasos de polietileno (1.000 cm<sup>3</sup>) contendo substrato comercial à base de casca de pinus, sendo mantidos em casa de vegetação telada até o transplante, realizado em 20 de maio de 2008, quando as plântulas emergidas já apresentavam um par de folhas defi-

nitivas. De cada cruzamento (família) foram transplantadas 150 plântulas no espaçamento de 7,5 x 7,5 cm no sistema fechado de cultivo sem solo com os nutrientes fornecidos por meio de fertirrigação. O sistema era formado por um leito de cultivo com uma camada de cinco centímetros de areia grossa, depositada sobre uma telha de fibrocimento ondulada, com 3,05 m de comprimento e 1,10 m de largura e com canaletas de 6 cm de profundidade. Para confecção das bordas do leito de cultivo utilizou-se ripas de madeira de 6,0 cm de altura, formando-se um quadro sobre a telha. Para evitar vazamentos cobriu-se a telha e o quadro de madeira com filme plástico de polietileno, preenchendo-se em seguida as canaletas com brita e, posteriormente, sendo adicionada a areia grossa, a qual era separada da brita por uma tela com malha de 1,0 mm<sup>2</sup>, formando-se assim o leito de cultivo. Para fertirrigação das plântulas foi utilizada solução nutritiva recirculante, com a seguinte composição em mmol/L: 13,0 de NO<sub>3</sub><sup>-</sup>; 1,5 de H<sub>2</sub>PO<sub>4</sub><sup>-</sup>; 1,25 de SO<sub>4</sub><sup>-</sup>; 4,0 de Ca<sup>++</sup>; 6,5 de K<sup>+</sup> e 1,25 de Mg<sup>++</sup>, acrescida de micronutrientes e com condutividade elétrica (CE) de 1 dS/m. Durante todo o período de cultivo as fertirrigações foram realizadas duas vezes ao dia (10 e 15 h), durante 15 minutos, com o auxílio de um programador horário.

Ao final do ciclo de cultivo foram colhidos aleatoriamente 358 genótipos, representando proporcionalmente as nove famílias. De cada genótipo foram coletados dois minitubérculos (clones) para as avaliações e, posteriormente, condução da segunda geração (G2). Os tubérculos de cada clone foram plantados em campo experimental, em 5 de março de 2009, utilizando o espaçamento de 30 cm entre plantas e 75 cm entre linhas. O solo utilizado para o cultivo dos clones é classificado como Argissolo Bruno pelo Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (Embrapa, 2006). Os tratos culturais e o manejo foram realizados conforme o sistema de produção tecnificado para a cultura da batata (Epagri, 2002).

Em ambas as gerações foram avaliados os caracteres: estatura (cm) da haste principal (EHP), massa fresca (g) da parte aérea (MFA), de estolão (MFE),

de tubérculos (MFT), 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 um a cinco, sendo o valor um para gemas rasas e o valor cinco 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 um a cinco, sendo um casca áspera e cinco casca lisa. Após a avaliação dos caracteres, em cada geração de cultivo (G1 e G2), dois tubérculos de cada genótipo foram armazenados em câmara frigorífica à temperatura de 20°C (±1°C), no escuro e com umidade relativa do ar de 85% (±5%), 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 2,0 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 treze caracteres avaliados em cada plantio. Também foi realizada a análise da correlação de Pearson entre os caracteres de G1 e G2. O estudo da multicolinearidade foi procedido dentro de cada grupo, visando identificar e eliminar variáveis com efeito perturbador 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. As análises estatísticas foram realizadas com o aplicativo computacional Genes (Cruz, 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância o teste F acusou diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) entre as famílias para a maioria dos caracteres nas duas gerações, com exceção da PON na G1 e MFA, EMB e PRG na G2 (dados não mostrados). Este resultado confirma 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 a relação entre os caracteres. Além de necessária, a variabilidade genética era esperada entre e dentro das famílias de clones, já que nenhuma seleção foi realizada.

A existência e 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 (Cruz & Castoldi, 1991; Love *et al.*, 1997).

As correlações lineares do mesmo caractere entre G1 e G2 foram significativas ( $p < 0,05$ ), positivas e altas para doze dos treze caracteres avaliados. O único caráter que não apresentou correlação significativa foi o EMB (Tabela 1). 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 a G1 e G2 a multicolinearidade foi fraca, com

número de condição (razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação) menor que 22 para G1 e menor que quinze para G2. Isto permitiu que todos os caracteres avaliados neste estudo fossem utilizados 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 viesados, induzindo conclusões equivocadas na correlação canônica (Cruz & Carneiro, 2003).

No conjunto dos 358 clones de batata representando nove famílias segregantes (cruzamentos), a correlação canônica foi significativa ( $p < 0,05$ ) para as cinco primeiras combinações lineares ( $r_1 = 0,776$ ;  $r_2 = 0,689$ ;  $r_3 = 0,573$ ;  $r_4 = 0,441$ ;  $r_5 = 0,383$ ). No entanto, considerando as correlações canônicas separadamente, para cada uma das nove famílias, o primeiro par canônico foi significativo para todas as famílias (Tabela 2) e o segundo par foi significativo para cinco das nove famílias (Tabelas 3). 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 2), 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. Os mesmos autores recomendaram a realização de novos ensaios com outras famílias segregantes, para elucidar e ampliar a compreensão da relação entre caracteres, em virtude da escassez de

trabalhos utilizando a correlação canônica em batata.

Avaliando a relação entre diferentes gerações de cultivo, Galarreta *et al.* (2006) observaram relação mais próxima entre gerações clonais do que entre geração clonal e geração plantular (neste estudo é o G1) e atribuíram estas diferenças a origem do material, ou seja, a geração plantular que 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. Plântulas oriundas de sementes botânicas, comparadas às provenientes de tubérculos-semente, não apresentam uma fonte extra de energia para impulsionar o crescimento inicial, estando na dependência de condições favoráveis do ambiente (Lommen, 1999). No entanto, a utilização da geração plantular, definida neste estudo 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 mais uniformes, pois os minitubérculos são produzidos em casa de vegetação, em sistema fechado de cultivo utilizando areia grossa como substrato e fertirrigação, 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, foi observado neste estudo 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 do primeiro par canônico para o conjunto

**Tabela 1.** Correlação linear entre os caracteres de clones de batata para a primeira (G1) e a segunda (G2) geração de cultivo {linear correlation among traits of potato clones evaluated in the first (G1) and second (G2) generations of selection}. Santa Maria, UFSM, 2009.

Variável	EHP**	MFA	MFE	MFT	NTC	TAL	TAC	ASP	PON	EMB	PRG	DOR	NBT
<b>Primeira geração (G1)</b>													
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
<b>Segunda geração (G2)</b>													
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
<b>Primeira geração (G1) vs segunda geração (G2)</b>													
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 ( $p < 0,05$ ) {significant ( $p < 0,05$ ) by t test}; \*\*Estatura da haste principal (EHP) (height of the main stem); Massa fresca de parte aérea (MFA) (fresh weight of the aboveground part); Massa fresca de estolão (MFE) (fresh weight of stolons); Massa fresca de tubérculos (MFT) (fresh weight of tubers); Número de tubérculos por cova (NTC) (number of tubers); Tubérculo alongado (TAL) (tubers with elongated shape); Tubérculo achatado (TAC) (tubers with flattened shape); Aspereza da casca (ASP) (skin texture); Presença de ponta (PON) (pointed end); Embonecamento (EMB) (secondary growth); Profundidade de gemas (PRG) (eye depth); Dias para rompimento da dormência (DRD) (days to breaking dormancy); Número de brotos por tubérculo (NBT) (number of sprouts per tuber).

**Tabela 2.** Coeficientes canônicos e correlação canônica do primeiro par canônico, para caracteres (CAR) de batata na primeira (G1) e segunda (G2) geração de cultivo para famílias (B), com o respectivo número de clones, e para o conjunto (CONJ) dos 358 clones avaliados {canonical coefficients and correlations of the first pair for potato traits (CAR) evaluated in the first (G1) and second (G2) generations of selection based upon individual families (B) and all 358 clones (CONJ)}. Santa Maria, UFSM, 2009.

CAR	Famílias com respectivo número de clones avaliados									CONJ
	B361 (39)	B362 (42)	B363 (37)	B364 (40)	B365 (40)	B366 (38)	B367 (34)	B368 (42)	B369 (46)	
<b>Coeficientes do primeiro par canônico referente à primeira geração (G1)</b>										
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
<b>Coeficientes do primeiro par canônico referente à segunda geração (G2)</b>										
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
CCI <sup>1</sup>	0,966*	0,983*	0,976*	0,968*	0,964*	0,957*	0,986*	0,953*	0,907*	0,776*

\*Significativo pelo teste qui-quadrado ( $p < 0,05$ ) {significant ( $p < 0,05$ ) by chi-square test}; \*\*Estatura da haste principal (EHP) (height of the main stem); Massa fresca de parte aérea (MFA) (fresh weight of the aboveground part); Massa fresca de estolão (MFE) (fresh weight of stolons); Massa fresca de tubérculos (MFT) (fresh weight of tubers); Número de tubérculos por cova (NTC) (number of tubers); Tubérculo alongado (TAL) (tubers with elongated shape); Tubérculo achatado (TAC) (tubers with flattened shape); Aspereza da casca (ASP) (skin texture); Presença de ponta (PON) (pointed ends); Embonecamento (EMB) (secondary growth); Profundidade de gemas (PRG) (eye depth); Dias para rompimento da dormência (DRD) (days to breaking dormancy); Número de brotos por tubérculo (NBT) (number of sprouts per tuber); <sup>1</sup>Correlação canônica do primeiro par canônico (canonical correlation of the first canonical pair).

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.

A magnitude da variabilidade e da correlação entre os caracteres, dentro de cada família, são dependentes da constituição genética deste grupo de

indivíduos. Assim, ao analisar os resultados da correlação canônica encontram-se diferenças entre as famílias e que, no geral, não são concordantes quando analisados no conjunto de todos os clones. Desta forma, pode-se inferir que a seleção precoce realizada na primeira geração (G1) deve ser procedida no

**Tabela 3.** Coeficientes canônicos e correlação canônica do segundo par canônico, para caracteres (CAR) 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 (CONJ) dos 358 clones avaliados {canonical coefficients and correlations of the second pair for potato traits (CAR) evaluated in the first (G1) and second (G2) generations of selection based upon individual families (B) and all 358 clones (CONJ)}. Santa Maria, UFSM, 2009.

CAR	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)	CONJ
<b>Coefficientes do segundo par canônico referente à primeira geração (G1)</b>										
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
<b>Coefficientes do segundo para canônico referente a Segunda Geração (G2)</b>										
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 <sup>1</sup>	0,928	0,899	0,952*	0,890	0,888*	0,905	0,960*	0,883*	0,868*	0,689*

\*Significativo pelo teste qui-quadrado ( $p < 0,05$ ) {significant ( $p < 0,05$ ) by chi-square test}; \*\*Estatura da haste principal (EHP) (height of the main stem); Massa fresca de parte aérea (MFA) (fresh weight of the aboveground part); Massa fresca de estolão (MFE) (fresh weight of stolons); Massa fresca de tubérculos (MFT) (fresh weight of tubers); Número de tubérculos por cova (NTC) (number of tubers); Tubérculo alongado (TAL) (tubers with elongated shape); Tubérculo achatado (TAC) (tubers with flattened shape); Aspereza da casca (ASP) (skin texture); Presença de ponta (PON) (pointed end); Embonecamento (EMB) (secondary growth); Profundidade de gemas (PRG) (eye depth); Dias para rompimento da dormência (DRD) (days to breaking dormancy); Número de brotos por tubérculo (NBT) (number of sprouts per tuber); <sup>1</sup>Correlação canônica do segundo par canônico (canonical correlation of the second canonical pair).

conjunto das famílias e posteriormente classificar os indivíduos selecionados dentro de cada família.

e ao CNPq, pelo financiamento parcial desta pesquisa e pela concessão de bolsas.

## AGRADECIMENTO

À CAPES, pela concessão de bolsa,

## REFERÊNCIAS

BARBOSA, MHP; PINTO, CABP. 1998.

Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 33: 149-156.

BHERING, LL; PINTO, CABP; BENITES, FRG; LEITE, ME; SILVA, FL. 2009. Seleção assistida por marcadores para teor de matéria seca e açúcares redutores em tubérculos de batata. *Ciência Rural* 39: 38-44.

BISOGNIN, DA. 2011. Breeding vegetatively propagated horticultural crops. *Crop Breeding*

- and Applied Biotechnology 11: 35-43.
- BISOGNIN, DA; DOUCHES, DS. 2002. Early generation selection for potato tuber quality in progenies of late blight resistant parents. *Euphytica* 127: 1-9.
- BISOGNIN, DA; FREITAS, ST; BRACKMANN, A; ANDRIOLO, JL; PEREIRA, EIP; MULLER, DR; BANDINELLI, MG. 2008. Envelhecimento fisiológico de tubérculos de batata produzidos durante o outono e a primavera e armazenados em diferentes temperaturas. *Bragantia* 67: 59-65.
- BISOGNIN, DA; STORCK, L; COSTA, LC; BANDINELLI, MG. 2006. Plot size variation to quantify yield of potato clones. *Horticultura Brasileira* 24: 485-488.
- BRADSHAW, JE. 2007. Potato breeding strategy. In: VREUGDENHIL, D (ed). *Potato Biology and Biotechnology: Advances and Perspectives*. Amsterdam: Elsevier. p 161-177. Disponível em <http://www.committeeforfirstprinciples.org/Information/Agriculture/Fruits%20&%20Vegetables/Potato%20Biology%20and%20Biotechnology.pdf>. Acessado em 04 outubro de 2014.
- BRADSHAW, JE; MACKAY, GR. 1994. Breeding strategies for clonally propagated potatoes. In: BRADSHAW, JE; MACKAY, GR (eds). *Potato genetics*. Wallingford: CAB International. p.467-497.
- CRUZ, CD. 1997. *Aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV. 442p.
- CRUZ, CD. 2013. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* 35: 271-276.
- CRUZ, CD; CARNEIRO, PCS. 2003. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV. v.2, 585p.
- CRUZ, CD; CASTOLDI, FL. 1991. Decomposição da interação genótipo x ambiente em partes simples e complexa. *Revista Ceres* 38: 422-430.
- DINIZ, MCDR. 2002. *Número de clones por família, seleção clonal e seleção de famílias em programas de melhoramento de batata*. Lavras: UFLA. 123p (Tese doutorado).
- EMBRAPA. 2006. *Sistema Brasileiro de Classificação de Solo*. 2ª ed., Rio de Janeiro: EMBRAPA, 306 p.
- EPAGRI. 2002. *Sistemas de produção para batata-consumo e batata-semente em Santa Catarina*. 3.ed. Florianópolis: EPAGRI. 123p.
- GALARRETA, JIR; EZPELETA, B; PASCUALENA, J; RITTER, E. 2006. Combining ability and correlations for yield components in early generations of potato breeding. *Plant Breeding* 125: 183-186.
- HAYES, RJ; THILL, CA. 2003. Genetic gain from early generation selection for cold chipping genotypes in potato. *Plant Breeding* 122: 158-163.
- LEDO, CAS; FERREIRA, DF; RAMALHO, MAP. 2003. Análise de variância multivariada para os cruzamentos dialélicos. *Ciência e Agrotecnologia* 27: 1214-1221.
- LOMMEN, WJM. 1999. Causes for low tuber yields of transplants from *in vitro* potato plantlets of early cultivars after field planting. *Journal of Agricultural Science* 133: 275-284.
- LOVE, SL; WERNER, BK; PAVEK, JJ. 1997. 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* 74: 199-213.
- MELO, DS; PINTO, CABP; PEIXOUTO, LS; NEDER, DG; ASSIS, JC. 2011. Early selection of full-sib potato families. *Ciência e Agrotecnologia* 35: 1101-1109.
- OLIVEIRA, SJR; STORCK, L; LÚCIO, AD; LOPES, SJ; MARTINI, LFD. 2006. Índice de heterogeneidade, coeficiente de variação e tamanho ótimo de parcela em batata. *Ciência Rural* 36: 1710-1716.
- RIGÃO, MH; STORCK, L; BISOGNIN, DA; LOPES, SJ. 2009. Correlação canônica entre caracteres de tubérculos para seleção precoce de clones de batata. *Ciência Rural* 39: 2347-2353.
- SILVA, GO; PEREIRA, AS. 2011. Seleção em gerações iniciais para caracteres agrônômicos em batata. *Horticultura Brasileira* 29: 449-455.
- STORCK, L; OLIVEIRA, SJR; GARCIA, DC; BISOGNIN, DA. 2005. Comprimento e largura do tamanho ótimo da parcela experimental em batata. *Ciência Rural* 35: 1043-1048.
- VERISSIMO, MAA; PEREIRA, AS; SILVA, DAS; TERRES, LR; NEY, VG; SILVA, GO. 2012. Expressão de caracteres de tubérculos em função do tamanho de recipiente usado no cultivo de batata na geração de plântulas. *Revista Ceres* 59: 787-793.
- VIANA, AP; DETMANN, E; PEREIRA, MG; SOUZA, MM; PEREIRA, TNS; AMARAL JÚNIOR, AT; GONÇALVES, GM. 2007. Polinização seletiva em maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) monitorada por vetores canônicos. *Ciência Rural* 37: 1627-1633.