



# Abordagem bayesiana na avaliação da dissimilaridade em clones de batata-doce

The Bayesian approach in the evaluation of dissimilarity in sweet potato clones

N. R. Valadares<sup>1\*</sup>; A. C. G. Fernandes<sup>1</sup>; C. H. O. Rodrigues<sup>1</sup>; M. T. N. L. Silva<sup>1</sup>;  
R. B. da Silva<sup>2</sup>; K. B. Inácio<sup>1</sup>; J. L. Ferreira<sup>3</sup>; A. M. Azevedo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Minas Gerais, 39404-547, Montes Claros-MG, Brasil

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, 36570-900, Viçosa-MG, Brasil

<sup>3</sup>Embrapa Pecuária Sul, 96401-970, Bagé-RS, Brasil

\*nermyrv@gmail.com

(Recebido em 29 de março de 2021; aceito em 04 de março de 2022)

A disponibilidade de variabilidade genética em bancos de germoplasma é fundamental para o sucesso de programas de melhoramento vegetal. A inferência bayesiana, aliada a técnicas multivariadas, permite identificar essas fontes de variabilidade, auxiliando nas tomadas de decisão no melhoramento de plantas. Logo, objetivou-se avaliar a dissimilaridade genética entre 24 clones de batata-doce por meio de dados qualitativos e quantitativos, utilizando a abordagem multivariada por meio da inferência bayesiana. Na caracterização morfológica, foram utilizados 24 descritores morfológicos e dados de produtividade de raízes e ramos. Para análise estatística foi utilizada a análise multivariada através da inferência bayesiana. Houve variabilidade genética entre os clones de batata-doce. Há grande dissimilaridade dos clones UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 com os demais. Esses clones divergentes podem ser utilizados em cruzamentos a fim de obter progênies com alta variabilidade genética. A abordagem multivariada por meio da inferência bayesiana foi eficiente na avaliação da dissimilaridade. Palavras-chave: análise multivariada, banco de germoplasma, variabilidade genética.

The availability of genetic variability in germplasm banks is fundamental for the success of plant breeding programs. The Bayesian inference combined with multivariate techniques allows to identify these sources of variability, assisting in decision making in plant breeding. Therefore, the objective was to evaluate the genetic dissimilarity among 24 sweet potato clones using qualitative and quantitative data, using the multivariate approach using Bayesian inference. In the morphological characterization, 24 morphological descriptors and data of productivity of roots and branches were used. For statistical analysis, multivariate analysis using the Bayesian inference was used. There was genetic variability among sweet potato clones. There is great dissimilarity between the UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 clones with the others. These divergent clones can be used in crosses in order to obtain progenies with high genetic variability. The multivariate approach using Bayesian inference was efficient in assessing dissimilarity.

Keywords: multivariate analysis, germplasm bank, genetic variability.

## 1. INTRODUÇÃO

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é uma hortaliça tuberosa, cultivada em praticamente todo o território brasileiro. É uma importante fonte de calorias, proteínas, vitaminas e minerais para a humanidade, e é considerada hortaliça potencial na segurança alimentar [1].

A espécie possui mecanismo de autoincompatibilidade que conduz à polinização cruzada. Portanto, há grande variabilidade genotípica e fenotípica nesta cultura [2]. A caracterização da variabilidade genética é ponto de partida para os programas de melhoramento genético [3]. A caracterização e avaliação são ferramentas indispensáveis para os trabalhos com batata-doce [4], devido principalmente ao grande número de classes fenotípicas [5]. Dessa forma, aprimorar as técnicas de análise dos dados obtidos nos programas de melhoramento da batata-doce é de importância análoga ao potencial da cultura.

Estudos de dissimilaridade podem ser feitos a partir da análise multivariada com base em descritores morfológicos quantitativos e/ou qualitativos [6]. A análise multivariada é o conjunto de técnicas estatísticas que avaliam várias variáveis simultaneamente dos indivíduos estudados [7]. As técnicas multivariadas permitem identificar fontes de variabilidade genética, avaliar a importância das características para a divergência genética e ainda, auxiliar nas tomadas de decisão do melhorista [8]. Ao analisar simultaneamente as variáveis é possível caracterizar cada agrupamento e selecionar genitores com base no fenótipo [9]. Isto possibilita a obtenção de alta variabilidade genética na população segregante [5].

A caracterização da diversidade genética utilizando características fenotípicas, que são facilmente mensuráveis, pode ser uma abordagem preliminar e de baixo custo para estudar a estrutura genética de uma população [10]. E embora alguns estudos se concentrem na utilização de marcadores moleculares para estudar a diversidade genética, também é útil para os melhoristas considerarem a diversidade morfológica das características de interesse [11].

Existem várias metodologias de análise multivariada à disposição, as quais possibilitam diferentes resultados, em função dos princípios que envolvem. Dessa maneira, a combinação de muitas metodologias para investigar a variabilidade de recursos genéticos vegetais é essencial, dada a complementariedade de suas informações.

Nesse sentido, o uso de múltiplas abordagens estatísticas gera informações de alto valor aplicável, especialmente na exploração da diversidade de bancos de germoplasma. Desta forma, a investigação da estruturação genética pela inferência bayesiana [11], as análises de coordenadas principais e dendogramas hierárquicos pelo algoritmo UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) são técnicas utilizadas em biometria com o objetivo de compreender a diversidade genética [6].

Logo, objetivou-se avaliar a dissimilaridade genética de 24 clones de batata-doce do banco de germoplasma da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) a partir de uma abordagem multivariada, por meio da inferência bayesiana, combinando dados qualitativos e quantitativos.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Instituto de Ciências Agrárias (ICA) - Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), Campus Montes Claros-MG (Coordenadas: 16°40'58.16" S e 43°50'20.15" O). Foram avaliados 24 clones de batata-doce cedidos pela Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). Estes acessos foram selecionados em experimentos anteriores para identificação de clones superiores agronomicamente e são denominados de acordo com a Tabela 1.

Para a produção das mudas, as ramas dos clones de batata-doce foram cortadas com aproximadamente 20 cm de comprimento, e mantidas em vasos de polietileno com substrato comercial por 15 dias, para o enraizamento, em seguida as ramas enraizadas foram levadas para o campo. O espaçamento utilizado foi 1,00 m entre leiras e 0,30 metros entre plantas [12].

O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela composta por 10 plantas. Foi utilizada irrigação por aspersão, sendo aplicada, até o estabelecimento da cultura, todos os dias para promover um bom pegamento das mudas. Após esse período a irrigação foi aplicada duas vezes na semana [13].

O plantio das mudas de batata-doce foi realizado em solo cambissolo háplico, seguida pela incorporação de fertilizantes. Foram utilizados 180 kg.ha<sup>-1</sup> de fósforo e 30 kg.ha<sup>-1</sup> de nitrogênio no plantio. Aos 30 dias do plantio das mudas foi feita uma adubação de cobertura com 30 kg.ha<sup>-1</sup>. A adubação foi realizada de acordo com a análise do solo e as recomendações para a cultura [14], a adubação de potássio não foi necessária de acordo com a análise química do solo.

Aos 90 dias após o plantio (DAP), foram avaliadas as características morfológicas das brotações das plantas. Já as raízes foram avaliadas aos 165 DAP. As avaliações foram realizadas de acordo com os descritores e escalas de pontuação recomendados pelo Conselho Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (IBPGR), elaborados por Huamán (1991) [15]. Os descritores considerados foram: cor predominante da folhagem; cor secundária da folhagem; pubescência; hábito de crescimento; tipos de lóbulos foliares; número de lóbulos; formato do lóbulo central;

pigmentação das nervuras; comprimento pecíolo; pigmentação pecíolo; cor da folha madura; cor folha imatura; tamanho da folha madura; formato geral da folha; diâmetro entrenó; comprimento do entrenó; defeito de raízes tuberosas; formato raiz; cor predominante da casca; intensidade da cor da casca; cor secundária da casca; cor predominante da polpa; cor secundária da polpa e distribuição da cor da polpa secundária.

*Tabela 1. Identificação de 24 clones de batata-doce do banco de germoplasma da Universidade Federal de Minas Gerais.*

ID	Acessos
1	Arruba
2	Cambraia
3	CARIRUVERM
4	Princesa
5	TCARRO01
6	UFVJM01
7	FVJM06
8	UFVJM07
9	UFVJM15
10	UFVJM21
11	UFVJM25
12	UFVJM29
13	UFVJM54
14	Beaugard
15	BZROXA
16	UFVJM28
17	UFVJM41
18	UFVJM44
19	UFVJM05
20	UFVJM09
21	UFVJM31
22	UFVJM37
23	UFVJM40
24	UFVJM56

Para os dados quantitativos as ramas e raízes foram avaliadas no momento da colheita, aos 165 DAP. As ramas foram cortadas rente ao solo, com o auxílio de tesouras de poda e as raízes colhidas manualmente com o auxílio de enxadas. Imediatamente após a colheita as ramas e raízes foram pesadas e separadas para a obtenção das variáveis: produtividade de massa verde de ramas ( $t \cdot ha^{-1}$ ); produtividade total de raízes ( $t \cdot ha^{-1}$ ) e produtividade de raízes comerciais ( $t \cdot ha^{-1}$ ).

Com o objetivo de executar uma abordagem multivariada, combinando dados qualitativos e quantitativos, os dados quantitativos foram convertidos sobre variáveis fenotípicas em classes, com um limite de 1,0 desvio padrão. As variáveis qualitativas foram codificadas com base na escala original. A partir destas variáveis foi estimada a matriz de distância euclidiana entre os genótipos.

Foi usado o aplicativo Structure v.2.3.4 [16] para rastrear e inferir a variação fenotipicamente estruturada. O programa foi executado com um comprimento de gravação de

10.000, 100.000 repetições MCMC após *burn-in* de 20 corridas independentes. O aplicativo Structure Harvester [17] foi usado para determinar a melhor estrutura fenotípica. Para a análise de coordenadas principais (PCoA) e o índice informacional de diversidade estatística de Shannon foi utilizado o aplicativo GenAlex v.6.503 [18]. A análise gráfica de UPGMA foi baseada nos dados morfoagronômicos, combinando os dados quantitativos (médias originais fenotípicas) e a escala dos dados qualitativo pelo software R [19].

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As notas para os 24 descritores qualitativos avaliados indicaram a existência de variabilidade entre os 24 clones de batata-doce. A disponibilidade de populações que apresentam alta variabilidade genética, para as características sob seleção, é fundamental para o sucesso de um programa de melhoramento [6]. Logo, o estudo da variabilidade genética dos genótipos de interesse é fundamental. Principalmente para evitar recombinações gênicas semelhantes, quando os objetivos envolvam hibridação e ganhos genéticos em populações segregantes [1].

A estrutura genética separou os 24 clones de batata-doce em três clusters, indicando a existência de variabilidade. CARIRUVERM, CAMBRAIA, TCARRO01, ARRUBA, UFVJM54, UFVJM21, PRINCESA, UFVJM06, UFVJM07, UFVJM01, UFVJM25, UFVJM15 e UFVJM29 pertencem ao mesmo cluster, com o maior número de clones. BZROXA, UFVJM28, UFVJM44, UFVJM41 e Belgard formaram o segundo cluster. Enquanto UFVJM56, UFVJM09, UFVJM40, UFVJM05, UFVJM31 e UFVJM37 constituíram o terceiro cluster (Figura 1).

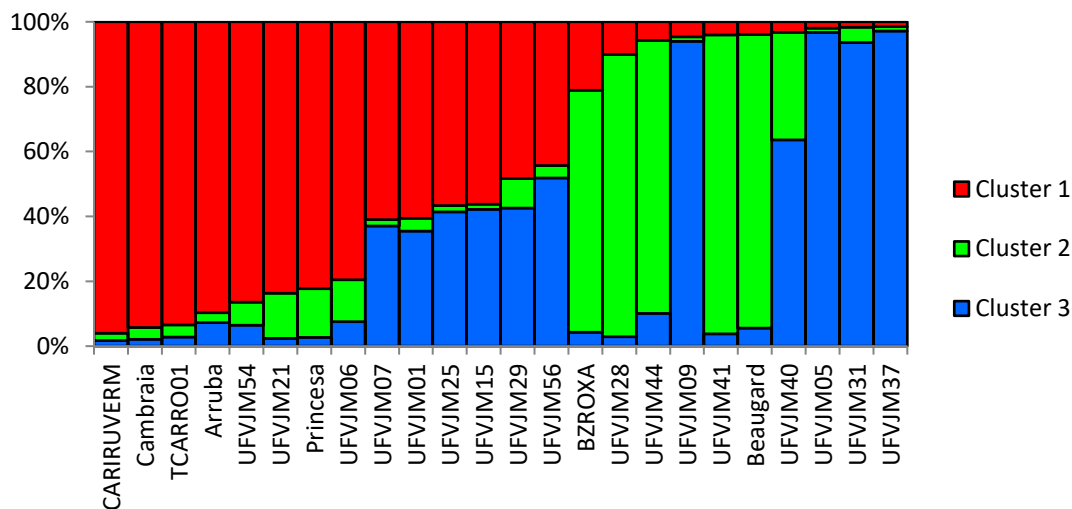


Figura 1: Análise da estrutura genética dos 24 acessos batata-doce produzida pela análise de agrupamento por abordagem bayesiana.

A separação entre os clones do cluster 1 e 3 indicou que esses grupos podem ser usados como progenitores em programas de melhoramento da cultura da batata-doce, pois apresentaram um alto nível de diversidade genética e maiores médias para produtividade total e comercial de raízes e produtividade de massa verde de ramas (Tabela 2). Alta diversidade genética entre esses acessos de batata-doce também foi observado por Andrade et al. (2017) [5].

Tabela 2. Médias de produtividade de massa verde, produtividade total de raízes e produtividade de raízes comerciais utilizados na caracterização de 24 acessos de batata-doce.

Acessos	Prod. de massa verde (t h <sup>-1</sup> )	Prod. de raízes (t h <sup>-1</sup> )	Prod. de raízes comerciais (t h <sup>-1</sup> )
<b>ARRUBA</b>	21,25	20,90	10,78
<b>UFVJM06</b>	5,50	3,56	1,26
<b>UFVJM07</b>	20,23	18,52	12,96
<b>CAMBRAIA</b>	24,61	16,64	9,93
<b>CARIRUVERM</b>	29,76	25,56	12,29
<b>PRINCESA</b>	26,06	22,31	10,87
<b>TCARRO01</b>	20,79	21,85	15,20
<b>UFVJM01</b>	34,96	24,97	13,74
<b>UFVJM25</b>	28,96	23,70	10,27
<b>UFVJM15</b>	27,45	20,77	9,23
<b>UFVJM21</b>	24,35	19,43	8,36
<b>UFVJM29</b>	24,83	11,08	4,59
<b>UFVJM54</b>	29,92	16,26	7,91
<b>Média</b>	24,51	18,89	9,79
<b>UFVJM41</b>	10,81	9,15	5,8
<b>UFVJM44</b>	31,91	19,11	8,46
<b>UFVJM28</b>	10,88	10,61	4,19
<b>BEAUGARD</b>	42,48	13,1	3,45
<b>BZROXA</b>	13,56	8,21	5,89
<b>Média</b>	21,93	12,04	5,56
<b>UFVJM05</b>	27,28	21,35	13,14
<b>UFVJM09</b>	31,53	20,37	14,64
<b>UFVJM56</b>	24,45	16,2	9,49
<b>UFVJM31</b>	30,35	17,55	7,58
<b>UFVJM37</b>	29,84	17,05	9,94
<b>UFVJM40</b>	23,37	18,71	14,38
<b>Média</b>	27,80	18,54	11,53
<b>Média geral</b>	24,68	17,23	9,22

Nota: cor vermelha: cluster 1, cor verde: cluster 2, cor azul: cluster 3.

A análise de coordenadas principais (PCoA) (Figura 2) classificou os 24 clones de forma semelhante a estrutura genética (Figura 1). Foi possível observar que os clones UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 estavam relativamente mais próximos, mantendo distância dos demais. Porém, o clone UFVJM56, que na análise de estrutura genética compôs o cluster 3, ficou distante desses clones e agrupado a clones do cluster 1 e 2. Foi possível observar também que o clone BZROXA se agrupou próximo dos acessos do cluster 1.

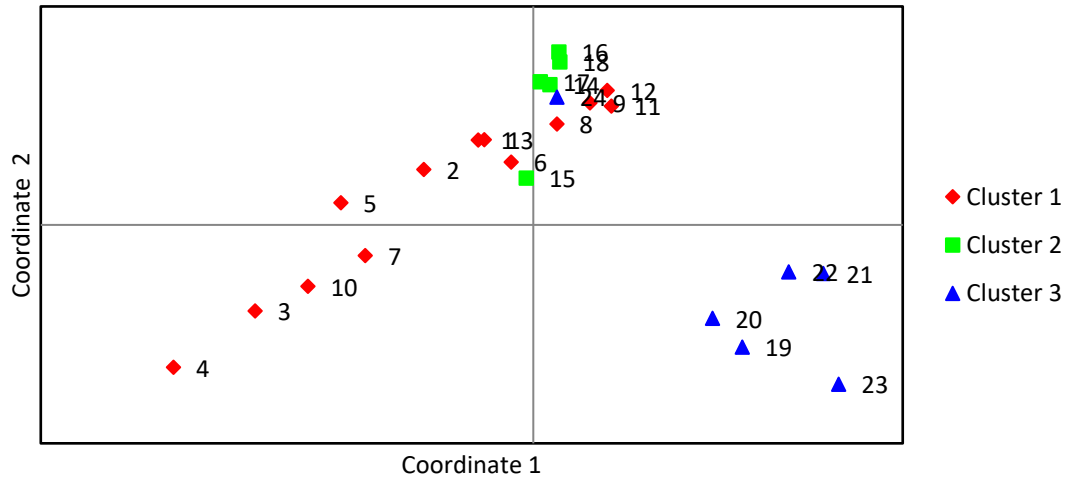


Figura 2. Resultado da análise de coordenadas principais (PCoA) para 24 acessos de batata-doce (1-Arruba, 2-Cambraia, 3-CARIRUVERM, 4-Princesa, 5-TCARRO01, 6-UFVJM01, 7-FVJM06, 8-UFVJM07, 9-UFVJM15, 10-UFVJM21, 11-UFVJM25, 12-UFVJM29, 13-UFVJM54, 14-Beaugard, 15-BZROXA, 16-UFVJM28, 17-UFVJM41, 18-UFVJM44, 19-UFVJM05, 20-UFVJM09, 21-UFVJM31, 22-UFVJM37, 23-UFVJM40, 24-UFVJM56) obtidos por 24 descritores morfoagronômicos.

A árvore fenotípica dos 24 acessos baseada no UPGMA (Figura 3) confirmou o padrão de agrupamento relatado no PCoA, indicando a existência de variabilidade entre os clusters [20]. O dendrograma mostrou que o cluster 3 é formado por clones com maior dissimilaridade com os demais e que BZROXA é diferente dos demais clones do cluster 2. O clone UFVJM56, embora classificado como cluster 3 (Figura 1), foi agrupado com o cluster 1 pelo dendrograma. É comum as técnicas multivariadas não concordarem entre si. Isso se justificativa pelos princípios envolvidos em cada método, quanto à precisão e critério [12].

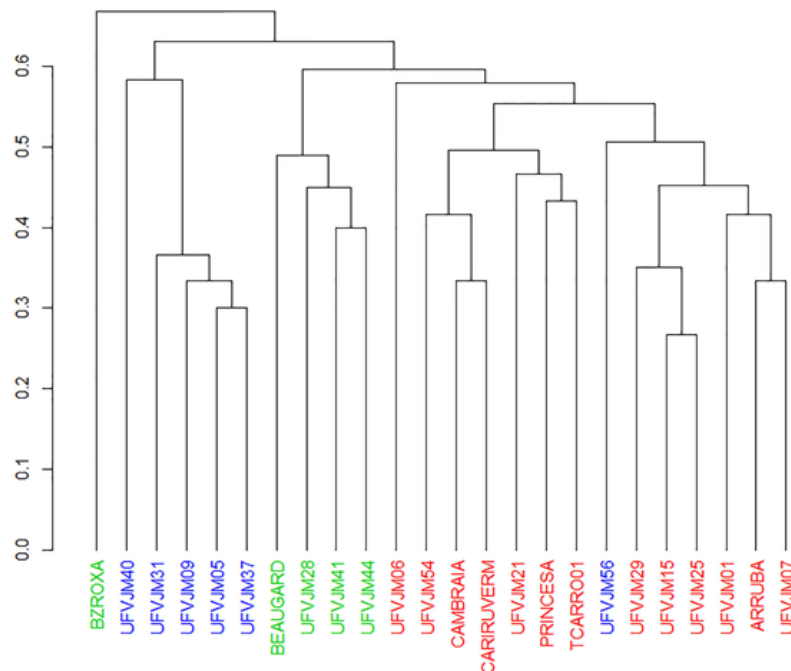


Figura 3. Dendrograma pelo método de agrupamento das divergências médias (UPGMA) para 24 acessos de batata-doce. Cor vermelha: Cluster 1; cor verde: cluster 2; cor azul: cluster 3

A correlação cofenética obtida foi de 0,75. O coeficiente de correlação cofenética estima a representatividade dos dados da matriz de dissimilaridade no dendrograma, e seu resultado indica se os dados da matriz estão bem ajustados no dendrograma [21]. Logo, o valor observado para a correção cofenética mostra a confiabilidade das conclusões frente à interpretação do dendrograma [6].

A anova para a estatística de Shannon mostrou que 83,49% da variação total é particionada dentro dos clusters e 16,51% entre os clusters o que indica algum nível de diferenciação entre os clusters (Tabela 3). O alto nível de variação dentro do cluster é frequentemente observado em espécies alógamas [22]. E a alta variabilidade genética presente na espécie *Ipomoea batatas*, decorre da sua condição de ploidia ( $2n=6x=90$ ), e de seu sistema reprodutivo favorecido pela alogamia [23].

Tabela 3. Resumo da estatística de Shannon para estimativa da porcentagem de variância entre e dentro dos clusters obtidos por metodologias bayesianas.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Soma de quadrados	Variância estimada	Porcentagem da variância
Entre Pops	2	8,54	0,18	16,51
Dentro Pops	21	43,17	0,90	83,49
Total	23	51,70	1,08	100,00

Nota: Pops=Populações.

A utilização de características fenotípicas foi útil para estudar a estrutura genética dos clones de batata-doce. Os marcadores morfológicos são facilmente mensuráveis e podem ser uma abordagem preliminar para a caracterização da diversidade genética e avaliação das características de interesse [10, 11].

Além disso, a abordagem multivariada por meio da inferência bayesiana foi eficiente na avaliação da dissimilaridade, e as informações obtidas podem ser utilizadas para planejar cruzamentos, possibilitando a obtenção de progênies com alta variabilidade genética.

#### 4. CONCLUSÃO

Existe variabilidade genética entre os genótipos de batata-doce do banco de germoplasma da UFMG.

Há grande dissimilaridade dos acessos UFVJM05, UFVJM09, UFVJM31, UFVJM37, UFVJM40 com os demais.

A inferência bayesiana aliada à análise multivariada é uma ferramenta útil na avaliação da dissimilaridade em programas de melhoramento.

#### 5. AGRADECIMENTOS

Agradecemos a CAPES (Conselho de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - código 001), à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) e ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pelo apoio a este estudo.

#### 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Oliveira ACB, Sedyama MAN, Sedyama T, Finger FL, Cruz CD. Variabilidade genética em batata-doce com base em marcadores isoenzimáticos. *Horticultura Brasileira*. 2002 Dec;20(4):576-82. doi: 10.1590/S0102-05362002000400013

2. Yang J, Moeinzadeh MH, Kuhl H, Helmuth J, Xiao P, Liu G, Zheng J, et al. The haplotype-resolved genome sequence of hexaploid *Ipomoea batatas* reveals its evolutionary history. *BioRxiv*. 2016 Jul;64428:1-30. doi: 10.1101/064428
3. Laurie SM, Calitz FJ, Adebola P, Lezar A. Characterization and evaluation of south african sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) land races. *South African Journal of Botany*. 2013 Mar;85:10-6. doi: 10.1016/j.sajb.2012.11.004
4. Cavalcante M, Ferreira PV, Paixão, SL, Costa JG, Pereira RG, Madalena JA. Desempenho agrônomo, dissimilaridade genética e seleção de genitores de batata doce para hibridização. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*. 2010 Oct;5(4):485-90. doi: 10.5239/agraria.v5i4.816
5. Andrade EKV, Andrade Júnior VC, Laia ML, Fernandes JSC, Oliveira AJM, Azevedo AM. Genetic dissimilarity among sweet potato genotypes using morphological and molecular descriptors. *Acta Scientiarum. Agronomy*. 2017 Oct;39(4):447-55. doi: 10.4025/actasciagron.v39i4.32847
6. Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa (MG): Editora UFV; 2012.
7. Hair Junior JF, Black WC, Babin BJ, Anderson RE, Tatham RL. Análise multivariada de dados. 6. ed. São Paulo (SP): Bookman; 2009.
8. Abreu FB, Leal NR, Rodrigues R, Amaral Júnior AT, Silva DJH. Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado. *Horticultura Brasileira*. 2004 July;22(3):547-52. doi: 10.1590/S0102-05362004000300009
9. Streck EA, Aguiar GA, Magalhães Júnior AM, Facchinello PHK, Oliveira AC. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. *Revista Ciência Agronômica*. 2017 Jan;48(1):101-9. doi: 10.5935/1806-6690.20170011
10. Tagliotti EM, Deperi SI, Bedogni MC, Zhang R, Carpintero NCM, Coombs J, et al. Use of easy measurable phenotypic traits as a complementary approach to evaluate the population structure and diversity in a high heterozygous panel of tetraploid clones and cultivars. *BMC genetics*. 2018,19(8):1-12. doi: 10.1186/s12863-017-0556-9
11. Ferreira JL, Gwinner R, Ferreira LM, Ferronato J, Leite LG, Ferreira KGG, et al. Understanding the extent of phenotypic variability in accessions of *Paspalum urvillei* Steud. from the USDA NPGS. *Iheringia, Série Botânica*. 2020 Apr;75:e2020006. doi: 10.21826/2446-82312020v75e2020006
12. Azevedo AM, Andrade Júnior VC, Figueiredo JA, Pedrosa CE, Viana DJS, Lemos VT, et al. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*. 2015 May;10(3):479-84. doi: 10.5039/agraria.v10i3a5165
13. Valadares NR, Fernandes ACG, Rodrigues CHO, Brito OG, Gomes LSP, Magalhães JR, et al. Bayesian approach to estimate genetic parameters and selection of sweet potato half-sib progenies. *Scientia Horticulturae*. 2021 Nov;294(2022):110759. doi: 10.1016/j.scienta.2021.110759
14. Filgueira FAR. Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. Viçosa (MG): Editora UFV; 2008.
15. Huamán Z, editor. Descriptors for sweet potato. International Board for Plant Genetic Resources. Rome (IT): CIP/AVRDC/IBPGR; 1991.
16. Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. *Molecular Ecology*. 2005 Febr;14(8):2611-20. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x
17. Earl DA, VonHoldt BM. Structure harvester: a website and program for visualizing structure output and implementing the evanno method. *Conservation Genetics Resources*. 2012 Jun;4(2):359-61. doi: 10.1007/s12686-011-9548-7
18. Peakall R, Smouse PE. Genalex 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – An update. *Bioinformatics*. 2012 Oct;8(19):2537-9. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460
19. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. Vienna (AT): R Foundation for Statistical Computing; 2016. Available from: <https://www.R-project.org/>
20. Santos DN, Ferreira JL, Pasqual M, Generoso AL, Setotaw TA, Cançado GMA, et al. Population structure of *Jatropha* and its implication for the breeding program. *Genetics and Molecular Research*. 2016 Mar;15(1):1-11. doi: 10.4238/gmr.15017770
21. Mantel N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*. 1967 Feb;27(2):209-20.
22. Maghuly F, Jankowicz-Cieslak J, Pabinger S, Till BJ, Laimer M. Geographic origin is not supported by the genetic variability found in a large living collection of *Jatropha curcas* with accessions from three continents. *Biotechnology Journal*. 2015;10(4):536-51. doi: 10.1002/biot.201400196
23. Azevedo SM, Freitas JA, Maluf WR, Silveira MA. Desempenho de clones e métodos de plantio de batata-doce. *Acta Scientiarum Agronomy*; 2000;22(4):901-5. doi: 10.4025/actasciagron.v22i0.2839