

# DIVERSIDADE GENÉTICA EM BATATA-DOCE NO TOCANTINS

## GENETIC DIVERSITY IN SWEET POTATO IN TOCANTINS

Elainy Cristina Alves MARTINS<sup>1</sup>; Joênes Muccio PELUZIO<sup>2</sup>; Ronaldo Rodrigues COIMBRA<sup>3</sup>;  
 Marcio Antônio da SILVEIRA<sup>4</sup>; Jaqueline Das Dores Dias OLIVEIRA<sup>5</sup>;  
 Waldesse Piragé de OLIVEIRA JUNIOR<sup>5</sup>

1. Professora Assistente, Universidade Federal do Tocantins - UFT, Gurupi, TO, Brasil. [biocris@mail.uft.edu.br](mailto:biocris@mail.uft.edu.br); 2. Professor Adjunto IV – UFT, Palmas, TO, Brasil. [joenesp@mail.uft.edu.br](mailto:joenesp@mail.uft.edu.br); 3. Professor Adjunto - UFT, Porto Nacional, TO, Brasil; 4. Professor Associado – UFT, Palmas, TO, Brasil; 5. Professor Adjunto – UFT, Palmas, TO, Brasil.

**RESUMO:** O objetivo do presente trabalho foi determinar a divergência genética de 50 clones de batata-doce do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Tocantins com base em marcadores RAPD, bem como verificar o agrupamento gerado a partir dos dados moleculares. No ensaio foram utilizados 50 clones de batata-doce, provenientes do programa de melhoramento genético da UFT. As análises de agrupamento foram feitas utilizando-se índice de similaridade de Jacard através do método hierárquico aglomerativo UPGMA. Foi observada uma elevada variabilidade genética entre os 50 clones. Os 14 *primers* utilizados produziram 181 bandas, destas, 155 foram polimórficas, onde os *primers* A17 e A7 foram os mais informativos. A análise das distâncias genéticas mostrou que a menor variação ocorrida foi entre os clones 04.06 e 04.12 e a maior foi entre os clones 100.06 e 114.07. No total, foram formados 22 grupos e, apesar de haver um grau maior de parentesco entre determinados clones, isto é, serem meios-irmãos, alguns apresentaram similaridade menores do que os detectados entre clones não aparentados. Assim, os 50 clones provenientes do Banco de Germoplasma da UFT apresentaram elevada diversidade genética e os marcadores RAPD foram eficientes para revelar tal diversidade.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Ipomoea batatas*. Divergência. RAPD

## INTRODUÇÃO

A batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] é uma espécie com plantas rústicas, tolerante à seca, de alto potencial produtivo e baixo custo de produção e, de forma geral, é cultivada por pequenos produtores de comunidades locais (CARDOSO et al., 2005; MONTES et al., 2006). No quadro mundial, cerca de 90% da produção são obtidos na Ásia, 5% na África e 5% no restante do mundo. Apenas 2% da produção estão em países industrializados, como os Estados Unidos e Japão (FAO, 2010). A China se destaca como o maior produtor mundial, com mais de 4,7 milhões de hectares cultivados com batata-doce, com produtividade média de 21,3 t ha<sup>-1</sup> de raízes. O continente africano se destaca como o segundo grande produtor, porém com baixa produtividade média de raízes (4,4 t ha<sup>-1</sup>). O Brasil, em 2008, foi o décimo quinto produtor mundial de batata-doce, colhendo aproximadamente 518.000 toneladas de raízes, em uma área plantada superior a 48.000 ha, com produtividade média de 11.219 kg ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2009).

No Estado do Tocantins, a cultura da batata-doce é cultivada sob diferentes condições edafoclimáticas, ocorrendo grande variação no rendimento, não só em função dos sistemas de cultivo e níveis de investimento, mas também em consequência das condições climáticas, resultando

em uma significativa interação de genótipos por ambientes (AMORIN et al., 2011).

A batata-doce é uma matéria prima muito versátil e o elevado número de cultivares com características diferentes é um fator que aumenta a potencialidade de uso industrial (FABRI et al., 2008) e, dentre esses, cita-se a produção de etanol. Estudos desenvolvidos por Silveira et al., (2002) indicam resultados promissores no processo de seleção de clones com produtividades entre 28 e 65 t ha<sup>-1</sup> de raízes nas condições edafoclimáticas do Estado do Tocantins. Este fato indica uma superioridade desses novos clones entre 154% a 400% em relação às produtividades obtidas na década de 70 (de 11 a 13 t ha<sup>-1</sup>), visando a produção de etanol combustível.

Apesar de apresentar elevado potencial produtivo, no Brasil, é comum encontrar baixas produtividades de batata-doce, decorrentes, principalmente, da utilização de materiais genéticos obsoletos e degenerados, em sua maioria suscetíveis a pragas e doenças. A degenerescência é favorecida pelo fato de a cultura ser propagada comercialmente por meio de reprodução assexuada, com uso de ramos, o que acentua o problema a cada geração (KROTH et al., 2004). O uso de baixo nível tecnológico por parte dos agricultores, também leva a produtividades aquém da mínima desejável (SILVA et al., 2004).

Dentre todas as fontes de matérias-primas, a batata-doce talvez seja a cultura que apresente o menor número de pesquisadores no Brasil envolvidos no seu estudo, seja para fins de consumo *in natura*, ou para indústria (SOUZA et al., 2005).

A exploração do potencial dos clones de batata-doce envolve trabalhos de pesquisa específicos na área de melhoramento genético, visando a seleção para obtenção de materiais resistentes a pragas e doenças (AZEVEDO et al., 2002), maior densidade de raízes (CARDOSO et al., 2007); maior teor de matéria seca e produção de biomassa, que podem proporcionar maior rendimento para produção de álcool. Assim, a adoção de cultivares de alto teor de amido e elevada produtividade de raízes, associado a ajustes nos processos fermentativos como o uso de enzimas mais eficientes ou modificadas geneticamente podem permitir melhores resultados econômicos.

Embora a batata-doce ainda seja pouco utilizada para a produção de etanol, no Brasil, a espécie apresenta grande potencial. Cultivares de batata-doce, obtidas por meio de melhoramento genético, têm apresentado índices de produção etílica por hectare duas vezes maior que os de cana-de-açúcar (SILVEIRA et al., 2008).

De uma forma geral, a batata-doce apresenta grande variabilidade genotípica, mantida por produtores que utilizam variedades regionais, não-melhoradas e que, em média, atingem baixos rendimentos (CARDOSO et al., 2005). Nesse sentido, o desenvolvimento e avaliação de materiais melhorados, que atendam à demanda dos produtores e consumidores, são etapas essenciais ao Programa de Melhoramento.

A demanda agropecuária por recursos genéticos necessita cada vez mais da utilização de métodos e processos biotecnológicos para alcançar o sucesso da agropecuária sustentável. Na aplicação

de biotecnologias para atender as demandas de recursos genéticos, entre outros, são considerados vários processos, com destaque para os marcadores moleculares. O objetivo deste trabalho foi determinar a divergência genética de 50 clones de batata-doce do Banco de Germoplasma da UFT com base em marcadores RAPD, bem como verificar o agrupamento gerado a partir dos dados moleculares.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizado um Experimento de campo na Estação Experimental do Campus Universitário de Palmas da Universidade Federal do Tocantins - UFT (Latitude: 10 o 10' 40" S; Longitude: 48 o 21' 43" O; Altitude: 216 m). O plantio foi realizado no mês de outubro/2009 e a colheita realizada em abril/2010.

No ensaio foram utilizados 50 clones de batata-doce, provenientes do programa de melhoramento genético da UFT (Tabela 1). A área foi corrigida quanto à acidez, de acordo com a análise de solo. Na adubação foram utilizados 105 k ha<sup>-1</sup> de fósforo, 90 k ha<sup>-1</sup> de potássio e 40 k ha<sup>-1</sup> de nitrogênio, segundo o formulado 5-25-15, mais micronutrientes (B, Cu, Fe, Mn e Zn). Conforme dados do Laboratório de Meteorologia e Climatologia da UFT, a variação mensal da temperatura durante o período experimental foi de 26 a 28 °C, de 76,2 a 82,5% a umidade relativa do ar e 123,7 a 436,6 mm de precipitação pluviométrica.

O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com 50 tratamentos, representados pelos clones, e 03 repetições, sendo a parcela representada por dez plantas, com espaçamento de 1m, resultando em uma área útil de 4m<sup>2</sup>.

**Tabela 1.** Clones de batata-doce utilizados na análise.

Clones				
100-06	114-15	PA-06	Amanda	PA-18
02-58	114-08	100-32	Marcela	106-41
22-32	106-10	PA-57	Duda	02-39
115-02	02-21	106-55	CarolinaVitoria	115-01
114-03	02-37	100-18	Julia	106-63
PA-35	106-27	22-06	Isabela	04-06
100-23	02-26	106-25	Beatriz	04-12
114-07	48-14	PA-32	Lívia	106-79
22-14	112-13	22-24	Ana Clara	106-32
114-22	PA-36	22-19	Barbara	04-30

Para a extração de DNA, utilizou-se o protocolo descrito por Ferreira e Grattapaglia (1998) com modificação na concentração de EDTA (de 20mM para 30mM). O DNA foi quantificado em espectrofotômetro, modelo Ultrospec 1000 (GE Life Technologies) e absorvância de 260nm. A qualidade do DNA foi analisada por eletroforese em gel de agarose 1,5% a 100 volts por cerca de duas horas. Foram feitas diluições das amostras em TE+RNase de modo que cada uma estivesse com 20ng  $\mu$ L de DNA. As alíquotas foram armazenadas a -20°C para posterior utilização na geração de marcadores RAPD.

Para as reações de PCR foram utilizados 10pmoles de primer, 0,2mM de dNTP, 2U de Taq DNA Polimerase, Tampão da Taq (50mM KCl, 10mM Tris-HCl pH 8,3), 20ng de DNA, 1,5mM de  $MgCl_2$  e água destilada ultrapura para completar o volume de 20 $\mu$ L. As amplificações foram realizadas em termociclador a 95°C/ 3 min; 5 ciclos de 94°C/ 40s; 37°C/ 1 min; 72°C / 2 min seguidos de 35 ciclos de 94°C/ 40s, 40°C/ 1 min; 72°C/ 2min; seguidos por uma extensão final de 72°C/ 5 min. Foram testados 17 primers, destes, 14 foram considerados informativos, pois apresentaram um bom padrão de amplificação e geraram polimorfismo.

Para determinar as distâncias genéticas (aos pares) para os 50 clones utilizados, os fragmentos amplificados por RAPD foram analisados como dados binários, adotando-se o valor 1 para a presença e 0 para a ausência. A partir desses dados foi obtida uma matriz do coeficiente de Jaccard, realizando-se uma análise de agrupamento pelo método hierárquico aglomerativo UPGMA. Para as análises utilizou-se o Programa Computacional GENES (CRUZ, 2007).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os 14 *primers* selecionados produziram 181 bandas, destas, 155 foram polimórficas, indicando a presença de alta variabilidade genética entre os acessos avaliados (Tabela 2). He et al. (2007) obtiveram 239 marcadores polimórficos em 100 acessos de batata-doce, utilizando 14 *primers* ISSR com uma média de 17 bandas por primer. Este alto grau de polimorfismo se deu devido à origem destes acessos, coletados a partir da China, Nova Guiné e Indonésia, que são considerados centros secundários de biodiversidade da batata-doce.

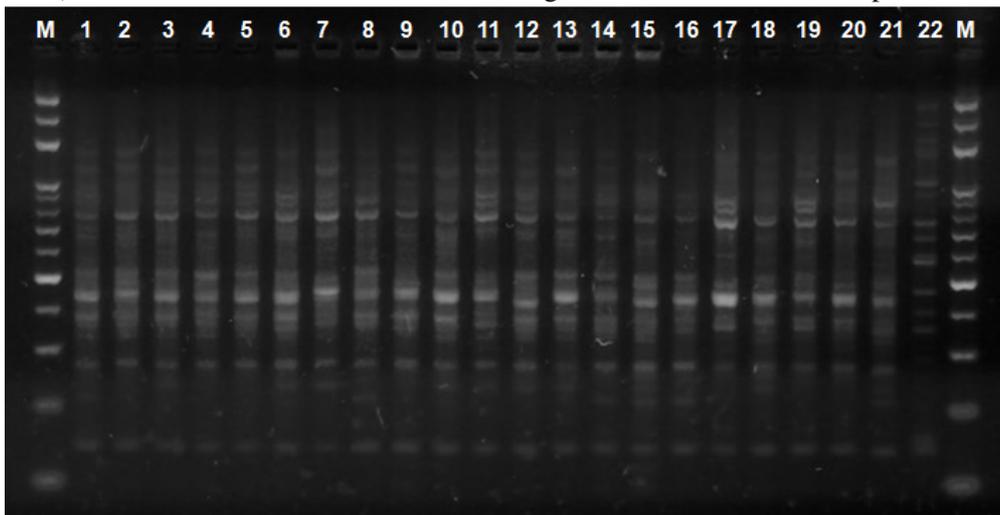
**Tabela 2.** *Primers* selecionados para análise RAPD.

<i>PRIMER</i>	SEQUÊNCIA 5'- 3`	Nº BANDAS	BANDAS POLIMÓRFICAS
A1	CATCCCCTG	11	9
A2	TGAGTGGGTG	12	10
A3	CTCCATGGGG	12	11
A5	AAGCCCGAGG	12	10
A6	GGCATGACCT	14	12
A7	CTGGGCAACT	18	14
A8	TCTGGCGCAC	14	13
A9	TCAGTCCGGG	9	8
A10	GGTACTCCCC	9	8
A11	GACCGACCCA	10	6
A12	GGTGAGGTCA	17	16
A15	AGACGATGGG	11	10
A16	AGTCGCCCTT	12	9
A17	AGCCGTGGAA	20	19

Os resultados obtidos no presente estudo mostram que os *primers* utilizados geraram grande polimorfismo, resultados similares foram encontrados em outros estudos. Moulin et al. (2012) trabalhando com RAPD e ISSR em batata-doce, obtiveram com 18 *primers*, 150 bandas das quais 145 forma polimórficas, com uma média de 8 fragmentos polimórficos por primer. He et al.

(2006) testando 30 *primers* RAPD em 108 acessos de batata obtiveram 218 marcadores polimórficos, com media de 7,3 bandas por primer. Por outro lado, Lin et al. (2009) trabalhando com 160 *primers* RAPD em batata-doce, selecionaram 38 como os mais informativos. Estes *primers* apresentaram 195 bandas amplificadas, destas, 76 foram consideradas polimórficas. No presente trabalho, os *primers* A17

e A7 (Figura 1) foram os mais informativos, gerando 20 e 18 bandas, respectivamente (Tabela 2).

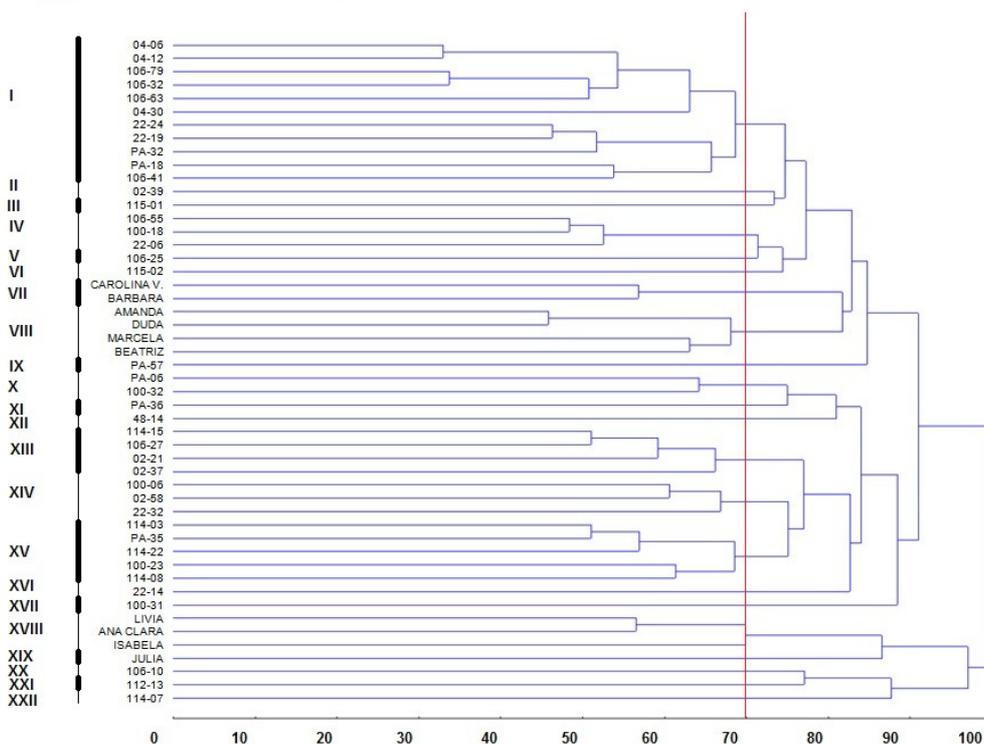


**Figura 1.** Perfil eletroforético de clones de batata-doce (representadas pelos números de 1 a 22) usando *primers* RAPD. Amplificação utilizando o *primer* A7. M: marcador de peso molecular (100pb).

Foi observada uma elevada variabilidade genética entre os clones avaliados, corroborando com outros trabalhos realizados com batata-doce (MOULIN et al., 2012; LIN et al., 2009; VEASEY et al., 2008; ELAMEEN et al., 2008; GICHUKI et al., 2003; ZHANG et al., 2000; DHILLON; ISHIKI, 1999).

A análise das distâncias genéticas mostrou que a menor variação ocorrida foi de 0,1667 entre os clones 04.06 e 04.12 e a maior foi de 0,5053 entre os clones 100.06 e 114.07. Analisando o

agrupamento representado pelo dendrograma (Figura 2), observou-se a formação de 22 grupos (ponto de corte a 70%). Soegianto et al. (2011) avaliando a diversidade de 12 cultivares de batata-doce coletadas na Indonésia, obtiveram, após a análise RAPD, a formação de 2 grupos com nível de similaridade genética de 39% e 15%, respectivamente, onde 8 cultivares ficaram no grupo 1 e um cultivar ficou isolado no grupo 2. Três cultivares não apresentaram bandas amplificadas.



**Figura 2.** Dendrograma da caracterização molecular obtida pelo método UPGMA e coeficiente de Jaccard de 50 clones de batata-doce do banco de germoplasma da UFT. Palmas – TO, 2010.

Os clones Carolina Vitoria, Barbara, Duda, Marcela, Amanda e Beatriz, que apresentaram melhor desempenho em trabalho de Silveira et al. (2008), visando a produção de etanol, no Estado do Tocantins, estão nos grupos VII e VIII e, portanto, estão muito próximos geneticamente.

Como pode ser observado no dendograma, a distância dos clones acima citados, com os clones Ana Clara e Isabela sugere que estes podem proporcionar efeito heterótico elevado após hibridações, pois segundo Silveira et al. (2008) o clone Ana Clara apresentou uma produtividade nos últimos cinco anos, corresponde a uma média de 45,7 t/ha em um ciclo de seis meses. Esta cultivar apresenta, aproximadamente, 35,4% de matéria seca, o que representa em termos de rendimento 154,4 litros de etanol por tonelada de raiz nas condições do Estado do Tocantins. Esta produção pode render 7057 litros de etanol por hectare (SILVEIRA et al., 2008).

Apesar dos clones 106.79 e 106.10, 22.24 e 22.14, 100.31 e 100.18 serem meios irmãos, portanto com maior grau de parentesco, alguns apresentaram similaridade menor do que os detectados entre clones não aparentados (Figura 2). Da mesma forma, Demeke et al. (1993) observaram em estudos de diversidade genética de batata através de RAPD, que cultivares intimamente aparentados, podem frequentemente, ser tão diferentes quanto aqueles com nenhuma afinidade imediata. Ao contrário, Hosaka et al. (1994) observaram que os padrões de bandas de RAPD de cultivares intimamente relacionadas ficaram num mesmo grupo, e, concluíram que estes padrões foram reflexos de sua genealogia.

A elevada variabilidade entre clones de batata-doce, do presente trabalho, provavelmente surgiu em função da origem dos clones, uma vez que os mesmos são oriundos de diferentes localidades do Estado do Tocantins e também pode estar relacionado ao sistema reprodutivo da espécie. He et al. (2006) indicaram que o elevado nível da diversidade genética encontrada em acessos de batata-doce poderia ser o resultado de mutações espontâneas, que são bastante comuns nesta espécie, juntamente com seleção e fatores geográficos e ambientais, que tornam as populações locais da espécie uma recurso genético importante. Por outro

lado, segundo Zhang et al. (1998) os cruzamentos naturais aliados a eficiência da propagação são, em sua grande maioria, as causas da ampla variabilidade fenotípica e genotípica existentes em batata-doce e, mesmo com a propagação vegetativa, existe a possibilidade de formação de sementes.

Veasey et al. (2007) avaliando a diversidade fenotípica de etnovariedades de batata-doce através de descritores morfológicos, com análise de agrupamento, empregando-se o coeficiente de Jaccard e método aglomerativo UPGMA, não observaram a formação de grupos definidos, indicando que há uma estruturação espacial da diversidade para as etnovariedades.

Moulin et al. (2012) caracterizando acessos de batata-doce usando os marcadores moleculares RAPD e ISSR observaram que as duas técnicas moleculares detectaram variabilidade genética entre os acessos, com correlação cofenética de 0,80 para RAPD e 0,89 para ISSR e que o resultado obtido com RAPD e ISSR foi correspondente, com uma correlação de 0,55.

Lin et al. (2009) avaliando variações genéticas em batata-doce com RAPD concluíram que tais marcadores estão associados com o caráter peso de raiz, permitindo assim o uso destes como ferramentas de seleção para melhorar o peso de raízes nessa cultura. Ainda, que os marcadores RAPD forneceram resultados rápidos no monitoramento das variações genéticas em todo o genoma e que foram suficientes para diferenciar e permitir a discriminação entre as plantas avaliadas.

## CONCLUSÕES

Os 50 clones provenientes do Banco de Germoplasma da UFT apresentaram elevada diversidade genética.

Os marcadores RAPD foram eficientes para mostrar a diversidade genética entre os clones de batata-doce estudados.

## AGRADECIMENTOS

Ao CNPq pela concessão da bolsa, a Secretaria de Ciência e Tecnologia do Tocantins/CNPq pelo fomento e a Universidade Federal do Tocantins.

---

**ABSTRACT:** The aim of this study was to determine the genetic diversity of 50 clones of sweet potato germplasm bank of the Federal University of Tocantins based on RAPD markers, as well as check out the group generated from molecular data. Cluster analyses were made using the Jaccard similarity index and the UPGMA agglomerative method. Observed a high genetic variability among 50 clones. The 14 *primers* produced 181 bands, of these, 155 were polymorphic, where the *primers* A17 and A7 were the most informatives. The analysis of genetic distances show that the smallest variation occurred between clones 4.06 and 4.12 and most was between 100.06 and 114.07. In total, 22 groups

were formed, and although there is a greater degree of kinship between certain clones, i.e. they have the same mother, some similarity values were lower than those detected between unrelated clones. Thus, 50 clones from the Germplasm Bank of UFT showed high genetic diversity and RAPD markers were efficient to reveal such diversity.

**KEYWORDS:** *Ipomoea batatas*; Divergence. RAPD

---

## REFERÊNCIAS

- AMORIN, B. da S. C.; OLIVEIRA, G.I.S.de; SILVEIRA, M. A. da; NASCIMENT, I. R.do; FERREIRA, T. A. Adaptabilidade fenotípica de genótipos de batata-doce oriundos de sementes botânicas na região Sul do Estado do Tocantins. *Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia*, v. 4, n. 3, set/dez. 2011.
- AZEVEDO, S. M. de; MALUF, W. R.; SILVEIRA, M. A. da; FREITAS, J. A. de. Reação de clones de batata-doce aos insetos de solo. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 26, p. 545-549, 2002.
- 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, p. 1760-1765, 2007.
- CARDOSO, A. D. et al. Avaliação de clones de batata-doce em Vitória da Conquista. **Horticultura Brasileira** [online]. 2005, v. 23, n. 4, p. 911-914. ISSN 0102-0536.
- CRUZ C. D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV. 2007
- DEMEKE, T.; KAWCHUC, L. M.; LYNCH, D. R. Identification of potato cultivars and clonal variants by Random Amplified Polymorphic DNA analysis. **American Potato Journal**, Orono, v. 70, p. 561-570, 1993.
- DHILLON, N. P. S.; ISHIKI, K. Genomic variation and genetic relationship in *Ipomoea* ssp. *Plant Breeding* 118, p. 161-176, 1999.
- ELAMEEN, A.; FJELLHEIM, S.; LARSEN, A.; ROGNLI, O. A.; SUNDHEIM, L.; MSOLLA, S.; MASUMBA, E.; MTUNDA, K.; KLEMSDAL, S. S. Analysis of genetic diversity in a sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) germplasm collection from Tanzania as revealed by AFLP. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 55, p. 397-408, 2008.
- FABRI, E. G.; SIQUEIRA, M. V. B. M; BORGES, A.; MELO, P. C. T.; VEASEY, E. A.; SILVA, J. B. C. Variabilidade genética em batata-doce alaranjada com base em marcadores microssatélites. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 48. , 2008, Maringá.
- FAO. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. 02 de março 2012. Sistema de dados agrícolas atualizados. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site>>.
- FERREIRA, MARCIO ELIAS; GRATTAPAGLIA, DARIO. 1998. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3.ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEM, 220p. (EMBRAPA-CENARGEM. Documento, 20).
- GICHUKI, S. T.; BERENYI, M.; ZHANG, D.; HERMANN, M.; SCHMIDT, J.; GLOSSL, J.; BURG, K. Genetic diversity in sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) in relationship to geographic sources as assessed whit RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 50, p. 429-437, 2003.
- HOSAKA, K.; MORI, M.; OGAWA, K. Genetic relationships of Japanese potato cultivars assessed by RAPD analysis. **American Potato Journal**, Orono, v. 71, p. 535-546, 1994.

HE, X.; LIU, Q.; ISHIKI, K.; ZHAI, H.; WANG, Y. ISSR analysis of genetic diversity and relationships among sweet potato (*Ipomoea batatas*) landraces in China. **Plant Genetics and Breeding**, v. 150, n. 1, p. 35-41, 2007.

HE, X.; LIU, Q.; ISHIKI, K.; ZHAI, H.; WANG, Y. Genetic Diversity and genetic relationships among Chinese Sweetpotato landraces revealed by RAPD and AFLP markers. **Breeding Science**, v. 56, n. 2, p. 201-207, 2006.

**IBGE. INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA.** 2009, 23 de dezembro. Sistema de informação. Disponível em: <http://ibge.gov.br/estados/temas>.

KROTH, L. L.; DANIELS, J.; PIEROBOM, C.R. Degenerescência da batata-doce no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Agrociência**, v. 10, p. 79-82, 2004.

LIN, K. H.; LAI, Y. C.; LI, H. C.; LO, S.F; CHEN, L. F. O. LO, H. F. Genetic variation and its relationship to root weight in the sweet potato as revealed by RAPD analysis. **Scientia Horticulturae**, v. 120, p. 2-7. 2009.

MONTES, S. M. N. M.; FIRETTI, R.; GOLLA, A. R.; TARSITANO, M. A. A. Custos e rentabilidade da batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) na Região Oeste do Estado de São Paulo. **Informações Econômicas**, v. 36, n. 4, p. 15-23, 2006.

MOULIN, et al. A comparison of RAPD and ISSR markers reveals genetic diversity among sweet potato landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 34, n. 2, p. 139-147, Apr.-June, 2012.

SILVA, J. B. C. da; LOPES, C. A.; MAGALHÃES, J. S. Cultura da batata doce. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2004. (Embrapa Hortaliças. Sistemas de produção, 6). Disponível em: <http://www.cnph.embrapa.br/sistprod/batataadoce/index.htm>. Acesso em: 12 dez. 2009.

SILVEIRA, M. A.; DIAS, L. E.; ALVIM, T. C. **A cultura de bata-doce como fonte de matéria prima para etanol.** Boletim Técnico. LASPER – UFT, 2008. Palmas-TO.

SILVEIRA, M. A. et. al. Resistência de clones de batata doce coletados no Estado do Tocantins a insetos de solo e nematóides causadores de galhas. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 2, jul., 2002. Suplemento 2.

SOEGIANTO, A.; ARDIARINI, N. R.; SUGIHARTO, A. N. Genetic Diversity of Sweet Potato (*Ipomoea batatas* L.) in East Java, Indonesia. **Journal of Agriculture and Food Technology**, v. 1, n. 9, p. 179-183, 2011.

SOUZA, A. F. B. C. **Avaliação do processo de hidrólise e fermentativo de biomassa de batata doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam] por meio de células imobilizadas para produção de etanol.** 2005. Dissertação (Mestrado em Ciências do Ambiente). Universidade Federal do Tocantins, Palmas-TO, 2005.

VEASEY, E. A.; BORGES, A.; ROSA, M. S.; SILVA, J. R. Q.; BRESSAN, E. A.; PERONI, N. Genetic diversity Brazilian sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.)Lam., Solanales, Convolvulaceae) landraces assessed whit microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 1, n. 3, p. 725- 733, 2008.

VEASEY, E. A. Phenology and morphological diversity of sweet potato landraces of the Vale do Ribeira. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 64, n. 4, p. 416-427, 2007.

ZHANG, D.; CERVANTES, J.; HUAMÁM, Z.; CAREY, E.; GHISLAIN, M. Assessing genetic diversity of sweet potato (*ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from tropical America using AFLP. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 47, p. 659-665, 2000.

ZHANG, D.; GHISLAIN, M.; HUAMAN, Z.; GOLMIRZAIE, A.; HIJMANS, R. RAPD variation in sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from South America and Papua New Guinea. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Witzzenhausen, v. 45, p. 271-277, 1998.