

## INTRODUÇÃO

A produção global de batata-doce (*Ipomoea batatas* L. Lam) desempenha um papel crucial nos aspectos socioeconômicos culturais. No entanto, a persistente utilização de genótipos obsoletos tem sido uma das principais causas da baixa produtividade com 14 t ha<sup>-1</sup>. Este valor está abaixo do seu potencial, que pode ser superior a 40 t ha<sup>-1</sup>. A aplicação de índices de seleção, visam identificar e desenvolver genótipos que não apenas alcancem níveis superiores de produtividade, mas também apresentem características nutricionais aprimoradas, resistência a pragas e doenças. Atendendo às crescentes demandas por alimentos saudáveis.

## OBJETIVO

Identificar genótipos superiores de batata-doce de polpa roxa através do multi-trait genotype–ideotype distance index (MGIDI), do pacote Metan R, com o intuito de identificar genótipos que apresentem características desejáveis.

## METODOLOGIA

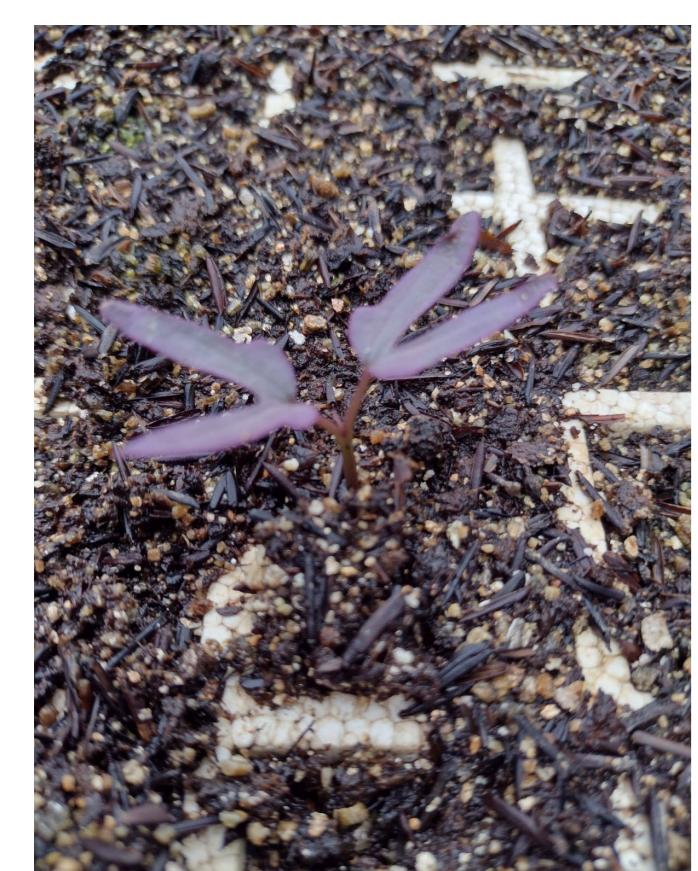


**Boco  
policruzamento**

**Material:** 1048 genótipos

**Delineamento:** Blocos  
aumentados

**Testemunha:** SCS 370 Luiza



**Caraterísticas  
avaliadas**

- Número total de raízes;
- Produção total de raízes tuberosas;
- Número raízes comerciais;
- Produção de raízes tuberosas comerciais;
- Resistência a insetos;
- Aparência das raízes;
- Cor da polpa e
- Avaliação ramas



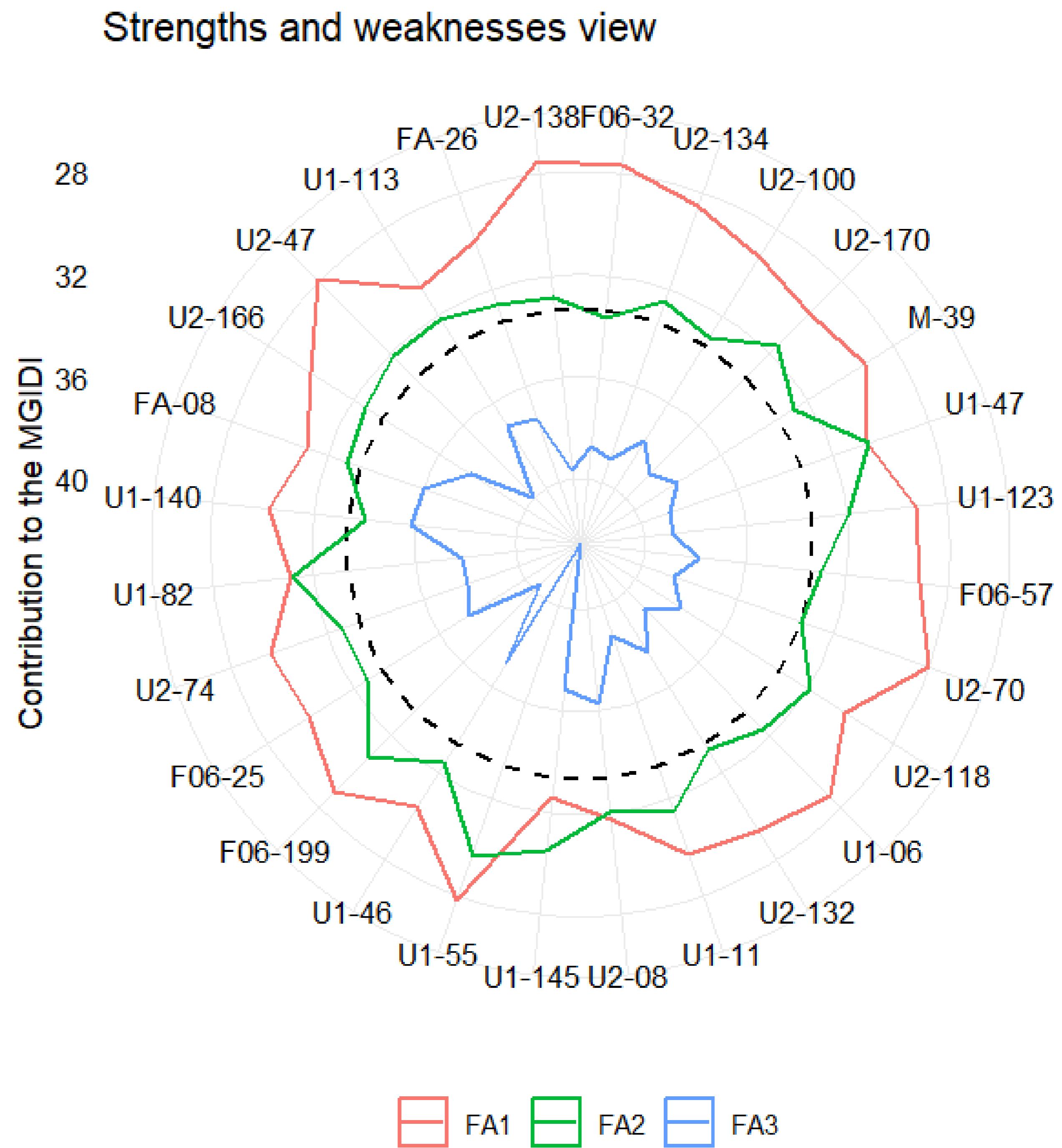
Índice de  
seleção  
**MGIDI**



Avaliação das raízes

## RESULTADO

Pontos fortes e fracos dos 28 genótipos selecionados pelo índice MGIDI.



## CONCLUSÃO

Os resultados do estudo indicam que os 28 genótipos de batata-doce de polpa roxa selecionados em base nas características agronômicas, apresentaram características superiores em os parâmetros avaliados e o índice de seleção MGIDI é uma ferramenta essencial na seleção de genótipos de batata-doce, com características de alta produção, resistência a pragas e doenças e nutritivos.

## REFERÊNCIAS

OLIVOTO T, NARDINO M. MGIDI: toward an effective multivariate selection in biological experiments. Bioinformatics 2021 Jun 16;37(10):1383-1389. doi:10.1093/bioinformatics/btaa981. PMID: 33226063.

## AGRADECIMENTOS

